

УДК 575.4

Костенко С.О., доктор біологічних наук, професор
Національний університет біоресурсів і природокористування України

ОСОБЛИВОСТІ ГЕНОМУ СВИНИ СВІЙСЬКОЇ

Sus scrofa – важливий сільськогосподарський вид, який протягом останніх 8-10 тисяч років з моменту одомашнення слугує людству надійним джерелом протеїну. Всеядні свині мають подібну до людей травну систему, нирки, судинні структури, частоту дихання. Свиней використовують як модельний організм при дослідженні ожиріння, серцево-судинних, ендокринологічних захворювань в т.ч. діабету, алкоголізму, нефропатій та за трансплантації органів і є вдалим об'єктом для дослідження ожиріння, гінекологічних та інфекційних захворювань людини.

Оскільки свині існують як в диких, так і в свійських популяціях, які різняться фенотипом та каріотипом, свиня залишається привабливою моделлю доместикації. На сьогодні у світі існує за різними підрахунками понад 100 порід свиней. Світове поголів'я свиней складає понад 1 мільярд особин. Гаплоїдний геном домашньої свині оцінюється в 2800 Мб. Диплоїдний геном організовано у 18 пар аутосом і двох статевих хромосом. Результати першого секвенування геному свині, якою була свиноматка породи дюрорк, представлені в базі даних псбі.

Згідно бази даних псбі розмір геному свині свійської становить 2 457 910 пар нуклеотидів (що відповідає геному ссавців, так, у великої рогатої худоби, наприклад, 2 649 530). Розмір мітохондріального геному становить 16 770 пар нуклеотидів (у великої рогатої худоби – 16 340.) Найбільшою за нуклеотидним складом є хромосома 1 274 330 п.н., яка значно перевищує першу хромосому великої рогатої худоби (158 340 п.н.), X-хромосома 125 940, а найменшою серед аутосом є хромосома 18 (55 980 п.н.) та Y-хромосома 43 550.

З метою забезпечення міжнародної координації з вересня 2003 року успішно працює консорціум по секвенуванню послідовності геному свиней (SGSC), створений представниками академічних, урядових та галузевих організацій.

З метою встановлення генів, пов'язаних з певними мутаціями та пошуку окремих генів з локусами кількісних ознак (QTL), в останні роки були розроблені різноманітні ресурси.

На сьогодні база даних QTL містить дані щодо 27 465 локусів свині свійської, які асоційовані з 663 різними кількісними ознаками. База наповнена даними з 620 публікацій, вона дозволяє полегшити процес порівняння, підтвердження та знаходження і найбільш вірогідного розташування генів. Описані дані, які можна проаналізувати за допомогою ресурсів інших баз даних, використовуючи відповідні інструменти на цих сайтах.

Інструменти Animal QTLdb дозволяють порівнювати дані між QTL / фенотип, шляхом асоціації та співставлення цих даних з різними характеристиками геному. База даних Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) містить інформацію про ознаки великої рогатої худоби, що успадковуються згідно законів Менделя (фени). На квітень 2018 року у цій базі описано 253 ознаки свиней, 109 з них вважються потенційними моделями для досліджень хвороб людини.

Ключові слова: свиня свійська, генетичний поліморфізм, локуси кількісних ознак, геном, гени

Рис. 7. Літ. 15.

Постановка проблеми. *Sus scrofa* – важливий сільськогосподарський вид, який протягом останніх 8-10 тисяч років з моменту одомашнення [9]

служує людству надійним джерелом протеїну. Всеядні свині мають подібну до людей травну систему, нирки, судинні структури, частоту дихання. Свиней використовують як модельний організм при дослідженні ожиріння, серцево-судинних, ендокринологічних захворювань в т.ч. діабету, алкоголізму, нефропатій та за трансплантації органів і є вдалим об'єктом для дослідження ожиріння, гінекологічних та інфекційних захворювань людини [2, 3].

Оскільки свині існують як в диких, так і свійських популяціях, які різняться фенотипом та каріотипом, свиня залишається привабливою моделлю доместикації [4, 5]. На сьогодні у світі існує за різними підрахунками понад 100 порід, тоді як у 1990 налічували 203 породи свиней [6]. Світове поголів'я свиней складає понад 1 мільярд особин [7]. Гаплоїдний геном домашньої свині оцінюється в 2800 Мб. Диплоїдний геном організовано в 18 пар аутосом і двох статевих хромосом. Результати першого секвенування геному свині, якою була свиноматка породи дюрок, представлені в базі даних.ncbi [8].

Метою статті є аналіз даних про геномні ресурси та особливості нуклеотидного складу геному свині свійської.

Матеріали і методи дослідження. Дослідження були здійснені на основі аналізу баз даних нуклеотидного складу, локусів кількісних ознак та фенів свині свійської.

Результати дослідження та їх обговорення. На рисунку 1 представлені дані щодо нуклеотидного складу окремих хромосом свині свійської та мітохондріального геному.

