

Миколаївський національний аграрний університет
Міністерство освіти і науки України

Кваліфікаційна наукова
праця на правах рукопису

ЛУГОВИЙ СЕРГІЙ ІВАНОВИЧ

УДК 636.4.082.22(477) : 577.213

ДИСЕРТАЦІЯ
МЕТОДОЛОГІЯ АНАЛІЗУ ГЕНОФОНДУ
ЧИСТОПОРОДНИХ І ПОМІСНИХ СВИНЕЙ ТА ФОРМУВАННЯ
ЇХ ПРОДУКТИВНОСТІ НА ОСНОВІ ДНК-МАРКЕРІВ

06.02.01 – розведення та селекція тварин
Сільськогосподарські науки

Подається на здобуття наукового ступеня
доктора сільськогосподарських наук

Дисертація містить результати власних досліджень. Використання ідей, результатів і текстів інших авторів мають посилання на відповідне джерело
_____ С. І. Луговий

Науковий консультант: Топіха Віра Сергіївна, доктор сільськогосподарських наук, професор

Миколаїв – 2018

АНОТАЦІЯ

Луговий С. І. Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів. – Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора сільськогосподарських наук за спеціальністю 06.02.01 – розведення та селекція тварин. – Миколаївський національний аграрний університет, Миколаїв, 2018.

Дисертаційна робота присвячена розробці методології аналізу генофонду та формування продуктивності чистопородних свиней десяти порід, що розводяться в Україні, а також помісей, отриманих на їх основі, з використанням поліморфізму мікросателітів ДНК та структурних генів: естрогенового рецептора (*ESR*), рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*), ріанодинового рецептора (*RYR1*), β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону (*FSH\beta*), пропердину (*BF*) та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*).

Об'єктом дослідження були особливості генофонду та формування продуктивності чистопородних і помісних свиней на основі ДНК-маркерів.

У роботі використано наступні методи досліджень: аналітичні – аналіз інформаційних джерел, модифікація і розробка методів, аналіз і узагальнення результатів досліджень; зоотехнічні – оцінка відтворювальних ознак свиноматок; молекулярно-генетичні – ПЛР-ПДРФ аналіз; статистичні та економіко-математичні – біометрична обробка отриманих результатів, економічна ефективність маркер-залежної селекції у свинарстві.

Дослідження проводилися в період 2007-2017 рр. Було проаналізовано 10 порід свиней, що розводяться в Україні: велика біла ($n = 206$), дюрок ($n = 91$), ландрас ($n = 90$), українська м'ясна ($n = 128$), червона білопояса ($n = 46$), миргородська ($n = 26$), українська степова біла ($n = 67$), полтавська м'ясна

($n = 13$), п'єтрен ($n = 7$), українська степова ряба ($n = 25$). Також для дослідження використовувалися напівкровні помісні тварини: (велика біла × ландрас; $n = 25$) та (українська м'ясна × ландрас; $n = 25$). Поголів'я належало восьми суб'єктам племінної справи, що розташовані на території шести областей України: ПАТ «Племзавод «Степной» (Запорізька обл.), ПЗ ТОВ «Таврійські свині», ПЗ «Асканія-Нова» (Херсонська обл.), СГПП «Техмет-Юг» (Миколаївська обл.), ПЗ «Біловодське» (Луганська обл.), ДП ДГ ім. Декабристів (Полтавська обл.), ФГ «Лео і партнери», ТОВ «Агрікор Холдинг» (Чернігівська обл.).

Всі лабораторні дослідження було проведено в умовах лабораторії молекулярної генетики тварин Центру біотехнології та молекулярної діагностики тварин Всеросійського науково-дослідного інституту тваринництва ім. Л. К. Ернста (Російська Федерація) впродовж 2010-2012 рр.

Матеріалом для виділення ДНК були зразки тканини (вушні вищипи) свиней.

Для досліджень нами було використано дві групи генетичних маркерів – мікросателіти ДНК та структурні гени. Загалом було вивчено поліморфізм 12 локусів мікросателітів та шести структурних генів.

Оцінку відтворювальних ознак свиноматок здійснювали за такими показниками: загальна кількість поросят при народженні (гол.), багатоплідність (гол.), кількість поросят при відлученні (гол.). Оцінка здійснювалася за загальноприйнятими методиками.

В результаті досліджень вперше визначено породні особливості десяти вітчизняних порід свиней за 12-ма локусами мікросателітів ДНК. Встановлено, що кожна із досліджуваних порід має унікальний генофонд, що зумовлює значний рівень міжпородної диференціації. Здебільшого, встановлені особливості пов'язані зі специфікою породотворчого процесу та генезисом порід, що досліджувалися.

Доведено, що алельне різноманіття різних порід свиней визначається, насамперед, кількістю рідкісних алелів. Кількість найбільш поширених

алелів локусів мікросателітів ДНК (що зустрічаються із частотою не менше 0,05) у свиней різних порід знаходиться майже на одному рівні – від 2,58 у полтавської м'ясної породи до 4,92 у великої білої породи.

Спільною характеристикою досліджуваного генофонду свиней є перевищення показнику очікуваної гетерозиготності над фактичною, що свідчить про дефіцит тварин із гетерозиготними генотипами. Це є наслідком суттєвої інбредованості порід свиней, що розводяться в Україні, зумовленої, з одного боку, тривалим їх розведенням «в собі» в умовах закритих популяцій (для локальних порід), а з іншого боку – збідненням генофонду в результаті широкого використання племінного матеріалу зарубіжного походження (для транскордонних порід).

Для дослідженого масиву тварин, за результатами аналізу «тонкої» генетичної структури на підставі поліморфізму локусів мікросателітів ДНК, найбільш вірогідною є наявність чітко диференційованих десяти генетичних груп, що відповідає фактичній кількості порід свиней, що аналізувалися.

Свині різних порід характеризуються суттєвими внутрішньопородними генетичними відмінностями. Для свиней великої білої породи за 11 локусами мікросателітів ДНК (за винятком локуса *SW24*) відмічено вірогідне значення індексу генетичної диференціації (*Fst*) між тваринами із різних господарств. Для свиней породи дюрок – за шістьма локусами *SW24*, *S0155*, *S0355*, *SW240*, *SW911* та *S0228*. Для свиней української м'ясної породи – за дев'ятьма локусами (за винятком *SW951*, *S0101* та *S0228*). Для кожного із стад, що займаються розведенням свиней однієї породи властиві характерні особливості алельних профілів тварин, рівень їх гетерозиготності, ступінь інбредованості.

При оцінці внутрішньопородної генетичної мінливості свиней за мікросателітними локусами встановлено, що належність свиноматок до певної родини зумовлює характерні особливості генофонду тварин. У свиноматок різних родин породи дюрок було відмічено від 2,667 (Мика) до 4,333 (Ронала) алелів на локус. У п'яти із досліджених родин виявлено

переважання фактичної гетерозиготності над очікуваною, хоча у родин Ронали та Тарзанки відмічено дефіцит гетерозигот.

Встановлено залежність між показниками відтворювальних ознак свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК. Підвищені показники відтворювальних ознак свиноматок великої білої породи вірогідно асоційовані з наявністю в їх генотипі алелів *SW72*¹⁰³, *S0386*¹⁷⁸, *SW240*⁹³, *S0101*²¹¹, *SW911*¹⁵⁹, а також алелів локусу *SW857*, що мають довжину до 144 п. н. та алелів локусу *S0228*, що мають довжину до 257 п. н. Позитивний вплив на показники відтворювальних ознак свиноматок української м'ясної породи мають алелі *SW24*¹¹³, *SW240*⁹⁹⁻¹⁰⁹, *S0101*²⁰⁹⁻²¹³ та *S0101*²⁰⁹⁻²¹³.

При оцінці міжпородної генетичної диференціації свиней за структурними генами виявлено, що тварини великої білої породи вірогідно відрізняються від інших порід за генетичними профілями структурних генів – лише серед них виявлено особин з генотипами *ESR*^{BB} гена естрогенового рецептора та *IGF2*^{OO} гена інсуліноподібного фактора росту; для них характерна найвища частота алеля *ECR*^G гена рецептора *E. Coli* F18 – 0,833. Водночас, різні стада свиней великої білої породи характеризуються своєрідними генетичними профілями за генами естрогенового рецептора (*ESR*) та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*). Така ситуація, очевидно, зумовлена особливостями формування стад, а також відсутністю генетичного моніторингу.

Асоціації між показниками відтворювальних ознак та генотипами тварин за структурними генами встановлено лише на рівні тенденцій. У різних стадах відмічаються специфічні особливості прояву відтворювальних ознак у тварин з різними генотипами за тим чи іншим структурним геном.

Проаналізовано ступінь впливу генетично-автоматичних процесів, що відбуваються у різних породах свиней, і визначено, що рівень генетичного різноманіття більшості порід свиней України знаходиться у загрозовому стані. Лише для чотирьох порід (ВБ, Д, ЧБП та УМ) оцінки ефективної чисельності популяції перевищували нижнє критичне значення – 50 голів.

Найвище алельне різноманіття ($10,5 \pm 0,77$ алелів на локус) та найнижча швидкість його втрати ($M\text{-ratio} = 0,425 \pm 0,022$ на локус) характерні для великої білої породи, що зумовлено інтенсивним збагаченням її генофонду за рахунок племінного матеріалу зарубіжного походження.

Розширення функціоналу програми «Акцент – племінний облік у свинарстві» модулем «Генетичний паспорт» забезпечує зберігання та обробку інформації щодо генетичних профілів тварин за різними структурними генами та надає можливість розрахунку прогнозованих генотипів нащадків на основі даних про генотипи їх батьків.

Впровадження маркер-залежної селекції, спрямованої на підвищення показників відтворювальних ознак свиноматок на підставі використання поліморфізму мікросателітів ДНК та структурних генів забезпечує отримання додаткової продукції у розмірі 315,3 грн у розрахунку на один опорос однієї свиноматки.

Практичне значення одержаних результатів полягає в тому, що створено банк даних генетичних профілів десяти порід свиней (в т. ч. і локальних), що розводяться в Україні. Виявлені відмінності генетичної структури між тваринами однієї породи, які розводяться в різних стадах, зумовлюють необхідність проведення генетичної експертизи походження тварин, зокрема підтвердження їх породної належності, на підставі сформованого банку генетичних профілів. Виявлено алельні варіанти як локусів мікросателітів, так і структурних генів, що асоційовані з підвищенням або зниженням відтворювальних ознак свиноматок.

Ключові слова: свині, порода, генофонд, мікросателіти ДНК, поліморфізм, відтворювальні ознаки.

Luhovyi S. I. Methodology of analysis of gene pool of purebred and crossbreeding pigs and formation of their productivity on the basis of DNA markers. – The manuscript.

Thesis for the Doctor's of Agriculture degree, specialty 06.02.01 – Animal Breeding and Selection. – Mykolayiv National Agrarian University of the Ministry of Education and Science of Ukraine. – Mykolayiv, 2018.

The dissertation is devoted to the development of a methodology for analyzing the gene pool and the formation of productivity of purebred pigs of ten breeds breeding in Ukraine, and crossbred pigs derived from them, using the polymorphism of DNA microsatellite and structural genes: the estrogen receptor (*ESR*), the *E. coli* F18 receptor (*ECR F18 / FUT1*), ryanodine receptor (*RYR1*), β -subunit of follicle-stimulating hormone (*FSH β*), properdin (*BF*) and insulin-like growth factor (*IGF2*).

The features of the gene pool and the production of purebred and crossbred pigs based on DNA markers were the subject of research.

We used the following research methods: analysis – analysis of information sources, modification and development of methods, analysis and synthesis of research results; zootechnical – evaluation of reproductive signs of sows; molecular genetic – PCR-RFLP analysis; statistical and economical-mathematical methods – biometric processing of the obtained results, the economic efficiency of marker-assisted selection in pig breeding.

The research was conducted in the period 2007-2017. Ten breeds of pigs, which are breeding in Ukraine, were analyzed: Large White ($n = 206$), Duroc ($n = 91$), Landrace ($n = 90$), Ukrainian Meat ($n = 128$), Red White Belts ($n = 46$), Mirgorod ($n = 26$), Ukrainian White Steppe ($n = 67$), Poltava Meat ($n = 13$), Pietren ($n = 7$), Ukrainian Spotted Steppe ($n = 25$). Crossbred hybrid animals were also used for the study: (Large White \times Landrace, $n = 25$) and (Ukrainian Meat \times Landrace, $n = 25$).

The livestock belonged to eight subjects of the breeding business, which are located on the territory of six regions of Ukraine: open joint-stock company «Plemzavod Stepnoy» (Zaporozhye region), Limited Liability Company (LLC) «Tavriyskie Svin'ii», LLC «Askania-Nova» (Kherson region), agricultural private

enterprise «Tekhmet-Yug» (Mykolaiv region), breeding factory «Belovodskoye» (Luhansk region) state enterprise, an experimental farm named after the Decembrists (Poltava region), «Leo and partners» farm, LLC «Agricor Holding» (Chernihiv region).

All laboratory investigations were conducted in the laboratory of molecular genetics of animals at the Center for Biotechnology and Molecular Diagnostics of All-Russian Research Institute of Animal Science named after L. K. Ernst (Russian Federation) during 2010-2012.

The material for DNA isolation consisted in tissue samples (earmarks) of pigs.

We used two groups of genetic markers for research – DNA microsatellites and structural genes. In general, the polymorphism of 12 loci of microsatellites and six structural genes was studied.

Evaluation of reproductive traits of sows was carried out according to the following indicators: total number of piglets at born, number of piglets born alive and number of piglets weaned. The assessment was carried out according to generally accepted methods.

As a result of the research, the breed features of ten domestic pigs in 12 loci of DNA microsatellites were first identified. It was established that each of the studied breeds has a unique gene pool, which determines a significant level of interbreeding differentiation. In general, the established features are related to the specificity of the genesis of the breeds under study.

It is proved that the allelic variety of different breeds of pigs is determined, first of all, by the number of rare alleles. The number of the most common alleles of loci of DNA microsatellite (occurring at a frequency of not less than 0.05) in pigs of different breeds is almost on the same level – from 2.58 in Poltava Meat breed to 4.92 in a Large White breed.

A common characteristic of the studied gene pool of pigs is the excess of the expected heterozygosity index over the actual one, which indicates a shortage of animals with heterozygous genotypes. This is a consequence of the significant

incidence of breeds of pigs breeding in Ukraine, caused, on the one hand, by their prolonged breeding "in oneself" in conditions of closed populations (for local breeds), and on the other, by depletion of the gene pool as a result of widespread use of pedigree material of foreign origin (for transboundary breeds).

For the studied array of animals, based on the analysis of the "fine" genetic structure on the basis of polymorphism of loci of DNA microsatellite, the most probable is the presence of clearly differentiated ten genetic groups, which corresponds to the actual number of the studied breeds of pigs.

Different breeds of pigs are also characterized by significant intrabreed genetic differences. For pigs of Large White breed, 11 loci of DNA microsatellite (with the exception of locus *SW24*) showed a significant value of the index of genetic differentiation (*F_{st}*) between animals from different farms. For Duroc pigs – six loci *SW24*, *S0155*, *S0355*, *SW240*, *SW911* and *S0228*. For pigs of Ukrainian Meat breed – at nine loci (with the exception of *SW951*, *S0101* and *S0228*). For each of the herds engaged in breeding pigs of the same breed, characteristic features of allelic profiles of animals, the level of their heterozygosity, the degree of inbreeding are inherent.

As a result of evaluation of intrabreed genetic variability of pigs by microsatellite loci, it was established that the affiliation of sows to a particular family determines the characteristic features of the gene pool of animals. It was found from 2,667 (Mica) to 4,333 (Rhana) locus alleles in sows of different families of Durek breeds. The prevalence of actual heterozygosity was higher than expected in five of the investigated families, although the heterozygote deficiency was found in the families of Ronal and Tarzanki.

It was determined dependence between the indices of reproductive traits of sows and their genotype at the loci of DNA microsatellite. In sows of a Large White breed, the increased of reproductive traits are significantly associated with the presence in their genotype of the alleles *SW72*¹⁰³, *S0386*¹⁷⁸, *SW240*⁹³, *S0101*²¹¹, *SW911*¹⁵⁹, and also the alleles of the locus *SW857*, having a length of up to 144 bp and alleles of the locus *S0228* having a length of up to 257 bp. Alleles *SW24*¹¹³,

*SW240*⁹⁹⁻¹⁰⁹, *S0101*²⁰⁹⁻²¹³ and *S0101*²⁰⁹⁻²¹³ have a positive effect on the reproductive traits of sows of Ukrainian Meat breed.

As a result of evaluation of interspecific genetic differentiation of pigs by structural genes it was discovered that animals of Large White breed significantly differ from other breeds according to genetic profiles of structural genes. Only among them were individuals with genotypes of the *ESR*^{BB} gene of the estrogen receptor and *IGF2*^{QQ} of the gene of insulin-like growth factor; they are characterized by a high frequency of the *ECR*^G allele of *E. coli* F18 receptor gene – 0.833. At the same time, various herds of Large White pigs are characterized by peculiar genetic profiles for estrogen receptor (*ESR*) genes and insulin-like growth factor (*IGF2*). This situation is evidently due to the peculiarities of the formation of herds, as well as the absence of genetic monitoring.

Associations between reproductive traits and animal genotypes by structural genes are established at the level of trends. Specific features of the manifestation of reproductive characteristics in animals of different genotypes by this or that structural gene are noted in different herds.

The degree of influence of genetic-automatic processes occurring in different breeds of pigs was analyzed and it is determined that the level of genetic diversity of the majority of pig breeds of Ukraine is in a threatening state. Only for four breeds (Large White, Duroc, Red White Belts and Ukrainian Meat) estimates of the effective population size exceeded the lower critical value – 50 individuals.

The highest allelic diversity (10.5 ± 0.77 alleles per locus) and the lowest rate of its loss (M-ratio = 0.425 ± 0.022 per locus) are characteristic of a Large White breed, which is caused by intensive enrichment of its gene pool due to the breeding material of a foreign origin.

The functionality of the program «Accent – pedigree accounting in pigs» by the module «Genetic passport» has been expanded, which provides storage and processing of information on genetic profiles of animals by different structural genes and provides the possibility of calculating the predicted genotypes of descendants on the basis of data on the genotypes of their parents.

Implementation marker-assisted selection aimed at improving reproductive traits of sows features based on the use of microsatellite DNA polymorphisms and structural genes provides additional production amounting to 315.3 UAH per one litter of one sow.

The practical significance of the results is that a database of genetic profiles of ten breeds of pigs (including local ones), which are breeding in Ukraine, was created. The revealed differences in the genetic structure between the animals of the same breed, which are breeding in different herds, necessitate a genetic examination of the origin of the animals, in particular the confirmation of their pedigree, on the basis of a bank of genetic profiles formed. Allelic variants of both microsatellite loci and structural genes associated with increasing or decreasing reproductive traits of sows are revealed.

Keywords: pigs, breed, gene pool, DNA microsatellites, polymorphism, reproductive traits.

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Наукові праці, в яких опубліковані основні наукові результати дисертації:

Статті в зарубіжних наукових виданнях:

1. Анализ ассоциации между маркерами STR-локусов и воспроизводительными качествами свиноматок крупной белой породы / С. И. Луговой, С. С. Крамаренко, А. В. Лихач, А. С. Крамаренко // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины». 2017. Т. 53. Вып. 4. С. 130-134. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

2. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Использование энтропийно-информационного анализа для оценки воспроизводительных качеств

свиноматок // Вестник Алтайского ГАУ. Барнаул, 2013. № 9. С. 58-62. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів та оформлено статтю).*

3. Крамаренко С. С., Луговой С. И., Лихач В. Я. Анализ генетико-демографических процессов у свиней крупной белой породы с использованием локусов микросателлитов // The scientific heritage. 2017. № 10 (10). Р. 3. С. 4-7. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

4. Луговой С. И. Домашева Л. А. Анализ динамики воспроизводительных качеств свиноматок с использованием разных методов // Вестник КрасГАУ. Красноярск, 2013. Вып. 8. (83). С. 32-37. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів та оформлено статтю).*

5. Луговой С. И. Крамаренко С. С., Лихач В. Я. Особенности формирования генетической структуры по генам *ESR1* и *IGF2* у чистопородных и помесных свиней // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» Государственная академия ветеринарной медицины». 2017. Т. 53. Вып. 1. С. 238-241. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

6. Луговой С. И. Характеристика генофонда локальных пород свиней Украины по локусам микросателлитов ДНК // Вестник Новосибирского ГАУ. Новосибирск, 2013. № 2 (27). С. 67-72.

7. Луговой С. И. Характеристика генофонда мясных пород свиней украинского происхождения по локусам микросателлитов ДНК // Вестник Казанского ГАУ. Казань, 2013. № 2 (28). С. 126-129.

8. Луговой С., Крамаренко С., Лихач В. Внутрипородная изменчивость свиней крупной белой породы на основе полиморфизма микросателлитов ДНК // *Știința agricolă*. 2017. № 1. С. 94-98. *(Дисертантом проведено збір*

первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).

9. Оценка вклада различных популяций в генетическое разнообразие свиней корня крупной белой породы / Н. А. Зиновьева, В. Р. Харзинова, Е. И. Сизарева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2012. № 6. С. 35-42. *(Дисертантом проведено частину лабораторних досліджень та узагальнено отримані результати)*

10. Характеристика аллелофонда новосибирской популяции свиней скороспелой мясной породы по микросателлитам / В. Р. Харзинова, Н. А. Зиновьева, Н. В. Батенева [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 10. С. 59-61. *(Дисертантом проведено частину лабораторних досліджень та узагальнено отримані результати).*

11. Lugovoy S., Kramarenko S. Comparative analysis of methods for estimation effective population sizes of Large White pigs based on molecular genetic markers // Agricultural Sciences. Plovdiv : Academic Publishing House of the Agricultural University, 2013. Volume V. Issue 14. P. 59-63. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів та оформлено статтю).*

12. Population structure and genome characterization of local pig breeds in Russia, Belorussia, Kazakhstan and Ukraine / A. Traspov [et. al.] // Genet. Sel. Evol. 2016. 48:16. *(Дисертантом проведено збір первинних даних та лабораторні дослідження стосовно локальних порід свиней України).*

Статті у фахових виданнях України, що включені до міжнародних науково-метричних баз:

13. Порівняльний аналіз відтворювальних ознак та кластерний аналіз свиней різних порід / С. С. Крамаренко [та ін.] // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С.З. Гжицького, 2018, Т. 20, № 84. С. 21-26. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

14. Lugovoy S. I., Kramarenko S. S., Lykhach V. Ya. Genetic polymorphism of the Landrace pig based on microsatellite markers // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С.З. Гжицького, 2017, Т. 19, № 74. С. 63-66. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

Статті у наукових фахових виданнях України:

15. Автоматизована інформаційна система «Акцент-племінний облік у свинарстві» в селекції тварин / С. І. Луговий, В. Я. Лихач, А. В. Лихач [та ін.] // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава : ТОВ «Фірма «Техсервіс», 2015. Вип. 67. С. 90-95. *(Дисертантом запропоновано ідею, проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів, оформлення статті).*

16. Використання та удосконалення генофонду свиней в умовах ТОВ «Таврійські свині» / В. С. Топіха, В. Я. Лихач, С. І. Луговий [та ін.] // Науковий вісник «Асканія-Нова». Нова Каховка : Пиел, 2012. Вип. 5. Ч. II. С. 283-289. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

17. Генетичний поліморфізм гена *BF* (*BF_in 1_C79T*) у свиней великої білої породи різного походження / Н. А. Зинов'єва, О. О. Гладирь, С. І. Луговий [та ін.] // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. Львів, 2011. Т. 13. № 4 (50). Ч. 2. С. 71-75. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

18. Забезпечення високої продуктивності свиней в умовах ТОВ «Таврійські свині» / В. Я. Лихач, С. І. Луговий, А. В. Черненко [та ін.] // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Айлант, 2009. С. 181-185. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

25. Луговий С. І., Сердюк М. М. Удосконалення автоматизованої системи ведення племінного обліку у свинарстві // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва : зб. наук. праць Подільського державного аграрно-технічного університету. Кам'янець-Подільський : ПДАТУ, 2013. Вип. 21. С. 175-177. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів, оформлення статті).*

26. Луговой С. И. Оценки внутри- и межпородной генетической дифференциации некоторых локальных пород свиней Украины // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава : ТОВ «Фірма «Техсервіс», 2014. Вип. 65. С.161-168.

27. Оценка уровня генетической дифференцированности популяций свиней крупной белой породы разного происхождения / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.]. // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Айлант, 2008. Вип. 58. Ч. 2. С. 74-78. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

28. Топиха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Анализ генетического разнообразия свиней крупной белой породы на основе мультилокусных генотипов микросателлитов // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2010. Вип. 1 (52). Т. 2. С. 3-11. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

29. Топиха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценка неравновесия по сцеплению и эффекта «bottleneck» по локусам микросателлитов ДНК в разводимых в Украине популяциях свиней // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства та АПВ НААН. – Полтава, 2012. Вип. 61. С. 57-61. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

30. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Оцінка породних та географічних особливостей генетичного різноманіття свиней за локусами мікросателітів // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва : зб. наук. праць Подільського державного аграрно-технічного університету. Кам'янець-Подільський : ПДАТУ, 2012. Вип. 20. С. 274-277. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

31. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Мінливість гена інсуліноподібного фактора росту у свиней великої білої породи // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2011. Вип. 4 (61). Т. 1. С. 188-192. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

32. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Оцінка генетичної диференціації різних генеалогічних ліній свиней великої білої породи // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. 2008. Т. 10. № 2 (37). Ч. 3. С. 185-190. *(Дисертантом проведено аналіз матеріалу та оформлення статті)*

33. Топіха В.С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Вплив антропогенного навантаження на динаміку генофонду свиней за геном естрогенового рецептора (*ESR*) // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. – Львів, 2011. Т. 13. № 4 (50). Ч. 4. С.341-348. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

34. Lugovoy S., Kramarenko S., Galimov S. Genetic polymorphism of the Red White Belted breed pigs based on microsatellite markers // Вісник аграрної науки Причорномор'я. 2017. Вип. 1 (93). С.113-120. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

Наукові праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації:

35. Інформаційні технології в племінному свинарстві України / М. М. Сердюк, С. І. Луговий, Ю. М. Сердюк [та ін.] // Математичні методи, моделі та інформаційні технології в економіці : матеріали III міжнар. науково-методичної конф., (Чернівці, 14-17 травня 2013 р.). Чернівці, 2013. С. 242-245. *(Дисертантом запропоновано ідею, проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

36. Крамаренко С. С. Луговой С. И. Характеристика генетической дифференциации разных генеалогических линий свиней крупной белой породы английской селекции // Современные проблемы интенсификации производства свинины : сб. научных трудов XIV междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству (11-13 июля 2007 г.). Ульяновск, 2007. т. 1. С. 233-240. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

37. Крамаренко С. С., Луговий С. І. Порівняльний аналіз оцінок ефективної чисельності свиней великої білої породи на основі молекулярно-генетичних маркерів // Зоотехнічна наука Поділля: історія, проблеми, перспективи : матеріали міжнар. наук.-практ. конф., присвяченої 90-річчю заснування та 55-річчю відродження біотехнологічного факультету Подільського ДАТУ, 16-18 березня 2010 р. / за ред. професора М. Г. Повознікова / Подільський ДАТУ. Кам'янець-Подільський : видавець ПП Зволейко Д. Г., 2010. С. 133-135. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

38. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценивание эффективной численности популяции свиней крупной белой породы на основе молекулярно-генетических маркеров // Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ : сб. науч. трудов по материалам XVII междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству, (Ульяновск, 7-10 июля 2010 г.). Ульяновск : УГСХА, 2010. С. 210-216. *(Дисертантом*

проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).

39. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценка генетического разнообразия свиней с использованием мультилокусных генотипов микросателлитов ДНК // Инновационные технологии в животноводстве : тезисы докладов Междунар. науч.-практ. конф. (7-8 октября 2010 г.) Жодино : РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству», 2010. Ч. 1. С. 67-69. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

40. Крамаренко С. С., Луговой С. И., Крамаренко А. С. Методы оценки потенциального генетического разнообразия популяций домашних свиней (*Sus Scrofa*) на основе полиморфизма локусов микросателлитов // Биоразнообразие и устойчивое развитие : тезисы докладов II Международной науч.-практ. конф. (Симферополь, 12-16 сентября 2012 г.) Симферополь, 2012. С. 382-384. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

41. Луговий С. І. Відтворювальні якості свиноматок асканійського м'ясного типу української м'ясної породи в умовах ТОВ «Таврійські свині» Херсонської області // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (11-13 квітня 2007 р.). Миколаїв : МДАУ, 2007. С. 5-7.

42. Луговий С. І. Внутрішньопородна мінливість свиней породи дюрок за локусами микросателітів ДНК // Сучасні проблеми розведення і селекції сільськогосподарських тварин : матеріали міжнар. наук.-практ. конф., (Житомир, 22-23 травня 2013 р.). Житомир : Полісся, 2013. С. 19-20.

