



DOI 10.32900/2312-8402-2020-123-149-157

УДК 577.21:636.082

ОБҐРУНТУВАННЯ ПЕРСПЕКТИВНОСТІ ВИКОРИСТАННЯ КАНДИДАТНИХ ПОЛІМОРФІЗМІВ У МАРКЕРНІЙ СЕЛЕКЦІЇ УКРАЇНСЬКОЇ М'ЯСНОЇ ПОРОДИ СВИНЕЙ

Росоха В. І., к. с.-г. н., с. н. с.,

Олійниченко Е. К., к. с.-г. н.

Бойко О. А., к. с.-г. н., с. н. с.,

Задерихіна О. А., н. с.

Інститут тваринництва НААН

Ефективна селекція в свинарстві не можлива без залучення нових підходів, які передбачають оцінку генотипу тварин на рівні ДНК. Розробка методики визначення поліморфізмів генів кандидатів, які відповідають за прояв господарських ознак, є основою сучасної технології маркерної селекції (MAS). В даний час розроблено низку ДНК-маркерів, що використовують у селекції сільськогосподарських тварин. При цьому, найбільш інформативними виявилися однонуклеотидні поліморфізми (SNPs) генів. Втім, не зважаючи на значну кількість наукових досліджень, проблема розроблення та впровадження ДНК-маркерів для порід української селекції залишається актуальною.

Представлені результати дослідження SNPs генетичних маркерів генів RYR1, CTSF та CTSD, за методом ПЛР-ПДРФ. Початковим етапом ведення маркерної селекції за обраними однонуклеотидними поліморфізмами є генетично-популяційний аналіз у досліджуваній популяції свиней української м'ясної породи. Встановлено, що SNP RYR1 g. 1843 C>T характеризувався низькою поліморфічністю, мінорний алель g. 1843 T зустрічався з частотою $q = 0,05$. SNP CTSD g. 70 G>A мав низький рівень репрезентативності, алель g. 70 A переважав за частотою $q=0,92$. Виявлено, що SNP CTSF g. 22 G>C характеризувався достатнім рівнем репрезентативності, були виявлені обидва алелі з переважанням за частотою алеля g. 22 G ($q=0,80$).

В популяції свиней харківського типу української м'ясної породи дослідного господарства «Гонтарівка» Харківської області спостерігалось статистично підтверджене відхилення частот генотипів від збалансованого для SNP CTSF g. 22 G>C ($\chi^2 = 28,125$) та CTSD g. 70 G>A ($\chi^2=26,518$). У перспективі SNPs генів CTSF, CTSD можуть бути використані для асоціативних досліджень з метою пошуку зв'язку маркерів з ознаками продуктивності свиней і впровадження маркер-асоційованої селекції в УМ породі свиней.

Ключові слова: маркерна селекція, поліморфізм, RYR1, CTSF, CTSD, українська м'ясна порода свиней

Селекційно-племінна робота передбачає комплекс заходів, які забезпечують розвиток та закріплення у наступних поколіннях високої продуктивності тварин за рахунок удосконалення особливостей окремих особин, генеалогічних структур, стад і порід. Ефективна селекція в свинарстві не можлива без залучення нових підходів, які передбачають оцінку генотипу тварин на рівні ДНК. Розробка методики визначення поліморфізмів генів кандидатів, які відповідають за прояв господарських ознак, є основою сучасної технології маркерної селекції (MAS) [1, 2].



В даний час розроблено низку генетичних-маркерів, що використовують у селекції сільськогосподарських тварин [3]. При цьому, найбільш інформативними виявилися одонуклеотидні поліморфізми (SNPs) генів [2, 4, 5]. MAS дозволяє виявляти тварин-носіїв, як несприятливих алелів певних генів, що обумовлюють підвищену стрес чутливість (RYR1) [6], так і бажані алелі генів, які корелюють з проявом бажаних селекційних якостей.

