

## Показатели мясной продуктивности свиней пород ландрас и йоркшир в зависимости от генотипов по генам *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4*

Ю. С. Казутова<sup>1</sup>, А. А. Бальников<sup>✉</sup>, И. Ф. Гридюшко<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству, Жодино, Республика Беларусь

✉ E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by

**Аннотация.** Потребность в эффективном ДНК-маркировании продуктивных качеств животных возрастает с каждым годом, поскольку использование ДНК-маркеров в селекции позволяет повысить продуктивность животных до 20 %. Это обуславливает **актуальность** научных исследований в данной области. **Цель исследования** – изучение показателя мясной продуктивности свиней пород ландрас и йоркшир в зависимости от генотипов по генам *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4*. Объектом исследований являлись популяции чистопородного племенного молодняка свиней пород йоркшир и ландрас, разводимые в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» Минской области. **Методы.** Анализ ДНК проводили в лаборатории генетики животных ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». В исследованиях использовались зоотехнические и молекулярно-генетические методы (ПЦР-ПДРФ). **Результаты.** Установлено, что у тестируемых пород животных частота встречаемости предпочтительного аллеля А гена *MYF4* составляла 0,126–0,298, А-*MC4R* – 0,184–0,345, С-*MYOD1* – 1,0–0,532 соответственно. Разработанная в процессе исследований комплексная система оценки племенной ценности свиней пород йоркшир и ландрас по генам-маркерам *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4* позволила выявить предпочтительные аллели и найти связь с показателями продуктивности, которые обеспечили повышение среднепопуляционных значений: по собственной продуктивности – на 2–4 %, по откормочным качествам – на 2,7–12,5 %, по мясным качествам – на 2,8–34,4 %. **Новизна** состоит в том, что в своем исследовании мы предлагаем более дешевый метод выявления генетических полиморфизмов, ассоциированных с хозяйственно-полезными признаками свиней с помощью ДНК-технологии мультилокусного генотипирования в мультиплексных реакциях, в сравнении с геномным анализом, проводимым с использованием чипов (матриц) с 50–60 тысячами SNP.

**Ключевые слова:** молодняк, порода свиней йоркшир и ландрас, селекция, откормочные и мясные качества, ДНК-тестирование, полиморфизм, аллель, гены-маркеры *MYF4*, *MC4R* и *MYOD1*.

**Для цитирования:** Казутова Ю. С., Бальников А. А., Гридюшко И. Ф. Показатели мясной продуктивности свиней пород ландрас и йоркшир в зависимости от генотипов по генам *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4* // *Аграрный вестник Урала*. 2021. № 02 (205). С. 65–71. DOI: 10.32417/1997-4868-2021-205-02-65-71.

**Дата поступления статьи:** 13.01.2021.

### Постановка проблемы (Introduction)

Интеграция традиционных методов селекции и современных молекулярно-генетических методов с их внедрением в свиноводство позволяет проводить оценку животных не только по фенотипическим признакам, но и по генотипу. Поэтому выявление генов, ассоциированных с признаками продуктивности у свиньи домашней, в том числе и генных сочетаний, ассоциированных с повышенной вероятностью развития у животных желательного фенотипа по комплексу хозяйственно-ценных признаков, является одной из важных задач свиноводства. Выявление и использование генетических маркеров (полиморфизмов) является актуальным и перспективным направлением, однако требует дифференцированного подхода в зависимости от породной принадлежности, генетической структуры популяции, конкретной селекционной задачи. В связи с этим необходим молекулярно-генетический

скрининг животных различных пород свиней по локусам, определяющим селекционно-значимые признаки, для мониторинга и оценки генофонда популяций. В большинстве зарубежных стран с развитым животноводством действуют широкомасштабные научные программы по разработке и использованию молекулярно-генетических методов и ДНК-технологии в селекционном процессе. Выявлены полиморфные варианты генов, которые используются в селекционных программах разведения свиней, и их комплексное влияние на продуктивные признаки свиней. Применение этих ДНК-маркеров позволяет улучшать продуктивные показатели животных.