43. Луговий С. І. Оцінка ефективної чисельності свиней великої білої породи з використанням микросателітів ДНК // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (13-15 квітня 2010 р.). Миколаїв :

Миколаївський ДАУ, 2010. С. 22-23.

44. Луговий С. І. Характеристика алелофонду свиней української степової рябої породи за локусами мікросателітів ДНК // Зоотехнічна наука : історія, проблеми, перспективи : матеріали III міжнар. наук.-практ. конф., (Кам'янець-Подільський, 22-24 травня 2013 р.) / Подільський державний аграрно-технічний університет. Кам'янець-Подільський : видавець ПП Зволейко Д. Г., 2013. С. 193-194.

45. Луговой С. И., Домашева Л. А. Полиморфизм гена *BF* (*BF_in1_C79T*) и его ассоциация с воспроизводительными качествами свиноматок // Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы : материалы Междунар. науч. конф. (к 100-летию со дня рождения академика Н. В. Турбина) (Минск, 8-11 октября 2012 г.) / редкол.: А. В. Кильчевский [и др.]. Минск : ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», 2012. С. 137. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

46. Особенности генетической изменчивости в популяциях свиней, разводимых в Украине, по локусам микросателлитов ДНК / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.] // Современные тенденции и технологические инновации в свиноводстве : материалы XIX Международной науч.-практ. конф. (Горки, 4-6 октября 2012 г.) / редкол.: И. П. Шейко [и др.]. Горки : БГСХА, 2012. С. 147-153. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

47. Оценка генетического разнообразия популяций свиней крупной белой породы разного происхождения / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.]. // Актуальные вопросы аграрной науки и образования : материалы Междунар. науч.-практ. конф., посвященной 65-летию Ульяновской ГСХА. Ульяновск : ГСХА, 2008. Т. 2. Ч. 1-2. С. 130-135. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

48. Топіха В. С. Крамаренко С. С., Луговий С. І. Дослідження поліморфізму одиничних нуклеотидів (SNP) селекційно-значимих ДНК-маркерів *Sus scrofa* у основних заводських порід України // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (27-29 квітня 2011 р.). Миколаїв : Миколаївський ДАУ, 2011. С. 23-24. (Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).

ЗМІСТ

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, СИМВОЛІВ, ОДИНИЦЬ, СКОРОЧЕНЬ І ТЕРМІНІВ	24
ВСТУП	27
РОЗДІЛ 1. ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ ЗА ТЕМОЮ ТА ВИБІР НАПРЯМІВ ДОСЛІДЖЕНЬ	35
1.1. Генофонд свиней в Україні: генезис та сучасний стан	35
1.2. Використання поліморфізму мікросателітів ДНК у тваринництві	56
1.2.1. Результативність використання мікросателітів у різних галузях тваринництва	56
1.2.2. Використання мікросателітів ДНК у селекції свиней	59
1.3. Характеристика деяких структурних генів, що використовуються в селекції свиней	73
1.4. Обґрунтування вибору напряму власних досліджень	81
РОЗДІЛ 2. ЗАГАЛЬНА МЕТОДИКА Й ОСНОВНІ МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ	83
2.1. Матеріали та лабораторні методи дослідження	83
2.2. Математико-статистичні методи аналізу генетичного поліморфізму	89
РОЗДІЛ 3. РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ	93
3.1. Оцінка алельних профілів мікросателітів ДНК у досліджених порід свиней	93
3.2. Генетичне різноманіття, між- та внутрішньопородна диференціація свиней за мікросателітними локусами	122
3.2.1. Генетичне різноманіття порід свиней	122
3.2.2. Міжпородна генетична диференціація свиней за мікросателітними локусами	137
3.2.3. Внутрішньопородна генетична мінливість свиней за мікросателітними локусами	150

	23
3.2.4. Генетична мінливість за мікросателітними локусами серед помісних тварин	169
3.3. Аналіз впливу генетичної мінливості мікросателітних локусів на показники відтворювальних ознак свиноматок	175
3.3.1. Велика біла порода	175
3.3.2. Українська м'ясна порода	187
3.4. Між-та внутрішньопородна мінливість структурних генів у свиней	195
3.4.1. Міжпородна генетична диференціація свиней за структурними генами	195
3.4.2. Внутрішньопородна мінливість свиней великої білої породи за структурними генами	202
3.4.3. Попарні асоціації між структурними генами	209
3.5. Вплив генетичної мінливості структурних генів на показники відтворювальних ознак свиноматок	212
3.6. Аналіз впливу генетико-автоматичних процесів на формування генетичного різноманіття порід свиней України	217
3.7. Організаційно-інформаційне забезпечення впровадження маркер-залежної селекції	227
3.8. Економічна ефективність проведених досліджень	232
РОЗДІЛ 4. АНАЛІЗ ТА УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕНЬ	235
4.1. Аналіз генофонду свиней з використанням поліморфізму мікросателітів ДНК	235
4.2. Аналіз генофонду свиней з використанням поліморфізму структурних генів	249
ВИСНОВКИ	270
ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ	274
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ	275
ДОДАТКИ	332

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, СИМВОЛІВ, ОДИНИЦЬ, СКОРОЧЕНЬ І ТЕРМІНІВ

ВБ	– велика біла порода;
Д	– порода дюрок;
ДП ДГ	– державне підприємство дослідне господарство;
Л	– порода ландрас;
М	– миргородська порода;
П	– порода п'єстрен;
п. н.	– пара нуклеотидів;
ПАТ	– публічне акціонерне товариство;
ПДРФ	– поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів
ПЗ	– племінний завод;
ПЛР	– полімеразна ланцюгова реакція;
ПМ	– полтавська м'ясна порода;
СГПП	– сільськогосподарське приватне підприємство;
ТВШТСБ	– факультет технології виробництва і переробки продукції тваринництва, стандартизації та біотехнології;
ТОВ	– товариство з обмеженою відповідальністю;
УМ	– українська м'ясна порода;
УСБ	– українська степова біла порода;
УСР	– українська степова ряба порода;
ФГ	– фермерське господарство;
ЧБП	– червона білопояса порода;
<i>Ae</i>	– ефективна кількість алелів;
АМОВА	– аналіз молекулярної мінливості;
CI	– довірчий інтервал;
<i>D</i>	– дефіцит гетерозигот;
<i>df</i>	– число ступенів свободи;
<i>E</i>	– надлишок гетерозигот;

f, Θ, F	– індекси С. Райта;
F_{is}	– індекс фіксації;
F_{st}	– показник генетичної диференціації (на підставі частот генотипів);
H_o	– фактична гетерозиготність;
H_e	– очікувана гетерозиготність;
H_{eq}	– рівноважна гетерозиготність;
HWD	– міра не випадкового об'єднання гамет;
IAM	– модель нескінченної кількості алелів;
I_{sh}	– інформаційний індекс Шеннона;
LD	– нерівновага за зчепленням;
M	– локус мономорфний;
MAS	– маркер-залежна селекція;
MCMC	– Монте-Карло метод Марковських ланцюгів;
M -ratio	– відношення загальної кількості зафіксованих алелів до ліміту довжин алелів;
n	– обсяг вибірки;
N_a	– кількість алелів на локус;
na	– дані відсутні;
$N_a(95\%)$	– кількість алелів із частотою не менше 0,05 на локус;
N_e	– ефективна чисельність популяції;
N_{LD}	– кількість випадків зчеплення між алелями різних локусів;
ns	– різниця невірогідна;
p	– рівень значущості;
PCA	– аналіз головних компонент;
PC1, PC2	– перша та друга головні компоненти;
p_F	– рівень значущості за критерієм точного тесту Фішера;
p_{MC}	– рівень значущості, отриманий на підставі методу MCMC;
P_{ra}	– середня частота локусів із унікальними алелями;
SMM	– покрокова мутаційна модель;

$SS, MS,$	– сума квадратів відхилень, середній квадрат відхилень та
$E(MS)$	очікуваний середній квадрат відхилень;
t_{st}	– критерій Ст'юдента;
Q	– оцінка «пропорції суміші» (метод STRUCTURE);
QTL	– локуси кількісних ознак;
Φ_{st}	– показник генетичної диференціації (за методом AMOVA);
χ^2	– критерій Хі-квадрат К. Пірсона;
$\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$	– середнє арифметичне та його статистична похибка

ВСТУП

Обґрунтування вибору теми дослідження. Селекцію сільськогосподарських тварин на сучасному етапі неможливо уявити без використання методів генетичної експертизи та моніторингу. Генетична експертиза в племінному свинарстві необхідна більшою мірою, ніж в інших основних галузях тваринництва, оскільки імовірність помилкових записів про походження є вищою внаслідок технологічних особливостей відтворення і вирощування цього виду тварин (М. Д. Березовський [30]; А. А. Новиков, М. С. Семак [174]).

В даний час у різних регіонах України розводять більше десяти порід свиней вітчизняного і зарубіжного походження, а також спеціалізованих синтетичних ліній. У країні створено потужну племінну базу, яка є досягненням держави і багаторічної праці вчених-селекціонерів, а також фахівців господарств (В. П. Рибалко [216]).

Однак, сучасні системи розведення тварин під впливом чинників економічного характеру і у зв'язку з недостатньою реалізацією програм інтенсифікації галузі, призводять до загрожуючої уніфікації, втрати генетичного різноманіття і багатьох, в першу чергу, локальних порід (В. П. Буркат [37]; М. Я. Єфіменко, Б. Є. Подоба, Р. А. Стоянов [84]). Зокрема, у свинарстві ситуація є досить складною з огляду на використання у процесі виробництва продукції обмеженої кількості високопродуктивних спеціалізованих порід – здебільшого великої білої та ландрас (G. Laval et al. [383]; М. В. Гладій та ін. [205]; Ю. П. Полупан та ін. [204]).

Слід відзначити, що в даний час проблеми контролю та управління породами сільськогосподарських тварин набули міжнародної значимості адже, за даними ФАО, на сьогодні світ втратив у загальному підсумку 690 порід. У свинарстві, зокрема, понад 270 порід в даний час знаходяться під загрозою зникнення (K. Nidup, C. Moran [460]).

У нашій країні донедавна оцінку генетичного різноманіття порід свиней,

структури їх генофонду здійснювали, переважно, на основі поліморфізму груп крові (В. М. Іовенко та ін. [96]; В. В. Герасименко, К. В. Скрепець [67]; С. Л. Войтенко, Л. В. Вишневський [51]; І. Ф. Парасочка та ін. [57]; Л. Г. Перетятко, А. І. Ревенко [187]) та технології ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) (О. І. Метлицька, В. Ю. Нор [158]). Водночас, більш ефективний метод – використання поліморфізму мікросателітів ДНК, застосовувався вкрай обмежено (В. С. Топіха та ін. [179, 181]; С. М. Корінний, В. М. Балацький [107]).

Одним з найважливіших результатів генетичного моніторингу є розробка методів маркер-залежної селекції у племінних стадах. Вона ґрунтується на виявленні генів, прямо або побічно пов'язаних з господарсько-корисними ознаками тварин. Важливість впровадження маркер-залежної селекції у практику племінного свинарства відзначають у своїх працях ряд провідних вітчизняних вчених (В. Н. Балацький [12]; А. А. Гетя [69]; Р. Л. Сусол [245]; М. Д. Березовський [30]; В. П. Рибалко [216]).

Отже, необхідність оцінки ступеня генетичного різноманіття, між- та внутрішньопородної диференціації, генетико-автоматичних процесів, що відбуваються в популяціях вітчизняних порід свиней, виявлення асоціацій між поліморфізмом локусів мікросателітів ДНК та структурних генів з продуктивними ознаками тварин зумовлює актуальність даних досліджень.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами, грантами. Дисертаційна робота є складовою частиною науково-дослідних робіт Миколаївського національного аграрного університету «Аналіз сучасного стану та шляхів збереження генетичного різноманіття популяцій диких та свійських тварин в умовах посилення антропогенного пресу» (№ державної реєстрації 0112U008116; 2012-2013 рр.); «Удосконалення оцінки племінної цінності свиней за відтворювальними якостями» (№ державної реєстрації 0114U002490; 2014-2016 рр.), «Оцінка продуктивних якостей та генетичних особливостей свиней внутрішньопородного типу породи дюрок української селекції «Степовий»» (№ державної реєстрації 0114U001964;

2014-2016 рр.); «Технологічні та генетичні фактори підвищення кількісних і якісних показників м'ясної продуктивності свиней» (№ державної реєстрації 0114U001965; 2014-2016 рр.); науково-дослідних робіт, що фінансуються із загального фонду державного бюджету: «Впровадження інноваційних технологій виробництва свинини на основі перспективного генофонду вітчизняного та зарубіжного походження» (№ державної реєстрації 0116U004760; 2016-2018 рр.); «Наукове обґрунтування та розробка нових методів визначення племінної цінності та раннього прогнозування продуктивності сільськогосподарських тварин» (№ державної реєстрації 0117U000485; 2017-2019 рр.).

Частина досліджень була виконана у рамках програми Російського фонду фундаментальних досліджень «Мобільність молодих вчених країн СНД» (2010 р.) та за підтримки Державного фонду фундаментальних досліджень України у рамках тристороннього українсько-російсько-білоруського проекту «Дослідження динаміки генофонду домашніх свиней *Sus scrofa* за антропогенного впливу з використанням нейтральних та селекційно-залежних ДНК-маркерів» (№ державної реєстрації 0111U006972 та 0112U003431; 2011-2012 рр.).

Мета і завдання дослідження. Мета роботи полягала в розробці методології аналізу генофонду та формування продуктивності чистопородних та помісних свиней на основі ДНК-маркерів.

Для реалізації поставленої мети було визначено наступні завдання:

- встановити особливості алельних профілів мікросателітів ДНК у різних порід свиней України;
- проаналізувати ступінь генетичного різноманіття та міжпородної диференціації порід свиней на основі поліморфізму мікросателітних локусів;
- встановити рівень внутрішньопородної генетичної мінливості на основі поліморфізму мікросателітних локусів;
- визначити особливості динаміки генетичної мінливості локусів

- мікросателітів у помісних тварин;
- проаналізувати вплив генетичної мінливості локусів мікросателітів на показники відтворювальних ознак свиноматок;
 - оцінити між- та внутрішньопородну мінливість свиней різних порід за структурними генами;
 - проаналізувати вплив генетичної мінливості структурних генів на показники відтворювальних якостей свиноматок;
 - провести аналіз впливу генетико-автоматичних процесів, що відбуваються у різних породах свиней, на формування їх генетичного різноманіття;
 - розробити організаційно-інформаційне забезпечення для впровадження маркер-залежної селекції у свинарстві;
 - дати оцінку економічної ефективності впровадження маркер-залежної селекції у свинарстві.

Об'єкт дослідження: особливості генофонду та формування продуктивності чистопородних і помісних свиней на основі ДНК-маркерів.

Предмет дослідження: алельне різноманіття порід свиней за локусами мікросателітів ДНК і структурних генів, між- та внутрішньопородна мінливість порід свиней за локусами мікросателітів ДНК і структурними генами, генетико-автоматичні процеси в популяціях свиней, асоціація поліморфізму локусів мікросателітів ДНК та структурних генів з показниками відтворювальних ознак свиней, організаційно-інформаційне забезпечення маркер-залежної селекції у свинарстві, економічна ефективність маркер-залежної селекції.

Методи дослідження. У роботі використано наступні методи: аналітичні – аналіз інформаційних джерел, модифікація і розробка методів, аналіз і узагальнення результатів досліджень; зоотехнічні – оцінка відтворювальних ознак свиноматок; молекулярно-генетичні – ПЛР-ПДРФ аналіз; статистичні та економіко-математичні – біометрична обробка отриманих результатів, економічна ефективність маркер-залежної селекції у свинарстві.

Наукова новизна одержаних результатів. У результаті проведених досліджень вперше:

- встановлено породні особливості десяти вітчизняних порід свиней за 12-ма локусами мікросателітів ДНК;
- виявлено ступінь генетичного різноманіття та міжпородної диференціації окремих порід свиней;
- доведено, що кожна із десяти досліджуваних порід свиней характеризується специфічним генним комплексом, що зумовлює її своєрідність та унікальність;
- для кожної із досліджуваних порід свиней виявлено унікальні алелі, які доцільно використовувати при проведенні генетичної експертизи породної належності свиней;
- виявлено алелі та інтервали алелів локусів мікросателітів ДНК, що асоційовані з підвищенням або зниженням показників відтворювальних ознак свиноматок;
- встановлено ступінь впливу генетико-автоматичних процесів на популяції свиней різних порід. Для більшості досліджених порід доведено прояв ефекту «пляшкового горлечка»;
- визначено оцінки ефективної чисельності популяцій свиней різних порід та встановлено, що лише для чотирьох порід із десяти досліджених (ВБ, Д, ЧБП, УМ) дані оцінки перевищують критичне значення.

Дістало подальший розвиток вивчення залежності відтворювальних ознак свиноматок від поліморфізму структурних генів: естрогенового рецептора (*ESR*), рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*), ріанодинового рецептора (*RYR1*), β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону (*FSH β*), пропердину (*BF*) та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*).

Практичне значення одержаних результатів. Створено банк даних генетичних профілів десяти порід свиней (в т.ч. і локальних), що розводяться в Україні. Виявлені відмінності генетичної структури між тваринами однієї породи, які розводяться в різних стадах, зумовлюють необхідність

проведення генетичної експертизи походження тварин, зокрема підтвердження їх породної належності, на підставі сформованого банку генетичних профілів. Виявлено алельні варіанти як за локусами мікросателітів, так і за структурними генами, що асоційовані з підвищенням або зниженням відтворювальних ознак свиноматок.

Результати досліджень впроваджено в ПрАТ «Племзавод «Степной» Запорізької області (акт №123 від 23.01.2018 р.), СГПП «Техмет Юг» Миколаївської області (акт № 28 від 17.11.2016 р.), СВК «Агрофірма «Миг-Сервіс-Агро» Миколаївської області (акт № 34 від 15.03.2017 р.), ТОВ «Таврійські свині» Херсонської області (акт № 78 від 15.09.2016 р.).

Результати досліджень використано при розробці Плану заходів з реалізації у 2015-2017 роках «Стратегії розвитку Миколаївської області на період до 2020 року» (довідка № 444/05/08-29/15 від 15.09.2015 року), а також використовуються у навчальному процесі Миколаївського національного аграрного університету (довідка № 01-18/409 від 26.03.2018 р.), Сумського національного аграрного університету (довідка № 126 від 09.11.2017 р.), Харківської державної зооветеринарної академії (довідка № 234/1 від 12.12.2017 р.), Дніпровського державного аграрно-економічного університету (довідка № 35 від 30.01.2018 р.) та Одеського державного аграрного університету (карта зворотного зв'язку № 01-16/30-520/1).

Особистий внесок здобувача. Дисертантом особисто визначено наукову концепцію теми дослідження, сформульовано мету та завдання роботи, самостійно виконано основний обсяг лабораторних та аналітичних досліджень, статистичну обробку отриманих результатів, обґрунтовано та розроблено методологію управління популяціями і формування продуктивності порід свиней на основі ДНК-маркерів, проведено аналіз, узагальнення, інтерпретацію та впровадження одержаних результатів у виробництво. Уточнення вагомих теоретичних та практичних положень було проведено за підтримки наукового консультанта.

Ряд генетичних досліджень було виконано у співпраці зі

співробітниками Центру біотехнології та молекулярної діагностики тварин Всеросійського науково-дослідного інституту тваринництва ім. Л. К. Ернста. За узгодженням із співавторами в дисертації використано частину спільно одержаних та опублікованих матеріалів.

Апробація результатів дисертації. Основні положення дисертаційної роботи доповідалися, обговорювалися і отримали позитивну оцінку на науково-практичних конференціях різного рівня: XIV Міжнародній науково-практичній конференції зі свинарства «Современные проблемы интенсификации производства свинины» (Росія, Ульяновськ, 2007 р.), Міжнародній науково-практичній конференції «Актуальные вопросы аграрной науки и образования» (Росія, Ульяновськ, 2008 р.), Міжнародній науково-практичній конференції «Зоотехнічна наука Поділля: історія, проблеми, перспективи» (Кам'янець-Подільський, 2010 р.), XVII Міжнародній науково-практичній конференції зі свинарства «Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ» (Росія, Ульяновськ, 2010 р.), Міжнародній науково-практичній конференції «Иновационные технологии в животноводстве» (Республіка Білорусь, Жодіно, 2010 р.), II Міжнародній науково-практичній конференції «Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи» (Кам'янець-Подільський, 2012 р.), Міжнародній науково-практичній конференції, присвяченій 140-річчю з дня народження М. Ф. Іванова «Тваринництво України: вчора, сьогодні, завтра» (Асканія-Нова, 2012 р.), Міжнародній науковій молодіжній конференції-школі «Биотехнологии в сельском хозяйстве: современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных, BioТехЖ-2012» (Росія, Дубровиці, 2012 р.), II Міжнародній науково-практичній конференції «Биоразнообразие и устойчивое развитие» (Сімферополь, 2012 р.), XIX Міжнародній науково-практичній конференції «Современные тенденции и технологические инновации в свиноводстве» (Республіка Білорусь, Горки, 2012 р.), Міжнародній науковій конференції до 100-річчя від дня народження

академіка М. В. Турбіна «Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы» (Республіка Білорусь, Мінськ, 2012 р.), Другій міжнародній конференції «Состояние и перспективы развития генетических ресурсов животноводства» (Болгарія, м. Хісаря, 2012 р.), Міжнародній науково-практичній конференції «Сучасні проблеми розведення і селекції сільськогосподарських тварин» (Житомир, 2013 р.), III Міжнародній науково-практичній конференції «Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи» (Кам'янець-Подільський, 2013 р.), III Міжнародній науково-методичній конференції «Математичні методи, моделі та інформаційні технології в економіці» (Чернівці, 2013 р.), Міжнародній науково-практичній конференції «Сучасні проблеми підвищення якості, безпеки, виробництва та переробки продукції тваринництва» (Вінниця, 2013 р.), Міжнародній науково-практичній конференції «Селекційно-генетичні та технологічні засади підвищення ефективності галузі свинарства» (Миколаїв, 2015 р.), XXII Міжнародній науково-практичній конференції «Научный фактор в стратегии инновационного развития свиноводства» (Республіка Білорусь, Гродно, 2015 р.); Причорноморській регіональній науково-практичній конференції професорсько-викладацького складу Миколаївського НАУ (2007-2017 рр.).

Публікації. Основні положення і результати дисертаційної роботи викладено у 48 публікаціях, із них: 12 статей в іноземних виданнях, 22 статті у фахових наукових виданнях, затверджених МОН України, дві з яких включені до міжнародних наукометричних баз, 14 публікацій у матеріалах міжнародних та всеукраїнських науково-практичних конференцій.

Структура та обсяг дисертації. Дисертаційна робота викладена на 354 сторінках комп'ютерного тексту, з них основна частина – 248 сторінок, що включає: вступ, огляд літератури за темою та вибір напрямів досліджень, загальну методику й основні методи досліджень, результати власних досліджень (вісім підрозділів), аналіз та узагальнення результатів досліджень, висновки. Дисертаційна робота ілюстрована 95 таблицями, 60 рисунками і 12 додатками. Список літератури нараховує 525 джерел, з них 243 – латиницею.

РОЗДІЛ 1

ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ ЗА ТЕМОЮ ТА ВИБІР НАПРЯМІВ ДОСЛІДЖЕНЬ

1.1. Генофонд свиней в Україні: генезис та сучасний стан

В даний час у різних регіонах України розводять більше десяти порід свиней вітчизняного і зарубіжного походження, а також спеціалізованих синтетичних ліній. У країні створено потужну племінну базу, яка є досягненням держави і багаторічної праці вчених-селекціонерів, а також фахівців господарств [216].

Велика біла порода. Свині цієї породи вперше були представлені на виставці у Віндзорі (Велика Британія) в 1851 р. [177]. Ці тварини відрізнялися від інших великим розміром та добрими м'ясними формами. Експертами виставки група була визнана новою породою, назвали її йоркширською за назвою місцевості, де були вирошені ці свині [123].

З початку ХХ сторіччя, велика біла порода набула поширення і стала основою для якісного поліпшення свиней майже в усіх країнах світу з розвиненим сільським господарством. Її з успіхом використовують і нині при створенні нових високопродуктивних порід, спеціалізованих типів і ліній свиней [189, 202]. В Україні свиней великої білої породи почали розводити наприкінці ХІХ сторіччя. В той час племінних свиней завозили з-за кордону, головним чином з Англії [123].

Селекція свиней цієї породи в нашій країні в різні роки змінювала свій напрямок залежно від вимог ринку та поставлених завдань. Зокрема, після Другої Світової війни зросла потреба населення в жирах, тому свинарство, протягом багатьох років, розвивалося в напрямку підвищення сальної продуктивності [121].

У другій половині ХХ сторіччя, в зв'язку з інтенсифікацією сільськогосподарського виробництва, перед селекціонерами постало питання

докорінної зміни напряму ведення селекційного процесу в бік підвищення м'ясності, інтенсивності росту, підвищення резистентності і стресостійкості свиней. Це зумовило розробку новітньої теорії породотворення. Однією з основних засад її теоретичної концепції є радикальна реконструкція наявного генофонду із якнайширшим залученням кращого у світі селекційного матеріалу [27, 37].

Починаючи з 1972 р., в селекції свиней великої білої породи в Україні було визначено три напрямки: перший – за відтворювальними якостями (переважна); другий – за відгодівельними якостями (переважна) та третій – за комплексом ознак. Як результат переважної селекції в 1985 р. було апробовано та затверджено новий материнський внутрішньопородний тип УВБ-1, тварини якого характеризуються високими відтворювальними якостями [32, 33].

Селекція великої білої породи на покращення відгодівельних якостей завершилася апробацією в 1993 р. нового внутрішньопородного типу УВБ-2, який складається з двох заводських типів – лебединського та донецького. Донецький заводський тип створено методом споріднення генотипів великої білої породи естонської, шведської та вітчизняної селекції. Тварини цього типу відзначаються також високими відтворювальними якостями [26, 154].

У комплексі заходів, спрямованих на подальший розвиток свинарства нашої країни, збільшення виробництва дешевої свинини високої якості, поряд з раціональним використанням генетичного потенціалу порід свиней, які розводяться, великого значення набуває створення нових, високопродуктивних генотипів свиней, які в системах чистопородного розведення і гібридизації можуть забезпечити прогрес галузі. У зв'язку з цим, в багатьох селекційних програмах по удосконаленню існуючих та створенню нових порід, типів та ліній свиней передбачено використання тварин зарубіжної селекції [25, 31, 72, 130].

Інтенсивне завезення свиней великої білої породи зарубіжної селекції в Україну пов'язане, перш за все, з необхідністю отримання виробниками

свинини максимальної кількості продукції у мінімально короткі строки.

Однак, використання зарубіжних генотипів свиней з високим виходом м'яса в тушах сприяє зниженню якості свинини (знижується вміст внутрім'язового жиру та вологоутримуюча здатність м'яса). Тому головним завданням науки на даному етапі розвитку свинарства є створення заводських структур у породі, які би поєднували у собі адаптаційні можливості свиней вітчизняної селекції та високу м'ясність й інтенсивність росту тварин зарубіжних генотипів [74].

З цією метою співробітниками Інституту свинарства ім. О. В. Квасницького НААН, корпорації «Тваринпром» разом зі спеціалістами ЗАТ «Бахмутський аграрний союз» (Артемівський р-н, Донецька область) упродовж 10 років проводили роботу зі створення заводського типу з поліпшеними м'ясними якостями «Бахмутський» на свинях великої білої породи української і датської селекції. Мета досліджень – створення заводського типу свиней з високими м'ясними якостями, добре пристосованого до умов промислових технологій. Необхідно було зберегти і високі якісні показники м'яса та міцність кістяку свиней нового типу. Селекційна робота проводилась на племзаводі в умовах повноцінної годівлі свиней [71, 73, 75].

У результаті багаторічної цілеспрямованої роботи методом чистопородного розведення свиней великої білої породи при поєднанні різного походження та «розведення в собі» кросів бажаного типу в умовах Одеської області створюється новий заводський тип «Причорноморський» УВБ-3, чисельність якого на 01.01.2015 р. складає понад 4,5 тис. голів, в тому числі 420 та 45 голів, відповідно, основних свиноматок та кнурів [2, 248].

Отже, на сьогодні генофонд великої білої породи в нашій країні інтенсивно збагачується за рахунок імпорту племінного молодняка з різних країн світу. Зусилля науковців спрямовуються на вивчення ступеню диференціації свиней великої білої породи різного походження [55, 131, 137, 260], аналіз їх адаптаційної здатності в умовах України [103, 104, 258, 259],

створення нових селекційних досягнень із використанням вітчизняних та зарубіжних генеалогічних структур. Подальша інтенсифікація породотворчого процесу з великою білою породою вимагає ретельного аналізу біологічних та господарсько-корисних властивостей тварин різного походження.