Серед генів-кандидатів, які впливають на прояв продуктивних ознак свиней, зокрема якість м'яса та відгодівельні якості, особливу увагу привертають гени RYR1 та CTSF, CTSD. Втім, не зважаючи на значну кількість наукових досліджень [7, 8], проблема розроблення та впровадження генетичних маркерів для порід української селекції залишається актуальною.

Серед великої кількості одонуклеотидних поліморфізмів лише незначна кількість SNPs можуть бути використані в MAS. Основною метою дослідника є виявити асоціативні зв'язки різних генотипів за досліджуваними SNPs з продуктивними ознаками, за якими актуально проводити селекцію[9].

Ріанодинрецепторний ген (RYR1) локалізований у 6-тій хромосомі, контролює прояв стрес чутливості свиней PSS (Porcine Stress Syndrom), складовою якого є бліда, м'яка ексудативна свинина (PSE). Заміна в мутації SNP g1843 C>T, призводить до прояву PSS синдрому у свиней з генотипом RYR1 1843TT [6, 8].

Гени катепсинів кодуєть синтез лізосомальних протеїназ, які приймають участь у завершальній деградації протеїнів. Висока активність катепсинів у скелетних м'язах корелює з дефектами якості м'яса, зокрема, з його надмірною ексудативністю [10, 11].

Зокрема, у роботах V. Russo показано значну асоціацію поліморфізму CTSF g.22 G>C SNP із середньодобовим приростом та товщиною хребтового сала свиней породи італійська велика біла [12]. Зазначений поліморфізм CTSF обумовлений одонуклеотидною заміною G на C (rs1113132904) [11, 12], що у свою чергу призводить до заміни в поліпептидному ланцюзі фермента катепсину F глутамінової кислоти на аспарагінову. Свині з генотипом g.22 CC гену катепсину F характеризувалися підвищеними показниками росту та меншою жирністю м'яса туші у породі Ландрас Італійської селекції. Ген катепсину D (CTSD) локалізований у 2-й хромосомі та має 9 екзонів та 9 інтронів, кодує продукт розміром 408 aa [13]. Після сиквенсу, було виявлено 98 SNPs у CTSD, за попередніми дослідженнями, мутації в гені впливають на частку м'яса в туші, товщину шпиків та масу шинки в породах зарубіжної селекції.

Для генетико-популяційного дослідження були обрані свині української м'ясної породи. Свині української м'ясної породи відносяться до м'ясного типу продуктивності, створені складним відтворювальним схрещуванням з використанням 5-ти порід – великої білої, уельської, ландрас, полтавської м'ясної, п'єтрен і уесекс-седлбекської, протягом 1966-1992 рр [14].

Мета – дослідити та оцінити перспективність дослідження генетичних маркерів продуктивних ознак свиней на основі популяційно-генетичних досліджень за поліморфізмами генів CTSF (g. 22 G>C) та CTSD (g. 70 G>A). Оцінити насичення дослідної групи алелем g. 1843 T за SNP RYR1 (g. 1843 C>T).

Матеріали і методи. Об'єктом дослідження була субпопуляція свиней української м'ясної (УМ) породи.

ДНК із зразків крові тварин виділяли за допомогою реагенту Chelex 100 [15]. Типування тварин за локусами RYR1 SNP g. 1843 C>T, CTSD SNP g. 70 G>A, CTSF SNP g. 22 G>C проводили методом ПЛП-ПДРФ з урахуван-



ням протоколів описаних в роботах [8, 12]. Праймери, умови ампліфікації та рестрикційного аналізу наведено в таблиці 1.