Потребность селекционной практики в эффективном ДНК-маркировании продуктивных качеств животных возрастает с каждым годом, что обуславливает актуальность научных исследований в данной области. Результаты ряда исследований свидетельствуют, что использование ДНК-

маркеров в селекции позволяет повысить продуктивность животных до 20%. В Республике Беларусь подобные работы находятся на начальном этапе.

Геном свиньи был расшифрован в 2009 г. Разработан SNP-чип, позволяющий выявлять 60 000 полиморфизмов (возможных генетических маркеров) свиньи домашней. Образец ДНК свиньи можно тестировать на наличие или отсутствие практически всех важных точечных мутаций, определяющих продуктивные признаки. Таким образом, отбор лучших животных может быть основан на генетических маркерах без измерения фенотипических показателей. Эти достижения привели к внедрению новой технологии – геномной селекции.

Геномная селекция – это тестирование генома сразу по большому количеству маркеров, покрывающих весь геном, так что локусы количественных признаков (QTL) находятся в неравновесном сцеплении хотя бы с одним маркером. В геномной селекции сканирование генома происходит с использованием чипов (матриц) с 50–60 тысячами SNP, которые маркируют основные гены количественных признаков, для выявления однонуклеотидных полиморфизмов вдоль генома животного, определения генотипов с желательным проявлением совокупности продуктивных признаков и оценки племенной ценности животного. Однако такой геномный анализ очень дорогой, в лучшем случае он может быть применен в нашей республике только для создания референтных популяций крупного рогатого скота и свиней. В своем исследовании мы предлагаем более дешевый метод выявления генетических полиморфизмов, ассоциированных с хозяйственно-полезными признаками свиней, с помощью ДНК-технологии мультилокусного генотипирования в мультиплексных реакциях.

Целью исследования явилось изучение показателя мясной продуктивности свиней пород йоркшир и ландрас в зависимости от генотипов по генам *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4*.

#### Методология и методы исследования (Methods)

Исследования проводились в 2019–2020 гг. в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» Минской области. Объектом исследований являлись популяции чистопородного племенного молодняка свиней пород йоркшир и ландрас. В процессе выполнения научно-исследовательской работы проводился контрольный откорм 200 голов свиней данных пород согласно ОСТ-10 3-86 «Свиньи: Метод контрольного откорма» и оценка откормочных и мясных качеств по следующим показателям: возрасту достижения живой массы 100 кг (дней), среднесуточному приросту (г), расходу корма на 1 кг прироста (к. ед.). Также определяли: длину туши (см), убойный выход (%), толщину шпика над 6–7-м грудными позвонками (мм), площадь «мышечного глазка» (см<sup>2</sup>), массу задней трети полутуши (кг), выход мяса в туше (%). Затем сопоставляли генетические исследования с показателями продуктивности. Анализ ДНК проводили в лаборатории генетики животных ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси» (г. Минск). У исследуемых животных брали биопробы ткани уха, из которых выделена ДНК методом ПЦР-ПДРФ для выявления генотипов животных по следующим генам: миогенного фактора роста (*MYF4*, *rs342220685*), меланокортинового рецептора 4 (*MC4R*, *rs81219178*), миогенного регулятора роста (*MYOD1*, *rs55619453*). Биометрическая обработка материалов исследований проводилась методами вариационной статистики по Е. К. Меркурьевой на персональном компьютере с использованием пакета программы Microsoft Excel.

Таблица 1  
Панель маркерных генов *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4* по породам ландрас и йоркшир

Ген-маркер	Порода	Частота встречаемости генотипов, %						Частота аллелей, %	
		<i>n</i>	<i>AA</i>	<i>n</i>	<i>AG</i>	<i>n</i>	<i>GG</i>	<i>A</i>	<i>G</i>
<i>MC4R</i>	Ландрас	–	–	11	35,5	20	64,5	0,184	0,816
	Йоркшир	3	9,40	16	50	13	40,6	0,345	0,655
<i>MYOD1</i>			<i>AA</i>		<i>AC</i>		<i>CC</i>	<i>A</i>	<i>C</i>
	Ландрас	–	–	–	–	32	100	–	1,00
	Йоркшир	8	25	14	43,7	10	31,3	0,468	0,532
<i>MYF4</i>			<i>AA</i>		<i>AG</i>		<i>GG</i>	<i>A</i>	<i>G</i>
	Ландрас	–	–	8	25	24	75	0,126	0,874
	Йоркшир	1	3,13	17	53,1	14	43,8	0,298	0,702