Одним із найдієвіших інструментів для досягнення даної мети на сучасному етапі є впровадження у практику селекційної роботи методів молекулярно-генетичного аналізу, зокрема встановлення асоціації рівня розвитку продуктивних ознак із генотипами тварин за певними маркерними генами.

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося 74 племінних господарства з розведення свиней великої білої породи, в яких утримувалося 596 кнурів та 11682 свиноматки [50].

Порода ландрас. Це одна із стародавніх спеціалізованих беконних порід. Створена в кінці XIX ст в Данії на базі місцевих ютландських і острівних свиней та завезених з Англії, Португалії, Індії і Китаю. Ландраси одна з найбільш розповсюджених порід свиней у світі. У різних високорозвинутих державах частка ландрасів становить 30-80% [275].

До України свині породи ландрас завезені із Канади, Швеції, Англії, Франції, Німеччини, Росії і Латвії. Тварини цієї породи відрізняються високою м'ясністю в поєднанні з добрими відгодівельними якостями та здатністю давати стійкий позитивний ефект при схрещуванні [202].

Майже за 40-річний період цілеспрямованої селекційно-племінної роботи під керівництвом професора В. О. Медведєва в Україні створено новий український заводський тип у породі ландрас УЛН-1 [275].

Крім того, понад 30 років селекцією свиней породи ландрас займалося дослідне господарство Інституту тваринництва степових районів ім. М. Ф. Іванова «Асканія-Нова» [63].

Із фізіологічних особливостей у ландрасів більша відносна маса і

краще розвинені внутрішні органи порівняно з іншими породами, підвищений обмін протеїну та інтенсивніше нарощування м'язової тканини. Навіть при живій масі 120 кг вміст м'яса в туші перевершує 60%. Ландраси ефективніше засвоюють азот кормів, у них краще співвідношення жир: білок, за хімічними якостями м'яса вони мають перевагу щодо вмісту білка і незначно поступаються за фізичними властивостями м'ясо-сальній продукції великій білій породі [24].

Порода широко застосовується у міжпородному схрещуванні та гібридизації як батьківська (при створенні гібридів F₁), а останнім часом і як материнська форми [188, 190], а також для підвищення м'ясних якостей вітчизняних порід, при створенні нових селекційних досягнень [175].

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося 26 племінних господарств з розведення свиней породи ландрас, в яких утримувалося 289 кнурів та 20191 свиноматка [50].

Головним напрямком роботи з породою в даний час є збільшення чисельності, консолідація продуктивних якостей і підвищення конституційної міцності тварин [190, 202].

Провідними господарствами з розведення свиней породи ландрас у південному регіоні України є СП «Дністро-Гібрид» (компанія «France Hybrides»), ТОВ «Агропрайм Холдинг» (компанія «Нуклеус») Одеської області, ВАТ «Фрідом Фарм Бекон» Херсонської області, ПрАТ «Племзавод «Степной» Запорізької області (компанія «UPB») [171, 172, 208].

Українська м'ясна порода. Роботи зі створення української м'ясної породи розпочалися з 1981 року за спеціально розробленою програмою і методикою. Апробацію породи було проведено у грудні 1992 року і було затверджено наказом № 327 Міністерства сільського господарства і продовольства України від 31 грудня 1993 р. «Про виведення української м'ясної породи свиней».

Порода виведена методом складного відтворювального схрещування на основі полтавського м'ясного типу за участю свиней білоруської, харківської

і асканійської селекції. У її створенні брали участь генотипи 12 порід (велика біла, ландрас, миргородська, п'єстрен, уельс, українська степова біла, дюррок, гемпшир, уессекс-седлбекська, естонська беконна, йоркшир і українська степова ряба породи). Виведення породи проводилося під керівництвом вчених інститутів свинарства ім. О. В. Квасницького УААН, тваринництва УААН, тваринництва степових районів «Асканія-Нова» УААН та селекціонерів-практиків. До складу породи увійшли три внутрішньопородні заводські типи (центральный полтавський, харківський і асканійський), 12 ліній і 25 родин [6, 18, 19, 22, 23, 207, 212, 220].

Центральний тип української м'ясної породи виведено на основі свиней полтавського м'ясного типу з прилиттям крові білоруської спеціалізованої лінії [4]. Свині цього типу поряд з високою м'ясністю туш мають задовільні материнські якості [97].

При створенні харківського заводського типу використано метод складного відтворного схрещування, поєднуючи кращі якості свиней харківської, полтавської і білоруської селекції [153, 155, 156]. Свині характеризуються високими відгодівельними та м'ясними якостями.

Асканійський тип створено методом складного відтворного міжпородного схрещування вітчизняних – українських степової білої та рябої порід з імпортними м'ясними породами дюррок і німецький та бельгійський ландрас, а також з свинями центрального типу білорусько-полтавської селекції [87, 96, 221, 234-236]. Свині цього типу мають довгий, округлий окіст, міцну конституцію та високі показники розвитку і продуктивності [237, 238].

Багато дослідників [87, 89, 96, 209, 224, 235, 256, 280] також відмічають високу адаптаційну здатність свиней даного типу до кліматичних умов півдня України.

Крім цих апробованих типів в українській м'ясної породи існує популяція свиней селекції Дніпропетровського сільськогосподарського інституту (ДСГІ), стада і модель тварин якої на момент апробації ще не

відповідали вимогам, які висувалися до породи.

За даними С. Акімова та ін. [6-8], загальна чисельність поголів'я свиней української м'ясної породи на час апробації (01.01.1992 р.) становила 67772 голови, у тому числі 3043 голови основних, 2167 перевірюваних свиноматок, 408 основних і 242 перевірюваних кнура. Дане поголів'я розводилася в 22 племінних господарствах різних регіонів України.

За наступні після апробації 13 років кількість племінних господарств скоротилося всього на 2 одиниці, однак інтенсивність їх роботи і наявність поголів'я значно знизилася. Найбільше скорочення відбулося в господарствах, які розводять свиней асканійського та харківського типу, а найменше в господарствах центрального типу.

Поголів'я основних кнурів в 2005 році склало 181 голову і скоротилося в порівнянні з 1982 роком на 55,5%. Найменшому скороченню піддалися кнури харківського типу (33,6%), а найбільшому – асканійського (74,6%).

Вищенаведені цифри свідчать про те, що при таких темпах скорочення поголів'я на перший план в роботі з породою виходить його збереження і поступове відновлення.

Значне скорочення поголів'я української м'ясної породи навіть стало підставою до виникнення гіпотези про доцільність об'єднання двох порід – української та полтавської м'ясних, як подібних за походженням [28, 29].

Однак, на підставі проведених імуногенетичних досліджень [96], було доведено, що дані породи є генетично різнорідними і між ними існує значна генетична дистанція.

С. Войтенко [45] зазначає, що за даними звітів про бонітування свиней у племінних господарствах у 2008 році, свині української м'ясної породи займали третю позицію за кількістю основних кнурів і свиноматок в галузі.

В результаті досліджень О. Драган [80], вперше встановлено, що при поєднанні двох типів свиней харківського і експериментальної групи селекції Дніпропетровського ДАУ української м'ясної породи за різними схемами в другому поколінні отримано високопродуктивні тварини генетично

диференційовані за особливостями генофонду та імуно- і молекулярно генетичними маркерами.

Отже, незважаючи на порівняно недовгу тривалість свого існування, українська м'ясна порода посіла чільне місце у структурі генофонду свиней України і нині займає третє місце за чисельністю поголів'я. Це стало можливим завдяки високим продуктивним та адаптаційним якостям тварин даної породи. Водночас, резервом галузі свинарства, наразі, можна вважати можливість використання свиноматок даної породи у системах схрещування в якості материнської форми. Також, подальшого вивчення потребують питання, пов'язані з особливостями комбінаційної здатності внутрішньопородних генеалогічних структур як за чистопородного розведення, так і за різних варіантів схрещування.

В. В. Герасименком та К. В. Скрепцем [67] було вивчено імуногенетичні особливості асканійського типу української м'ясної породи та наявні філогенетичні взаємовідносини поміж останнім та породами, які були використані при його створенні. Порівняльний аналіз експериментальних даних дав підставу зробити висновок про своєрідність імуногенетичного профілю дослідженої популяції, оскільки вона досить суттєво відрізнялася від інших порід за алельним та генотиповим спектром у якісному та кількісному відношенні. На побудованій дендрограмі кластери першого порядку, які представлені породами УСБ та УСП та асканійський тип і свині породи ландрас, поєднуються в єдиний кластер другого порядку, що вказує на відносну генетичну схожість між цими породами. Дещо поодаль у генетичному відношенні знаходиться порода дюрк.

Подальші дослідження імуногенетичних особливостей тварин даного типу проведені К. В. Скрепцем та В. А. Кириченком [230] виявили порушення генетичної рівноваги в досліджуваній популяції. Комплексні показники генетичних параметрів п'яти систем груп крові та двох локусів сироваткових білків характеризують популяцію асканійського м'ясного типу свиней відносно високим рівнем гомозиготності та низьким рівнем

поліморфності.

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося 8 племінних господарств з розведення свиней української м'ясної породи, в яких утримувалося 57 кнурів та 648 свиноматок [50].

Порода дюрок. Виведена у 1860 р. в південно-східному регіоні США шляхом схрещування ліній червоних свиней. Відповідно до потреб ринку селекція з цією породою велась спочатку за сальними, а згодом – за м'ясними якостями [65, 162].

Основний масив свиней породи дюрок був завезений із США до України в 1976 р., а згодом із Чехословаччини в 1983-1985 рр. [171].

Тварини мають червоний колір шкіри, широку і глибоку груднину, з крутим згином ребер, злегка аркоподібну спину, міцний поперек. Свині характеризуються спокійним нором і невибагливістю. Тварини цієї породи крупні, міцної конституції, маса дорослих кнурів досягає 400 кг [190].

Свині дюрок імпоротної селекції мають високі відгодівельні та м'ясні якості, але серед тварин вітчизняних порід за відтворювальними якостями свиноматок вони не конкурентоздатні. Тому, на підставі цілеспрямованих поєднань генотипів дюрок американської, чеської, а надалі й англійської селекцій в умовах України було створено новий тип свиней породи дюрок української селекції «Степовий» з поліпшеними відтворювальними якостями при збереженні у них високих відгодівельних та м'ясних якостей. Виведення високопродуктивних генотипів та створення стад свиней породи дюрок нового типу базувалося на внутріпородній мінливості та генетичній різноманітності осіб з визначеною подібністю, що забезпечується наявністю географічних популяцій породи [257].

Р. О. Трибратом [95, 267, 268] було проведено вивчення продуктивних якостей, проаналізовано закономірності формування ліній та родин нового типу свиней породи дюрок української селекції «Степовий» та надано імуногенетичну характеристику стада свиней даної породи ВАТ «Племзавод

Степной» Запорізької області.

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося три племінних господарства з розведення свиней породи дюрок, в яких утримувалося 14 кнурів та 188 свиноматок [50].

Червона білопояса порода. Створення червоної білопоясої породи було розпочато у 1976 році за відповідною методичною схемою в дослідному господарстві Полтавського НДІ свинарства. Увесь селекційний процес передбачалось розподілити на три основні етапи.

Роботу першого етапу зі створення нової популяції свиней передбачалось провести методом складного відтворювального схрещування свиней полтавського заводського типу (ПМ-1), а також порід великої білої, ландрас, дюрок і гемпшир, тобто семи вітчизняних та зарубіжних порід. Вибором таких вихідних форм планувалось об'єднати в генетичній структурі тварин створюваного генотипу найважливіші господарсько-корисні ознаки: високу відтворювальну здатність, енергію росту, ефективне використання корму та підвищену м'ясність туш.

На основі акту державної експертної комісії Міністерства сільського господарства і продовольства України за № 77 від 15 березня 1994 року нова популяція тварин була затверджена як червоно-пояса спеціалізована лінія м'ясних свиней з присвоєнням заводської марки ЧПСЛ.

Другим етапом даної роботи передбачалось збільшення чисельності подібних за формою будови тіла, розвитком, продуктивністю та мастю тварин з метою виведення спеціалізованого типу нової породи. На цьому етапі створена популяція уже була представлена 8 генеалогічними лініями кнурів та 7 генеалогічними родинами свиноматок.

Третім (завершальним) етапом селекційного процесу з виведення нової породи свиней передбачалось створення додаткових дочірніх стад в різних регіонах країни, збільшення чисельності поголів'я, консолідація досягнутих показників продуктивності тварин, участь популяції в породовипробуванні.

Спільним наказом Міністерства АП України і Української академії

аграрних наук за № 327/47 від 14 травня 2007 року ця популяція була затверджена як нове селекційне досягнення під назвою «червона білопояса порода м'ясних свиней» з привласненням заводської марки «ЧБП».

На момент апробації загальна чисельність племінних свиней червоно-білопоясої породи становила більше 5000 голів, з них біля 1800 основних і перевіряємих свиноматок, а також понад 380 голів основних та перевіряємих кнурів-плідників. Розведенням свиней цієї породи займалися більше, ніж в 30 господарствах різних областей України, з них 15 мали статус племінних: 5 племзаводів та 10 племрепродукторів [213].

Одним з основних заходів в селекційно-племінній роботі з червоною білопоясою породою є типізація поголів'я за певними параметрами цільового стандарту, створення конституційно міцних тварин, здатних виробляти високоякісну продукцію при розведенні «в собі» і в кросах з іншими генотипами [64, 206].

Основним методом роботи з породою є чистопородне розведення з використанням індивідуального підбору із застосуванням помірною інбридингу для закріплення селекційних ознак. В окремих випадках з метою збільшення довжини тулуба, зниження товщини шпику, підвищення виходу м'яса, використовується метод «прилиття крові» вихідних порід таких як дюрк, п'єтрен і ландрас.

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося вісім племінних господарств з розведення свиней червоної білопоясої породи, в яких утримувалося 40 кнурів та 49 свиноматок [50].

З огляду на відносно невелике поголів'я, в подальшому вимагає оптимізації генеалогічна структура породи, з використанням генетичних методів для ефективного використання ліній і родин у племінній роботі [217].

Миргородська порода. Дану породу виведено шляхом складного відтворювального схрещування місцевих українських чорно-рябих свиней з

тваринами беркширської, середньої білої та темворської порід [65], в окремих випадках використовувалося прилиття крові польсько-китайської породи та елементи гібридизації тварин миргородської популяції кнурами великої білої породи за подальшого поглинального схрещування і розведення помісних свиней «у собі» [222]. Ця порода формувалася в жорстких умовах утримання й годівлі, в результаті чого було отримано невибагливі швидкостиглі тварини з високим рівнем резистентності та стійкості до стресових факторів.

Робота зі створення миргородської породи свиней проводилася під керівництвом О. П. Бондаренка за участі М. В. Бурундуковського та інших. У 1940 р. масив миргородських свиней був затверджений як нова порода [48].

На I етапі розвитку (1940–1950 рр.) породу характеризували як нечисленну популяцію з мінімальною кількістю ліній і родин. Тварини мали певні вади екстер'єру, неоднорідність за конституцією і напрямом продуктивності [46].

На другому етапі розвитку породи (1951–1960 рр.) цілеспрямована селекційна робота у напрямку створення вітчизняного сального типу дала позитивні результати. Поголів'я свиней зосереджувалося у 2-х племінних заводах та 20-ти племінних фермах різних областей України. Удосконалення породи здійснювалося методами чистопородної селекції.

Третій період розвитку породи (1961–1970 рр.) співпадає зі зміною соціально-економічної політики, початком робіт зі створення м'ясних порід і типів у тваринництві, що призвело до скорочення мережі племінних господарств та генеалогічної структури миргородської породи.

За даними ФАО [306] загальна чисельність тварин даної породи в 1960 р становила 744 тис. гол., у 1969 р. – 227 тис. гол.

Четвертий період розвитку породи (1971–1990 рр.) пов'язаний з пошуками методів поліпшення тварин за відгодівельними та м'ясними ознаками. Породу зосереджена у 20-ти племінних господарствах Полтавської, Хмельницької, Сумської і Черкаської областей, а у системі схрещування

використовувалася практично в усіх областях України. В породі налічується 27 генеалогічних ліній кнурів і 55 родин свиноматок. Для покращання господарськи корисних ознак свиней миргородської породи використовують ввідне схрещування з тваринами зарубіжної селекції: породами ландрас, п'єстрен, гемпшир, уельс тощо.

За даними ФАО [306] загальна чисельність тварин даної породи в 1974 р. становила 222 тис. гол., а у 1980 р. – 186 тис. гол., у тому числі 6200 кнурів-плідників та 26 900 основних свиноматок.

П'ятий період розвитку породи (1991–2005 рр.) характеризується значним скороченням мережі племінних господарств, генеалогічних ліній і родин та численності поголів'я, що узгоджується із соціально-економічною політикою країни та втратою більшої частини генетичного потенціалу галузі тваринництва України. Мережа племінних господарств, де збереглися свині миргородської породи, включала 2 племінних заводи та 6 племінних репродукторів у Полтавській, Сумській, Чернігівській, Хмельницькій і Одеській областях.

Питання щодо використання свиней миргородської породи за чистопородного розведення та схрещування розглядалося і розглядається науковцями та виробничниками протягом багатьох років [16, 34, 38, 42, 53, 68, 85].

За даними С.Л. Войтенко [48] за станом на 2004 рік дану породу свиней розводили у двох племінних заводах у Полтавській та Волинській областях, де зосереджено 4567 гол., а також двох племрепродукторах Хмельницької і Сумської областей – 2511 гол.

У 2011 році свиней миргородської породи розводили у трьох племінних заводах та двох племінних репродукторах Волинської, Сумської, Полтавської, Чернігівської та Хмельницької областей. 543 основних свиноматки відносилися до 17-ти родин, серед яких лише дві – Матіола і Мальва, – створенні методом «прилиття крові» великої чорної та білоруської чорно-рябої порід. Решта – це генеалогічні родини миргородської породи,

створені у перші роки роботи з нею.

На сьогодні миргородську породу свиней розводять методом напіввідкритої популяції при збереженості в чистоті племінного ядра. Для зниження осаленості туш молодняку на відгодівлі використовують систему схрещування цих тварин з представниками м'ясних порід, переважно дюррок, велика біла і п'єтрен. У системі схрещування і гібридизації та створенні нових порід миргородську використовують як материнську форму [44].

Раціональне використання генофонду миргородських свиней відбувається в рамках Державної селекційної програми. Робота з нечисленними популяціями свиней методами класичної індексної селекції не запобігає негативним ефектам інбридингу, тому вимагає використання додаткової надійної генетичної інформації про рівень мінливості та генетичної схожості особин, призначених для репродукції.

С. Л. Войтенко та Л. В. Вишневським [51] було проведено моніторинг генетичного стану ліній кнурів миргородської породи за частотами алелів систем груп крові та визначення ефективності підбору батьківських пар залежно від величини індексу генетичної схожості. Встановлено, що серед ліній кнурів миргородської породи за період 1991-2011 років відбулися суттєві зміни за групами крові, які зумовлені методами селекційно-племінної роботи, міграціями, мутаціями та дрейфом генів. Крім того, доведено, що поєднання тварин миргородської породи з коефіцієнтом подібності $K_p = 0,80-0,89$ приводить до зниження показнику багатоплідності, порівняно з тваринами, що мають менший коефіцієнт генетичної подібності. Негативний вплив високого коефіцієнту генетичної подібності між тваринами проявляється також у зменшенні кількості поросят та живої маси гнізда поросят при відлученні.

О. І. Метлицькою та В. Ю. Нором [158] було проведено популяційно-генетичний аналіз свиней миргородської породи із застосуванням сучасних ДНК-технологій. Автори зазначають, що використання двох класів – ISSR маркерів у технології міжмікросателітного аналізу та одонуклеотидних

поліморфізмів (SNP) у ПЛР-ПДРФ аналізі поряд з ідентифікацією унікальних генних комплексів миргородської породи дало змогу встановити ознаки її метизації тваринами спеціалізованих м'ясних порід, що, на думку дослідників, створює суттєву загрозу втрати її генофонду.

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося одне племінне господарство з розведення свиней миргородської породи, в якому утримувалося 20 кнурів та 159 свиноматок [50].

Полтавська м'ясна порода. Створення даної породи відбувалося у період 1966-1993 років на базі Полтавського науково-дослідного інституту свинарства на виконання вимог ринку того часу. Робота виконувалася колективом фахівців під керівництвом і за безпосередньої участі доктора сільськогосподарських наук, професора Б. В. Баньковського [21, 184].

На першому етапі (1966-1968 рр.) була розроблена методика та цільовий стандарт породи, визначені базові господарства, відібрані тварини вихідних батьківських форм різних ліній і родин. Розроблений і використаний спосіб одночасної участі в складному відтворювальному схрещуванні свиноматок миргородської та великої білої породи з кнурами порід ландрас, п'єтрен і усекс-седлбекської. Бажані позитивні якості кожної породи були у подальшому закріплені в модельних тваринах нового типу.

На другому етапі (1969-1970 рр.) була означена початкова генеалогічна структура нової породи – 5 ліній кнурів і 8 родин свиноматок, розпочата цілеспрямована селекційна робота в напрямку закріплення стійкості спадкових ознак багатопородних помісей бажаного м'ясного типу методом розведення «в собі». В основу було покладено метод помірною та віддаленого родинного парування, що сприяло посиленню генетичної подібності тварин з родоначальниками генеалогічних структур.

На третьому етапі (1971-1978 рр.) розширювався ареал розведення свиней нового м'ясного генотипу, вивчалася ефективність їх використання в системі промислового схрещування, створювалися племінні ферми і стада,

проводилося порівняльне контрольне випробування з основними плановими породами. У племінних стадах, а їх нараховувалося в 1977 році більше 12 господарств, розводилось близько 2499 племінних тварин нового м'ясного типу.

Етап 1979-1993 років відзначився подальшим розширенням генеалогічної структури породи (8 ліній і 12 родин), підвищенням обсягів вирощування і реалізації племінного молодняку та виробництва товарних гібридів. В Україні в цей період успішно працювали 4 племзаводи і 30 племінних ферм та племгруп [21].

Апробована і затверджена полтавська м'ясна порода Мінсільгоспродом України 8 вересня 1993 року, наказ № 254 [5, 64, 186].

З метою поліпшення відгодівельних і м'ясних якостей свиней полтавської м'ясної породи, а також розширення її генеалогічної структури, починаючи з 2004 року було розпочато роботу зі створення нових заводських ліній з прилиттям крові датського ландраса і скороспілої м'ясної породи свиней [187].

За даними Л. Г. Перетяцько [183], станом на 2012 р. в полтавській м'ясній породі налічувалося 10 ліній і 11 родин. Створена генеалогічна структура дозволяла постійно підтримувати високу продуктивність і покращувати породу без інбридингу. Розведенням свиней полтавської м'ясної породи свиней, на той час, займалося 5 племзаводів і 7 племрепродукторів в різних регіонах України. За даними Державного племінного реєстру найбільша чисельність поголів'я племінних свиней полтавської м'ясної породи спостерігалася в 2006 і 2009 роках. В 2009 році в племінних господарствах утримували 121 кнура та 1144 основних свиноматок.

В подальшому відбулося суттєве скорочення поголів'я свиней даної породи. За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося 5 племінних господарств з розведення свиней полтавської м'ясної породи, в яких утримувалося 34 кнура та 340 свиноматок [50].

Українська степова біла порода. Це перша порода свиней, яка створена на теренах України за відносно короткий проміжок часу (1926-1934 рр) академіком М. Ф. Івановим. Породу виведено простим відтворювальним схрещуванням місцевих свиней півдня України з кнурами великої білої породи з наступним відбором тварин бажаного типу. Це був перший радянський досвід створення нової породи свиней. Робота з виведення української степової білої породи вважається класичною.

У 1937 році в «Асканії-Нова» було вже три лінії кнурів нової української степової білої породи: лінія Асканія 1, що походить від англійського кнура Бар-Нона, лінія Запорожця – від кнура Кінг-Девіда, лінія Українця – від кнура Барона Ромзея 30. Всі вони показували високі показники розвитку та продуктивності [92].

За чисельністю дана порода посідала третє місце в СРСР. За даними ФАО [306] її поголів'я становило у 1964 р. 812 тис. гол., у 1974 р. – 738 тис. гол, а за станом на 1 січня 1980 р. 636,3 тис. гол., з них 12,5 тис. гол. кнурів-плідників та 88,4 тис. гол. основних свиноматок.

Особливим етапом у розведенні української степової білої породи свиней стало виведення ліній за допомогою «прилиття крові» породи ландрас. Першою методом ввідного схрещування з породою бельгійський ландрас була виведена лінія Арсенала та родини свиноматок Алмазна, Арсенальна, Алея.

Українська степова біла порода широко використовувалася як материнська основа при промисловому схрещуванні та гібридизації. За її участі виведені українська степова ряба порода свиней та високопродуктивний асканійський тип української м'ясної породи.

За свідченням А. М. Маслюка [152], постійне удосконалення української степової білої породи впродовж її існування дало змогу значно збільшити продуктивність тварин, як, наприклад, багатоплідність свиноматок від 8 поросят збільшилася до 12 гол., у середньому, а маса поросяти при відлученні від 14 кг до 19 кг, а в деяких випадках до 22 кг.

Отже, українська степова біла порода за майже 80 років існування прогресувала у своєму розвитку: було створено 14 нових високопродуктивних ліній кнурів-плідників, 30 родин маток та новий внутрішньопородний материнський заводський тип. Проте, за даними Державного реєстру племінних тварин, за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося лише два племінних господарства з розведення свиней української степової білої породи, в яких утримувалося 9 кнурів та 191 свиноматка [50].

Українська степова ряба порода. Створення української степової рябої породи розпочалося в 1938 році в науково-дослідному інституті тваринництва ім. М. Ф. Іванова «Асканія-Нова» Херсонської області. Робота проводилася під керівництвом академіка Л. К. Гребеня. У роки Великої Вітчизняної війни створення даної породи відбувалося у Ставропольському краї, а потім знову у науково-дослідному інституті тваринництва ім. М. Ф. Іванова «Асканія-Нова» [65].

Основним завданням, яке вирішувалося створенням української степової рябої породи свиней було виведення на базі української степової білої породи нової високопродуктивної породи, яка могла б улітку, у спеку, більш ефективно використовувати корми на пасовищах та мала б високу скоростиглість.

Вихідним матеріалом для виведення нової породи були поросята рябої масті, які народилися у 1938 році від свиноматок української степової білої породи ліній Степняка, Дружка і Нового. Поява рябих поросят у батьків білої масті є властивістю, яку академік М. Ф. Іванов пояснював атавізмом. Кращих з відібраних тварин виділяли родоначальниками ліній та родин.

На початку робіт по виведенню українських степових рябих свиней було закладено водночас три лінії кнурів: Рябого, Розбійника та Рідного. На першому етапі створення лінії застосовувалося споріднене розведення з суворим вибракуванням всіх слабких та малопродуктивних тварин. Інбридинг, як правило, проводився на батька.

У подальшому, (в 1945 р.) з метою підвищення скороспілості українських степових рябих свиней, було застосоване ввідне схрещування з кнурами беркширської породи. В результаті цього було виведено лінію Рекорда. Водночас було проведено також схрещування з мангалицькими кнурами. З одержаного в результаті цього схрещування потомства було створено лінію Рижика [202]. Цим же методом в 1970-1985 рр. завдяки об'єднанню спадковості української степової рябої породи (материнська основа) та порід ландрас і дюрок створені лінії м'ясного напрямку продуктивності Реала 861 та Радія 1985.

18 вересні 1961 року Міністерство сільського господарства СРСР затвердило українських степових рябих свиней як нову породу.

За даними ФАО [306], чисельність поголів'я свиней української степової рябої породи в 1960 році становила 28 тис. голів, у 1964 р. – 18 тис., у 1969 р. – 8 тис., у 1974 р. – 7 тис., у 1980 р. – 7 тис., в 1985 р. – 14 тис. голів.

За даними бонітування племінних стад у 1970 р., українська степова ряба порода була представлена 82 кнурами, які належали до восьми ліній, та 480 свиноматками.

Характерною ознакою української степової рябої породи є знижений рівень поліморфізму В-системи груп крові, майже повний мономорфізм за алелем Db та висока порівняно з іншими породами півдня України концентрація алеля Fa (0,475). За системою Е-груп крові виявлено 4 алеля (Eaeg – 0,003; Ebdg – 0,338; Eedg – 0,394; Eedth – 0,265) та 8 генотипів. Ефективне число алелів і середнє число фенотипів за сумою В, D, Е, F, V, генетичних систем груп крові для свиней цієї породи відповідно становить 8,9 та 14,1. Гетерозиготність за комплексом В, Е, F і V локусів – 45,7% [164].

При вивченні генного балансу на основі даних поліморфізму генетичних систем груп крові по генетичним системам EAE, EAF, EAG В. М. Іовенком зі співавторами було виявлено вірогідне відхилення від стану генетичної рівноваги у напрямку надлишку гетерозигот Eedg/Eedf Eedg/Ebdg, Fa/Fb, Ga/Gb та дефіциту гомозигот за алелями Ebdg, Eedf, Eedg, Fa, Fb, Ga, Gb [96].