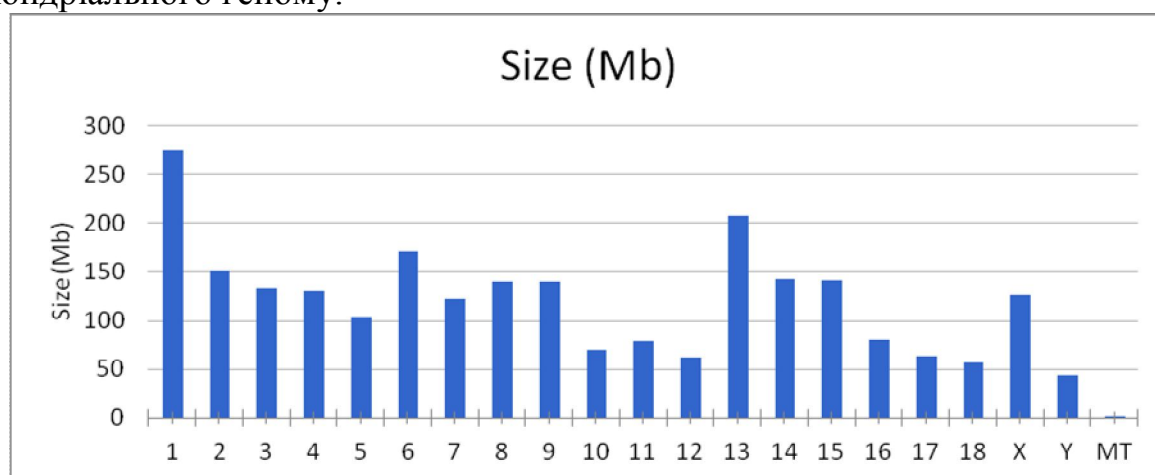


Рис. 1. Кількість нуклеотидів у хромосомах свині свійської (у мільйонах нуклеотидів)

Згідно бази даних.ncbi розмір геному свині свійської становить 2 457 910 пар нуклеотидів (що відповідає геному ссавців, так, у великої рогатої худоби, наприклад, 2 649 530). Розмір мітохондріального геному становить 16 770 пар нуклеотидів (у великої рогатої худоби – 16 340.) Найбільшою за нуклеотидним складом є хромосома 1 274 330 п.н., яка значно перевищує першу хромосому

великої рогатої худоби (158 340 п.н.), Х-хромосома 125 940, а найменшою серед аутосом є хромосома 18 (55 980 п.н.) та Y-хромосома 43 550 (у великій рогатої худоби – лише 9 220 п.н.). Слід зазначити, що в геномі *Sus scrofa* знайдено 2 454 900 пар нуклеотидів. Як і найбільша хромосома 1 свиней значно переважає за розміром (274 330 п.н.) першу хромосому великої рогатої худоби, так і найменша хромосома 18 (55 980). У-хромосома свиней також крупніша, ніж у великої рогатої худоби і має у своєму складі 43 550 пар нуклеотидів.

На рисунку 2 показана частка G-C в нуклеотидному складі окремих хромосом (%). Максимальна частка G-C виявлена у статевій Y-хромосомі – 47,5% та аутосомі 12, що відповідає 47,7%. Мінімальна частка G-C характеризувала склад ДНК у аутосомі 8 та мітохондріальній (39,5%). Середній показник по геному свині свійської 41,5% G-C, тоді як у геномі великої рогатої худоби становив 41,8776%.

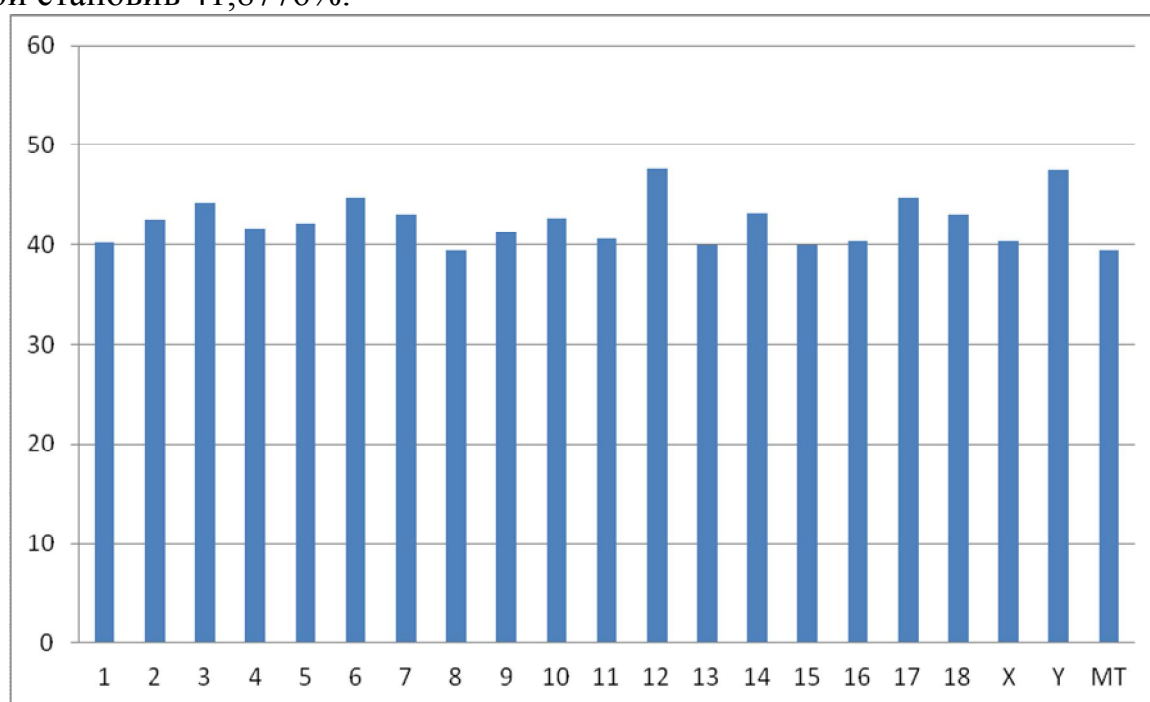


Рис. 2. Частка G-C в нуклеотидному складі окремих хромосом, %

На рисунку 3 представлені дані щодо кількості білків, які кодуються різними хромосомами. Найменша кількість білків, що кодуються генами ядерного геному, розташовані в Y-хромосомі (118 білків), та в аутосомі 16 (940 білків), а найбільша – у хромосомі 2 (5 641 білок). У мітохондріальній ДНК знайдено 13 генів, що кодують білки. Всього описано 60 289 білків, які закодовані у послідовностях геному свині, тоді як у великій рогатої худоби описано 85 086 білків.