Table 1  
Panel of marker genes *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4* for Landrace and Yorkshire breeds

Marker gene	Breed	Frequency of genotypes, %						Frequency of allele, %	
		<i>n</i>	<i>AA</i>	<i>n</i>	<i>AG</i>	<i>n</i>	<i>GG</i>	<i>A</i>	<i>G</i>
<i>MC4R</i>	Landrace	–	–	11	35.5	20	64.5	0.184	0.816
	Yorkshire	3	9.40	16	50	13	40.6	0.345	0.655
<i>MYOD1</i>			<i>AA</i>		<i>AC</i>		<i>CC</i>	<i>A</i>	<i>C</i>
	Landrace	–	–	–	–	32	100	–	1.00
	Yorkshire	8	25	14	43.7	10	31.3	0.468	0.532
<i>MYF4</i>			<i>AA</i>		<i>AG</i>		<i>GG</i>	<i>A</i>	<i>G</i>
	Landrace	–	–	8	25	24	75	0.126	0.874
	Yorkshire	1	3.13	17	53.1	14	43.8	0.298	0.702

Таблица 2  
Откормочные качества чистопородного молодняка, полученного от хряков пород ландрас и йоркшир по гену маркеру *MC4R*

Генотип хряка	<i>n</i>	Возраст достижения живой массы 100 кг, дней	Среднесуточный прирост от рождения, г	Затраты корма на 1 кг прироста, к. ед.
Ландрас				
<i>AG</i>	58	157,7 ± 0,95***	948,8 ± 14,5	2,70 ± 0,02***
<i>GG</i>	62	168,3 ± 0,36	817,1 ± 4,27	2,90 ± 0,01
Йоркшир				
<i>AA</i>	25	155,4 ± 0,73	947,8 ± 10,27	2,50 ± 0,04
<i>AG</i>	27	165,1 ± 0,42	825,0 ± 5,07	3,20 ± 0,04
<i>GG</i>	28	173,2 ± 0,48	746,4 ± 5,02	3,70 ± 0,03

\*  $P \leq 0,05$ ; \*\*  $P \leq 0,01$ ; \*\*\*  $P \leq 0,001$ . То же для таблиц 3–4.

Table 2  
Fattening traits of purebred young animals obtained from boars of Landrace and Yorkshire breeds according to the *MC4R* gene marker

Boar's genotype	<i>n</i>	Age of gaining 100 kg of body weight, days	Average daily weight gain, g	Cost of feed per 1 kg of weight gain, feed units
Landrace				
<i>AG</i>	58	157.7 ± 0.95***	948.8 ± 14.5	2.70 ± 0.02***
<i>GG</i>	62	168.3 ± 0.36	817.1 ± 4.27	2.90 ± 0.01
Yorkshire				
<i>AA</i>	25	155.4 ± 0.73	947.8 ± 10.27	2.50 ± 0.04
<i>AG</i>	27	165.1 ± 0.42	825.0 ± 5.07	3.20 ± 0.04
<i>GG</i>	28	173.2 ± 0.48	746.4 ± 5.02	3.70 ± 0.03

\*  $P \leq 0,05$ ; \*\*  $P \leq 0,01$ ; \*\*\*  $P \leq 0,001$ . The same for tables 3–4.