Таблиця 1

Системи праймерів та ендонуклеази рестрикції для визначення SNPs

SNP	Структура праймерів (5' → 3')	Розмір фрагменту	Ендонуклеаза рестрикції
<i>RYR1</i> g.1843 C>T	F: GTGCTGGATGTCCTGTGTTCCCT R: CTGGTGACATAGTTGATG AGGTTTG	137	HinPI
<i>CTSF</i> g. 22 G>C	F: GTGGCCGGGTGGGTTTTA R: TCCTCCTGGTGCTGCTAATTC TGAC	139	Rsa 1
<i>CTSD</i> g. 70 G>A	F: GCTGTGCACCCTAGGAACC R: TCGTCAGGTCCAGGACAAAC	184	<i>MscI</i>

Статистичний аналіз. Частоти алелів і генотипів, індекс поліморфного інформаційного змісту (PIC – polymorphic information content) і рівні гетерозиготності були обчислені для кожної породи з використанням програмного забезпечення і методики, описаної GenALEX60 [16] і PIC калькулятора [17]. Достовірність відхилення фактичного розподілу генотипів від рівноважного, визначеного за формулою Гарді-Вайнберга, оцінювали за критерієм χ^2 .

Збалансований розподіл генотипів (очікувані частоти кожного з генотипів) визначали відповідно до формули Харді – Вайнберга:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1,$$

де p – частота одного з алелів; q – частота альтернативного алеля.

Статистичну достовірність відхилення фактичного розподілу генотипів від збалансованого визначеного за формулою Гарді – Вайнберга розраховували за допомогою критерію Пірсона

$$\chi^2 = \sum_i^m \frac{(F_i' - F_i)^2}{F_i'}$$

де F_i' , F_i – очікувана і фактична кількість особин з i генотипом, m – кількість генотипів [18].

Результати досліджень. Початковим етапом ведення маркерної за обраними однонуклеотидними поліморфізмами є генетично-популяційний аналіз у певній породі.

Для більш ґрунтовної оцінки свиней та характеристики популяцій проведено генотипування свиней української м'ясної породи за поліморфізмами генів (табл. 2), які вже успішно використовуються в зарубіжній селекції свиней породи Ландрас, Італійської селекції [12].

Генетичний маркер SNP *RYR1* g. 1843 C>T характеризувався низькою поліморфністю, мінорний алель g. 1843 T зустрічався з частотою $q = 0,05$. В досліджуваній групі найбільш поширеним був генотип CC, лише 5 тварин були гетерозиготами. Не було виявлено достовірного відхилення фактичних генотипів від очікуваного балансу, розрахованого за формулою Харді-Вайнберга. Індекс інформаційного змісту поліморфізму знаходився на низькому рівні (PIC=0,091). Від-



сутність значущості за зазначеними індексами зумовлене незначним насиченням групи небажаним алелем *g. 1843 T*, та кількість гетерозигот ($n=5$) актуалізує генотипування свиней УМ породи за SNP *RYR1 g. 1843 C>T* для повної елімінації алеля *g. 1843 T*.

Таблиця 2

Розподіл частот алелів та генотипів за SNPs у вибірці української м'ясної породи свиней, $n = 50$

SNP	алелі	Частоти алелів	Генотип за поліморфізмом	n	Частоти генотипів фактичні/очікувані	χ^2	РІС
<i>RYR1 g. 1843 C>T</i>	<i>C</i>	0,950	<i>CC</i>	45	0,900/ 0,903	0,139	0,091
	<i>T</i>	0,050	<i>CT</i>	5	0,100/ 0,095		
			<i>TT</i>	0	0,000/ 0,003		
<i>CTSD g. 70 G>A</i>	<i>A</i>	0,920	<i>AA</i>	45	0,900/ 0,846	26,518*	0,136
	<i>G</i>	0,080	<i>AG</i>	2	0,040/ 0,147		
			<i>GG</i>	3	0,060/ 0,006		
<i>CTS g. 22 G>C</i>	<i>G</i>	0,800	<i>GG</i>	38	0,760/ 0,640	28,125*	0,269
	<i>C</i>	0,200	<i>GC</i>	4	0,080/ 0,320		
			<i>CC</i>	8	0,160/ 0,040		

Примітка: * $p \leq 0,05$

Встановлено, що *CTSD g. 70 G>A* характеризувався низьким рівнем репрезентативності. Алель *g. 70 A* переважав за частотою ($q=0,92$), відповідно у вибірці гомозиготи за алелем *g. 70 A* були найбільш поширеними ($n=45$). Щодо частот генотипів, спостерігалось статистично підтверджене відхилення їх розподілу від збалансованого, розрахованого за формулою Харді-Вайнберга. Та індекс інформативності не мав значущості, $РІС=0,136$.