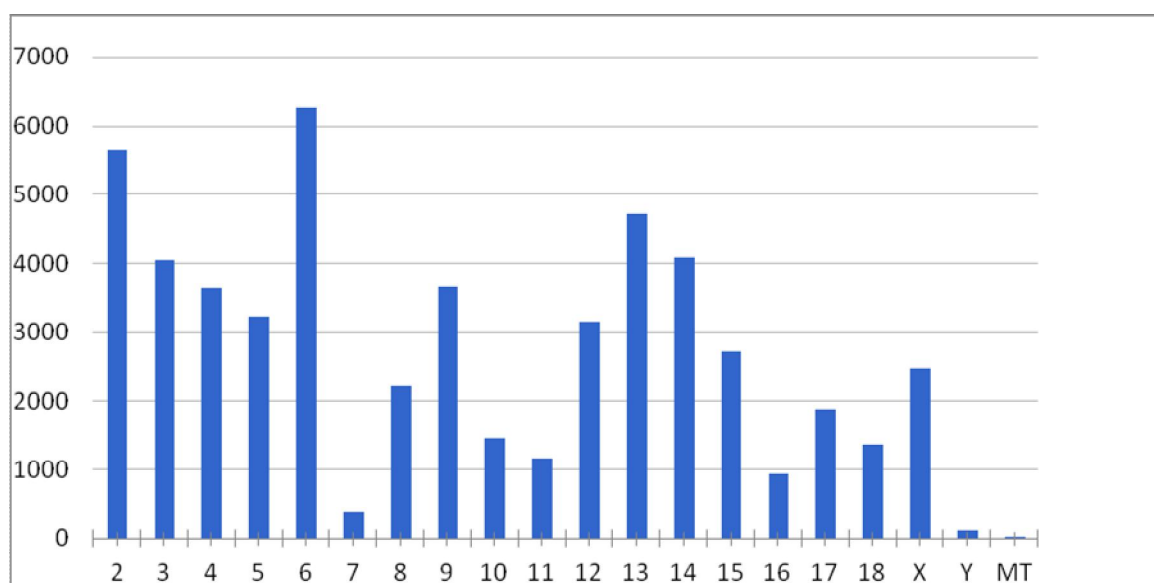


Рис. 3. Кількість білків, які кодуються різними хромосомами свині свійської

Гени, що кодують транспортні РНК, розташовані на усіх хромосомах свині крім Y-хромосоми (рис. 4). Найбільша кількість таких генів розташована на хромосомі 7 (143). Гени, що кодують інші РНК (усі крім тРНК), були виявлені у кількості від 57 (Y-хромосома) до 1282 (хромосома 6) в геномі свині (рис. 5).

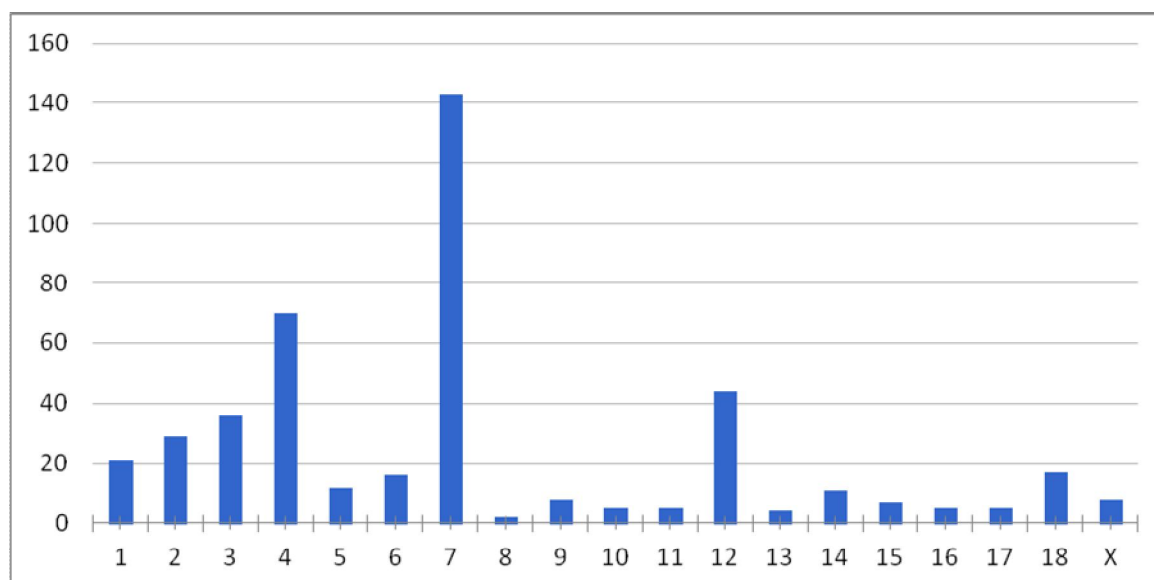


Рис. 4. Кількість генів, які кодують транспортні РНК, на різних хромосомах свині свійської