Таблица 3  
Показатели мясных качеств чистопородного молодняка, полученного от хряков пород ландрас йоркшир по гену маркеру *MYOD1*

Генотип хряка	<i>n</i>	Выход мяса в туше, %	Количество мяса-мякоти, кг	Площадь «мышечного глазка», см <sup>2</sup>
Ландрас				
<i>CC</i>	5	68,5 ± 1,05	48,0 ± 1,22	74,3 ± 8,56
Йоркшир				
<i>CC</i>	5	65,1 ± 0,58*	47,3 ± 0,70***	62,3 ± 5,25**
<i>AA</i>	6	60,3 ± 1,57	41,4 ± 0,88	38,8 ± 1,45

Table 3  
Indicators of meat traits of purebred young animals, obtained from boars of Landrace and Yorkshire breeds according to the *MYOD1* gene marker

Boar's genotype	<i>n</i>	Carcass meat yield, %	Amount of meat-pulp, kg	Loin area, cm <sup>2</sup>
Landrace				
<i>CC</i>	5	68.5 ± 1.05	48.0 ± 1.22	74.3 ± 8.56
Yorkshire				
<i>CC</i>	5	65.1 ± 0.58*	47.3 ± 0.70***	62.3 ± 5.25**
<i>AA</i>	6	60.3 ± 1.57	41.4 ± 0.88	38.8 ± 1.45

### Результаты (Results)

В результате молекулярно-генетического тестирования по гену *MC4R* чистопородного племенного молодняка пород ландрас и йоркшир (таблица 1) установлено, что частота встречаемости генотипов *MC4R* составила у породы ландрас *AG* – 35,5 %, *GG* – 64,5%, а у породы йоркшир *AA* – 9,4%, *AG* – 50 %, *GG* – 40,6 %. При этом концентрация аллеля *A* была 0,184 и 0,345, а *G* – 0,816 и 0,655 соответственно.

По гену *MYOD1* у чистопородного молодняка породы ландрас доминировал генотип *CC* – 100 %. Молодняк породы йоркшир имел 3 генотипа по гену *MYOD1*: *AA* (25 %), *AC* (43,7 %), *CC* (31,3 %). Частота аллелей по гену *MYOD1* у породы ландрас *C* – 1,0, а у породы йоркшир *A* – 0,468 и *C* – 0,532.

Таблица 4

Распределение хребтового шпика у чистопородного молодняка свиней, полученного от хряков пород ландрас йоркшир по гену маркеру MYF4

Генотип хряка	<i>n</i>	На холке	Над 6–7-м грудными позвонками	На пояснице	Среднее трех точек на крестце	Разница между наибольшей и наименьшей толщиной
Ландрас						
AG	4	24,5 ± 0,87*	9,0 ± 1,78*	16,5 ± 1,19	8,3 ± 0,24**	16,2 ± 0,93
GG	5	31,0 ± 2,41	14,8 ± 1,20	19,4 ± 1,12	12,9 ± 0,72	18,1 ± 2,07
Йоркшир						
AA	4	34,3 ± 2,78	15,5 ± 1,32	17,3 ± 2,02*	14,3 ± 1,79	20,0 ± 3,23
GG	5	35,8 ± 1,62	18,8 ± 0,97	25,0 ± 1,92	14,8 ± 1,14	21,0 ± 2,04

Table 4

Distribution of backbone fat in purebred young pigs, obtained from boars of Landrace and Yorkshire breeds according to the MYF4 gene marker

Boar's genotype	<i>n</i>	At the withers	Above the 6–7 <sup>th</sup> thoracic vertebrae	At the joint	Average of three points at the sacrum the sacrum	Difference between largest and smallest thickness
Landrace						
AG	4	24.5 ± 0.87*	9.0 ± 1.78*	16.5 ± 1.19	8.3 ± 0.24**	16.2 ± 0.93
GG	5	31.0 ± 2.41	14.8 ± 1.20	19.4 ± 1.12	12.9 ± 0.72	18.1 ± 2.07
Yorkshire						
AA	4	34.3 ± 2.78	15.5 ± 1.32	17.3 ± 2.02*	14.3 ± 1.79	20.0 ± 3.23
GG	5	35.8 ± 1.62	18.8 ± 0.97	25.0 ± 1.92	14.8 ± 1.14	21.0 ± 2.04

Среди чистопородного молодняка породы ландрас по гену MYF4 выявлены следующие генотипы: AG – 25 %, GG – 75 %. В то же время по породе йоркшир были следующие результаты: AA – 3,13 %, AG – 53,1 %, GG – 43,8 %. Частота встречаемости аллелей у породы ландрас и йоркшир A – 0,126 и 0,298, G – 0,874 и 0,702 соответственно.