На 1 січня 1990 р. загальна чисельність цієї породи становила 4,9 тис. голів, у тому числі 4,8 тис. чистопородних, з них 297 основних кнурів, 329 основних свиноматок [306].

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося лише одне племінне господарство з розведення свиней української степової рябої породи, в якому утримувалося 7 кнурів та 29 свиноматок [50]. У динаміці 2010-2014 років кількість основних свиноматок, яка й до того була малочисельною, зменшилася на 8 голів, а кількість кнурів – на 2 голови [182].

Порода п'єтрен. Дана порода створена в Бельгії у провінції Брабант у результаті тривалого відбору найбільш м'ясних помісних свиней, одержаних від схрещування беркширської, великої білої та деяких інших порід (перша версія походження породи), а також виявленням мутантів, що виникли внаслідок спорідненого парування (друга версія походження породи). Згідно третьої більш ймовірної версії походження – порода бере свій початок від французької породи байє. Офіційно порода визнана у 1920 році, однак протягом тривалого періоду не набувала господарського значення і практично зникла під час другої світової війни. Повторно її почали розводити у 1950 році, і з того часу вона стала поширеною в усіх країнах світу. Значного поширення й подальшого розвитку порода набула у Франції, куди завезена в 1955 році [65, 162].

Тварин породи п'єтрен широко використовують на сучасному етапі розвитку галузі для поліпшення м'ясних якостей інших порід та при виробництві помісей при промисловому схрещуванні з іншими породами у багатьох країнах світу – Франції, Англії, Німеччині, Польщі, Аргентині, Іспанії та інших [47].

У нашу країну вперше свиней породи п'єтрен завезли у 1964 році. За даними проведених досліджень при чистопородному розведенні тварини породи п'єтрен погано акліматизуються, показники їх продуктивності значно нижчі інших планових порід [20, 244].

Використання породи п'єтрен значно покращує м'ясні якості помісних тварин, але порода вибаглива до кормів і умов утримання. Порода використовувалась як поліпшувач низки вітчизняних порід – на прикладі полтавської м'ясної, української м'ясної порід та червоної білопоясої породи м'ясних свиней [17, 211], а також для створення сучасних «термінальних» кнурів (наприклад Оптимуса, Макстера, Кантора та інших). Товарні гібриди з прилиттям крові породи п'єтрен задовольняють вибагливих виробників та переробників свинини щодо виробництва м'ясної свинини [246].

Однак, відтворювальні характеристики та репродуктивна здатність свиней породи п'єтрен в умовах України досі мало описані у вітчизняній літературі або не достатньо вивчені через неможливість адаптації тривалий час свиней цієї породи до технологічних умов вітчизняних господарств. Перші спроби завезення цієї породи в Україну з метою чистопородного розведення були зроблені у 1964 році, проте через складність адаптації цієї породи завезені тварини рано вибраковувалися у зв'язку, перш за все, з їх безпліддям [65].

П'єтрени сьогодні набувають значного поширення в світі та в Україні, зокрема. Порода має перспективу при створенні сучасних синтетичних ліній свиней та у широкому використанні у системі гібридизації [244].

За даними Державного реєстру племінних тварин за станом на 2014 рік в Україні нараховувалося 745 племінних господарств з розведення свиней породи п'єтрен, в яких утримувалося 25 кнурів та 272 свиноматки [50].

Отже, сучасні тенденції розвитку галузі свинарства, спрямовані на збільшення м'ясної продуктивності, скоростиглості та зниження конверсії корму при збереженні рівня відтворення, є суттєвою загрозою для існування місцевих порід, що не відповідають вимогам ринку, проте характеризуються унікальними адаптаційними властивостями і специфічністю генофонду. Свідченням цього є проведений аналіз сучасного стану генофонду свиней в Україні, в результаті якого встановлено, що чисельність переважної більшості порід є незначною і їх питома вага в структурі генофонду не

перевищує 0,5-1,0%. У критичному стані щодо чисельності тварин в популяціях знаходяться вітчизняні породи – миргородська, червона білопояса, українська степова біла і українська степова ряба, які і раніше не характеризувалися значною чисельністю племінних господарств і тварин в них, а в останні кілька років взагалі сконцентрувалися лише в одному-двох господарствах.

Першим етапом розробки заходів щодо збереження та відновлення генофонду порід свиней, а також їх подальшого раціонального використання, на думку багатьох вчених [204, 205, 229, 242, 243, 251, 273, 357], є оцінка генетичної структури їх популяцій.

Обмеженість біотехнологій, спрямованих на збереження генофондів локальних порід у їхньому природному ареалі, вимагає пошуку сучасних методологічних підходів до комплексного популяційно-генетичного моніторингу тварин з метою розробки ефективних та економічно виправданих прийомів на основі даних генетичного аналізу [58, 282].

1.2. Використання поліморфізму мікросателітів ДНК у тваринництві

1.2.1. Результативність використання мікросателітів у різних галузях тваринництва

Мікросателіти були відкриті в 1984 році та відомі також під назвою коротких тандемних повторів (STR, Short Tandem Repeats), або коротких повторів послідовностей (SSR, Short Sequence Repeats) [504].

Завдяки високому ступеню поліморфізму, менделівському типу успадкування і рівномірному розподілу по всьому геному мікросателіти більше 30 років залишаються найбільш широко використовуваним типом ДНК-маркерів. Вони знаходять застосування при контролі достовірності походження, визначенні ступеня інбридингу, оцінці чистопородності, характеристиці біорізноманіття і ступеня генетичної диференціації порід і

внутрішньопородних генетичних структур [9, 94, 161, 274, 336, 380].

Розвиток методів і інструментального забезпечення молекулярно-генетичних досліджень забезпечив можливість проведення одночасного аналізу декількох локусів мікросателітів в одній реакції, що зумовило істотне підвищення інформативності при відносно невеликому збільшенні вартості.

Тест-системи для мультилокусного аналізу мікросателітів розроблені і застосовуються для вивчення генетичного біорізноманіття різних видів тварин і птиці [11, 70, 173, 270].

Зокрема, Н. А. Зиновьевої зі співавторами [180] доведено можливість використання поліморфізму мікросателітів у якості критерію оцінки процесів мінливості, що протікають при створенні спеціалізованих ліній медоносної бджоли.

В. Р. Харзіноюю зі співавторами [210] розроблено мультиплексну панель мікросателітів для оцінки вірогідності походження та ступеню диференціації популяції північного оленя *Rangifer tarandus*.

Е. А. Гладирь зі співавторами [165] відзначають, що в Центрі біотехнології і молекулярної діагностики ВНДІ тваринництва Россільгоспакадемії створена тест-система аналізу мікросателітів верблюдів, яка є досить інформативною і дозволяє виконувати молекулярно-генетичні дослідження виду *Camelus bactrianus L.* на популяційно-генетичному рівні.

І. П. Новгородова зі співавторами встановили, що мікросателітні локуси курей *G. gallus* є інформативними і для характеристики генофонду індичок *M. Galloravo* [94].

Дані про мінливість мікросателітів використовувалися при створенні нового типу м'ясної худоби Сибіру [93].

В Україні протягом останніх років генетичні дослідження активно проводяться на базі відділу молекулярно-діагностичних досліджень Української лабораторії якості та безпеки продукції АПК, де науковцями відділу здійснюється генетична експертиза походження та підтвердження батьківства різних сільськогосподарських тварин (коні, ВРХ, риби, собаки і

т. д.) за допомогою мікросателітів ДНК [76, 77, 120].

Зокрема, Ю. В. Гузєєвим зі співавторами [196] було проведено порівняльний аналіз різноманітності алелофону сірої української та сірої болгарської порід великої рогатої худоби та встановлено високий дефіцит гетерозиготності в мікропопуляції сірої української породи. За участю цього ж науковця було проведено аналіз генетичного різноманіття вітчизняної популяції буйволів (*Bubalus bubalis*), чисельність якої в Україні останніми десятиліттями суттєво скоротилася. В результаті досліджень встановлено, що незважаючи на обмежену чисельність поголів'я буйволів, у досліджуваній популяції зафіксовано надлишок гетерозиготних генотипів на рівні 5,5%, що свідчить про відсутність скорочення генетичного різноманіття в ній. Крім того, доведено, що незважаючи на використання мікросателітних локусів, рекомендованих для генотипування великої рогатої худоби, ефективність їх використання для генетичного аналізу буйволів виявилася досить високою і становила понад 99,99% [199].

О. С. Крамаренком [109, 110] було проведено аналіз генетичної диференціації за локусами мікросателітів худоби південної м'ясної породи.

А. В. Шельовим [279] проведені дослідження генетичної структури трьох порід коней а саме гуцульської, української верхової, чистокровної верхової та двох порід великої рогатої худоби, а саме української чорно-рябої молочної та української червоно-рябої молочної за мікросателітними локусами ДНК.

О. В. Мельник зі співавторами [157] було здійснено вивчення особливостей генетичної структури мікропопуляції коней гуцульської породи за 12 мікросателітними локусами ДНК. За даними дослідників, незважаючи на невелику чисельність поголів'я коней гуцульської породи коней, у даній мікропопуляції зафіксовано незначне звуження генетичного різноманіття.

Т. В. Чокан зі співавторами [59] за використання мікросателітних локусів отримано інформацію про генетичну структуру української

гірськокарпатської породи овець і її розмаїття на геномному рівні. Проведені дослідження засвідчили ефективність використання обраних 11 мікросателітних локусів для індивідуальної ідентифікації та популяційно-генетичного аналізу.

І. І. Грициняком зі співавторами [98] було проаналізовано генотипи особин популяцій білого (*Hypophthalmichthys molitrix*) та строкатого (*Aristichthys nobilis*) толстолобиків за трьома мікросателітними маркерами: *MFW 15*, *MFW 23*, *MFW 06*. Найбільш придатним до популяційного генотипування видів білого і строкатого товстолобиків визначено маркер *MFW 15*.

1.2.2. Використання мікросателітів ДНК у селекції свиней

Використовуючи програму Tandem Repeats Finder, китайськими вченими у 2017 році було виявлено 1620469 локусів мікросателітів ДНК, в тому числі 395943 динуклеотидних, 209971 тринуклеотидних, 507867 тетрануклеотидних, 281380 пентануклеотидних та 225308 гексануклеотидних повторів у 18 аутосомних, а також X і Y хромосомах свині. Таким чином, загалом близько 1,28% еталонного геному свині зайнято мікросателітами ДНК [328].

Серед різноманітних напрямів використання мікросателітів у свилярстві можна виділити основні:

- контроль походження (встановлення батьківства) та паспортизація тварин;
- оцінка рівня генетичної різноманітності (алельний спектр, гетерозиготність, наявність/відсутність генетичної рівноваги) на породному та внутрішньопородному рівні;
- оцінка рівня міжпородної генетичної диференціації та встановлення філогенетичних зв'язків;
- аналіз внутрішньопородної диференціації;
- пошук зв'язків з показниками продуктивності та оцінка можливого

- використання цих зв'язків у маркер-допоміжній селекції;
- оцінювання основних генетико-демографічних показників для комерційних та локальних порід;
 - оцінка відповідності якості готових м'ясних продуктів породному походженню сировини (traceability).

Контроль походження (встановлення батьківства) і паспортизація тварин. Аналіз походження (в тому числі, встановлення батьківства) є перспективним методом при проведенні еволюційних, екологічних та досліджень зі збереження біологічного різноманіття. Крім того, перевірка батьківства має вирішальне значення при розробці селекційних програм в тваринництві. Традиційно, записи про походження були основою програм розведення. Однак, якщо такі генеалогічні дані є неповними або неточними, вони можуть призвести до помилок, що супроводжуються суттєвим зниженням ефективності ведення галузі. Вважається, що аналіз батьківства (у випадку відсутності достовірної інформації щодо батька або матері тварини) повинен надавати безпомилкову ідентифікацію відносин між близькими родичами (зокрема напів-сібсами або повними сібсами) у випадках, коли візуальне ототожнення родичів зазвичай неможливе або може бути помилковим.

Було показано, що молекулярні маркери (і, насамперед, мікросателіти ДНК) можуть бути використані для підтвердження із дуже високою (близькою до 100%) імовірністю походження особин у племінному тваринництві.

Одне із перших досліджень щодо використання мікросателітів ДНК при аналізі контролю батьківства було проведено на трьох найпоширеніших породах свиней Світу, що розводилися в Австрії [339]. Авторами було встановлено, що у випадку, коли відомий лише один із батьків, оцінки комбінованої ймовірності виключення (combined exclusion probabilities – CEP) коливаються від 99,18% (ландрас), 99,74% (п'єтрен) до 99,76% (велика біла). У випадку, коли були відомі обидва батьків, оцінки CEP при

використанні 10-плексної ПЛР збільшувалася до 99,97% (ландрас) і 99,99% (п'єтрен та велика біла). Крім того, ними було розроблено автоматизовану програму аналізу генотипу для свиней, що заощаджує витрати коштів та часу.

Аналогічно, дві панелі мікросателітів по 10 локусів (панель А – власна, а панель В – та, що було використана у дослідженні D. Nechtelberger зі співавторами [339]) було використано для аналізу вірогідності встановлення батьківства на прикладі трьох порід свиней, що розводилися у Чехії [290]. В обох випадках, точність визначення батьківства (у випадку доступності неповної та/або неточної інформації щодо походження тварин) знаходилися у межах 94,61-99,99% при використанні панелі А, та 93,17-99,99% – при використанні панелі В мікросателітів ДНК.

У наступні 10 років відбувався пошук найбільш адекватної панелі локусів мікросателітів ДНК, що надавала б найбільш точні оцінки при контролі походження та встановлення батьківства на прикладі комерційних порід свиней Японії [337], Республіки Кореї [350], Іспанії [456] та інших країн Світу.

Крім того, даний метод було перевірено й на дикому кабані (*Sus scrofa*), який розповсюджений у Європі [468]. Так, набір з 14 мікросателітних маркерів було оптимізовано та випробувано у трьох популяціях дикого кабана з Угорщини, Португалії та Іспанії (загалом – 167 зразків) [445]. Результати показали дуже високі ймовірності виключення (0,99999), низьку ймовірність помилкової ідентифікації особин ($2,0 \times 10^{-13}$ - $2,5 \times 10^{-9}$) та точність визначення батьківства на 100%.

В останні роки йшов пошук молекулярно-генетичних маркерів, що поряд з використанням мікросателітів, підвищував би точність ідентифікації особин. Так, при вивченні ступеня ефективності використання мікросателітів ДНК та/або SNP (від 15 до 960 локусів) для визначення точності походження серед європейських свійських свиней було встановлено, що у випадку використання набору із 15 локусів мікросателітів, ймовірність спорідненості

серед п'яти особин, що мали спільне походження, складала від 0,9370 (була відома інформація лише про одного із батьків) до 0,9538 (відома інформація про одного потенційного батька). Приблизно на такому ж рівні знаходилися і відповідні оцінки, отримані на підставі використання 30 SNP-локусів. Але вже при використанні 120 локусів SNP, отримані імовірності спорідненості варіювали від 0,9999 до 1,0000 [347].

Крім широко розповсюджених у використанні мікросателітів ДНК динуклеотидного типу, було також запропоновано використання й мікросателітів іншого типу. Так, при дослідженні ефективності використання 11 тетрануклеотидних локусів мікросателітів ДНК для визначення ступеня спорідненості та батьківства на прикладі чеської породи свиней (Prestice Black-Pied Pig) I. Vrtková et al. [521] було встановлено, що ймовірність ідентичності двох незалежних зразків (P1) з використанням усіх 11 локусів складала $4,037 \times 10^{-11}$, а ймовірність спорідненості двох особин (PISibs) – $8,315 \times 10^{-5}$. Оцінки вірогідності виключення для комбінацій локусів, коли були відомі обоє батьків (P1), коли був відомий лише один із батьків (P2), та у випадку, коли обоє батьків були не відомі (P3) складали для свиней даної породи, відповідно, 0,9996, 0,9899 та 0,9999.

При дослідженні трьох індійських локальних порід свиней [355] загальні значення PE1 (у випадку обох батьків та одного нащадка, доступна лише інформація про одного із батьків) з урахуванням 24 використаних локусів мікросателітів ДНК варіювали від $1-2,07 \times 10^{-10}$ у Північно-індійських свиней до $1-3,95 \times 10^{-11}$ у свиней Ankamali. Загальні значення PE2 (у випадку обох батьків та одного нащадка, інформація про обох батьків відсутня) з урахуванням всіх 24 локусів варіювали від $1-4,57 \times 10^{-16}$ у свиней Assamese до $1-3,17 \times 10^{-18}$ у свиней Ankamali. Аналогічно, сукупні значення PE3 (у випадку одного із батьків та одного нащадка, інформація про батька відсутня) для всіх 24 локусів варіювали від 0,9999968 у свиней Assamese до 0,99999955 у свиней Ankamali. При цьому, авторами доведено, що набір із 15 локусів (CGA, IGF1, S0005, S0026, S0068, S0090, S0155, S0178, S0215, S0218, S0228,

S0355, SW122, SW911, SW936) може бути використано для встановлення батьківства (будь-якого з трьох типів варіантів) у індійських свиней з вірогідністю не менше, ніж 0,99985.

В цілому, отримані авторами оцінки були значно вищими, ніж загальноприйняті уявлення, що такі ймовірності виключення повинні бути більше 0,9995 [486].

Оцінка рівня генетичної різноманітності на породному та внутрішньопородному рівні. Після того, як була розроблена сучасна номенклатура мікросателітів ДНК [503], вони почали активно використовуватися для оцінки рівня генетичної різноманітності порід свиней (як широко розповсюджених, так і локальних) у різних країнах Світу.

Одним з перших таких досліджень була робота, в якій досліджувався рівень генетичного поліморфізму свиней чотирьох порід Бельгії з використанням семи локусів мікросателітів [284].

У цілому, було відмічено наявність від 4 до 16 алелів для різних локусів, ефективна кількість алелів у тварин різних порід варіювала в дуже вузьких межах – 2,5-3,3 алеля на локус. Рівень фактичної гетерозиготності для окремих порід/локусів коливався в значних межах (0,280-0,780), хоча середні показники у свиней різних порід були відносно подібними (0,540-0,630).

В 2000 році була опублікована робота G. Laval зі співавторами [383], в якій наведено результати дослідження вже 11 порід свиней (у тому числі, й дикого кабана), що розводяться у шести країнах Європи. Всього було досліджено 483 ДНК-проби з використанням 18 локусів мікросателітів ДНК. Породи, що було досліджено, характеризувалися співвідношенням генотипів, що відповідають стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга, за виключенням німецьких порід ландрас та Schwäbisch-Hällisches, для яких спостерігалось значне зниження рівня гетерозиготності. Середня кількість алелів на локус у європейських порід свиней коливалася в межах від 3,22 до 5,72, ефективна кількість алелів перебувала в межах 1,54 (французька порода

Basque) до 2,94 (німецька порода Schwäbisch-Hällisches).

У цьому ж році було опубліковано ще дві роботи, в яких наведено результати аналізу рівня поліморфізму за локусами мікросателітів для порід свиней, що розводяться в Китаї – як транскордонних (ландрас, дюрок та велика біла), так і чотирьох локальних [298, 508]. В них показано, що генетичне різноманіття китайських локальних порід свиней значно вище, ніж інтродукованих. Так, середня кількість алелів на локус для локальних порід свиней Китаю становила від 4,67 (для породи Wannanhua) до 6,50 (для породи Erhuanlian). Водночас, у свиней порід ландрас, дюрок та велика біла ця оцінка становила лише 3,67-4,00 алелів / локус. Ефективна кількість алелів у китайських порід свиней варіювала від 2,91 до 4,12 на локус, а у транскордонних порід, що розводяться в Китаї, була значно меншою – 2,62-2,76 алелів на локус.

В наступні роки продовжувався детальний аналіз генетичного поліморфізму автохтонних порід свиней Китаю. В роботі С. Лі зі співавторами [356] було досліджено 10 порід, використовуючи 26 локусів мікросателітів ДНК, що рекомендовано ISAG.

Майже одночасно з даною роботою було опубліковано дослідження S. L. Yang зі співавторами [399], в якому наводяться результати вже стосовно 18 локальних китайських порід. На підставі аналізу рівня їх генетичної мінливості авторами було зроблено висновок, що ці 18 автохтонних порід можуть мати одного спільного предка і це допомагає краще зрозуміти відносну відмінність генетичних ресурсів свиней та може допомогти у розробці національного плану збереження та використання китайських локальних порід свиней.

В 2001 році виходить робота, в якій розглядається рівень генетичної мінливості серед місцевих порід свиней Індії на підставі поліморфізму 13 локусів мікросателітів ДНК [357]. Встановлено, що у північно-східних свиней Індії (Northeast Indian pigs) у різних локусах зустрічається від 5 до 11 алелів. Водночас, у північних свиней (North Indian pigs) максимальна

кількість зареєстрованих алелів становила 12 (для локусу *S0355*). Фактична гетерозиготність варіювала майже в однакових межах (від 0,480 до 0,840) у тварин різного походження, аналогічно як і оцінка PIC – 0,70-0,88 та 0,70-0,87, відповідно.

В 2002 році було опубліковано результати досліджень щодо аналізу як місцевих, так й інтродукованих порід свиней Таїланду [326, 384]. Для характеристики їх генетичної мінливості було проаналізовано 14 мікросателітних локусів у 79 випадкових особин свиней локальної тайської породи, великої білої, плямистої великої білої та породи п'єтрен. Оцінки PIC, фактичної та очікуваної гетерозиготності були суттєво вищими у тварин локальної тайської породи (0,755, 0,533 та 0,795), ніж у тварин порід велика біла (0,546, 0,557 та 0,670), плямиста велика біла (0,530, 0,580 та 0,659) та п'єтрен (0,487, 0,454 та 0,598), відповідно.

У роботі В. Fan зі співавторами [484] наведено результати аналізу генетичної мінливості популяції напівдиких свиней, що існує на Оклендському острові біля Нової Зеландії. Авторами було встановлено, що дані тварини мають низький рівень генетичної мінливості, порівняно з європейськими, азіатськими, центрально-американськими автохтонними та комерційними породами свиней, як і можна було очікувати для нечисельної популяції, що була ізольована останні майже 200 років. Середня оцінка ефективної кількості алелів у тварин цієї ізольованої популяції складала лише 2,18 алелів / локус (із діапазоном від 1,00 до 3,39 алелів), оцінка PIC – 0,450, а фактичної гетерозиготності – лише 0,348. 16 локусів (із 26, що було використано в аналізі) характеризувалися вірогідним відхиленням від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга, причому в 12 випадках було відмічено вірогідний дефіцит гетерозигот.

Також дуже низький рівень генетичного різноманіття було встановлено для автохтонної хорватської породи свиней Turpolje [407]. У тварин цієї рідкісної породи було зафіксовано лише 1-3 алеля для 10 мікросателітних локусів, що було використано в аналізі; середня оцінка ефективної кількості

алелів для них складала лише 1,47 алелів / локус (із діапазоном від 1,00 до 2,06 алелів), оцінка PIC – 0,222, а фактичної гетерозиготності – лише 0,306.

Вивченню генетичного різноманіття ще однієї локальної європейської породи свиней – чорної славонської (Black Slavonian pig) присвячено роботу М. Bradić зі співавторами [443]. Для чотирьох досліджених локусів автори відмічали вірогідне відхилення від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга. Причому, у всіх локусів вказане відхилення було результатом дефіциту гетерозиготних тварин. Середнє значення PIC для всіх 8 локусів становило 0,368, середня кількість виявлених алельних варіантів становила 2,50. Автори дійшли висновку, що така невелика кількість виявлених алельних варіантів, а також значне відхилення від рівноваги, зумовлене дефіцитом гетерозигот, можна вважати одним із показників зниженого генетичного різноманіття даної локальної породи.

В роботі М. А. Manea зі співавторами [448] наведено результати дослідження румунської мангалицької породи свиней. Авторами показано, що рівень генетичного різноманіття цієї породи є значно нижчим, порівняно із тваринами великої білої породи, як за кількістю алелів, так і за рівнем фактичної гетерозиготності.

Водночас, для свиней локальної породи Nero Siciliano (острів Сицилія), навпаки, було відмічено дуже високий рівень генетичного різноманіття [449]. У середньому для 25 вивчених мікросателітних локусів середня кількість алелів на локус становила 9,96, а середня фактична гетерозиготність – 0,708.

Для подальших досліджень залучали ще більше порід та використовували більш широкую панель локусів мікросателітів ДНК.

Так, у дослідженнях М. San Cristobal зі співавторами [386] було задіяно 28 порід свиней, що розводяться у всій Європі. Для оцінки рівня їх генетичного поліморфізму було використано 50 локусів мікросателітів. Авторами була встановлена суттєва внутрішньопородна мінливість. При цьому, середня очікувана гетерозиготність і кількість алелів на локус становили 0,560 (з коливаннями 0,430-0,680) та 4,5, відповідно. Розподіл

частот генотипів вірогідно відхилявся від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга у 15 європейських популяціях, причому у 12 з них було виявлено дефіцит гетерозигот.

Оцінки рівня генетичного різноманіття більше, ніж 70 європейських порід та ліній було розглянуто в 2009 році у міні-огляді L. Ollivier [467]. Встановлено, що генетична різноманітність локальних порід та комерційних ліній є значно нижчою, порівняно з транскордонними породами.

У цьому ж році вийшла робота [382], присвячена дослідженню генетичного різноманіття трьох натуралізованих порід Бразилії, порівняно з породою ландрас та комерційною лінією MS60 з використанням 28 мікросателітних маркерів. А через два роки її доповнила робота [469], в якій було наведено результати досліджень вже дев'яти локальних порід Бразилії.

Результати досліджень трьох локальних порід свиней Південної Африки наведено в роботі H. Swart зі співавторами [447]. Серед цих порід найвищий рівень гетерозиготності було виявлено в популяціях з Мозамбіка та Південної Африки (0,692 та 0,634, відповідно), а найменше значення (0,531) – у свиней з Намібії.

В 2011 році K. Nidup та C. Moran було опубліковано першу оглядову статтю [460], в якій узагальнено результати аналізу генетичного різноманіття різних порід та популяцій домашньої свині з використанням мікросателітів ДНК, отримані за попередні 15 років. Цей огляд дає уявлення про використання мікросателітних маркерів для аналізу походження, генетичної структури та різноманітності всередині та між різними породами свиней у всьому Світі.

У теперішній час продовжується вивчення локальних порід свиней різних регіонів Світу та розглядається їх роль у збереженні генетичного різноманіття свиней на прикладі локальних порід Балканського півострова [387], Чехії [391], Уругваю [375] та ін.

Оцінка рівня міжпородної генетичної диференціації та встановлення філогенетичних зв'язків. В роботі G. Laval із співавторами [383] наведено

перші результати аналізу ступеня міжпородної генетичної диференціації серед 11 порід свиней Європи. Ними встановлено дуже високий рівень генетичної диференціації ($F_{st} = 0,27$). Генетичні дистанції між породами, отримані на підставі поліморфізму локусів МС-ДНК, вперше було використано для побудови філогенетичного дерева. Отримані авторами дерева могли пояснити суттєву дивергенцію двох німецьких порід від решти порід свиней Європи.

В роботі S. L. Yang зі співавторами [399] було проаналізовано взаємовідносини між 18 локальними породами свиней Китаю. Середня оцінка міжпородної диференціації становила $F_{st} = 0,077$ із коливаннями від 0,019 до 0,170 для різних локусів МС-ДНК. Унікальність локальних порід свиней підтверджується високим рівнем подібності тварин всередині окремих порід – в цілому, 92,14% особин були вірно віднесені до власної породи на підставі їх мультилокусних генотипів за локусами МС-ДНК.

Подальші дослідження було спрямовано на розширення кількості включених в аналіз порід. Крім того, в роботах Н. J. Megens зі співавторами [319], Y. H. Li зі співавторами [349] наведено результати дослідження взаємовідносин між породами свиней, що походять з Європи та Китаю. При аналізі 52 європейських та 46 китайських популяцій свиней було встановлено, що європейські породи формують один кластер та демонструють незначну структурованість, хоча свині південної Європи та Англії мають тенденцію групуватися разом. Популяції свиней транскордонних порід формують власний кластер. Китайські породи також групуються разом та між ними практично відсутня значна диференціація. При цьому, північно-китайські породи свиней більш подібні до європейських. Крім того, авторами було встановлено, що Китай та Європа представляють два різних центра доместикації свиней.

Паралельно з цим проводилися дослідження взаємовідносин між породами (насамперед, локальними) із різних регіонів або країн, наприклад Франції та Іспанії [397], Великої Британії [295], Польщі [510], Румунії [377],

балканських країн – Австрії, Хорватії, Сербії та Боснії-Герцеговини [387], Бразилії [469], Індії [444] і т. ін.