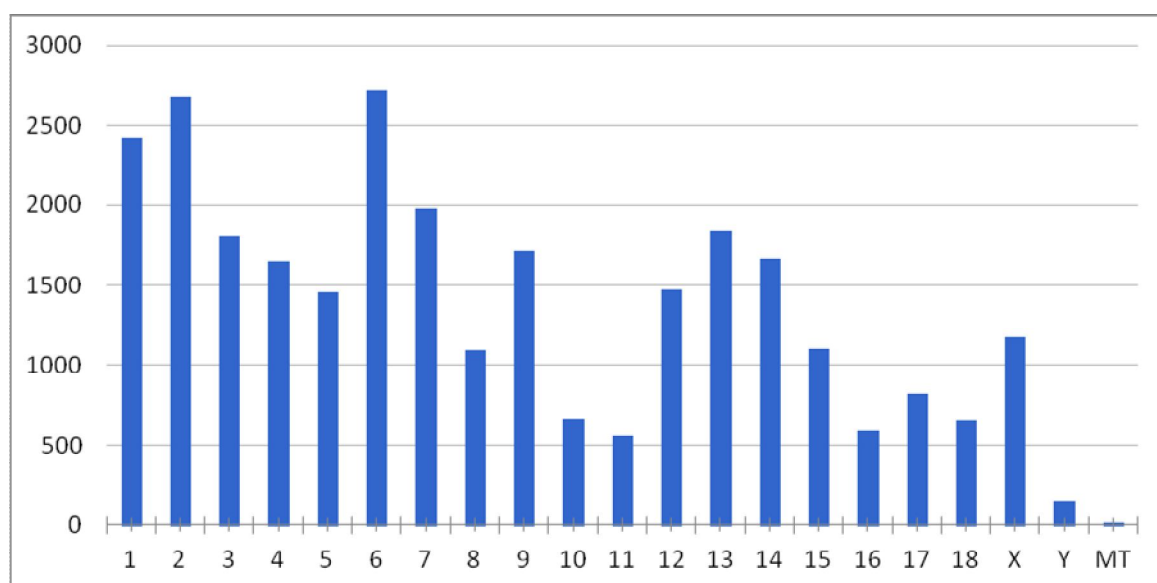


Рис. 5. Кількість генів, що кодують РНК (крім тРНК)

Всього у геномі свині було описано 30 173 (рис. 6), серед яких до цього часу не картовані 1936.

Слід відзначити, що їх кількість майже у два рази поступається кількості білків, які вони кодують. Найбільше картували: 2724 гени на хромосомі 6 та 2683 гени на хромосомі 2. Найменша кількість генів встановлена у Y-хромосомі (147). Мітохондріальний геном містить інформацію про 13 генів.

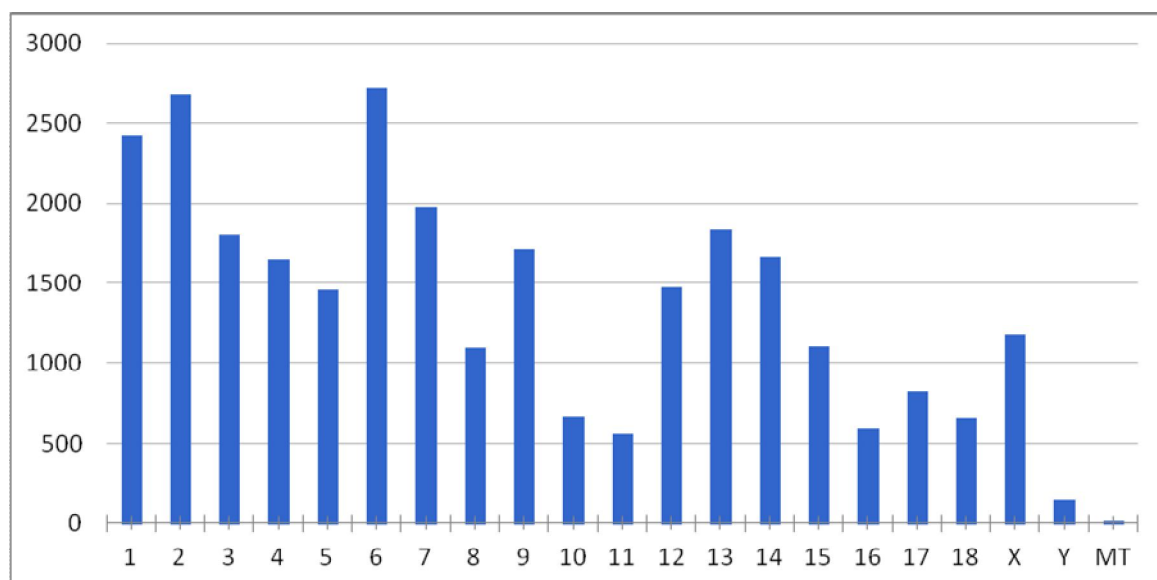


Рис. 6. Характеристика хромосом свині свійської за кількістю генів

Псевдогени були картовані на усіх хромосомах геному свині (рис. 7). Всього було картовано 2961 псевдогенів, що значно поступається їх кількості у

геномі великої рогатої худоби (10 050). Найменша кількість псевогенів – 41, була знайдена на хромосомі 18. До цього часу не картовано 596 псевдогенів.