Сопоставив результаты исследований генов-маркеров с продуктивными качествами, мы установили, что по гену MC4R молодняк, полученный от хряков породы ландрас генотипа AG, по комплексу откормочных качеств превосходил животных, полученных от хряков с генотипом GG, по возрасту достижения живой массы 100 кг – на 10,6 дня (или на 6,3 %), по среднесуточному приросту – на 131,7 г (или на 16,1 %), по затратам корма – на 0,20 к. ед. (или на 6,9 %) соответственно (таблица 2).

Такая же тенденция сохранилась и по животным породы йоркшир: так, возраст достижения живой массы 100 кг у животных предпочтительного генотипа AA составил 155,4 дня, то есть на 17,8 дня (или на 10,3 % ( $P \leq 0,001$ )) более скороспелые, среднесуточный был выше на 201,4 г (или на 14,8 %), а экономия кормов – на 1,20 к. ед. (или на 3,24 %) по отношению к генотипу GG.

Установлено, что у подсвинков породы йоркшир – носителей предпочтительного аллеля по гену MYOD1<sup>CC</sup> – было преимущество по выходу мяса в туше на 4,8 %,

количеству мяса-мякоти – на 5,9 кг (или на 14,2 %), площади «мышечного глазка» – на 23,5 см<sup>2</sup> (или 60,6 %) по отношению к аналогам с генотипом MYOD1<sup>AA</sup>, характеризующимся пониженными показателями мясных качеств (таблица 3).

Исследование по гену-маркеру MYF4, влияющему на уменьшение или увеличение толщины шпика, показало, что наименьшим слоем хребтового шпика в области холки (24,5–34,3 мм) отличались туши подсвинков ландрас и йоркшир предпочтительных генотипов MYF4<sup>AG</sup> и MYF4<sup>AA</sup>, что на 1,5–6,5 мм (или на 4,18–20,9 %) ниже аналогичных показателей туш животных генотипа MYF4<sup>GG</sup> (таблица 4).

Что касается равномерности распределения шпика вдоль хребта, то минимальное отложение его в области 6–7-го грудных позвонков наблюдалось у животных – носителей предпочтительных генотипов MYF4<sup>AG</sup> и MYF4<sup>AA</sup>, что на 3,3–5,8 мм (или на 17,5–39,2 %) тоньше, чем у животных с генотипом GG. Самый тонкий слой шпика на пояснице отмечен у молодняка генотипов AG и AA, у которых данный показатель составил 16,5–17,3 мм, что на 2,9–7,7 мм (или на 14,9–30,8 %) меньше, чем у аналогов с аллелями GG. Минимальные значения толщины шпика (8,3–14,3 мм) в области крестца фиксировались у подсвинков аллелем A в генотипах MYF4<sup>AG</sup> и MYF4<sup>AA</sup>, что на 0,5–4,6 мм (или на 3,37–35,6 %) соответственно ниже, чем

у подсвинков генотипа *GG*. На хребте у чистопородного молодняка йоркшир и ландрас различных генотипов по гену *MYF4* разница между наибольшей и наименьшей толщиной шпика превышала 10 мм, что свидетельствует о невыровненности туш и резерве улучшения этого показателя в сторону снижения и выровненности толщины шпика.

#### Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

Проведенные исследования по оценке откормочной и мясной продуктивности свиней пород йоркшир и ландрас позволяют определить по полиморфным генам-маркерам

*MYF4*, *MC4R*, *MYOD1* генотип тестируемого животного и выявить животных с показателями продуктивности, превышающими средние популяционные по откормочным показателям на 2,7–12,5 %, мясным качествам – на 2,8–34,4 %. Использование комплексной оценки в свиноводстве позволит ускорить селекционную работу по увеличению показателей откормочной и мясной продуктивности создаваемых селекционных стад свиней пород йоркшир и ландрас.