Аналіз внутрішньопородної диференціації. Відомо декілька досліджень, в яких наведено результати аналізу рівня генетичного поліморфізму за локусами МС-ДНК для свиней однієї породи, що утримувалися на різних фермах. Так, у роботі J. M. Herrero-Medrano зі співавторами [362] було досліджено свиней локальної породи Chato Murciano (регіон Murcia, південно-східна Іспанія) у межах 8 різних ферм. Встановлено, що рівень генетичного різноманіття свиней за 34 аутосомними мікросателітними маркерами значно коливався: від 0,262 (ферма №8) до 0,563 (ферма №6). Також значні відмінності було відмічено і щодо середньої кількості алелів на локус – від 1,18 (ферма №8) до 4,06 (ферма №4). У цілому, 11,4% загальної генетичної мінливості свиней даної породи зумовлювалося належністю тварини до певної ферми (тобто, $F_{st} = 0,114$).

Крім того, було встановлено, що важливу роль у підтриманні генетичного різноманіття відіграє розмір фермського господарства, його власник, а також наявність тварин інших порід на фермі.

Отримані в цьому дослідженні результати показують, що виявлення особливостей менеджменту для окремих ферм на основі племінних записів може допомогти у розробці програми сталого розведення представників рідкісних та локальних порід свиней.

S. Michailidou зі співавторами [288] було проведено дослідження генетичного різноманіття грецьких чорних свиней (Greek black pig) у межах 12 ферм на підставі 11 локусів мікросателітів. Встановлено наявність суттєвої мінливості між окремими фермами стосовно середньої кількості алелів на локус (від 2,09 до 7,27), ефективної кількості алелів (від 1,82 до 4,50), фактичної гетерозиготності (від 0,545 до 0,864) та за рівнем інбридингу (від -0,407 до +0,132). Автори дійшли висновку, що грецькі чорні свині, незважаючи на невеликий розмір популяції, мають високий ступінь генетичної мінливості, що може бути корисним для розробки програм їх

розведення.

Пошук зв'язків поліморфізму локусів мікросателітів ДНК з продуктивними ознаками та оцінка можливості їх використання у маркер-залежній селекції. МС-ДНК зазвичай розглядаються як нейтральні молекулярно-генетичні маркери, проте, в останні роки з'явилося багато повідомлень, в яких наведено емпіричні дані про можливий зв'язок між наявністю чи відсутністю певних алелів або генотипів МС-ДНК і продуктивними якостями сільськогосподарських тварин. Так, відзначено зв'язок поліморфізму МС-ДНК з надоем і якісними показниками молока ВРХ [309, 311, 506], з живою масою і яєчної продуктивністю курей [310, 446], з рівнем розвитку відтворювальних ознак овець [314, 466] та кіз [479].

Для дикого кабана була виявлена алель-специфічна асоціація МС-ДНК з імовірністю розвитку туберкульозної інфекції [294].

Рядом досліджень встановлено наявність кореляції між присутністю або відсутністю певних алелів локусів МС-ДНК і продуктивністю свиней, в тому числі і відтворювальними якостями свиноматок. Так, за даними F. E. Li зі співавторами [312] свиноматки, отримані в результаті схрещування порід великої білої та мейшан, демонстрували алель-специфічну асоціацію щодо МС-ДНК локусу, що фланкує ген *FSHB*. Особини з генотипом 118/118 вірогідно перевищували за показником кількості поросят при відлученні свиноматок із генотипами 98/98 та 98/118, а також мали вірогідно більш високу масу гнізда і масу одного поросяти при відлученні, ніж особини з генотипом 98/98.

Також було виявлено вірогідну кореляцію між генотипом МС-ДНК, присутнього в локусі *IGF1*, і відтворювальними ознаками помісних свиноматок злотницької рябої і великої білої порід [426].

Крім того, було встановлено вірогідну асоціацію між алелями МС-ДНК, присутнього в локусі *IGF1*, та відкладанням жиру, м'ясною продуктивністю та ознаками якості м'яса для італійських свиней порід велика біла та дюрорк [297].

Зазначені закономірності можуть бути породо- або навіть популяційно-специфічними. Так, у свиней великої білої породи було відзначено вірогідний зв'язок між товщиною шпику та присутністю в генотипі алелів 352 і 354 п. н. інтронного мікросателітного локуса гена *LEPR*, хоча у свиней породи ландрас аналогічна кореляція не відзначена. Натомість, у свиней породи ландрас було відмічено асоціацію між присутністю алеля 251 п. н. інтронного мікросателітного локуса гена *A-FABP* і більш низькими оцінками товщини шпику, але більш високими оцінками вмісту внутрішньом'язового жиру [480].

Крім того, в роботі С. W. Kim зі співавторами [519] було показано, що для свиней породи йоркшир 25 локусів МС-ДНК, із 157 використаних в аналізі, були асоційовані із середньодобовим приростом або товщиною шпику, причому 17 з них були пов'язані із обома ознаками одночасно.

Для польських свиней порід велика біла та ландрас було встановлено наявність трьох алелів за мікросателітним локусом, що присутній у гені *CART* – 251, 253 і 259 п. н. В усіх аналізованих популяціях свиней переважав алель 251 п. н., водночас алель 253 п. н. зустрічався із найменшою частотою. За допомогою статистичного аналізу було виявлено значущі алельні адитивні ефекти (для алеля 253 п. н.) щодо вмісту м'яса в туші ($p < 0,05$) у свиней великої білої породи та вмісту м'яса в туші ($p < 0,05$) та товщини товстої кишки ($p < 0,05$) у свиней породи ландрас [511].

Оцінювання основних генетико-демографічних показників для комерційних та локальних порід. Мікросателіти ДНК також використовуються для визначення деяких популяційних показників, що пов'язані із генетико-демографічними процесами, насамперед, ефективної чисельності популяції (N_e). Так, було встановлено, що для найбільш поширеної у Світі породи свиней – великої білої, оцінки ефективної чисельності популяції були відносно невеликі – для популяції з Литви $N_e = 20-38$ голів [502], Чехії – $N_e = 50$ голів [427], Бразилії – $N_e = 40$ голів [378].

Приблизно такого ж рівня були отримані оцінки ефективної

чисельності й для локальних порід свиней – бразильських свиней породи Moura $N_e = 30$ голів [473], свиней Cinta Senese з Італії $N_e = 40$ голів [472]. Хоча для іберійських локальних порід ці оцінки були дещо вищими – $N_e = 46-151$ голів [332]. Водночас, оцінки ефективної чисельності, отримані для природних популяцій дикого кабана (*Sus Scrofa* L., 1758), навпаки, свідчать про їх задовільний стан – для Іспанії / Португалії: $N_e = 180$ голів, а для Австралії: $N_e = 960- 1477$ особин [363].

Оцінка відповідності якості готових м'ясних продуктів породному походженню сировини (traceability). Реальна інформація про джерело походження певного м'ясного продукту є важливим фактором забезпечення харчової безпеки. Основним способом вирішення цього питання наразі є аналіз за допомогою методів молекулярної генетики (найчастіше, на підставі 10-20 локусів МС-ДНК) зразків з живої тварини (певної породи) та зразків, відібраних з готового м'ясного продукту. Єдиним способом визначити походження м'яса та м'ясних продуктів є доведення ідентичності обох генотипів для кожного аналізованого мікросателітного локусу [474].

Так, за існуючим іспанським законодавством свині, які використовуються в якості сировини для приготування національних м'ясних продуктів (наприклад, іберійської шинки), повинні мати специфічну генетичну структуру. Тільки порода дюрок дозволяється для схрещування з свинями іберійської породи, причому у тварин, що використовуються для виготовлення цієї шинки, допускається максимум до 50% генома породи дюрор.

У статті D. García зі співавторами [352] наведено опис набору статистичних процедур, що дозволяють визначити «породний» склад іберійської шинки на підставі мультилокусного аналізу шляхом ампліфікації з використанням 25 мікросателітних маркерів. Запропонована процедура дозволила виявити до 20% зразків шинки з генетичним «породним» складом, несумісним із чинним законодавством або тому, що частка геному породи дюрор була більшою за дозволу, або через значну присутність (> 25%)

геному свиней великої білої породи.

Аналогічні дослідження було проведено для визначення генетичної композиції м'ясної сировини стосовно відповідності її походження від локальної чорної породи свиней Чеджу (Jeju black pig) з використанням 13 локусів МС-ДНК [395].

Отже, в Україні дослідження поліморфізму мікросателітів при вивченні рівня генетичної мінливості та генетичної диференціації порід свійських тварин в обмеженому обсязі були проведені для коней, великої рогатої худоби, собак та деяких інших видів тварин. Водночас, в доступних нам літературних джерелах не було виявлено інформації щодо використання даного виду генетичних маркерів у свинарстві.

Зважаючи, на важливість даної галузі, яка є традиційною для нашої країни, вважаємо, що дослідження спрямовані на встановлення рівня генетичної мінливості та генетичної диференціації порід свиней, зокрема автохтонних, є актуальними.

1.3. Характеристика деяких структурних генів, що використовуються в селекції свиней

Ген естрогенового рецептора (*ESR*). Даний ген у свиней розташований на першій хромосомі (SSC1) і займає позиції 202566481..202627180. мДНК складеться із 1788 нуклеотидів (GenBank NM_214220.1); які кодують білок, що складається із 595 амінокислот [429]. В цілому, даний білок майже на 90% ідентичний у всіх ссавців. Механізм генетичного впливу естрогенового рецептора (*ESR*) полягає в контролі синтезу жіночого статевого гормону – естрогену, який визначає відтворювальні якості.

В 1991 році М. Rothschild та співавтори [488] описали наявність однієї точкової мутації – поліморфізм одиничного нуклеотида (SNP) в третьому інтроні гена естрогенового рецептора свиней (*ESR*), яка проявляється при дії

ендонуклеази рестрикції *PvuII*. Сайтом розпізнання для цієї рестриктази є ділянка CAG↑CTG. При цьому формувалися два алеля довжиною 4,3 тис. п. н. та 3,7 тис. п. н.

Однак, умови ПЛР-ПДРФ, які були запропоновані M. Rothschild зі співавторами базувалися на не дуже вдалому наборі праймерів, внаслідок чого продукти рестрикції було складно інтерпретувати.

Внаслідок чого, в 1997 році T. Short із співавторами [346] розробили новий набір праймерів, що дав можливість покращити візуалізацію результатів ПЛР-ПДРФ-аналізу поліморфізму гена естрогену. В цьому випадку два алеля мали наступну довжину: 120 п. н. (алель *ESR^A*) та 65 + 55 п. н. (алель *ESR^B*).

Встановлено, що тварини з генотипом *ESR^{AA}* мають гіпофункцію, а *ESR^{BB}* – гіперфункцію вироблення естрогену, в гетерозиготному варіанті (*ESR^{AB}*) його секреція має середнє значення.

В 1997 році C. Drogemuller та співавтори [341] відкрили ще дві точкові мутації у цьому гені. Одна з них являє собою T→G-заміну у позиції 1665. Виявляється дана мутація в результаті дії рестриктази *AvaI*. Друга SNP являє собою A→G-заміну у позиції 1756. Вона виявляється за допомогою рестриктази *MspAII*. Обидві вищеназвані мутації локалізовані у 3' регіоні (екзон 8). Для рестриктази *AvaI* відповідний продукт ампліфікації формував два алеля – 109 + 76 п. н. та 76 + 62 + 47 п. н. Для рестриктази *MspAII* два алеля мали довжини: 98 + 73 п. н. та 98 + 55 + 18 п. н.

Таким чином, на даний момент в гені естрогенового рецептора свиней встановлено наявність трьох точкових мутацій. При цьому, найбільш вивченою є SNP *ESR_PvuII*.

Розмаїтість генотипів за геном *ESR* у різних порід свиней в Україні відзначають А. Сасенко та В. Балацький [218].

Поліморфізм за геном естрогенового рецептора виявлено і в досліджених господарствах Російської Федерації та Білорусі у свиней чотирьох порід і синтетичної популяції [101]. Виявлено породні відмінності

за частотою алеля ESR^B . Встановлено, що вивчені породи за цією ознакою поділяються на дві групи. Для свиней порід велика біла і уржумська характерна висока частота 41,0-48,1%, а у свиней порід дюррок та ландрас 4,6% і 7,2%, відповідно.

У породі йоркшир частота генотипу ESR^{AA} становила 0,54, ESR^{AB} – 0,42, ESR^{BB} – 0,04, частота алеля ESR^B – 0,25. У породі дюррок частота генотипу ESR^{AA} становила 0,95, ESR^{AB} – 0,05, частота алеля ESR^B – 0,02.

У великій білій породі виявлено більш рівномірний розподіл алелів: ESR^A (0,44-0,46) і ESR^B (0,56-0,54), частоти генотипів ESR^{AA} , ESR^{AB} і ESR^{BB} у кнурів склали 0,17; 0,54; 0,29, відповідно, і у свиноматок – 0,27; 0,38; 0,35, відповідно.

Ген рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*). Однією з основних причин, що викликають високу смертність поросят у перші тижні життя, є колібактеріоз, лікування і профілактика якого ускладнені внаслідок широкої варіабельності властивостей і множинної стійкості збудника до різних антибактеріальних препаратів. Збудник колібактеріозу – кишкова паличка *E. Coli* [168].

Серогрупи *E. coli* продукують специфічні адгезини – фактори прикріплення до відповідних рецепторів ентероцитів тонкого кишечника. Таким чином, патогенні *E. coli* захищені від механічного видалення разом з вмістом кишечника. Одним із специфічних адгезинів, які мають найбільш важливу роль, є F18 *E. coli* – причина неонатальної діареї. Дане захворювання призводить до загибелі більшої частини хворих особин [220].

Причиною поліморфізму гена *ECR F18/FUT1* є точкова мутація A → G в позиції 307. Свині генотипів $ECR F18/FUT1^{GG}$ і $ECR F18/FUT1^{AG}$ сприйнятливі до колібактеріозу, а особини генотипу $ECR F18/FUT1^{AA}$ – стійкі [516].

У даний час в країнах з розвиненим свинарством з метою профілактики поширення колібактеріозу селекційними програмами передбачено обов'язкове тестування батьківських форм по гену *ECR F18/FUT1*. Селекція

генетично стійких особин є найбільш ефективним і економічно вигідним способом боротьби з даним захворюванням [43].

Згідно з літературними даними, частота алеля *ECR F18/FUT1^A*, пов'язаного зі стійкістю до колібактеріозу, в популяціях європейських порід свиней варіює від 22% (польський ландрас) до 69% (Mangalitsa) [106].

На думку ряду дослідників [43, 168, 169], низький відсоток тварин з генотипом *ECR^{AA}* свідчить про необхідність в проведення інтенсивної селекції свиней на збільшення кількості особин в популяціях з даними генотипом.

Ген ріанодинового рецептора (*RYRI*). В 1991 р. було описано нуклеотидну заміну цитидину на тимідин в екзоні 17 гена *RYRI* рецептора ріанодину, що кодує білок кальцієвого каналу, який експресується в скелетних м'язах [415]. Дана заміна в 1843-й позиції кДНК (1843 C > T) призводить до заміни аргініну на цистеїн в позиції 615 поліпептиду (R615C) в гомозиготному стані викликає у свиней синдром індукованої стресом або галотаном злаякісної гіпертермії (Malignant Hyperthermia Syndrome, MHS), який також називається стрес-синдромом свиней (Porcine Stress Syndrome, PSS) [464, 465].

Оскільки ця мутація також асоційована з високим вмістом більш пісного м'яса в туші, інтенсивна селекція в останні десятиліття помітно підвищила частоту цієї мутації в популяціях свиней [305]. В результаті цього, тварини з високим вмістом м'яса часто характеризуються низькою стійкістю до стресу, наслідком чого є погіршення якості свинини, уповільнення росту поросят, зниження репродуктивних показників та імунного статусу [13].

Галотановий тест, що широко застосовувався в м'ясному свинарстві до останнього часу не дозволяв виявити гетерозиготних носіїв мутації. Після впровадження методу ДНК-діагностики ідентифікація таких тварин стала можливою і набула широкого поширення в селекційних програмах свинарства щодо зменшення генетичного вантажу стрес-синдрому свиней [283].

Ген ріанодинового рецептора є одним із найкраще досліджених структурних генів у популяціях свиней в Україні. За даними багатьох вітчизняних науковців [13, 78, 219], поліморфізму за цим геном у генофонді свиней України, що мають різне походження, в тому числі завезених з-за кордону, практично не спостерігається.

Ген β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону ($FSH\beta$). До маркерів, що впливають на функцію відтворення належить і ген β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону ($FSH\beta$), який виробляється передньою долею гіпофіза і регулює діяльність статевих залоз.

Ген $FSH\beta$ (Gen Bank, D 00621.1) у свиней розташований в 1-му інтроні 2-ої хромосоми в зоні p16 - p12. У свиней послідовність гена $FSH\beta$ складається з 10 172 пар основ, що включає 3 екзона [365].

У самок $FSH\beta$ стимулює розвиток фолікулів до моменту овуляції і інтерстиціальної тканини яєчників, що призводить до посиленої секреції жіночих статевих гормонів – естрогенів. В результаті впливу даного гормону на яєчники починається швидкий ріст і дозрівання фолікулів, які секретують естрогени.

У самців фолікулостимулюючий гормон зумовлює розвиток сім'яних каналців, стимулює сперматогенез та секрецію чоловічих статевих гормонів – андрогенів [301].

В результаті досліджень, проведених О. А. Епишко [83], було виявлено високу частоту генотипу $FSH\beta^{BB}$ в популяції кнурів-плідників та свиноматок білоруської м'ясної породи, яка становила 50-100% та 78-93%, відповідно. Також було встановлено мономорфність за алелем $FSH\beta^B$ популяції тварин породи дюрок (РСУП «СГЦ «Заднепровский»).

Ген пропердину (BF). У свиней даний ген розташований на p плечі сьомої хромосоми (SSC7) біля центроміри ($7\ 1/2p11-p12$) [430]. Інша його назва – комплемент фактор В. Він кодує синтез білка з аналогічною назвою (пропердин) – одноланцюговий глікопротеїн з молекулярною масою 93 кДа – в ендотеліальних, епітеліальних та мезенхімальних клітинах та у клітинах печінки. Основною фізіологічною функцією даного гена є зміцнення імунної

системи та контроль росту епітелію матки. Встановлено, що даний маркер значно перекривається з QTL регіоном, відповідальним за відтворювальні якості свиней, особливо, за розмір гнізда, швидкість овуляції та вік статевого дозрівання [410]. Повний нуклеотидний склад даного гена приведений у GeneBank під номером AL773527. Він складається з 18 екзонів і 17 інтронів, має довжину 6096 п. н. і розташований між 27771678 і 27777773 п. н.

Для гена *BF* встановлено наявність точкової мутації (SNP), яка розташована в інтроні 1 і характеризується С/Т нуклеотидною заміною в 79 позиції (*BF_in1_C79T*). Вперше цей поліморфізм виявили Z. Jiang та P. Gibson [420], використовуючи метод ПЛР-ПДРФ. Ампліфікована ділянка ДНК підлягала розщепленню ендонуклеазою рестрикції *SmaI*. Сайтом рестрикції для неї є нуклеотидна послідовність CCC↑GGG. У випадку розташування на 79 місці нуклеотида С, рестриктаза розщеплювала фрагмент на дві частини довжиною 237 і 153 п. н., а у випадку заміни його на Т – в гелі формувалася єдина смуга, довжиною 390 п. н. Таким чином, у тварин із генотипом *BF^{CC}* присутня лише одна смуга (390 п. н.), у тварин із генотипом *BF^{TT}* – дві смуги (237 та 153 п. н.), а у тварин з гетерозиготним генотипом (*BF^{CT}*) – три смуги (390, 237 та 153 п. н.).

Крім цього, у 2010 році при прямому секвенуванні ділянки гена *BF* довжиною 733 п. н. свиней породи Guizhou white, що містила екзони 15-17, Y. Chen та Y. Liu [329] виявили А/С нуклеотидну заміну в позиції 45 16-го екзона (*BF_ex16_A45C*). Ця заміна обумовлює заміну Glu→Asp у амінокислотному складі молекули пропердину. В подальшому цей поліморфізм було встановлено як у інших локальних порід Китаю (Kele та Qianbei black), так і серед тварин йоркширської породи [499, 523].

У 2005 році В. Buske із співавторами [302] привели результати досліджень, які показують наявність зв'язку між поліморфізмом точкової мутації *BF_in1_C79T* та багатоплідністю свиней. При цьому, алель *BF^T* розглядається ними як сприятливий і той, що пов'язаний з підвищенням кількості народжених поросят, тоді як алель *BF^C*, навпаки, зумовлював

зниження багатоплідності.

Однак, X. Wang із співавторами [300] встановили, що у свиней пекінської чорної породи (Beijing Black) відмічалася тенденція до підвищення багатоплідності (за результатами першого опоросу) у свиноматок з генотипом BF^{CC} по SNP BF_in1_C79T . Водночас, у більш дорослих свиноматок найвищі показники багатоплідності відзначалися у гетерозиготних особин (з генотипом BF^{CT}).

Про можливість використання гена BF у якості гена-маркера відтворювальних якостей свиноматок показано також у роботі A. Marantidis зі співавторами [313]. Хоча вони також відмічають, що найвищий показник загальної кількості поросят при народженні та багатоплідності був у свиноматок із генотипом BF^{CT} .

Дослідження поліморфізму BF_in1_C79T були проведені також серед популяцій диких кабанів (*Sus scrofa* L., 1758) із різних популяцій Російської Федерації [194]. Встановлено, що частота алелів цього локуса значно варіює в різних популяціях кабанів.

Ген інсуліноподібного фактора росту ($IGF2$). Ген інсуліноподібного фактору росту ($IGF2$), або соматомедін А, свиней розташований на другій хромосомі (SSC2) на плечі р (2p1.7). Даний ген кодує регуляторний пептид, який відіграє важливу роль для нормального ембріонального росту, є стимулятором росту на рівні клітин і впливає на великоплідність та збереженість поросят. $IGF2$ бере участь в широкому спектрі процесів метаболізму, мітогенезу і диференціювання в ембріональних тканинах і плаценті. Аутокринна секреція $IGF2$ відіграє головну роль у диференціюванні клітин скелетної мускулатури. Встановлено, що цей ген характеризується патернальною дією, тобто у потомства виявляється дія алеля, успадкованого від батька.

В 2000 році А. Knoll зі співавторами [289] відкрили нуклеотидну заміну у інтроні 2 гена $IGF2$ свиней. Вона являла собою G→A заміну і її можна визначити на підставі ПЛР-ПДРФ аналізу з використанням

ендонуклеази рестрикції *NciI*. При відсутності сайту рестрикції (алель А) ампліфікована ділянка залишалась цілою (її довжина біля 900 п. н.), а у випадку наявності сайту рестрикції (алель G), ампліфікована ділянка розділяється на два відрізки – 800 п. н. та 100 п. н.

В 2003 році van Laere зі співавторами [292] шляхом піросеквенування виявили ще один SNP в інтроні 3 гена *IGF2* свиней. Цей поліморфізм також являє собою G→A заміну і розташований у позиції 3072 (*IGF2_in3_G3072A*). На підставі цієї публікації в подальшому було прийнято позначати алелі цього SNP як Q та q.

Більшість дослідників щодо визначення поліморфізму гена *IGF2* свиней використовують саме SNP *IGF2_in3_G3072A*, локалізований у інтроні 3.

У цілому, слід відмітити, що даний ген на теренах України вивчено значно гірше, ніж ген естрогенового рецептора. В доступній нам літературі виявлено лише уривчасті дані щодо рівня поліморфізму за геном *IGF2* у свиней різних порід.

В Україні при аналізі поліморфізму гена *IGF2* (в інтроні 2) серед свиней великої білої породи, які належать ВАТ «Племзавод «Степной» Запорізької області, частота генотипів AA, АВ та ВВ складала 0,065; 0,520 та 0,415 відповідно [15]. Отже, дослідниками не було виявлено достовірного відхилення фактичного розподілу генотипів від очікуваного, хоча й відмічалась тенденція до збільшення частки гетерозигот.

На території Російської Федерації було виконано дослідження поліморфізму гена *IGF2* у свиней порід едельшвайн, ландрас канадської і двох груп п'єстрен французької та австрійської селекції. Частоти алелів *IGF2^Q* і *IGF2^q* залежно від породи склали: п'єстрен французької селекції – 0,983 і 0,017; п'єстрен англійської селекції – 0,956 і 0,044; едельшвайн – 0,950 і 0,050; ландрас – 0,640 і 0,360, відповідно.

Е. Сизаревой [228] виявлено високий генетичний потенціал м'ясності у кнурів породи боді, пов'язаний з генотипом за геном *IGF2*. 100,0% кнурів-плідників Нурог і 87,5% кнурів власного відтворення мали генотип *IGF2^{QQ}*,

що практично співпадає з аналогічними показниками у кнурів породи дюрок: 100,0 і 94,7%, відповідно.

Отже, вивчення поліморфізму гена та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*) є достатньо розповсюдженою практикою при здійсненні генетичного моніторингу та розробці програм маркер-залежної селекції у популяціях свиней різних країн Світу.

Отже, на сьогодні у науковій літературі накопичено значну кількість даних щодо результатів використання поліморфізму генів естрогенового рецептора, β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону та пропердину у якості маркерів відтворювальних якостей свиноматок. Проте, наявність протирічної інформації [340, 354, 425, 461] щодо впливу різних алельних варіантів даних генів на рівень розвитку тих чи інших ознак, а також породоспецифічного впливу генотипів за даними генами зумовлює необхідність проведення подальшого аналізу та встановлення асоціацій генотипів за даними генами з відтворювальними якостями свиней.

1.4. Обґрунтування вибору напрямку власних досліджень

В Україні створено потужну племінну базу, яка є досягненням держави і багаторічної праці вчених-селекціонерів, а також фахівців господарств. В даний час у різних регіонах України розводять більше десяти порід свиней вітчизняного і зарубіжного походження, а також спеціалізованих синтетичних ліній [216].

Однак, сучасні системи розведення тварин під впливом чинників економічного характеру і у зв'язку з недостатньою реалізацією програм інтенсифікації галузі, призводять до загрожуючої уніфікації, втрати генетичного різноманіття і багатьох, в першу чергу, локальних порід [37, 84]. Зокрема, у свинарстві ситуація є досить складною з огляду на використання у процесі виробництва продукції обмеженої кількості високопродуктивних спеціалізованих порід – здебільшого великої білої та ландрас [204, 205, 383].

Селекцію сільськогосподарських тварин на сучасному етапі неможливо уявити без використання методів генетичної експертизи та моніторингу. Генетична експертиза в племінному свинарстві необхідна більшою мірою, ніж в інших основних галузях тваринництва, оскільки імовірність помилкових записів про походження є вищою внаслідок технологічних особливостей відтворення і вирощування цього виду тварин [30, 174].

Слід відзначити, що в даний час проблеми контролю та управління породами сільськогосподарських тварин набули міжнародної значимості адже, за даними ФАО, на сьогодні світ втратив у загальному підсумку 690 порід. У свинарстві, зокрема, понад 270 порід в даний час знаходяться під загрозою зникнення [460].

У нашій країні донедавна оцінку генетичного різноманіття порід свиней, структури їх генофонду здійснювали, переважно, на основі поліморфізму груп крові [51, 57, 67, 96, 187] та технології ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) [158]. Водночас, більш ефективний метод – використання поліморфізму мікросателітів ДНК, застосовувався вкрай обмежено [107, 179, 181].

Одним з найважливіших результатів генетичного моніторингу є розробка методів маркер-залежної селекції у племінних стадах. Вона ґрунтується на виявленні генів, прямо або побічно пов'язаних з господарсько-корисними ознаками тварин. Важливість впровадження маркер-залежної селекції у практику племінного свинарства відзначають у своїх працях ряд провідних вітчизняних вчених [12, 30, 69, 216, 245]. Проте, донині в Україні дослідження щодо впливу різних алельних варіантів структурних генів на рівень розвитку тих чи інших продуктивних ознак виконані в обмеженому обсязі

Отже, необхідність оцінки ступеня генетичного різноманіття, між- та внутрішньопородної диференціації, генетико-автоматичних процесів, що відбуваються в популяціях вітчизняних порід свиней, виявлення асоціацій між поліморфізмом локусів мікросателітів ДНК та структурних генів з продуктивними ознаками тварин зумовлює актуальність даних досліджень.

РОЗДІЛ 2

ЗАГАЛЬНА МЕТОДИКА Й ОСНОВНІ МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

2.1. Матеріали та лабораторні методи дослідження

Дослідження проводилися в період 2007-2017 рр. за схемою, що наведена на рис. 2.1.

Дослідженнями було охоплено 10 порід свиней, що розводяться в Україні, зокрема й автохтонні породи: велика біла ($n = 206$), дюррок ($n = 91$), ландрас ($n = 90$), українська м'ясна ($n = 128$), червона білопояса ($n = 46$), миргородська ($n = 26$), українська степова біла ($n = 67$), полтавська м'ясна ($n = 13$), п'єтрен ($n = 7$), українська степова ряба ($n = 25$). Також для дослідження використовувалися напівкровні помісні тварини: велика біла \times ландрас ($n = 49$) та українська м'ясна \times ландрас ($n = 25$).