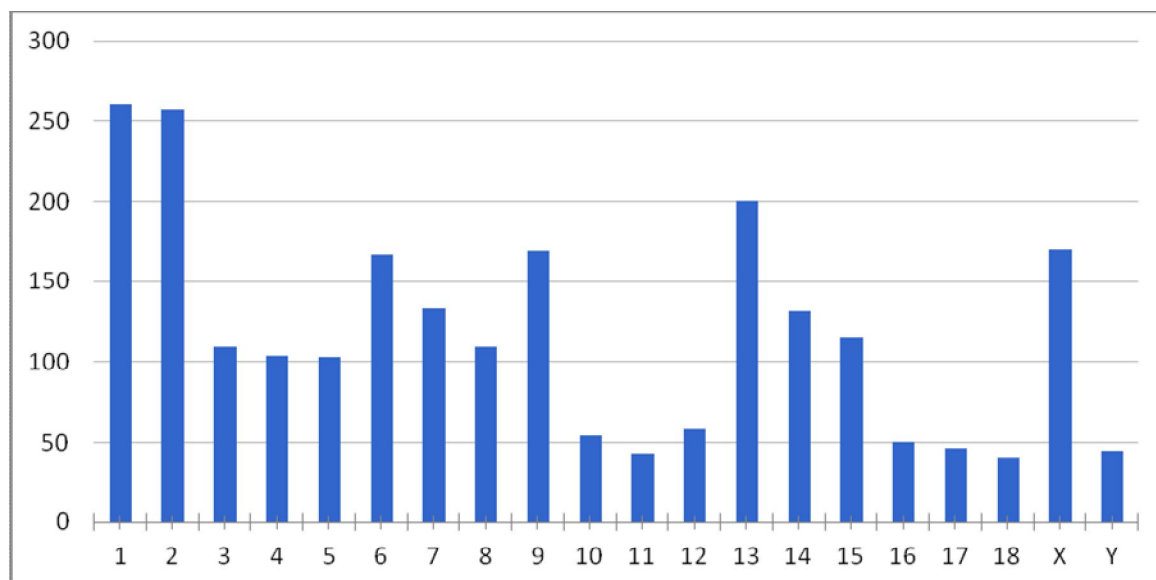


Рис. 7. Кількість псевдогенів у різних хромосомах свині

З метою забезпечення міжнародної координації з вересня 2003 року успішно працює консорціум по секвенуванню послідовності геному свиней (SGSC), створений представниками академічних, урядових та галузевих організацій [9].

Консорціум Pig Map проаналізував еволюцію *Sus scrofa* в Євразії шляхом секвенування послідовностей геномів десяти різних за походженням диких кабанів з різних географічних районів Європи та Азії. Всього у цих десяти кабанів було виявлено 17210760 випадків однонуклетидного поліморфізму (single nucleotide polymorphism, SNP). Кількість SNP, знайдених у чотирьох азійських диких кабанів (11 472 192), була набагато вищою, ніж у шести європейських диких кабанів (6 407 234). Описано лише 2 222 288 спільних SNP. Ця різноманітність нуклеотидів була помітна при розподілі гетерозиготних ділянок азійських геномів порівняно з європейськими геномами дикого кабана. Філогенетичний аналіз повних послідовностей геному цих диких кабанів та шести свійських свиней показав відмінності азійських та європейських ліній, що зазнали розколу у середині плейстоцену 1,6-0,8 мільйонів років тому.

Філогенетичне дерево, побудоване за використанням чотирьох європейських кабанів і домашніх свиней, шести східноазійських диких кабанів та домашніх свиней, показало чітке розходження між європейськими та азійськими породами, що підтверджує гіпотезу про те, що свині окремо одомашнені в Західній Євразії та Східній Азії. Аналіз виявив європейський вплив на азійські породи та азійську фракцію ~ 35% у європейських порід. Ці

результати узгоджуються з відомим обміном генетичного матеріалу між породами свиней в Європі та Азії [10].

Наявність цього широкого розмаїття видів свиней, що розходилися протягом періоду приблизно від 2 до 15 мільйонів років, забезпечує багатий ресурс для вивчення геномних змін у зв'язку з видоутворенням. Добре описана послідовність генома свиней утворює шаблон для вивчення генетичного різноманіття всередині та між видами [11-15].

На основі декількох великих бібліотек клонів бактеріальних штучних хромосом (bacterial artificial chromosome, BAC), які успішно використовують для характеристики генотипів свиней, а також картування послідовностей невеликих ділянок геному, що представляють особливий інтерес, наприклад, основний комплекс гістосумісності [10], була створена нова фізична карта. Вона об'єднує попередні карти з більш ніж 260 000 BAC, отриманих з 4 бібліотек. Карта покриває понад 98% еухроматину з 18 аутосом свиней та хромосоми X разом з локальним покриттям на Y представлено у 172 контигах. Побудовано карти мікростелітних локусів та карта радіаційного гібриду цілого геному, які містять понад 3000 маркерів і забезпечують роздільну здатність до приблизно 1 Мб [10].

З метою встановлення генів, пов'язаних з певними мутаціями та пошуку окремих генів з локусами кількісних ознак (QTL), в останні роки були розроблені різноманітні ресурси [12].