#### Библиографический список

1. Бальников А. А. О скрытых резервах повышения прибыльности отечественного свиноводства // Наше сельское хозяйство. 2019. № 14. С. 16–21.
2. Бальников А. А. Драйвер свиноводства – не вал, а качество и себестоимость // Наше сельское хозяйство. 2020. № 6. С. 4–12.
3. Костюнина О. В., Зиновьева Н. А., Сизарева Е. И., Калугина А. И., Гладырь Е. А., Гетманцева Л. В., Форнара М. С., Харзинова В. Р. Полиморфизм гена рецептора меланокортина *MC4R* и его влияние на мясные и откормочные качества свиней // Достижения науки и техники АПК. 2012. № 8. С. 49–51.
4. Зиновьева Н. А. Подготовка проб, выделение ДНК и оптимизация метода ПЦР-анализа // Методы исследований в биотехнологии сельскохозяйственных животных: шк.-практикум / Под ред. Н. А. Зиновьевой. Дубровицы: ВИЖ, 2004. Вып. 3. С. 40–41.
5. Verner J., et al. Impact of MYOD family genes on pork traits in Large White and Landrace pigs // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2007. Vol. 124 (2). Pp. 81–85.
6. Шейко И. П., Ганджа А. И., Журина Н. В., Ковальчук М. А., Курак О. П. Методические рекомендации по применению технологии генотипирования свиней по микросателлитным локусам ДНК. Жодино, 2016. 16 с.
7. Nidup K., Moran C. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites: a mini-review // Genomics and Quantitative Genetics. 2011. Vol. 2. Pp. 5–18.
8. Бальников А. А. Мясосальные качества чистопородного и помесного молодняка свиней различных генотипов // Ученые записки УО ВГАВМ. 2012. Т. 48. Вып. 2. Ч. II. С. 10–12.
9. Мельникова Е. Е., Бардуков Н. В., Форнара М. С., Костюнина О. В., Сермягин А. А., Зайцев А. М., Зиновьева Н. А. Влияние генотипов по *IGF2*, *SSKAR* и *MC4R* на фенотипические показатели и племенную ценность свиней по хозяйственно полезным признакам // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 4. С. 723–734.
10. Колосова М. А., Колосов А. Ю., Бакоев Ф. С. ДНК-маркеры продуктивности в свиноводстве // Вестник Донского государственного аграрного университета. 2019. № 4. Ч. 1 (34). С. 16–20.
11. Охохонина Е. Н., Голощапов А. А. Использование ДНК-маркеров в селекции свиней // Развитие научной, творческой и инновационной деятельности молодежи : сб. статей по материалам XII Всероссийской (национальной) научно-практической конференции молодых ученых, посвященной 125-летию Т. С. Мальцева. Курган, 2020. С. 253–259.
12. Гетманцева Л. В., Третьякова О. Л., Леонова М. А. Практическое использование полиморфизма гена *MC4R* в селекционной работе: научно-практические рекомендации. Персиановский, 2015. 16 с.
13. Раскатова С. М., Шавырина К. М., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Изучение мясных и откормочных качеств с учетом полиморфизма по генам *IGF2*, *MC4R*, *CAST*, *PRKAG3* и *SSKAR* молодняка свиней // Свиноводство. 2015. № 1. С. 25–28.
14. Бальников А. А. Почему нужен генетический сертификат в племенном свиноводстве [беседа с экспертом] / Беседа вела А. Киселева // Наше сельское хозяйство. 2020. № 24. С. 38–43.

#### Об авторах:

Юлия Сергеевна Казутова<sup>1</sup>, научный сотрудник лаборатории разведения и селекции свиней, ORCID 0000-0001-7463-2666

Артур Анатольевич Бальников<sup>1</sup>, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, заведующий лабораторией разведения и селекции свиней, ORCID 0000-0002-6854-3576

Игорь Федорович Гридюшко<sup>1</sup>, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории разведения и селекции свиней, ORCID 0000-0001-9882-788X

<sup>1</sup> Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству, Жодино, Республика Беларусь

## Indicators of meat performance of Landrace and Yorkshire breeds of pigs depending on genotypes according to genes *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4*

Yu. S. Kazutova<sup>1</sup>, A. A. Balnikov<sup>1✉</sup>, I. F. Gridyushko<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Research and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding, Zhodino, Republic of Belarus