Досліджуване поголів'я належало восьми суб'єктам племінної справи що розташовані на території шести областей України: ПАТ «Племзавод «Степной» (Запорізька обл.), ПЗ ТОВ «Таврійські свині», ПЗ «Асканія-Нова» (Херсонська обл.), СГПП «Техмет-Юг» (Миколаївська обл.), ПЗ «Біловодське» (Луганська обл.), ДП ДГ ім. Декабристів (Полтавська обл.), ФГ «Лео і партнери», ТОВ «Агрікор Холдинг» (Чернігівська обл.).

Для встановлення внутрішньопородних генетичних особливостей свиней породи дюррок було використано дані генетичного поліморфізму 12 локусів мікросателітів тварин семи родин ($n = 72$), розведення яких здійснюється у племінному заводі ПрАТ «Племзавод «Степной» Запорізької області. По кожній із них чисельність тварин становила: Булдера – 16 гол., Коломбуса – 7 гол., Моргула – 11 гол., Ронала – 14 гол., Тарзанка – 12 гол., Хампа – 8 гол., Мика – 4 гол.

Всі лабораторні дослідження було виконано в умовах лабораторії молекулярної генетики тварин Центру біотехнології та молекулярної

діагностики тварин Всеросійського науково-дослідного інституту тваринництва ім. Л. К. Ернста (Російська Федерація) впродовж 2010-2012 рр.

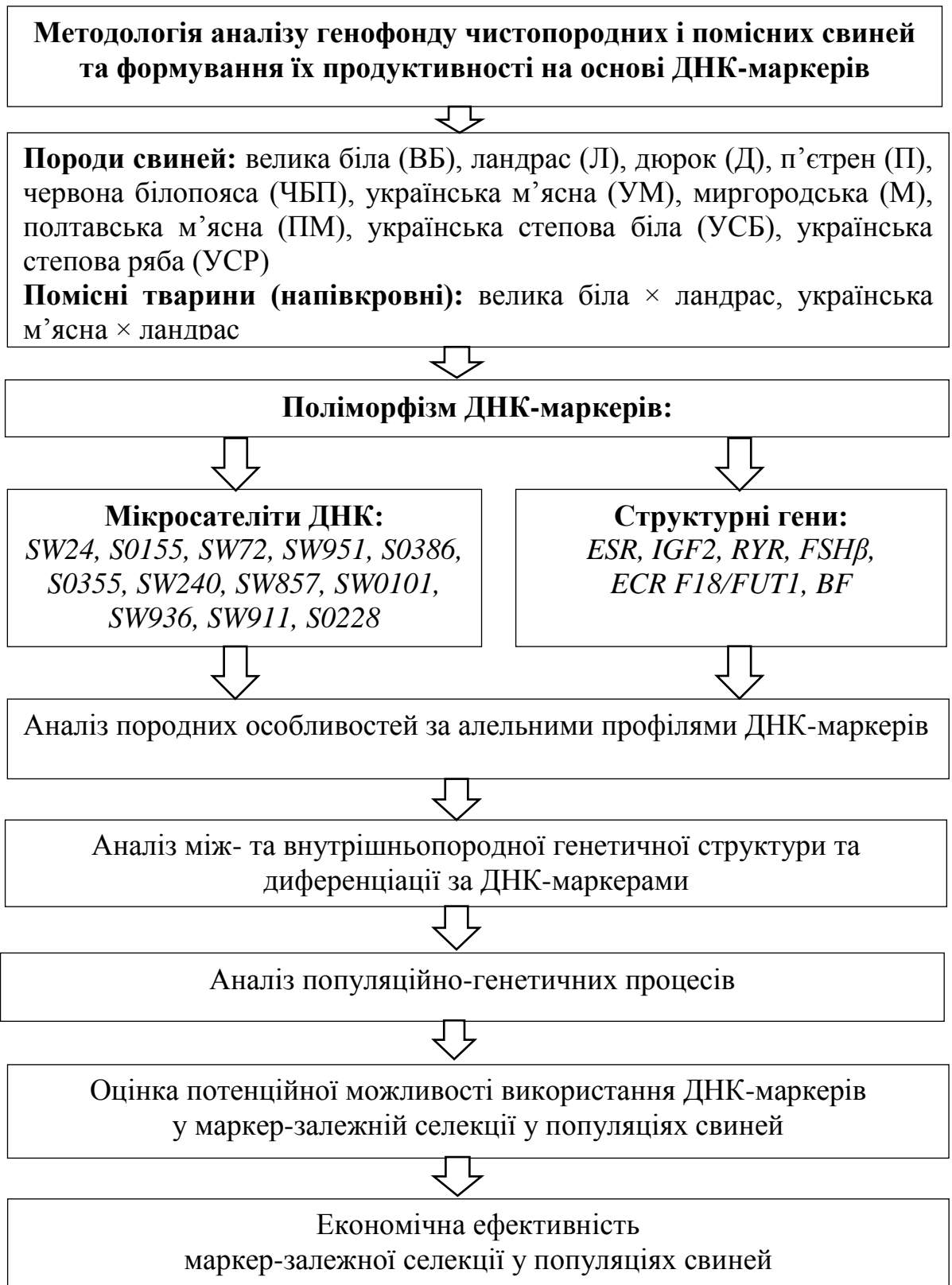


Рис. 2.1. Загальна схема досліджень

Матеріалом для виділення ДНК були зразки тканини (вушні вищипи) свиней. В якості консерванту використовували 96%-ний етанол.

Виділення ДНК здійснювали шляхом лізису в буфері Кавасакі (E. S. Kawasaki [423]) та перхлоратним методом з модифікаціями, розробленими у Центрі біотехнології та молекулярної діагностики Всеросійського науково-дослідного інституту тваринництва ім. Л. К. Ернста (Н. А. Зиновьева та ін. [160]).

Для досліджень нами було використано дві групи генетичних маркерів – мікросателіти ДНК та структурні гени. Загалом було вивчено поліморфізм 12 локусів мікросателітів, що рекомендовані Міжнародною Спілкою Генетики Тварин (ISAG) у якості інструмента для вивчення біорізноманіття свиней. Перелік даних мікросателітів та їх характеристику наведено в табл. 2.1.

Таблиця 2.1

Загальна характеристика мікросателітних локусів використаних в аналізі

Локус	Послідовність нуклеотидів праймерів	Автор
1	2	3
SW24	F: FAM CTT TGG GTG GAG TGT GTG C R: ATC CAA ATG CTG CAA GCG	G. A. Rohrer et al. [287]
SO155	F: FAM TGT TCT CTG TTT CTC CTC TGT TTG R: GTT AAA GTG GAA AGA GTC AAT GGC TAT	H. Ellegren et al. [291]
SW72	F: R6G ATC AGA ACA GTG CGC CGT R: GTT TGA AAA TGG GGT GTT TCC	G. A. Rohrer et al. [287]
SW 951	F: R6G TTT CAC AAC TCT GGC ACC AG R: GAT CGT GCC CAA ATG GAC	G. A. Rohrer et al. [287]
SO386	F: R6G GAA CTC CTG GGT CTT ATT TTC TA R: GTC AAA AAT CTT TTT ATC TCC AAC AGT AT	J. Riquet et al. [285]
SO355	F: R6G TCT GGC TCC TAC ACT CCT TCT TGA TG R: GTT TGG GTG GGT GCT GAA AAA TAG GA	A. Robic et al. [418]
SW240	F: FAM AGA AAT TAG TGC CTC AAA TTG G R: AAA CCA TTA AGT CCC TAG CAA A	G. A. Rohrer et al. [287]

1	2	3
SW857	F: FAM TGA GAG GTC AGT TAC AGA AGA CC R: GAT CCT CCT CCA AAT CCC AT	G. A. Rohrer et al. [287]
SO101	F: FAM GAA TGC AAA GAG TTC AGT GTA GG R: GTC TCC CTC ACA CTT ACC GCA G	H. Ellegren et al. [291]
SW936	F: R6G TCT GGA GCT AGC ATA AGT GCC R: GTG CAA GTA CAC ATG CAG GG	G. A. Rohrer et al. [287]
SW911	F: R6G CTC AGT TCT TTG GGA CTG AAC C R: CAT CTG TGG AAA AAA AAA GCC	G. A. Rohrer et al. [287]
SO228	F: R6G GGC ATA GGC TGG CAG CAA CA R: GTT CCG CCC TCA CAG ACC CAA AT	A. Robic et al. [418]

ПЛР проводили на ампліфікаторі Eppendorf за програмою: 96°C – 10 хв; 27 циклів: 96°C – 30 с; 60°C – 30 с; 72°C – 90 с; 72°C – 30 хв.

Мультиплексний аналіз 12 локусів мікросателітів проводили на генетичному аналізаторі ABI Prism 3130×1 («Applied Biosystems», США). Обробку даних капілярного електрофорезу проводили шляхом встановлення довжин фрагментів у числовому виразі на підставі порівняння їх рухливості зі стандартом молекулярної маси ДНК. Для ідентифікації алелів мікросателітних локусів використовували програму GeneMapper ID v. 3.2.

Також було досліджено поліморфізм шести структурних генів: естрогенового рецептора (*ESR*), рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*), ріанодинового рецептора (*RYR*), β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону (*FSH β*), пропердину (*BF*), інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*) (табл. 2.2).

Аналіз поліморфізму гена *ESR* здійснювали методом ПЛР з наступним гідролізом утворених фрагментів ендонуклеазою рестрикції *Pvu II* (ПЛР-ПДРФ) та їх розділенням методом електрофорезу.

Загальна характеристика структурних генів використаних в аналізі

Локус	Послідовність нуклеотидів праймерів	Автор
<i>ESR</i>	F: AAG GGC AAG ATG GAA CGT GAG R: TGT GTC TTG ATA TGT GGG ACA GTG TG	M. F. Rothschild et al. [488]
<i>ECR F18/FUT1</i>	F: AAG CAT CCT GCC TCC CTT TCC R: AGG AGC GTG CCT GTC TAC CTC	P. Vogeli et al. [368]
<i>RYS</i>	F: 5' - TCCAGTTTGCCACAGGTCCTACCA-3' R: 5' - ATTCACCGGAGTGGAGTCTCTGAG-3'.	J. Fujii et al. [415]
<i>FSHβ</i>	F: 5' -ACTGGTCTATTCATCCTCTC-3' R: 5' -CCTTTAAGACAGTCAATGGC-3'	G. A. Rohrer et al. [490], Y. Zhao et al. [366]; M. D. Li & J. J. Ford [428].
<i>BF</i>	F: 5'-ACT GCT ATG ACG GTT ACA CTC TCC G-3'; R: 5'-TCC AAG AGC CAC CTT CCT GG-3'	Z. H. Jiang & J. P. Gibson [420]
<i>IGF2</i>	F: GGGCCGCGGCTTCGCCTAG-30) R: CGCACGCTTCTCCTGCCACTG-30).	C. Nezer et al. [296]

Процедура ПЛР полягала у наступному: 1 цикл 94°C протягом 5 хв, 35 циклів при 94°C протягом 45 с; 55°C протягом 1 хв; 72°C протягом 45 с, і 1 цикл при температурі 72°C протягом 5 хв.

Ампліфікована ділянка ДНК у подальшому підлягала розщепленню ендонуклеазою рестрикції *Pvu II*.

Генотипи *ESR* були визначені як *ESR^{AA}* (120 п. н.), *ESR^{BB}* (65 і 55 п. н.) і *ESR^{AB}* (120, 65 і 55 п. н.).

Ампліфікацію досліджуваних фрагментів ДНК гена *ECR F18/FUT1* приводили стандартним методом ПЛР. Після початкової денатурації при температурі 95°C протягом 5 хвилин виконували 35 циклів ампліфікації в наступному температурному режимі: 95°C – 1 хв, 66°C – 1 хв, 72°C – 1 хв.

Поліморфізм гена *ECR F18/FUT1* виявляли за допомогою ферментного гідролізу з використанням рестриктази *BSTHI I* (прототип *Hha I*) з послідовністю впізнавання GCG ↓ C. Відсутність рестрикційного сайту

відповідає алелі *ECR^A*, в той час як його наявність – алелі *ECR^G*.

Ампліфікацію фрагмента *RYR1* проводили в наступному режимі: «гарячий старт» – 94°C – 5 хв; денатурація – 94°C – 1 хв, відпал – 58°C – 1 хв, елонгація – 72°C – 1 хв; добування матрично-праймерних комплексів проходила при 72°C – 8 хв. Продукти ПЛР розщеплювали рестриктазою *Hin61*.

Ця рестриктаза впізнає послідовність нуклеотидів GCG ↓ C і розщеплює ампліфікат алелі *RYR*-гена довжиною 134 п. н. на два фрагменти довжиною 50 і 84 п. н. Мутація, що замінює C на T, порушує сайт рестрикції, тому фрагмент довжиною 134 п. н. залишається не розщепленим ендонуклеазою *Hin61*.

Аналіз поліморфізму гена *FSHβ* здійснювали методом ПЛР з наступним гідролізом утворених фрагментів ендонуклеазою рестрикції *BsuRI* (ПЛР-ПДРФ) та їх розділенням методом електрофорезу.

Процедура ПЛР полягала у наступному: «гарячий старт» – 4 хв при 94°C; 33 цикли: денатурація – 1 хв при 94°C, відпал – 1 хв при 55°C, елонгація – 1 хв при 72°C; добування матрично-праймерних комплексів проходила при 72°C – 7 хв.

Для гена *BF* встановлено наявність точкової мутації (*SNP*), яка розташована в інтроні 1 і характеризується C/T нуклеотидною заміною в 79 позиції (*BF_in1_C79T*).

Аналіз поліморфізму генетичного маркера *BF* (*BF_in1_C79T*) здійснювали методом ПЛР з наступним гідролізом утворених фрагментів.

Ампліфікована ділянка ДНК у подальшому підлягала розщепленню ендонуклеазою рестрикції *Sma I*. Сайтом рестрикції для неї є нуклеотидна послідовність CCC↑GGG. У випадку розташування на 79 місці нуклеотида C, рестриктаза *SmaI* розщеплювала фрагмент на дві частини довжиною 237 і 153 п. н., а у випадку заміни його на T – в гелі формувалася єдина смуга, довжиною 390 п. н.

IGF2 поліморфізм в позиції G3072A був визначений методом піросеквенування (A.-S. Van Laere et al. [292]).

Електрофоретичне розділення при аналізі всіх вищезазначених структурних генів проводили при напрузі 120-130 В у 2,5-3,0% агарозному гелі в буфері TAE з додаванням бромистого димідію до кінцевої концентрації 30 нг/мл. Візуалізацію продуктів ПЛР-ПДРФ здійснювали в ультрафіолетовому світлі з використанням транслюмінатора UVT1 Biometra. Документацію результатів проводили за допомогою цифрової відеокамери з використанням програмного забезпечення BioTestD (Біоком, Росія).

2.2. Математико-статистичні методи аналізу генетичного поліморфізму

Для всіх тварин, яких було включено до аналізу, розраховано частоти генотипів та алелів (як за структурними генами, так і за кожним локусом мікросателітів). Для оцінки рівня генетичної мінливості тварин різних порід у цілому для всіх мікросателітних локусів було застосовано наступні показники: середню кількість алелів на локус (N_a); середню кількість алелів із частотою не менше 0,05 на локус ($N_a (95\%)$); середню ефективну кількість алелів (A_e) на локус; середню фактичну (H_o) та очікувану (H_e) гетерозиготність на локус; середню частоту локусів із унікальними алелями (PrA) (Л. Животовский [86]; Б. Вейр [39]). Також, було визначено частоту унікальних алелів (private alleles) (тобто, алелів, що були виявлені тільки серед тварин певної породи).

Теоретичну кількість алелів для різних мікросателітних локусів було розраховано за моделлю SMM (M. Kimura, M. Ohta [424]) та IAM (W. J. Ewens [359]) з використанням програми MICROSATELLITE ANALYSER (D. Dieringer, C. Schlötterer [338]).

Оцінку стану генетичної рівноваги за кожним локусом було виконано методом MCMC (S. W. Guo, E. A. Thompson [405]).

Розрахунки здійснено за допомогою комп'ютерних програм GenAlEx (R. Peakall, P. E. Smouse [471]) та GENEPOP (M. Raymond, F. Rousset [489]).

Оскільки як для різних локусів мікросателітів, так і для різних порід свиней було проаналізовано неоднакову кількість особин, оцінку кількості алелів (та унікальних алелів) було проведено за rarefaction-методом (для вибірки, що складається зі 100 випадково обраних особин) із застосуванням програми HP-Rare (S. T. Kalinowski [422]).

Ступінь відмінностей між тваринами різних порід за частотами алелів мікросателітних локусів було розраховано з використанням критерію Хі-квадрат К. Пірсона із визначенням рівня значущості за методом Монте-Карло. Всі розрахунки було проведено з використанням програми PAST (O. Hammer et al. [406]).

Індекси фіксації (або F-статистики С. Райта), що дозволяють визначити ступінь генетичної диференціації, було розраховано на підставі методу, запропонованого у роботі (B. S. Weir, C. C. Cockerham [522]) як для кожного локусу мікросателітів окремо, так і для всіх локусів у цілому з використанням програми FSTAT (J. Goudet [404]).

Аналіз молекулярної мінливості (AMOVA) на основі емпіричного розподілу генотипів 12 локусів мікросателітів із визначенням рівня значущості оцінки Φ_{st} на підставі permutation-методу (використано 999 перестановок) було проведено з використанням програми GenAlEx (R. Peakall, P. E. Smouse [471]).

Для аналізу «тонкої» генетичної структури тварин різних порід та внутрішньопородних структур нами було використано метод, що реалізовано в програмі STRUCTURE (Pritchard et al. [487]). Він базується на байєсівському алгоритмі розрахунку на основі розподілу частот мультилокусних генотипів за мікросателітами для кожної тварини – оцінки «пропорції суміші» (admixture proportions, Q), що фактично є вірогідністю віднесення її до однієї з K «батьківських» груп. Під час аналізу нами було використано значення K , що коливалися в межах від 1 до 18.

Додаток Structure Harvester (D. A. Earl, B. M. von Holdt [342]) використовували для визначення оптимальної кількості кластерів (ΔK) для вибірки, оціненої за методом G. Evanno зі співавторами [358].

Для аналізу наслідків популяційно-генетичних процесів у популяціях свиней було використано чотири різних методики. По-перше, для кожного локусу мікросателітів нами було розраховано M -ratio (тобто, відношення загальної кількості зареєстрованих алелів до ліміту довжин алелів (J. C. Garza, E. G. Williamson [367])).

По-друге, проведено порівняння між оцінками фактичної гетерозиготності (H_o) та рівноважної (H_{eq}), що мала б місце, якби популяція знаходилася у стані рівноваги між мутаційним процесом та дрейфом генів. Рівноважна гетерозиготність – це очікувана гетерозиготність у цьому локусі для відповідної кількості алелів і за умови сталості чисельності популяції (G. Luikart et al. [455]). Оцінку останньої проводили за методами SMM, IAM та TPM, що відповідають особливостям генетичної мінливості мікросателітів ДНК і реалізовані у програмі BOTTLENECK v. 1.2.02 (J. M. Cornuet [334]; S. Piry et al. [475]). Гіпотезу відсутності прояву ефекту «пляшкового горлечка» було перевірено з використанням непараметричного критерію знаків (O. V. Шебаніна та ін. [277]).

По-третє, для перевірки гіпотези про наявність нерівноваги по зчепленню (LD) в досліджених популяціях свиней були розраховані показники для кожної пари алелів кожного з 12 використаних в аналізі локусів. Достовірність оцінки невинноватості об'єднання гамет (WHD) була проведена з використанням критерію Хі-квадрат Пірсона. Всі розрахунки були проведені за допомогою програми POPGENE v.1.31 (F. C. Yeh et al. [524]).

Оцінки ефективної чисельності популяції (N_e) було розраховано за мультилокусними генотипами 12 мікросателітних локусів з використанням програми NeEstimator (D. Peel et al. [458]).

Для оцінки ступеня генетичної подібності було використано два підходи: Assignment-тест за результатами аналізу мікросателітних мультилокусних генотипів (D. Paetkau et al. [373, 442]) з використанням програми GenAlEx (R. Peakall, P. E. Smouse [471]) та розрахована матриця попарних генетичних відстаней (M. Nei [459]). В подальшому за останнім алгоритмом було побудовано дендрограму подібності (метод UPGMA), а також графік розподілу центроїдів груп у просторі перших двох головних координат (*PCoA*).

Оцінку відтворювальних ознак свиноматок здійснювали за такими показниками: загальна кількість поросят при народженні (гол.), багатоплідність (гол.), кількість поросят при відлученні (гол.). Оцінка здійснювалася за загальноприйнятими методиками (В. П. Рибалко та ін. [250]).

Весь статистичний аналіз стосовно залежності між відтворювальною продуктивністю свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК базувався на перевірці статистичної гіпотези про відсутність зв'язку між показниками відтворювальних ознак свиноматок та наявністю/відсутністю в їх індивідуальному генотипі певних алелів досліджених локусів мікросателітів ДНК. Всі розрахунки були проведені з використанням пакета прикладних програм STATISTICA v. 7.0 (А. А. Халафян [269]).

Економічну ефективність результатів досліджень визначали згідно «Методики визначення економічної ефективності використання у сільському господарстві науково-дослідних і дослідно-конструкторських робіт, нової техніки, винаходів і раціоналізаторських пропозицій» [159].

РОЗДІЛ 3

РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

3.1. Оцінка алельних профілів мікросателітів ДНК у досліджених порід свиней

Узагальнені дані щодо кількості виявлених алелів та діапазон довжин (п.н.) локусів мікросателітів у досліджених порід свиней наведено в таблиці 3.1.

Локус *SW24*. У дослідженого поголів'я встановлено 19 алельних варіантів даного локусу. У всіх досліджених порід свиней було виявлено алелі *SW24*¹⁰⁷ та *SW24*¹⁰⁹ (рис. 3.1).

Проте, частота даних алелів дуже варіює у тварин різних порід. Так, алель *SW24*¹⁰⁷ у великій білій породі мав частоту 0,420, а у тварин породи ландрас – лише 0,014. Загалом, можна відмітити відносно низьку частоту даного алеля у транскордонних порід м'ясного напрямку продуктивності: ландрас, п'єстрен, дюрорк – 0,014, 0,071, 0,193 відповідно.

Ступінь мінливості частоти алеля *SW24*¹⁰⁹ дещо менш виражений – від 0,269 у тварин української степової білої породи до 0,011 – у тварин породи дюрорк.

Найвищий поліморфізм локуса *SW24* було виявлено в української м'ясної (14 алелів), української степової білої (12 алелів), великої білої та породи ландрас (по 10 алелів). Найменш поліморфним даний локус є у свиней полтавської м'ясної (4 алеля), п'єстрен (5 алелів), миргородської та української степової рябої порід (по 6 алелів).

По даному локусу виявлено також унікальні алелі – притаманні лише одній із досліджених порід. Так, лише у тварин породи ландрас виявлено алель *SW24*⁹¹, у свиней української м'ясної породи – алелі *SW24*¹⁰⁵ та *SW24*¹³¹.

Встановлено також такі алелі, що зустрічалися лише у представників двох порід із усіх досліджених. Зокрема, спільним лише для тварин великої білої та української м'ясної порід є алель *SW24*¹²⁵; для свиней великої білої та української степової білої порід – алель *SW24*¹²¹.

Таблиця 3.1

Кількість алелів та діапазон довжин (п. н.) локусів мікросателітів у досліджених порід свиней

Порода	Локус мікросателітів											
	<i>SW24</i>	<i>S0155</i>	<i>SW72</i>	<i>SW951</i>	<i>S0386</i>	<i>S0355</i>	<i>SW240</i>	<i>SW857</i>	<i>S0101</i>	<i>SW936</i>	<i>SW911</i>	<i>S0228</i>
Д	<u>9</u> 93-117	<u>6</u> 148-162	<u>7</u> 103-131	<u>8</u> 98-132	<u>5</u> 166-186	<u>5</u> 243-259	<u>11</u> 91-123	<u>6</u> 145-157	<u>3</u> 207-213	<u>5</u> 97-113	<u>6</u> 157-171	<u>9</u> 254-276
ВБ	<u>10</u> 95-125	<u>11</u> 148-168	<u>15</u> 95-133	<u>10</u> 98-130	<u>12</u> 166-188	<u>16</u> 239-275	<u>16</u> 85-115	<u>11</u> 139-165	<u>14</u> 185-219	<u>19</u> 79-115	<u>10</u> 157-181	<u>14</u> 240-276
ЧБП	<u>8</u> 93-117	<u>8</u> 148-166	<u>6</u> 103-119	<u>4</u> 120-128	<u>7</u> 166-184	<u>7</u> 247-273	<u>6</u> 91-117	<u>8</u> 139-157	<u>4</u> 207-213	<u>6</u> 95-113	<u>8</u> 157-181	<u>8</u> 256-282
Л	<u>10</u> 91-117	<u>5</u> 148-162	<u>13</u> 91-127	<u>7</u> 110-130	<u>10</u> 160-184	<u>10</u> 243-273	<u>12</u> 87-113	<u>10</u> 135-161	<u>6</u> 195-215	<u>12</u> 83-117	<u>5</u> 159-171	<u>8</u> 240-276
М	<u>6</u> 97-111	<u>5</u> 148-162	<u>4</u> 103-115	<u>4</u> 120-128	<u>6</u> 166-178	<u>2</u> 245-249	<u>7</u> 91-113	<u>8</u> 139-157	<u>5</u> 195-213	-	-	-
П	<u>5</u> 97-109	<u>5</u> 148-162	<u>3</u> 103-113	<u>2</u> 120-122	<u>2</u> 174-176	<u>3</u> 245-259	<u>4</u> 93-109	<u>5</u> 139-155	<u>4</u> 195-211	-	-	-
ПМ	<u>4</u> 99-111	<u>4</u> 148-164	<u>4</u> 103-117	<u>2</u> 120-122	<u>4</u> 166-176	<u>4</u> 245-271	<u>7</u> 93-109	<u>6</u> 139-155	<u>3</u> 209-213	-	-	-
УМ	<u>14</u> 93-131	<u>7</u> 148-166	<u>9</u> 99-119	<u>5</u> 118-128	<u>6</u> 166-184	<u>9</u> 245-273	<u>11</u> 91-113	<u>7</u> 139-157	<u>7</u> 193-215	<u>10</u> 89-117	<u>10</u> 159-181	<u>6</u> 256-276
УСБ	<u>12</u> 93-123	<u>7</u> 148-166	<u>7</u> 101-125	<u>9</u> 98-136	<u>7</u> 166-184	<u>9</u> 245-273	<u>8</u> 91-113	<u>8</u> 139-159	<u>4</u> 195-213	<u>7</u> 95-113	<u>4</u> 159-173	<u>6</u> 256-276
УСР	<u>6</u> 95-117	<u>4</u> 148-162	<u>6</u> 103-119	<u>3</u> 120-126	<u>4</u> 174-184	<u>5</u> 245-271	<u>9</u> 91-111	<u>5</u> 139-153	<u>5</u> 195-213	<u>4</u> 99-113	<u>6</u> 157-181	<u>3</u> 258-262

Примітка. У чисельнику – загальна кількість виявлених алелів, у знаменнику – діапазон довжин мікросателітних локусів, п.н.