Виявлено, що SNP *CTSF g. 22 G>C* характеризувався вищим рівнем репрезентативності в порівнянні з іншими досліджуваними SNPs. Були виявлені обидва алелі з переважанням за частотою алеля *g. 22 G*. В популяції української м'ясної спостерігалось статистично підтверджене відхилення частот генотипів від збалансованого ($\chi^2 = 28,125$) та оптимальне значення $РІС$ (0,269) для проведення асоціативних досліджень.

Висновки:

1. SNPs *CTSF g. 22 G>C* та *CTSD g. 70 G>A* виявились поліморфними в популяції свиней української м'ясної породи.
2. Була визначена частота небажаного алеля *T* за SNP *RYR1 g. 1843*, $q=0,050$.



3. Рівень поліморфізму генетичного маркера SNP CTSF g. 22 G>C, оцінений за показником інформаційного змісту PIC, виявився достатнім (PIC=0,269).
4. Мало місце відхилення фактичного розподілу генотипів від рівноважного за обома генетичними маркерами CTSF g. 22 G>C ($\chi^2 = 28,125$) та CTSD g. 70 G>A ($\chi^2=26,518$) в популяції УМ, що свідчить про селекційний тиск на локуси генів в популяції цієї породи.

Бібліографічний список

1. Wakchaure R. G., Subha P., Praveen K., Avinash S., Subhash M. Marker Assisted Selection (MAS) in Animal Breeding: a review. *Journal of Drug Metabolism and Toxicology*. 2015. V. 6. P. 1–4.
2. Egbert F. K., Bjarne N., Pieter W. K. Genomic selection in commercial pig breeding. *Animal Frontiers*. 2016. V. 6, № 1. P. 15–22.
3. de Oliveira P. J., Facioni S. L., Soares M., Pires V., Barbosa. J. Associations of Leptin gene polymorphisms with production traits in pigs. *Anim Breed Genet*. 2006. V. 123, № 6. P. 37–83.
4. Гетманцева Л. В., Третьякова О. Л., Радюк А. В. Влияние полиморфизма гена IGF–2 на откормочные и мясные качества свиней. *Сборник научных трудов Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства*. 2014. Т. 1. № 3. С. 22–26.
5. Hill W. G. Maintenance of quantitative genetic variation in animal breeding programmes. *Livestock Production Science*. 2000. V. 63. P. 99–109.
6. Ciepielewski Z. M., Stojek W., Borman A., Myślińska D., Pałczyńska P., Kamyczek M. The effects of ryanodine receptor (RYR1) mutation on natural killer cell cytotoxicity, plasma cytokines and stress hormones during acute intermittent exercise in pigs. *Res Vet Sci*. 2016. V. 105. P. 77–86.
7. Гладій М. В. Методологія оцінки генотипу тварин за молекулярно – генетичними маркерами у тваринництві України. Київ : Аграрна наука, 2014. С. 212.
8. Балацкий В. Н., Саенко А. М., Пина Р. Н., Буслик Т. В., Гиболенко Е. С. Генетическая дифференциация пород свиней по десяти локусам количественных признаков. *Цитология и генетика*. 2015. Вып. 5. С. 26–37.
9. Chao Z., Wang F., Deng C.Y., Wei L.M., Sun R.P., Liu H.L., Liu Q.W., Zheng X.L. Distribution and linkage disequilibrium analysis of polymorphisms of MC4R, LEP, H-FABP genes in the different populations of pigs, associated with economic traits in DIV2 line. *Molecular biology reports*. 2012. V. 39(5). P. 6329–6335.
10. Akkari L., Gocheva V., Quick M., Kester J., Spencer A., Garfall A., Bowman R., Joyce J. Combined deletion of cathepsin protease family members reveals compensatory mechanisms in cancer. *Genes Dev*. 2016. V. 30. P. 220–232.
11. Brix K., Dunkhorst A., Mayer K., Jordans S. Cysteine cathepsins: Cellular roadmap to different Functions. *Biochimie*. 2008. V. 90 (2). P. 194 – 207.
12. Russo V., Davoli R., Nanni C. L., Fontanesi L., Baiocco C., Buttazzoni L., Galli S., Virgili R. Association of the CTSB, CTSF and CSTB genes with growth, carcass and meat quality traits in heavy pigs. *Italian journal of Animal Science*. 1998. V. 2. P. 67–69.
13. Transcript : CTSD–201 (2020). *E!Ensembl*. https://www.ensembl.org/Sus_scrofa/Transcript/Exons?db=core;g=ENSSSCG00000040793;r=2:1188549-1197635;t=ENSSSCT000000052185.
14. Бірта Г.О., Бургу Ю. Г.. Українська м'ясна порода. *Товарознавство м'яса*. Київ : Центр учб. літ., 2011. 164 с.