✉ E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by

**Abstract.** The need for effective DNA marking of the performance traits of animals is increasing every year, since the use of DNA markers in breeding can increase performance of animals by up to 20 %. This determines **the relevance** of scientific research in this area. **The purpose** of the research is to study the indicators of meat productivity of pigs of Landrace and Yorkshire breeds depending on genotypes for genes *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4*. The subject of the research was populations of purebred young pigs of Yorkshire and Landrace breeds bred at the State Enterprise “ZhodinoAgroPlemElita”, Minsk region. **Methods.** DNA analysis was carried out in the laboratory of animal genetics of the State Scientific Institution “Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus”. Zoology engineering and molecular genetic methods (PCR/RFLP) were used. **Results.** It has been determined that the frequency of occurrence of the preferred allele A of the *MYF4* gene in the animals tested made 0.126–0.298, *A-MC4R* – 0.184–0.345, and *C-MYOD1* – 1.0–0.532, respectively. A comprehensive system for assessing the breeding value of Yorkshire and Landrace pigs based according to the *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4* marker genes, developed in the course of research, made it possible to identify preferred alleles and find correlation with performance traits, which ensured increase in the average population values: for self-performance – by 2–4 %, for fattening traits – by 2.7–12.5 %, for meat traits – by 2.8–34.4 %. **The novelty** lies in the fact that in our research we propose a cheaper method for detecting genetic polymorphisms associated with economically useful traits of pigs using the DNA technology of multilocus genotyping in multiplex reactions, in comparison with genomic analysis using chips (matrices) with 50–60 thousand of SNP.

**Keywords:** young animals, Yorkshire and Landrace pigs, breeding, fattening and meat traits, DNA testing, polymorphism, allele, gene markers *MYF4*, *MC4R* and *MYOD1*.

**For citation:** Kazutova Yu. S., Balnikov A. A., Gridyushko I. F. Pokazateli myasnoy produktivnosti sviney porod landras i yorkshir v zavisimosti ot genotipov po genam *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4* [Indicators of meat performance of Landrace and Yorkshire breeds of pigs depending on genotypes according to genes *MC4R*, *MYOD1*, *MYF4*] // Agrarian Bulletin of the Urals. 2021. No. 02 (205). Pp. 65–71. DOI: 10.32417/1997-4868-2021-205-02-65-71. (In Russian.)

**Paper submitted:** 13.01.2021.

### References

- Bal'nikov A. A. O skrytykh rezervakh povysheniya pribyl'nosti otechestvennogo svinovodstva [Hidden reserves to increase profitability of the domestic pig breeding] // Nashe sel'skoye khozyaystvo. 2019. No. 14. Pp. 16–21. (In Russian.)
- Bal'nikov A. A. Drayver svinovodstva – ne val, a kachestvo i sebestoimost' [Pig breeding driver is not a shaft, but quality and cost] // Nashe sel'skoye khozyaystvo. 2020. No. 6. Pp. 4–12. (In Russian.)
- Kostyunina O. V., Zinov'yeva N. A., Sizareva E. I., Kalugina A. I., Gladyr' E. A., Getmantseva L. V., Fornara M. S., Kharzinova V. R. Polimorfizm gena retseptora melanokortina MC4R i ego vliyaniye na myasnyye i otkormochnyye kachestva sviney [Polymorphism of the melanocortin receptor gene MC4R and its effect on meat and fattening qualities of pigs] // Achievements of Science and Technology of AIC. 2012. No. 8. Pp. 49–51. (In Russian.)
- Zinov'yeva N. A. Podgotovka prob, vydeleniye DNK i optimizatsiya metoda PTsR-analiza [Preparation of samples DNA isolation and optimization of PCR analysis] // Metody issledovaniy v biotekhnologii sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh: shk.-praktikum / Edited by N. A. Zinov'yeva. Dubrovitsy: VIZh, 2004. Vol. 3. Pp. 40–41. (In Russian.)
- Verner J., et al. Impact of MYOD family genes on pork traits in Large White and Landrace pigs // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2007. Vol. 124 (2). Pp. 81–85.
- Sheyko I. P., Gandzha A. I., Zhurina N. V., Koval'chuk M. A., Kurak O. P. Metodicheskiye rekomendatsii po primeneniyu tekhnologii genotipirovaniya sviney po mikrosatelitnym lokusam DNK [Guidelines for the use of pig genotyping technology for microsatellite DNA loci]. Zhodino, 2016. 16 p. (In Russian.)
- Nidup K., Moran S. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites: a mini-review // Genomics and Quantitative Genetics. 2011. Vol. 2. Pp. 5–18.
- Bal'nikov A. A. Myasosal'nyye kachestva chistoporodnogo i pomesnogo molodnyaka sviney razlichnykh genotipov [Meat quality of purebred and crossbred young pigs of various genotypes] // Uchenyye zapiski UO VGAVM. 2012. T. 48. Vol. 2. Ch. II. Pp. 10–12. (In Russian.)