На сьогодні база даних QTL містить дані щодо 27 465 локусів свині свійської, які асоційовані з 663 різними кількісними ознаками [13]. База наповнена даними з 620 публікацій, вона дозволяє полегшити процес порівняння, підтвердження та знаходження і найбільш вірогідного розташування генів. Описані дані, які можна проаналізувати за допомогою ресурсів інших баз даних (NCBI Gene, Ensembl та UCSC), використовуючи відповідні інструменти на цих сайтах [15].

Протягом більше 10 років база даних тварин QTL є основним ресурсом для кількісних ознак локусів (QTL) та даних про асоціацію генотипу і фенотипу [13]. Інструменти Animal QTLdb дозволяють порівнювати дані між QTL / фенотип, шляхом асоціації та співставлення цих даних з різними характеристиками геному. Це досягається шляхом між- та внутрішньовидового порівняння різних даних: а) послідовності бактеріальних штучних хромосом (bacterial artificial chromosome, BAC); б) одонуклеотидний поліморфізм послідовностей (single nucleotide polymorphisms, SNP); в) Affymetrix або oligo array елементи; г) геном людини (radiation hybrid, RH); д) відомі картовані гени, тощо. Також був використаний мета-аналіз [14].

База даних Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) містить інформацію про ознаки великої рогатої худоби, що успадковуються згідно законів Менделя (фени). На квітень 2018 року у цій базі описано 253 ознак свиней, 109 з них вважаються потенційними моделями для досліджень хвороб

людини. База даних OMIA пов'язана з іншими потужними базами генетичних ресурсів: Homologene, Ensembl, NCBI gene [15].

На основі даних про геном свиней у багатьох країнах світу були створені програми геномної селекції. На жаль, в Україні така програма поки що відсутня. Розробка програми геномної селекції свійських тварин в Україні буде сприяти розвитку та збереженню генетичних ресурсів тваринництва.

Висновки. Шляхом між- та внутрішньовидового порівняння різних даних: а) послідовності бактеріальних штучних хромосом (bacterial artificial chromosome, BAC); б) одинонуклеотидного поліморфізму послідовностей (single nucleotide polymorphisms, SNP); в) картованих мікросателітних локусів; д) картованих відомих генів, в т.ч. QTL, отримані генетичні карти високої щільності, що дозволяють розробляти селекційні програми по покращенню та збереженню порід, використанню свиней в якості біологічних моделей захворювань людини.

Подальший аналіз зв'язку генетичного поліморфізму з продуктивністю тварин, спадковими хворобами дозволить покращити селекційну роботу по вдосконаленню сучасних генетичних ресурсів свиней.

Список використаної літератури

1. White S. From globalized pig breeds to capitalist pigs: a study in animals cultures and evolutionary history. *Environ. Hist.* 2011;16:94–120
 2. Walters, E.M., Wolf, E., Whyte, J.J., Mao, J., Renner, S., Nagashima, H., Prather, R.S. (2012). Completion of the swine genome will simplify the production of swine as a large animal biomedical model. *BMC Medical Genomics*, 5, 55. <http://doi.org/10.1186/1755-8794-5-55>
 3. Rothschild, M.F., Hu, Z., & Jiang, Z. (2007). Advances in QTL Mapping in Pigs. *International Journal of Biological Sciences*, 3(3), 192–197.
 4. Rubin, C.-J., Megens, H.-J., Barrio, A.M., Maqbool, K., Sayyab, S., Schwochow, D., Andersson, L. (2012). Strong signatures of selection in the domestic pig genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(48), 19529–19536. <http://doi.org/10.1073/pnas.1217149109>
 5. Groenen, M.A. M., Archibald, A.L., Uenishi, H., Tuggle, C.K., Takeuchi, Y., Rothschild, M. F., Schook, L.B. (2012). Analyses of pig genomes provide insight into porcine demography and evolution. *Nature*, 491(7424), 393–398. <http://doi.org/10.1038/nature11622>
 6. Дикіе и домашніе свиньи: Монографія / В.И. Герасимов, Д.И. Барановский, А.М. Хохлов, В.М. Нагаевич, В.П. Рыбалко, Ю.В. Засуха, Г.С. Походня, Т.Н. Данилова, Е.В. Пронь, А.И. Чалый, и др./ под ред. В.И. Герасимова и Д.И.Барановского. – Х.: Эспада, 2009. – С. 116.
 7. <http://ref.data.fao.org/dataset?entryId=c70af091-56be-41cc-8535-92c2ae46094>
 8. База даних ncbi. Електронний ресурс: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=pig>
 9. Schook, L.B., Beaver, J.E., Rogers, J., Humphray, S., Archibald, A., Chardon, P., Eversole, K. (2005). Swine Genome Sequencing Consortium (SGSC): A Strategic Roadmap for Sequencing The Pig Genome. *Comparative and Functional Genomics*, 6(4), 251–255. <http://doi.org/10.1002/cfg.479>
 10. Humphray, S.J., Scott, C.E., Clark, R., Marron, B., Bender, C., Camm, N., Rogers, J.
-