15. Walsh P. S., Metzger D. A., Higuchi R. Chelex 100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material. *BioTechniques*. 1991. V. 10. P. 506–509.
16. Peakall R., Smouse P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 2006. V. 6. P. 288–295.
17. PIC calculator [Electronic resource]. Retrieved from : <http://www.liv.ac.uk/~kempsj/pic.html> (last access: 06.11.16). Title from the screen. Бібліорг.
18. Hedrick PW. Genetics of populations. 2nd ed. Boston: Jones and Bartlett Publishers. 2000. 553 p.

References

1. Wakchaure, R. G., Subha, P., Praveen, K., Avinash, S., & Subhash, M. (2015). Marker Assisted Selection (MAS) in Animal Breeding: a review. *Journal of Drug Metabolism and Toxicology*, 6, P. 1–4.
2. Egbert, F. K., Bjarne, N., & Pieter, W. K. (2016). Genomic selection in commercial pig breeding. *Animal Frontiers*, 6(1), 15–22.
3. de Oliveira, P. J., Facioni, S. L., Soares, M., Pires, V., & Barbosa, J. (2006). Associations of Leptin gene polymorphisms with production traits in pigs. *Anim Breed Genet.*, 123(6), 37–83.
4. Getmanceva, L. V., Tretyakova, O. L., & Radyuk, A. V. (2014). Vliyanie polimorfizma gena IGF–2 na otkormochnye i myasnye kachestva svinej [The influence of IGF-2 polymorphism on meat quality traits in pigs]. *Sbornik nauchnyh trudov Severo–Kavkazskogo nauchno–issledovatel'skogo instituta zhivotnovodstva – Collection of scientific papers of the North Caucasus Research Institute of Animal Husbandry*, 1(3), 22–26 [in Russian].
5. Hill, W. G. (2000). Maintenance of quantitative genetic variation in animal breeding programmes. *Livestock Production Science*, 63, 99–109.
6. Ciepiewski, Z. M., Stojek, W., Borman, A., Myślińska, D., Pałczyńska, P., & Kamyczek, M. (2016). The effects of ryanodine receptor (RYR1) mutation on natural killer cell cytotoxicity, plasma cytokines and stress hormones during acute intermittent exercise in pigs. *Res Vet Sci.*, 105, 77–86.
7. Gladij, M. V. (2014). *Metodologiya ocinki genotipu tvarin za molekulyarno – genetičnimi markerami u tvarinnictvi Ukrayini [The methodology of genotype animal evaluation]*. Kyiv : Agrarna nauka [in Ukrainian].
8. Balackij, V. N., Saenko, A. M., Pina, R. N., Buslik, T. V., & Gibolenko, E. S. (2015). Genetičeskaya differenciacija porod svinej po desyati lokusam kolichestvennyh priznakov. *Citologiya i genetika – Cytology and Genetics*, 5, 26–37 [in Ukrainian].
9. Chao, Z, Wang, F, Deng, CY, Wei, LM, Sun, RP, Liu, HL, Liu, QW, & Zheng, XL (2012). Distribution and linkage disequilibrium analysis of polymorphisms of MC4R, LEP, H-FABP genes in the different populations of pigs, associated with economic traits in DIV2 line. *Molecular biology reports*, 39(5), 6329–35.
10. Akkari, L., Gocheva, V., Quick, M., Kester, J., Spencer, A., Garfall, A., Bowman, R., & Joyce, J. (2016). Combined deletion of cathepsin protease family members reveals compensatory mechanisms in cancer. *Genes Dev.*, 30, 220–232.
11. Brix, K., Dunkhorst, A., Mayer, K., Jordans, S. (2008). Cysteine cathepsins: Cellular roadmap to different Functions. *Biochimie*, 90 (2), 194 – 207.
12. Russo, V., Davoli, R., Nanni, C. L., Fontanesi, L., Baiocco, C., Buttazzoni, L., Galli, S., & Virgili, R. (1998). Association of the CTSB, CTSF and CSTB