9. Mel'nikova E. E., Bardukov N. V., Fornara M. S., Kostyunina O. V., Sermyagin A. A., Zaytsev A. M., Zinov'yeva N. A. Vliyaniye genotipov po IGF2, CCKAR i MC4R na fenotipicheskiye pokazateli i plemennuyu tsennost' sviney po khozyaystvenno poleznym priznakam [MC4R on phenotypic indicators and breeding value of pigs for economically useful traits] // Sel'skokhozyaystvennaya biologiya. 2018. T. 53. No 4. Pp. 723–734. (In Russian.)

10. Kolosova M. A., Kolosov A. Yu., Bakoyev F. S. DNK-markery produktivnosti v svinovodstve [DNA markers of productivity in pig breeding] // Vestnik Donskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. 2019. No 4. Ch. 1 (34). Pp. 16–20. (In Russian.)

11. Okhokhonina E. N., Goloshchapov A. A. Ispol'zovaniye DNK-markerov v selektsii sviney [Use of DNA markers in pig breeding] // Razvitiye nauchnoy, tvorcheskoy i innovatsionnoy deyatel'nosti molodezhi : sb. statey po materialam XII Vserossiyskoy (natsional'noy) nauchno-prakticheskoy konferentsii molodykh uchenykh, posvyashchennykh 125-letiyu T. S. Mal'tseva. Kurgan, 2020. Pp. 253–259. (In Russian.)

12. Getmantseva L. V., Tret'yakova O. L., Leonova M. A. Prakticheskoye ispol'zovaniye polimorfizma gena MC4R v selektsionnoy rabote [Use of DNA markers in pig breeding]. Persianovskiy, 2015. 16 p. (In Russian.)

13. Raskatova S. M., Shavyrina K. M., Kostyunina O. V., Zinov'yeva N. A. Izucheniye myasnykh i otkormochnykh kachestv s uchetom polimorfizma po genam IGF2, MC4R, CAST, PRKAG3 i CCKAR molodnyaka sviney [The study of meat and fattening qualities taking into account the polymorphism of the IGF2, MC4R, CAST, PRKAG3 and CCKAR genes of young pigs] // Pig breeding. 2015. No. 1. Pp. 25–28. (In Russian.)

14. Bal'nikov A. A. Pochemu nuzhen geneticheskiy sertifikat v plemennom svinovodstve [Why do you need a genetic certificate in pig breeding] / The conversation was led by A. Kislekova // Nashe sel'skoye khozyaystvo. 2020. No. 24. Pp. 38–43. (In Russian.)

#### **Authors' information:**

Yliya S. Kazutova<sup>1</sup>, researcher of laboratory for rearing and selection of pigs, ORCID 0000-0001-7463-2666

Artur A. Balnikov<sup>1</sup>, candidate of agricultural sciences, associate professor, head of the laboratory for rearing and selection of pigs, ORCID 0000-0002-6854-3576

Igor F. Gridyushko<sup>1</sup>, candidate of agricultural sciences, leading researcher of laboratory for rearing and selection of pigs, ORCID 0000-0001-9882-788X

<sup>1</sup> Research and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding, Zhodino, Republic of Belarus