-
- (2007). A high utility integrated map of the pig genome. *Genome Biology*, 8(7), R139. <http://doi.org/10.1186/gb-2007-8-7-r139>
11. Archibald, A.L., Bolund, L., Churcher, C., Fredholm, M., Groenen, M. A., Harlizius, B., Schook, L.B. (2010). Pig genome sequence – analysis and publication strategy. *BMC Genomics*, 11, 438. <http://doi.org/10.1186/1471-2164-11-438>
12. Current Status of Quantitative Trait Locus Mapping in Livestock Species – Review -Asian-Australas J Anim Sci. 2001;14(4):587-596. DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.2001.5>
13. Електронний ресурс: <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/index>
14. Zhi-Liang Hu Developmental progress and current status of the Animal QTLdb / Zhi-Liang Hu, Carissa A. Park and James M. Reecy // *Nucleic Acids Research*. – 2016. – № 44 (Database issue):D827-D833. doi:10.1093/nar/gkv1233.
15. <http://omia.org/home/> Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA)
-

References

1. White S. (2011) From globalized pig breeds to capitalist pigs: a study in animals cultures and evolutionary history. *Environ. Hist.* ;16:94-120
 2. Walters, E. M., Wolf, E., Whyte, J. J., Mao, J., Renner, S., Nagashima, H., Prather, R. S. at al. (2012). Completion of the swine genome will simplify the production of swine as a large animal biomedical model. *BMC Medical Genomics*, 5, 55. <http://doi.org/10.1186/1755-8794-5-55>
 3. Rothschild, M. F., Hu, Z., & Jiang, Z. (2007). Advances in QTL Mapping in Pigs. *International Journal of Biological Sciences*, 3(3), 192-197.
 4. Rubin, C.-J., Megens, H.-J., Barrio, A. M., Maqbool, K., Sayyab, S., Schwochow, D., Andersson, L. at al. (2012). Strong signatures of selection in the domestic pig genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(48), 19529–19536. <http://doi.org/10.1073/pnas.1217149109>
 5. Groenen, M. A. M., Archibald, A. L., Uenishi, H., Tuggle, C. K., Takeuchi, Y., Rothschild, M. F., Schook, L. B. at al.(2012). Analyses of pig genomes provide insight into porcine demography and evolution. *Nature*, 491(7424), 393–398. <http://doi.org/10.1038/nature11622>
 6. Gerasimov, V.I., Baranovskiy, D.I., Hohlov, A.M., Nagaevich, V.M., Ryibalko, V.P., Zasuha, Yu.V., Pohodnya, G.S. at al. (2009) *Dikie i domashnie svini* Monografiya / pod red. V.I.Gerasimova i D.I.Baranovskogo. Harkov: Espada [in Russia].
 7. <http://ref.data.fao.org/dataset?entryId=c70af091-56be-41cc-8535-92c2ae46094>
 8. National Center for Biotechnology Information. Retrieved from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=pig>
 9. Schook, L.B., Beaver, J. E., Rogers, J., Humphray, S., Archibald, A., Chardon, P., Eversole, K. at al. (2005). Swine Genome Sequencing Consortium (SGSC): A Strategic Roadmap for Sequencing The Pig Genome. *Comparative and Functional Genomics*, 6(4), 251–255. <http://doi.org/10.1002/cfg.479>
 10. Humphray, S. J., Scott, C. E., Clark, R., Marron, B., Bender, C., Camm, N., Rogers, J. at al. (2007). A high utility integrated map of the pig genome. *Genome Biology*, 8(7), R139. <http://doi.org/10.1186/gb-2007-8-7-r139>
 11. Archibald, A. L., Bolund, L., Churcher, C., Fredholm, M., Groenen, M. A., Harlizius, B., Schook, L. B. at al. (2010). Pig genome sequence - analysis and publication strategy. *BMC Genomics*, 11, 438. <http://doi.org/10.1186/1471-2164-11-438>
 12. Jong-Joo Kim, Young I. Park (2001) Current Status of Quantitative Trait Locus Mapping in Livestock Species - Review -*Asian-Australas J Anim Sci.*; 14(4):587-596. <https://doi.org/10.5713/ajas.2001.587>
-

13. The Animal Quantitative Trait Loci (QTL) Database (Animal QTLdb). Retrieved from <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/index>
14. Hu, Z.-L., Park, C. A., & Reecy, J. M. (2016). Developmental progress and current status of the Animal QTLdb. *Nucleic Acids Research*, 44(Database issue), D827–D833. <http://doi.org/10.1093/nar/gkv1233>
15. Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA). Retrieved from <http://omia.org/home/>

АННОТАЦИЯ ОСОБЕННОСТИ ГЕНОМА ДОМАШНЕЙ СВИНЬИ

Костенко С.А., доктор биологических наук, профессор
Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины

Sus scrofa – важный сельскохозяйственный вид, который в течение последних 8-10 тысяч лет с момента одомашнивания служит человечеству надежным источником протеина. Всеядные свиньи имеют сходную с людьми пищеварительную систему, почки, сосудистые структуры, частоту дыхания. Свиней используют как модельный организм при исследовании ожирения, сердечно-сосудистых, эндокринологических заболеваний в т.ч. диабета, алкоголизма, нефропатии и по трансплантации органов, а также является удачным объектом для исследования ожирения, гинекологических и инфекционных заболеваний человека.

Поскольку свиньи существуют как в диких, так и домашних популяциях, которые отличаются фенотипу и кариотипу, свинья остается удобной моделью доместикации. На сегодня в мире существует по разным подсчетам более 100 пород свиней. Мировое поголовье свиней составляет более 1 млрд особей. Гаплоидный геном домашней свиньи оценивается в 2800 Мб. Диплоидный геном состоит из 18 пар аутосом и двух половых хромосом. Результаты первого секвенирования генома свиньи, которой была свиноматка породы дюрок, представлены в базе данных псбi.