genes with growth, carcass and meat quality traits in heavy pigs. *Italian journal of Animal Science*, 2, 67–69.

13. Transcript : CTSD–201 (2020). *E!Ensembl*. https://www.ensembl.org/Sus_scrofa/Transcript/Exons?db=core;g=ENSSSCG00000040793;r=2:1188549-1197635;t=ENSSSCT00000052185.

14. Birta, G. O., & Burgu, Yu. G. (2011). Ukrayinska m'yasna poroda [Ukrainian meat breed]. *Tovaroznavstvo m'yasa – Commodity of meat*. Kyiv : Centr uchbovoyi literaturi.

15. Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (1991). Chelex 100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material. *BioTechniques*, 10, 506–509.

16. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288–295.

17. PIC calculator [Electronic resource]. Retrieved from : <http://www.liv.ac.uk/~kempsj/pic.html> (last access: 06.11.16). Title from the screen.

18. Hedrick, P.W. (2000). Genetics of populations. 2nd ed. Boston : Jones and Bartlett Publishers.

ОБОСНОВАНИЕ ПЕСПЕКТИВНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ КАНДИДАТНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ В МАРКЕРНОЙ СЕЛЕКЦИИ УКРАИНСКОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ СВИНЕЙ

Росоха В. И., Олейниченко Е. К., Бойко Е. А., Задирихина Е. А., Институт животноводства НААН.

Эффективная селекция в свиноводстве невозможна без привлечения новых подходов, предусматривающих оценку генотипа животных на уровне ДНК. Разработка методики определения полиморфизмов генов кандидатов, которые отвечают за проявление хозяйственных признаков, является основой современной технологии маркерной селекции (MAS). В настоящее время разработан ряд ДНК-маркеров, которые используют в селекции сельскохозяйственных животных. При этом, наиболее информативными оказались однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs) генов. Впрочем, несмотря на значительное количество научных исследований, проблема разработки и внедрения ДНК-маркеров для пород украинской селекции остается актуальной.

Представлены результаты исследования SNPs генетических маркеров генов RYR1, CTSF и CTSD, по методу ПЦР-ПДРФ. Начальным этапом ведения маркерной селекции по выбранным однонуклеотидным полиморфизмам является генетический популяционный анализ в исследуемой популяции свиней украинской мясной породы. Установлено, что SNP RYR1 g. 1843 C> T характеризовался низкой полиморфностью, минорный аллель g. 1843 T встречался с частотой q = 0,05. SNP CTSD g. 70 G> A имел низкий уровень репрезентативности, аллель g. 70 A преобладал по частоте q = 0,92. Выявлено, что SNP CTSF g. 22 G> C характеризовался достаточным уровнем репрезентативности, были обнаружены оба аллеля с преобладанием по частоте аллеля g. 22 G (q = 0,80).