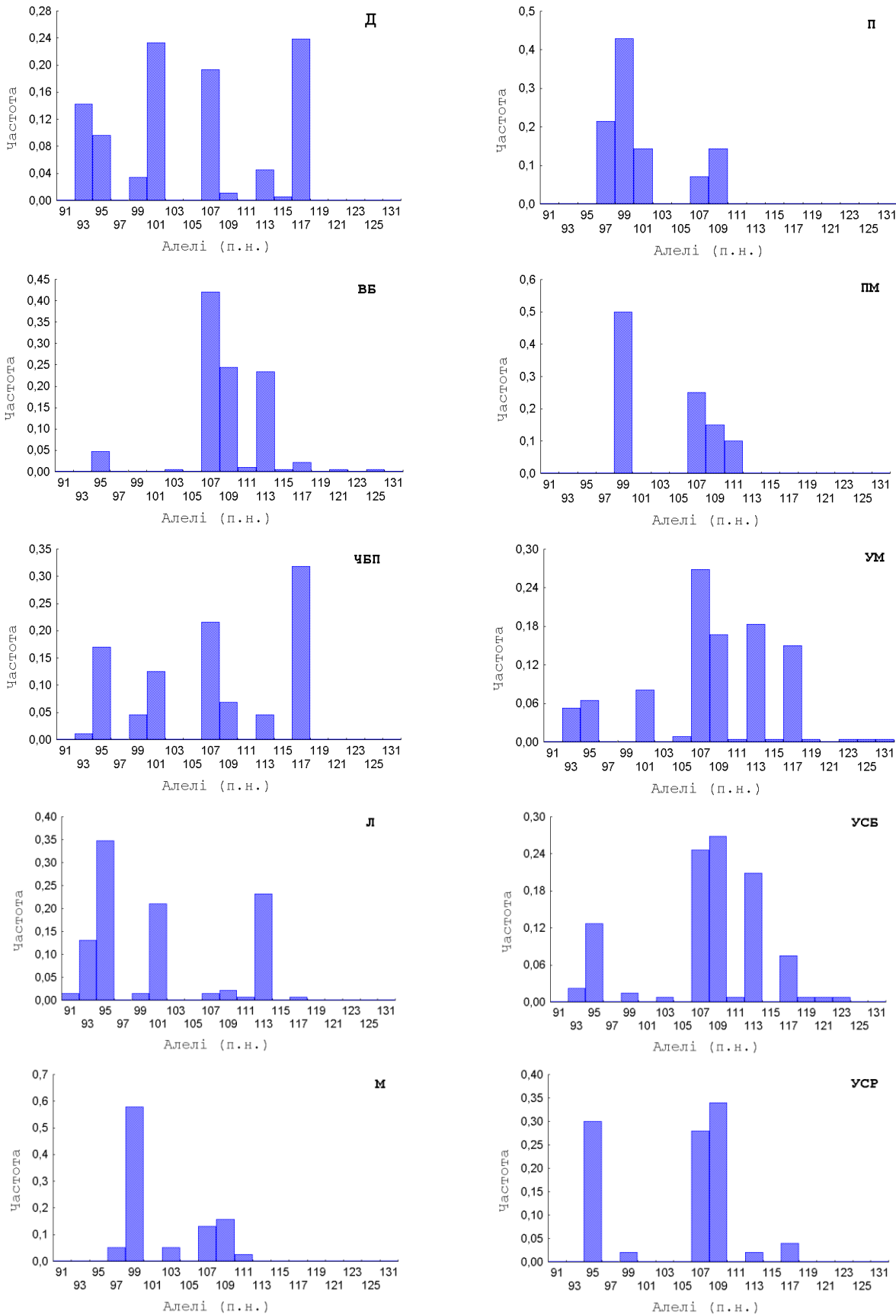


Рис. 3.1. Алельні профілі локусу *SW24* у свиней різних порід

Водночас, для тварин української м'ясної та української степової білої порід спільними є два алеля – *SW24*¹¹⁹ та *SW24*¹²³.

Встановлені особливості генетичних профілів досліджених порід за локусом *SW24* є підтвердженням спільності походження порід свиней рябої масті – миргородська, п'єтрен, українська степова ряба.

Крім того, можна припустити, що дані особливості свідчать про інтродукцію генетичного матеріалу породи п'єтрен до генофонду миргородської та української степової рябої порід. Також, певний інтерес становить виявлена різка контрастність порід велика біла та ландрас за частотою алеля *SW24*¹⁰⁷ і алеля *SW24*⁹⁵, яка у свиней породи ландрас є максимальною серед досліджених порід – 0,348, а у великої білої породи – мінімальною (0,048) серед тих порід, у яких даний алель був виявлений.

За алельним профілем даного локусу не виявлено вірогідних відмінностей (критерій χ^2) лише між миргородською, п'єтрен і полтавською м'ясною породами (табл. 3.2).

Таблиця 3.2

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *SW24*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	Х	***	***	***	***	***	***	***	***	***
ВБ		Х	***	***	***	***	***	***	**	***
ЧБП			Х	***	***	***	***	***	***	***
Л				Х	***	***	***	***	***	***
М					Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	***
П						Х	<i>ns</i>	***	***	***
ПМ							Х	***	***	***
УМ								Х	***	***
УСБ									Х	***
УСР										Х

Локус *S0155*. Поліморфізм даного локусу є нижчим, порівняно з поліморфізмом локусу *SW24* (рис. 3.2).

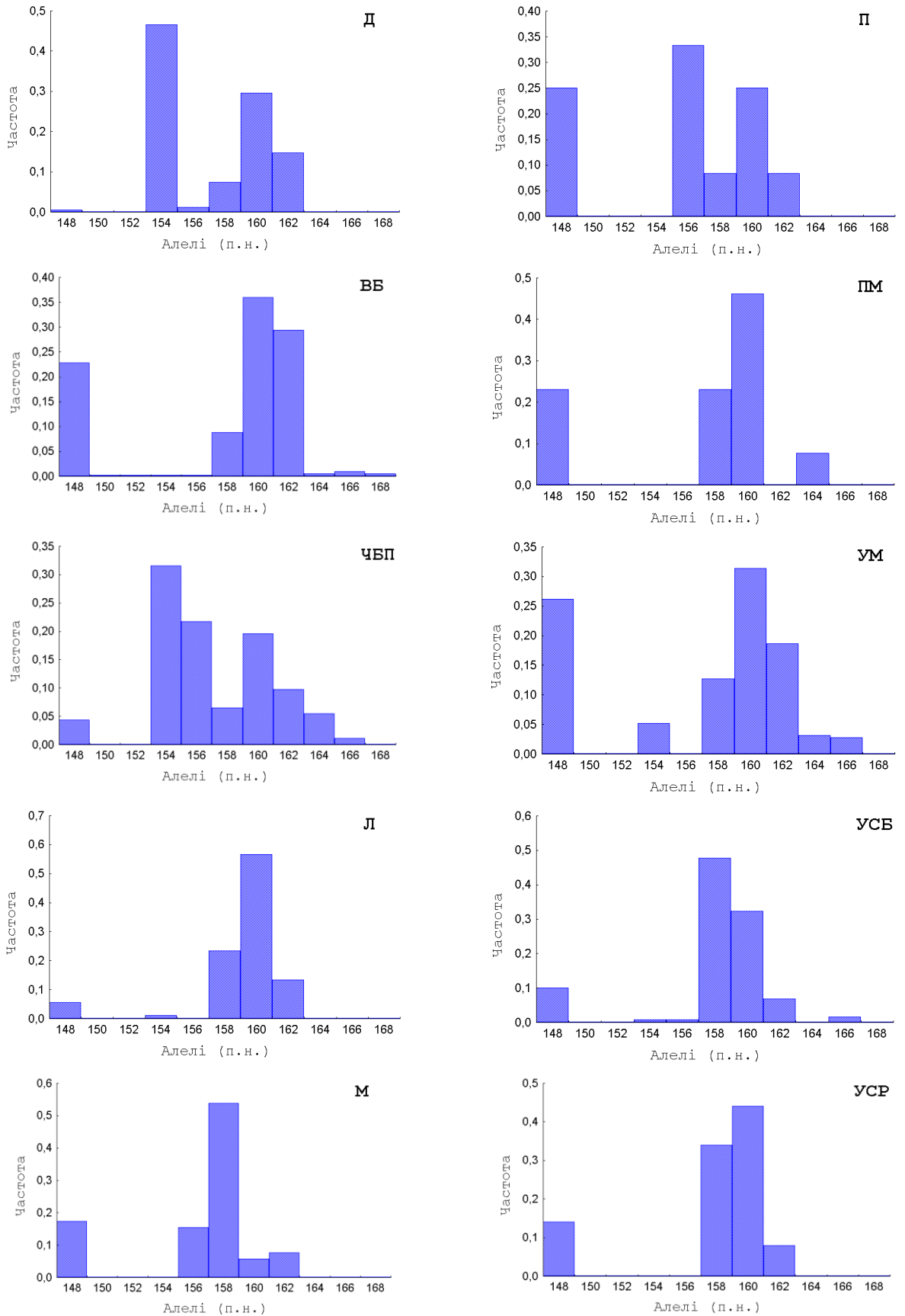


Рис. 3.2. Алельні профілі локусу S0155 у свиней різних порід

Загалом у всіх досліджених тварин виявлено 11 алельних варіантів, причому всі вони були зафіксовані лише у тварин великої білої породи.

Найнижчим поліморфізмом даного локусу, як і локусу *SW24*, також характеризувалися породи рябої масті та транскордонні породи м'ясного напрямку продуктивності.

Середній рівень поліморфізму даного локусу відмічено в українській м'ясної, української степової білої та червоної білопоясої порід – 7, 7 та 8 алелів відповідно. Дана тенденція, очевидно, є відображенням історії створення даних порід – методом складного відтворювального схрещування із залученням значної кількості вихідних порід, що, в кінцевому підсумку, і зумовило збагачення генофонду різними алелями.

Найбільш поширеними алелями даного локусу були *S0155¹⁴⁸*, *S0155¹⁵⁸* та *S0155¹⁶⁰* – вони присутні у генотипі всіх 10 досліджених порід свиней. Натомість, у свиней великої білої породи виявлено три унікальних алеля даного локусу – *S0155¹⁵⁰*, *S0155¹⁵²* та *S0155¹⁶⁸*.

За алельним профілем даного локусу не виявлено вірогідних відмінностей (критерій χ^2) між полтавською м'ясною породою та породами п'єстрен, велика біла, українська м'ясна, українська степова біла та українська степова ряба (табл. 3.3).

Крім того, даний локус не мав вірогідних відмінностей за своїм алельним профілем і в порід п'єстрен, червона білопояса, миргородська, українська степова ряба. Очевидно, це пов'язано зі спільною характеристикою названих порід – наявністю пігменту в шкірі.

Також не виявлено статистично вірогідних відмінностей щодо розподілу частот алелів даного локусу в тварин української степової білої та української степової рябої порід. Очевидно, це пов'язано зі спільністю їх походження, а також тривалим розведенням даних порід в умовах одного племінного господарства, що не виключає взаємний обмін спадковим матеріалом між даними популяціями.

Локус *SW72*. Високополіморфним також є і локус *SW72*. Загалом, у всіх досліджених тварин було виявлено 19 його алелів (рис. 3.3).

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *S0155*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	X	***	***	***	***	***	***	***	***	***
ВБ		X	***	***	***	***	<i>ns</i>	***	***	***
ЧБП			X	***	***	<i>ns</i>	***	***	***	***
Л				X	***	***	***	***	***	<i>ns</i>
М					X	<i>ns</i>	***	***	***	***
П						X	<i>ns</i>	***	***	<i>ns</i>
ПМ							X	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
УМ								X	***	***
УСБ									X	<i>ns</i>
УСР										X

Але для тварин усіх порід притаманними були лише три алеля – *SW72¹⁰³*, *SW72¹¹¹* та *SW72¹¹³*. Найбільший поліморфізм даного локусу був відмічений у тварин порід велика біла та ландрас – 15 та 13 алелів відповідно.

Водночас, у тварин великої білої породи було виявлено три унікальні алеля даного локусу – *SW72¹⁰⁹*, *SW72¹²¹* та *SW72¹³³*; у тварин породи ландрас – два (*SW72⁹¹* і *SW72¹²⁷*), а у свиней порід дюрок та полтавська м'ясна – по одному (*SW72¹³¹* та *SW72¹¹⁷* відповідно).

Слід відзначити низький рівень поліморфізму даного локусу (як і локусів *SW24* та *S0155*) у тварин порід п'єтрен, миргородська та полтавська м'ясна.

Деякі алелі даного локусу зустрічалися лише у двох порід (*SW72⁹⁵* та *SW72⁹⁷*), а деякі (*SW72⁹⁹* та *SW72¹⁰⁷*) – лише у трьох порід. Причому, цими породами були велика біла та ландрас, а також велика біла, ландрас та українська м'ясна. Слід відзначити, що і частота спільних алелів у вищезгаданих порід була приблизно однаковою.

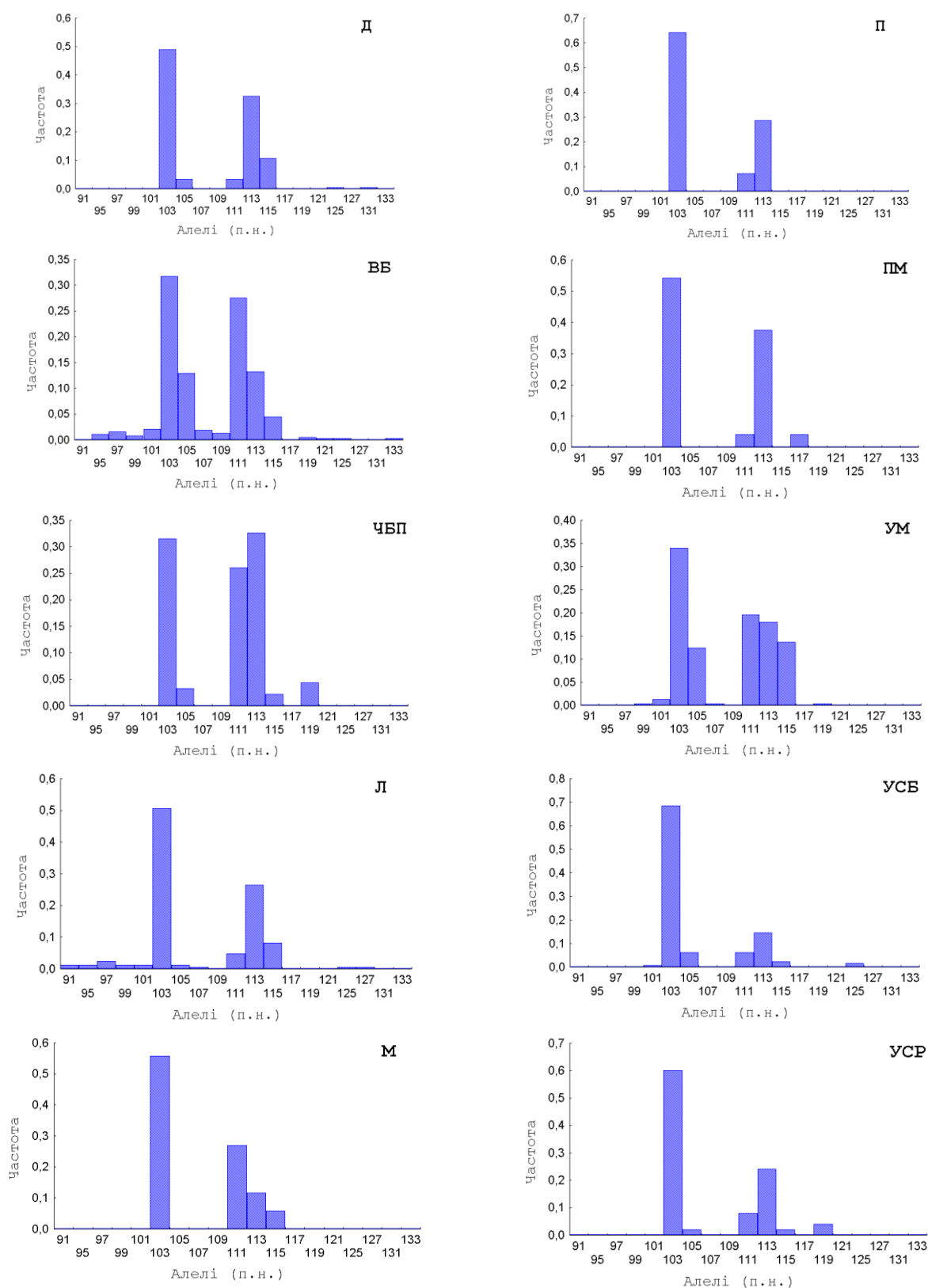


Рис. 3.3. Алельні профілі локусу *SW72* у свиней різних порід

Отже, даний локус, на відміну від локусу *SW24*, у свиней порід ландрас та велика біла є дуже подібним як за алельним складом, так і за частотою окремих алелів. Наявність у свиней української м'ясної породи алелів, які є

характерними також для порід велика біла та ландрас є закономірною, оскільки дані породи значною мірою були використані у породотворчому процесі української м'ясної породи.

За алельним профілем даного локусу найбільш своєрідними виявилися велика біла та українська м'ясна породи – статистично вірогідні відмінності ($p < 0,001$) відмічено між ними та шістьма з дев'яти інших порід, що досліджувалися (табл. 3.4).

Водночас, не виявлено вірогідних відмінностей між породами п'єтрен та полтавська м'ясна із жодною з інших досліджуваних порід.

Таблиця 3.4

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *SW72*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	X	***	***	ns	***	ns	ns	***	***	ns
ВБ		X	***	***	ns	ns	ns	***	***	***
ЧБП			X	***	ns	ns	ns	***	***	ns
Л				X	ns	ns	ns	***	***	ns
М					X	ns	ns	ns	ns	ns
П						X	ns	ns	ns	ns
ПМ							X	ns	ns	ns
УМ								X	**	***
УСБ									X	ns
УСР										X

Локус *SW951*. За результатами наших досліджень, даний локус має 14 алельних варіантів. Однак, 9 із них зустрічаються у трьох і менше порід (рис. 3.4).

Найбільш поліморфним даний локус був у свиней великої білої (10 алелів) та української степової білої порід (9 алелів).

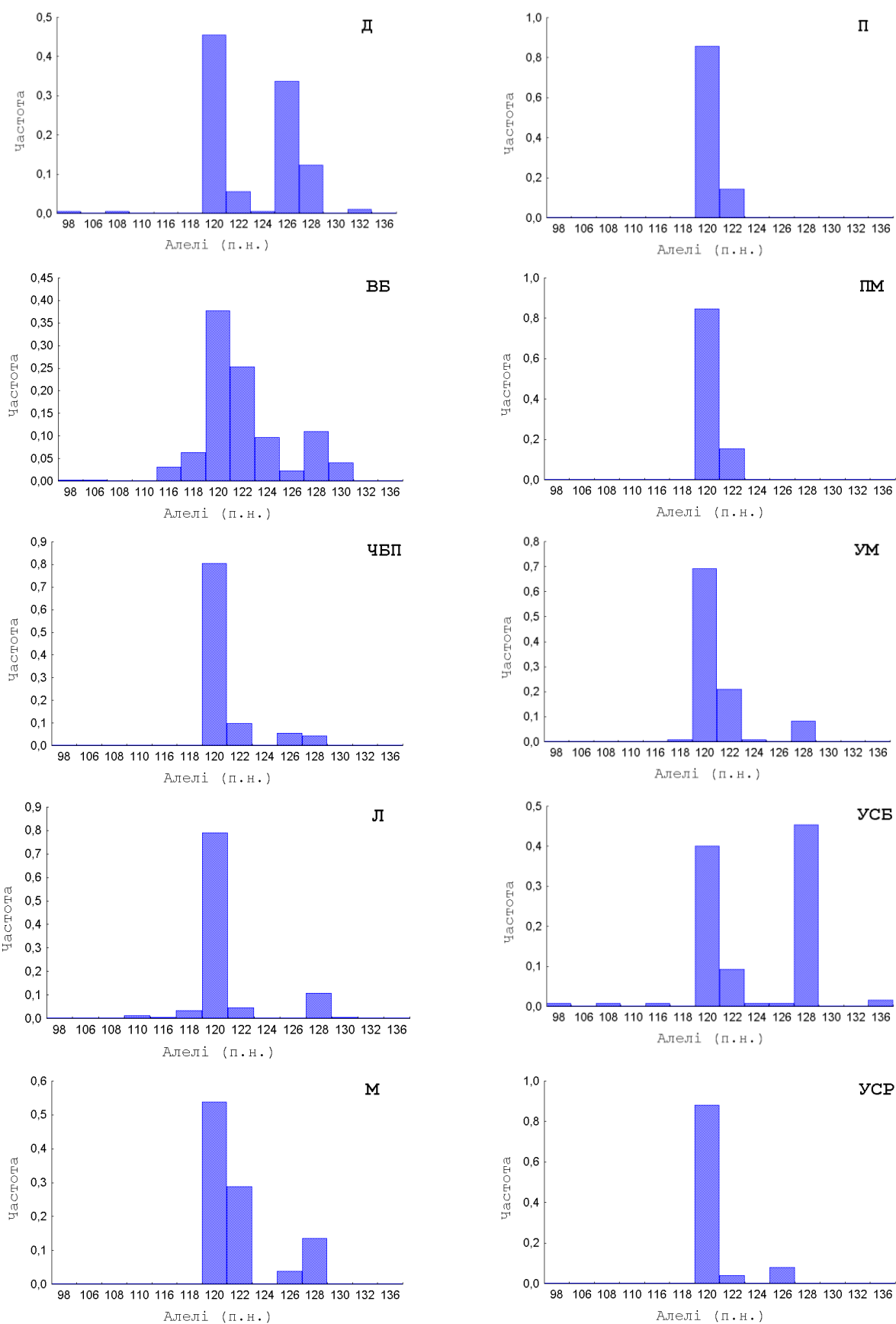


Рис. 3.4. Алельні профілі локусу *SW951* у свиней різних порід

Водночас, у тварин порід п'єтрена та полтавська м'ясна виявлено лише по два алеля даного локусу, а у тварин української степової рибі,

миргородської та червоної білопоясої – три та по чотири алеля відповідно. Отже, як і за всіма попередньо дослідженими локусами, у свиней рябої масті (миргородська, українська степова ряба, п'єтрен) відмічається відносно низька генетична мінливість локусу *SW951*.

У всіх без винятку досліджених порід у генотипі присутні алелі *SW951*¹²⁰ та *SW951*¹²². Разом з тим, встановлено унікальні алелі даного локусу для порід дюрок, велика біла, ландрас та українська степова біла – *SW951*¹³², *SW951*¹⁰⁶, *SW951*¹¹⁰ та *SW951*¹³⁶ відповідно.

За алельним профілем даного локусу найбільш своєрідними виявилися породи дюрок та українська степова біла – вірогідні відмінності ($p < 0,001$) відмічено між ними та вісім'ю (крім породи п'єтрен) з дев'яти інших порід, що досліджувалися (табл. 3.5).

Таблиця 3.5

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *SW951*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	Х	***	***	***	***	<i>ns</i>	***	***	***	***
ВБ		Х	***	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	***
ЧБП			Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	**	***	<i>ns</i>
Л				Х	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	<i>ns</i>
М					Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***
П						Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
ПМ							Х	<i>ns</i>	***	<i>ns</i>
УМ								Х	***	***
УСБ									Х	***
УСР										Х

Водночас, не виявлено вірогідних відмінностей між породою п'єтрен із жодною з інших досліджуваних порід.

Локус S0386. У свиней різних порід загалом виявлено 14 алелів даного локусу (рис. 3.5). Найбільш поліморфним він виявився у свиней порід велика біла та ландрас – 12 та 10 алелів відповідно.

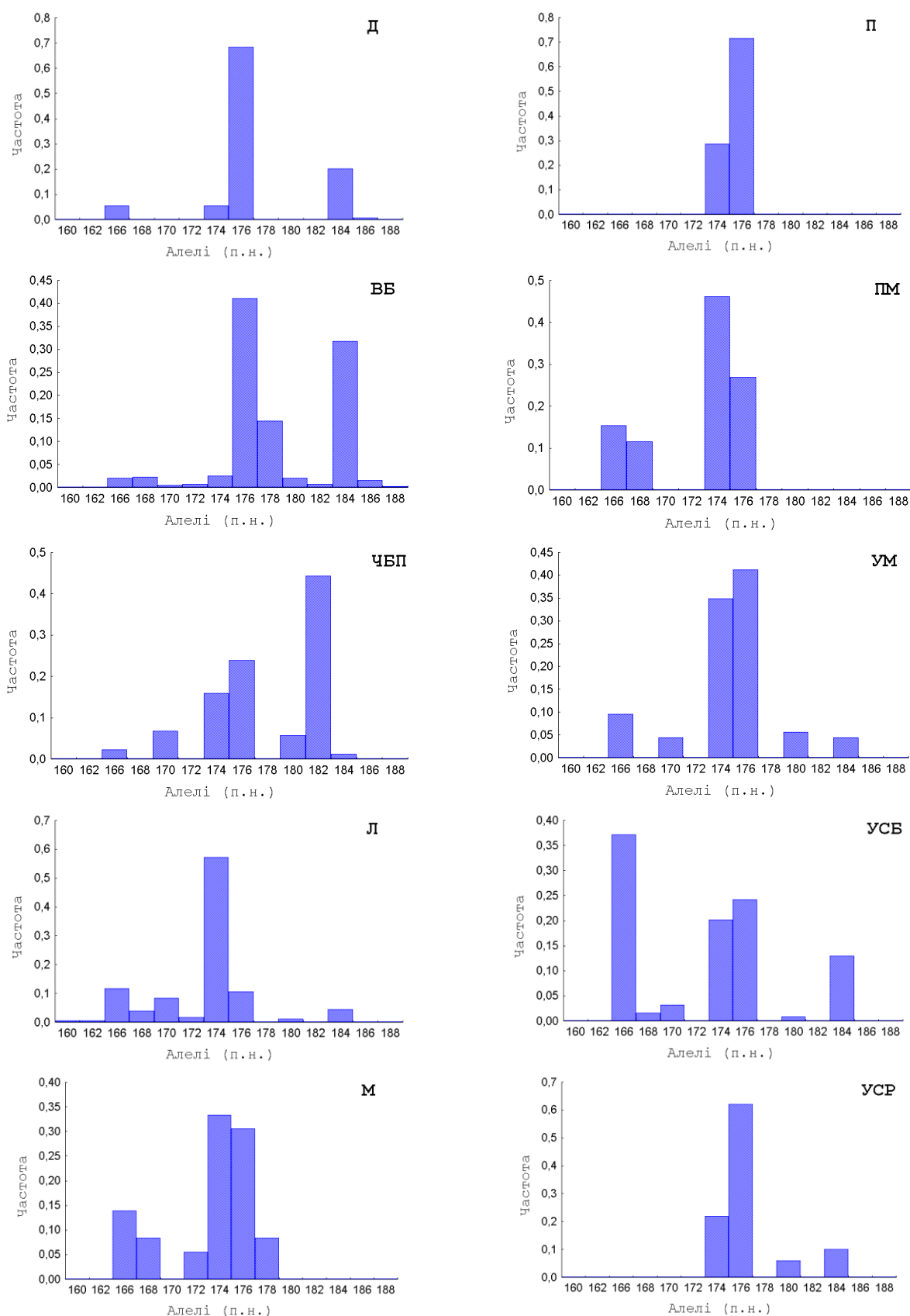


Рис. 3.5. Алельні профілі локусу S0386 у свиней різних порід

Серед тварин цих порід виявлено і носіїв унікальних алелів. Так, серед свиней породи ландрас зафіксовано алелі $S0386^{160}$ та $S0386^{162}$, а серед тварин великої білої породи – носіїв унікального алеля $S0386^{188}$.

Найнижчий поліморфізм відмічено серед тварин миргородської породи – у них виявлено всього два алеля – $S0386^{174}$ та $S0386^{176}$. Слід відзначити, що дані алелі виявлено у всіх досліджених порід свиней, проте частота їх варіює залежно від породи у достатньо широких межах. Так, частота алеля $S0386^{174}$ коливається від 0,025 у тварин великої білої породи, до 0,572 у свиней породи ландрас. Частота алеля $S0386^{176}$ має ліміти 0,106 (порода ландрас) та 0,714 (порода п'єтрен).

Три алеля даного локуса зустрічалися лише у свиней двох порід. Зокрема, алель $S0386^{178}$ було виявлено лише у тварин великої білої та миргородської порід, алель $S0386^{182}$ – лише у тварин великої білої та червоної білопоясої порід, алель $S0386^{186}$ – лише у тварин порід дюрок та великої білої. Причому, алель $S0386^{182}$ у тварин червоної білопоясої породи мав досить значну частоту – 0,443, в той час як у свиней великої білої породи – лише 0,008. Таким чином, можна констатувати, що алель $S0386^{182}$ доцільно використовувати у якості генетичного маркера належності до червоної білопоясої породи.

За алельним профілем даного локусу не виявлено вірогідних відмінностей між породою п'єтрен та іншими досліджуваними породами за винятком породи ландрас (табл. 3.6). Водночас, породи дюрок, велика біла, червона білопояса, ландрас мали характерні алельні профілі, відмінні від інших порід, що досліджувалися.

Локус $S0355$. Загалом у дослідженого масиву свиней даний локус мав 18 алелів (рис. 3.6). Причому, не було виявлено алеля, який би зустрічався у всіх порід. Зокрема, у 9 із 10 досліджених порід було встановлено присутність у генофонді алеля $S0355^{245}$. Не виявлено його було лише у тварин червоної білопоясої породи. Частота даного алеля в різних порід коливалася в межах від 0,071 (п'єтрен) до 0,576 (дюрок).

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *S0386*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	X	***	***	***	***	<i>ns</i>	***	***	***	**
ВБ		X	***	***	***	<i>ns</i>	***	***	***	***
ЧБП			X	***	***	<i>ns</i>	***	***	***	***
Л				X	***	***	<i>ns</i>	***	***	***
М					X	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	***
П						X	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
ПМ							X	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***
УМ								X	***	<i>ns</i>
УСБ									X	***
УСР										X

У восьми із 10 досліджених порід було виявлено алелі *S0355*²⁴⁹ та *S0355*²⁵⁹.