Согласно базе данных псбi размер генома свиньи домашней составляет 2457910 пар нуклеотидов (что соответствует геному млекопитающих, так, у крупного рогатого скота, например, 2649530). Размер митохондриального генома составляет 16770 пар нуклеотидов (у крупного рогатого скота – 16 340.) Наибольшей по нуклеотидному составу является хромосома 1 (274330 п.н.), которая значительно превышает первую хромосому крупного рогатого скота (158 340 п.н.), X хромосома – 125940 п.н., а наименьшей среди аутосом является хромосома 18 (55980 п.н.) и Y-хромосома (43550 п.н.).

С целью обеспечения международной координации с сентября 2003 года успешно работает консорциум по секвенированию последовательности генома свиней (SGSC), созданный представителями академических, правительственных и отраслевых организаций.

С целью установления генов, связанных с определенными мутациями и поиска отдельных генов с локусам количественных признаков (QTL), в последние годы были разработаны разнообразные ресурсы.

На сегодня база данных QTL содержит данные о 27 465 локусах домашней свиньи, ассоциированных с 663 различными количественными признаками. База наполнена данным с 620 публикаций, она позволяет облегчить процесс сравнения, подтверждения нахождения и наиболее вероятного расположения генов. В базе описаны данные, которые можно

проанализировать с помощью ресурсов других баз данных, используя соответствующие инструменты на этих сайтах.

Инструменты Animal QTLdb позволяют сравнивать данные между QTL и фенотипом путем ассоциации и сопоставить эти данные с различными характеристиками генома. База данных Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) содержит информацию о признаках свиней, которые наследуются согласно законам Менделя (фены). На апрель 2018 в этой базе описано 253 признака свиней, 109 из них считаются потенциальными моделями для исследований болезней человека.

Ключевые слова: домашняя свинья, генетический полиморфизм, локусы количественных признаков, геном, гены

Рис. 7. Лит. 15.

ANNOTATION CHARACTERISTIC OF *SUS SCROFA*'S GENOME

Kostenko S.O., Doctor of Biological Sciences, Professor
National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine

Sus scrofa is an important agricultural species, which has been a reliable source of protein for humanity for the last 8-10 thousand years from the time of domestication. The digestive system, kidneys, vascular structures and respiration rates of omnivorous pigs are similar to humans. Pigs are used as a model organism in the study of obesity, cardiovascular, endocrinological diseases including diabetes, alcoholism, nephropathy, as well as in the organ transplantation. They are a good object for the study of obesity, gynecological and infectious diseases in humans.

Since pigs exist in both wild and domestic populations that differ in phenotype and karyotype, the pig remains an attractive model for domestication. According to different calculations there are more than 100 breeds of pigs in the world today. The world's population of pigs is over 1 billion. The haploid genome of *Sus scrofa* is 2,800 MB. The diploid genome is organized into 18 pairs of autosomes and two sex chromosomes. The results of the first sequencing of the pig's genome, namely, that one of the sow of the Duroc breed, are presented in the ncbi database.

According to the ncbi database, the size of *Sus scrofa*'s genome is 2,457,910 pairs of nucleotides (it's corresponding to the mammals' genome, for example, 2,649,530 pairs of nucleotides in cattle). The size of the mitochondrial genome is 16,770 pairs of nucleotides (16,340 in cattle). The 1st chromosome has the largest nucleotide composition of 274,330 pairs of nucleotides, which is significantly higher than the 1st chromosome of cattle (158,340). The X-chromosome has 125,940 pairs of nucleotides, while the chromosome 18 (55,980) and the Y-chromosome (43,550) are the smallest among the autosomes.

In order to provide the international coordination, the consortium for sequencing the genome sequence of pigs (SGSC), created by the representatives of academic, government and industry organizations, has been successfully operating since September 2003.

Various resources have been developed in recent years to identify the genes associated with certain mutations and search the individual genes with quantitative traits loci (QTL).

Today, the QTL database contains data on 27,465 loci of *Sus scrofa*, which are associated with 663 different quantitative traits. The database is filled with data from 620 publications, it facilitates the process of comparing, verifying, finding and the most likely location of genes, as well as describes the data that can be analyzed by means of the resources from the other databases using the appropriate tools on those sites.

Animal QTLdb tools allow to compare data between the QTL/phenotype by association and comparison of these data with different genome characteristics. The Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) database contains information on the cattle's characteristics that are inherited by Mendel's laws (phene). For April 2018, 253 characteristics of pigs were described in this database, 109 of them are considered as potential models for the researches on human diseases.

Keywords: *Sus scrofa*, genetic polymorphism, quantitative trait loci, genome, genes

Fig. 7. Ref. 15.

Інформація про автора

КОСТЕНКО Світлана Олексіївна, доктор біологічних наук, професор кафедри генетики, розведення і біотехнології тварин, Національний університет біоресурсів і природокористування України; 03041 м. Київ, вул. Героїв Оборони, 15, e-mail: svitlanakostenko@i.ua

КОСТЕНКО Светлана Алексеевна, доктор биологических наук, профессор кафедры генетики, разведения и биотехнологии животных, Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины; 03041 г. Киев, ул. Героев Оборонь, 15, e-mail: svitlanakostenko@i.ua

KOSTENKO Svitlana, Doctor of Biological Sciences, Professor of the Department of Animal Genetics, Breeding and Biotechnology, National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine; 03041, 15, Heroiv Oborony Str., Kyiv; e-mail: svitlanakostenko@i.ua