В популяции украинской мясной породы наблюдалось статистически подтвержденное отклонение частот генотипов от сбалансированного для SNP CTSF g. 22 G> C ($\chi^2 = 28,125$) и CTSD g. 70 G> A ($\chi^2 = 26,518$). В перспективе SNPs генов CTSF, CTSD могут быть использованы для ассоциативных исследований с целью поиска связи маркеров с признаками продуктивности свиней и внедрения маркер-ассоциированной селекции в УМ породе свиней.



Ключевые слова: маркерная селекция, полиморфизм, RYR1, CTSF, CTSD, украинская мясная порода свиней.

JUSTIFICATION OF CANDIDATE POLYMORPHISMS USAGE IN MARKER-ASSISTED SELECTION OF UKRAINIAN MEATY PIG BREED

Rossokha V., Oliynichenko Y., Boyko O., Zaderikhina O., Institute of Animal Science NAAS

Effective selection in pig breeding is not possible without involvement of new approaches which involve the assessment animal genotypes at the DNA level. The development of methods for determining the polymorphisms in candidate genes that are responsible for the manifestation of economic traits is the basis of modern marker selection technology (MAS). Currently, a number of DNA markers have been developed for use in the breeding of farm animals. In this case, the most informative were single nucleotide polymorphisms (SNPs) of genes. However, despite the significant amount of scientific research, the problem of development and implementation of DNA markers for breeds of Ukrainian selection remains relevant.

The results of SNPs study of RYR1, CTSF and CTSD genes by PCR-RFLP method are presented. The initial stage for implementing marker selection for single nucleotide polymorphisms is conducting genetic-population analysis in the studied population of Ukrainian Meaty pig breed. It was found that SNP RYR1 g. 1843 C>T was characterized by low polymorphism, the minor allele g. 1843 T met with a frequency of $q = 0.05$. SNP CTSD g. 70 G>A had a low level of representativeness, allele g. 70 A prevailed at a frequency of $q = 0.92$. It was found that SNP CTSF g. 22 G>C was characterized by a sufficient level of representativeness, both alleles were detected with a predominance of the allele frequency g. 22 G ($q=0.80$).

In the population of Ukrainian Meaty pig breed, there was a statistically confirmed deviation of genotype frequencies from SNP-balanced CTSF g. 22 G> C ($\chi^2 = 28.125$) and CTSD g. 70 G> A ($\chi^2 = 26,518$). In the future, SNPs of CTSF, CTSD genes can be used for associative studies to find a link between markers and signs of pig productivity and the introduction of marker-associated selection in the UM pig breed.

Keywords: marker selection, polymorphisms, RYR1, CTSF, CTSD, Ukrainian Meaty pig breed.

DOI 10.32900/2312-8402-2020-123-156-166

УДК 636.4.084.74

**ВПЛИВ ТЕХНОЛОГІЧНИХ І КОНСТРУКТИВНИХ
ОСОБЛИВОСТЕЙ ПРИГОТУВАННЯ ТА РОЗДАВАННЯ
КОРМІВ В ГРУПАХ НА ОСНОВНІ ПОКАЗНИКИ
МІКРОКЛІМАТУ В ГРУПОВИХ СТАНКАХ ДЛЯ ПОРОСЯТ
ВІКОМ ВІД ОДНОГО ДО ТРЬОХ МІСЯЦІВ**

Сікун М. В., к. с-г н., н. с.
Інститут тваринництва НААН

Відомо, що свинарство є традиційною галуззю сільськогосподарського виробництва України, яка має великі потенційні можливості. Основним технологічним процесом на свинарських фермах є процес приготування та роздавання ко-