Найбільш поліморфним локус *S0355* був у тварин порід велика біла та ландрас – 16 та 10 алелів відповідно. Причому, у тварин великої білої породи виявлено 5 унікальних алелів даного локусу – *S0355*²³⁹, *S0355*²⁴¹, *S0355*²⁵⁵, *S0355*²⁶⁹ та *S0355*²⁷⁵. Один унікальний алель – *S0355*²⁶⁵ виявлено у тварин породи ландрас.

Водночас, тварини миргородської, п'єтрен та полтавської м'ясної породи мали у своєму генотипі лише 2, 3 та 4 алеля відповідно.

За алельним профілем даного локусу статистично вірогідних відмінностей не відмічено лише між породами п'єтрен та велика біла і полтавська м'ясна, а також українською степовою білою та українською степовою рябою і українською м'ясною (табл. 3.7). Також відмінностей не виявлено між полтавською м'ясною породою і породами ландрас, миргородська, п'єтрен та українська м'ясна.

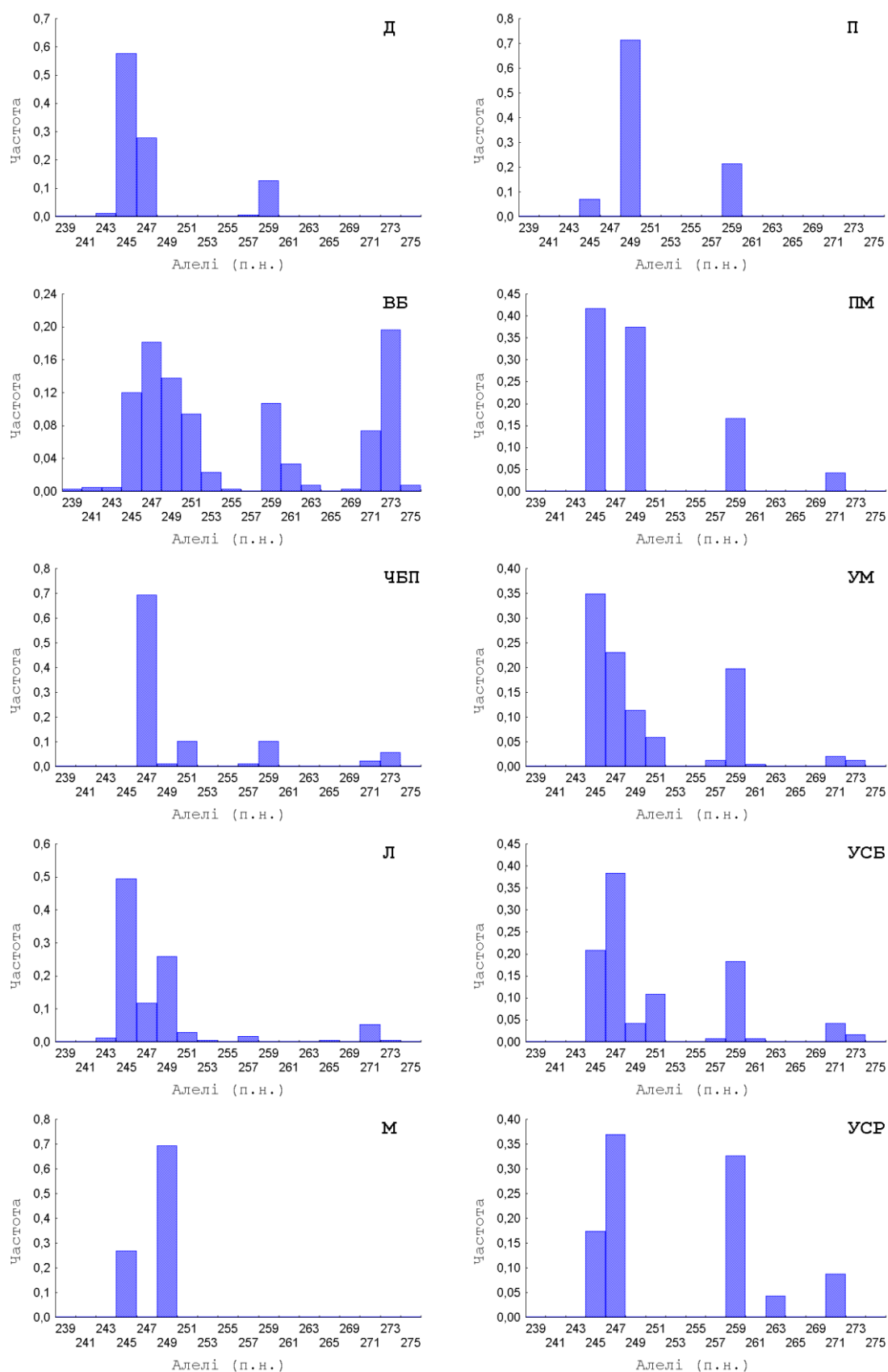


Рис. 3.6. Алельні профілі локусу *S0355* у свиней різних порід

Різниця між частотами алелів у інших порід, що досліджувалися, була високовірогідною ($p < 0,001$).

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *S0355*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	Х	***	***	***	***	***	***	***	***	***
ВБ		Х	***	***	***	<i>ns</i>	**	***	***	***
ЧБП			Х	***	***	***	***	***	***	***
Л				Х	***	***	<i>ns</i>	***	***	***
М					Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	***
П						Х	<i>ns</i>	**	***	***
ПМ							Х	<i>ns</i>	***	***
УМ								Х	<i>ns</i>	***
УСБ									Х	<i>ns</i>
УСР										Х

Локус *SW240*. Наявністю 18 алельних варіантів у досліджуваного масиву тварин характеризувався і даний локус. Причому, лише один алель виявився спільним для всіх досліджених порід свиней – *SW240⁹⁵* (рис. 3.7). Тварин порід українська степова біла та червона білопояса виявилися єдиними, в яких не було виявлено алелів *SW240⁹³* та *SW240¹⁰⁷* відповідно. Найвищий поліморфізм даного локусу виявлено у тварин великої білої породи – 16 алелів. До того ж, дана порода мала у своєму генофонді два унікальних алеля – *SW240⁸⁵* та *SW240¹¹⁵*. Це, очевидно, є свідченням значної їх генетичної різноманітності, що виникла внаслідок інтенсивного поєднання спадкового матеріалу популяцій із різних країн світу. Також високий ступінь поліморфізму даного локусу відмічено і у порід ландрас та дюрк – 12 та 11 алелів відповідно, що, імовірно, також пов'язано із значною їх поширеністю у світі (транскордонні породи) та інтенсивною інтродукцією спадкового матеріалу із різних країн світу у вітчизняні популяції. Найменш поліморфним даний локус виявився у порід п'єтрен та полтавська м'ясна (по 4 алеля). У

порід дюрок та червона білопояса виявлено по одному унікальному алелю (*SW240*¹²³ та *SW240*¹¹⁷ відповідно).

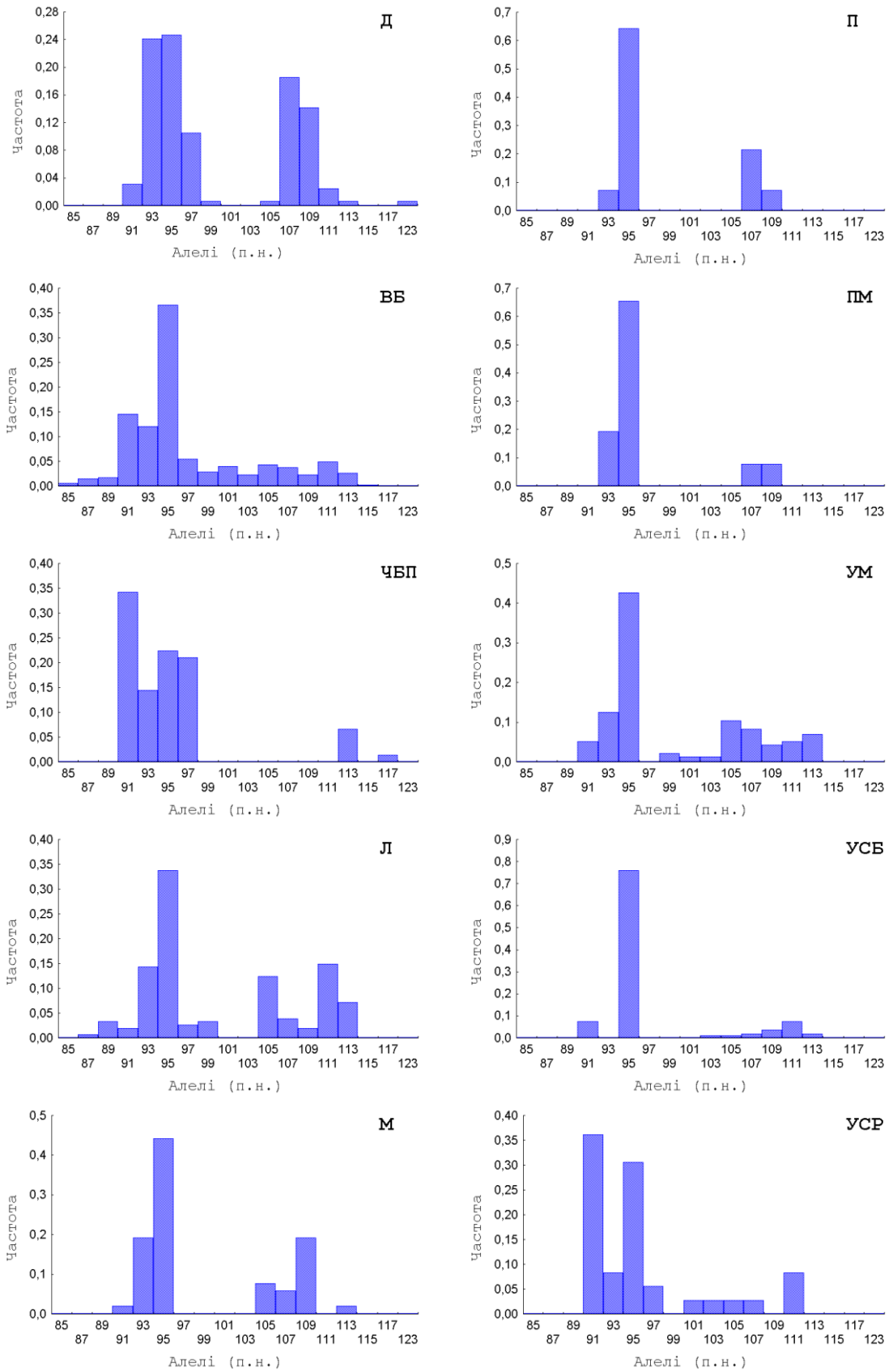


Рис. 3.7. Алельні профілі локусу *SW240* у свиней різних порід

Як і слід було очікувати, низький ступінь поліморфізму зумовив відсутність вірогідної різниці між породою п'єтрен та іншими породами (крім червоної білопоясої), що досліджувалися (табл. 3.8).

Таблиця 3.8

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *SW240*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	X	***	***	***	**	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	***
ВБ		X	***	***	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	<i>ns</i>
ЧБП			X	***	***	***	***	***	***	<i>ns</i>
Л				X	**	<i>ns</i>	<i>ns</i>	**	***	***
М					X	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***
П						X	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
ПМ							X	<i>ns</i>	*	**
УМ								X	***	***
УСБ									X	***
УСР										X

Полтавська м'ясна порода за своїм алельним профілем даного локусу мала вірогідні відмінності лише від порід червона білопояса ($p < 0,001$), українська степова біла ($p < 0,05$) та українська степова ряба ($p < 0,01$). Крім того, не виявлено вірогідної різниці між українською степовою рябою і великою білою та червоною білопоясою породами, а також між українською м'ясною та миргородською породами.

Локус *SW857*. Подібною до локусу *SW240* є характеристика алельного профіля і локусу *SW857* (рис. 3.8). Загалом було виявлено 13 алелів даного локусу. Найвищий його поліморфізм відмічено у порід велика біла та ландрас (11 та 10 алелів відповідно). До того ж лише у цих порід виявлено три унікальні алеля – *SW857*¹⁶⁵ у великої білої породи та *SW857*¹³⁵ і *SW857*¹⁶¹ у породи ландрас. У решти порід кількість алелів даного локуса становила

від 5 (п'єтрен та українська степова ряба) до 8 (червона білопояса, та миргородська).

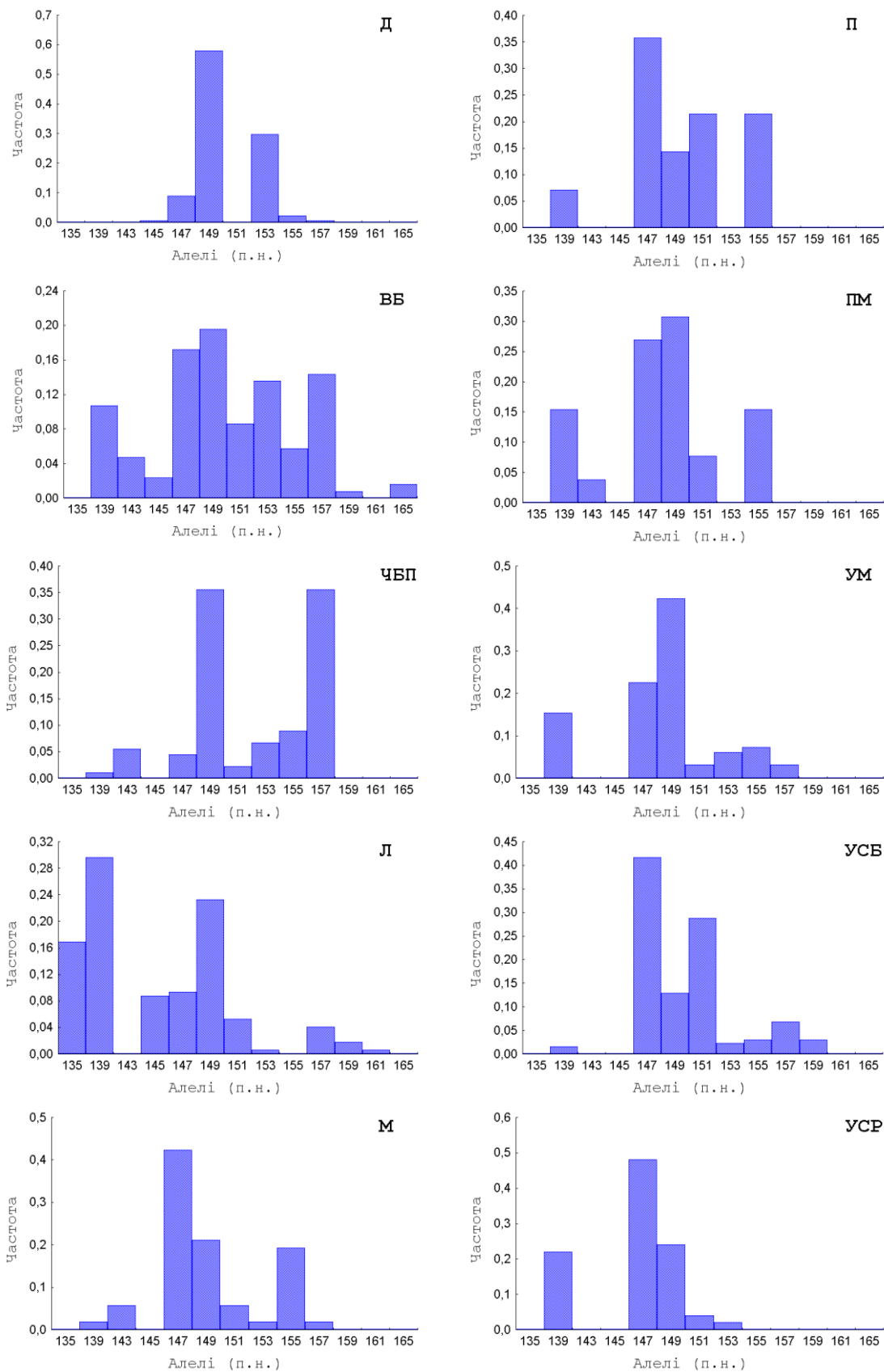


Рис. 3.8. Алельні профілі локусу *SW857* у свиней різних порід

Локус *S0101*. У досліджуваному масиві тварин виявлено 14 алелів даного локусу (рис. 3.9). Найбільш поліморфним він був у свиней великої білої породи – виявлено всі 14 алелів, з яких 6 – унікальні.

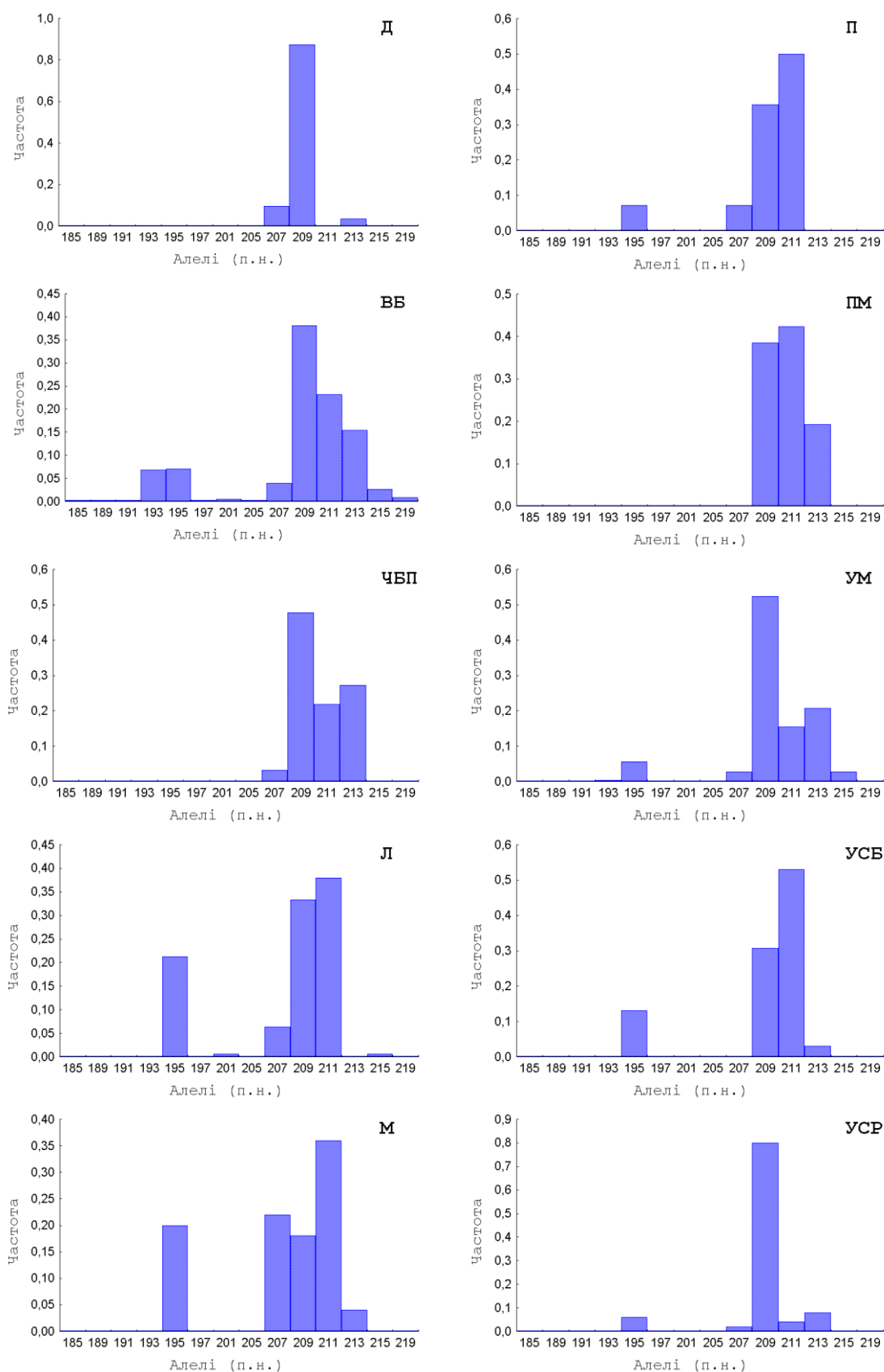


Рис. 3.9. Алельні профілі локусу *S0101* у свиней різних порід

Водночас, у інших порід, що досліджувалися, кількість алелів даного локусу була порівняно невеликою і коливалася від трьох (дюрок та полтавська м'ясна) до семи (українська м'ясна). Алель $S0101^{209}$ було виявлено в усіх досліджуваних породах, проте його частота коливалася від 0,180 (миргородська порода) до 0,872 (порода дюрок). Алель $S0101^{211}$ було виявлено у 9 із 10 досліджуваних порід (крім породи дюрок). Також поширеними були алелі $S0101^{207}$ та $S0101^{213}$ – їх було виявлено у восьми із 10 досліджуваних порід та алель $S0101^{195}$, який було виявлено у семи порід.

Алельний профіль даного локусу виявив суттєву різницю між українською степовою білою та українською степовою рябою породами. Так, у тварин УСБ породи частота алеля $S0101^{211}$ була максимальною і становила 0,531. Натомість, в УСР породи даний алель мав частоту лише 0,040. Водночас, у тварин УСР породи найвищою концентрацією характеризувався алель $S0101^{209}$ – 0,800. Причому, високу частоту даного алеля також встановлено і у інших порід свиней, які мали не білу масть – дюрок (0,872) та червона білопояса (0,478). Також висока концентрація даного алеля виявлена і у тварин української м'ясної породи. Очевидно, це пов'язано з тим, що при створенні асканійського типу даної породи, тварини якого переважно нами і досліджувалися, використовувалося прилиття крові свиней породи дюрок.

Таким чином, можемо припустити, що алель $S0101^{209}$ має асоціацію із наявністю пігменту у шкірі тварин.

Алельний профіль локусу $S0101$, як і більшості інших локусів, що досліджувалися, також виявив наявність суттєвих міжпородних відмінностей (табл. 3.10). Найбільш генетично своєрідними виявилися породи дюрок та українська степова ряба.

Локус $SW936$. Поліморфізм даного локусу у порід п'єтрен, миргородська та полтавська м'ясна не досліджувався, тому характеристику алельного профіля наведено лише для семи порід (рис. 3.10). Загалом у дослідженого масиву тварин виявлено 20 алелів вищезгаданого локусу.

Найвищий поліморфізм даного локусу встановлено у тварин великої

білої породи (19 алелів) та ландрас (12 алелів), а найменш поліморфним він був у порід українська степова ряба (4 алеля) та дюрок (5 алелів). У всіх досліджених порід виявлено алелі *SW936⁹⁹*, *SW936¹¹¹* та *SW936¹¹³*.

Таблиця 3.10

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *S0101*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	Х	***	***	***	***	***	***	***	***	**
ВБ		Х	<i>ns</i>	***	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	***
ЧБП			Х	***	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***
Л				Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	**	***
М					Х	<i>ns</i>	**	***	***	***
П						Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	**
ПМ							Х	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***
УМ								Х	***	<i>ns</i>
УСБ									Х	***
УСР										Х

Лише в однієї з порід (українська степова ряба) не було виявлено алелів *SW936⁹⁷* та *SW936⁹⁷*. Натомість, шість алелів (*SW936⁷⁹*, *SW936⁸¹*, *SW936⁸⁵*, *SW936⁸⁷*, *SW936⁹¹* та *SW936¹¹⁵*) виявилися унікальними, притаманними лише великій білій породі.

У тварин порід дюрок, велика біла, українська степова біла відмічено більш високу частоту алеля *SW936¹¹¹*. Водночас, породи ландрас, українська степова ряба та українська м'ясна характеризувалися більш високою частотою алеля *SW936⁹⁹*. Таким чином, у свиней української м'ясної породи відмічено достатньо високу концентрацію двох алелів – *SW936⁹⁹* (0,356) та *SW936¹¹¹* (0,320), що, імовірно, зумовлено значним впливом спадковості порід дюрок та ландрас при створенні даної породи, зокрема її асканійського типу.

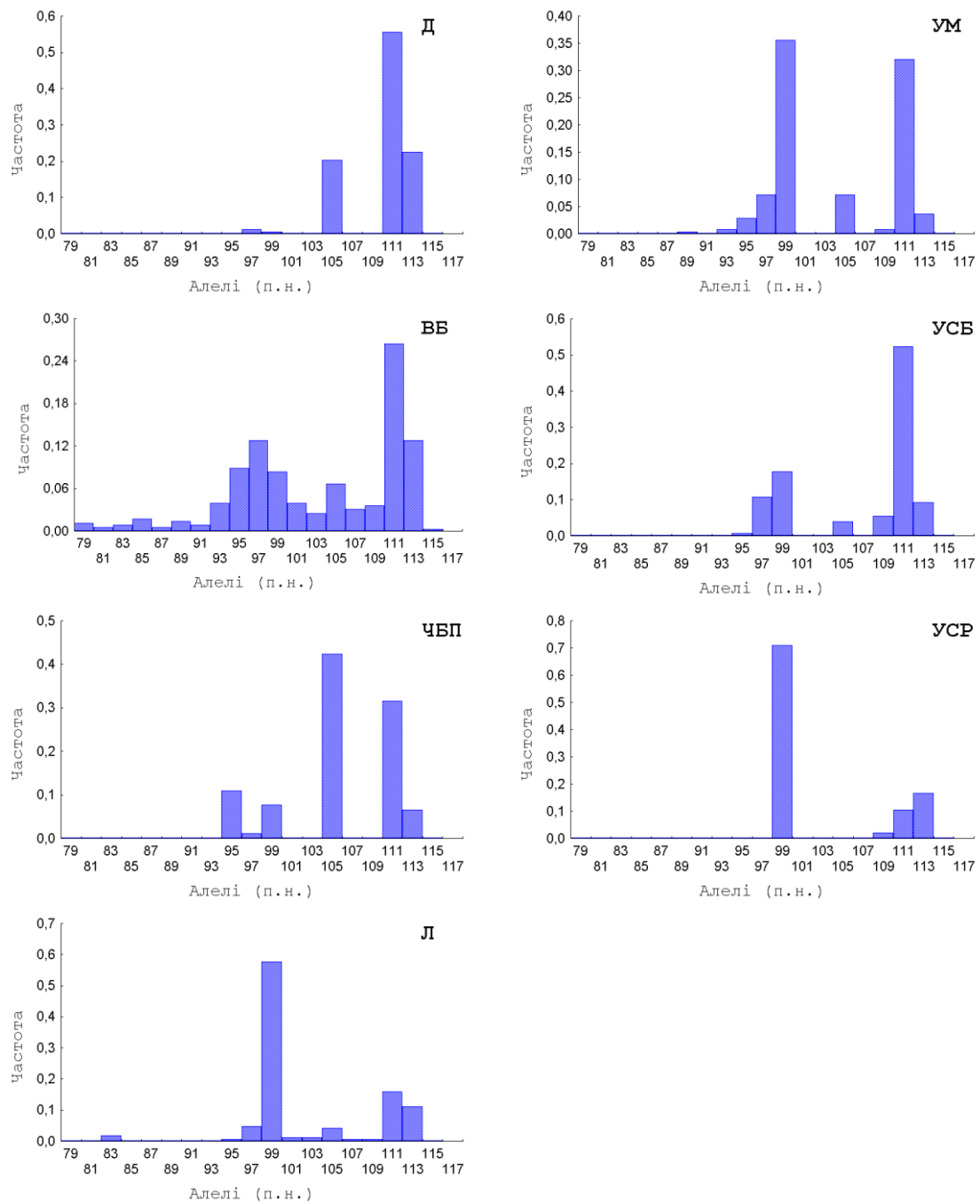


Рис. 3.10. Алельні профілі локусу *SW936* у свиней різних порід

Лише у свиней червоної білопоясої породи найбільшу частоту (0,424) мав алель *SW936*¹⁰⁵, який у інших порід був представлений з частотою від 0,038 (українська степова біла) до 0,202 (дюрок), а у тварин української степової рябої породи взагалі даного алеля не було виявлено.

Алельний профіль локусу *SW936* у досліджених семи порід характеризувався суттєвими відмінностями, що і зумовило вірогідну диференціацію порід. Не встановлено вірогідних міжпородних відмінностей лише між породами ландрас та українська степова ряба (табл. 3.11).

Рівень міжпородних відмінностей розподілу частот алелів локусу *SW936*

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	Х	***	***	***	Х	Х	Х	***	***	***
ВБ		Х	***	***	Х	Х	Х	***	***	***
ЧБП			Х	***	Х	Х	Х	***	***	***
Л				Х	Х	Х	Х	***	***	<i>ns</i>
М					Х	Х	Х	Х	Х	Х
П						Х	Х	Х	Х	Х
ПМ							Х	Х	Х	Х
УМ								Х	***	***
УСБ									Х	***
УСР										Х

Локус *SW911*. Поліморфізм даного локусу у порід п'єтрен, миргородська та полтавська м'ясна також не досліджувався, тому характеристику алельного профіля наведено лише для семи порід (рис. 3.11). Загалом у дослідженого масиву тварин виявлено 12 алелів вищезгаданого локусу. Найбільш поліморфним він був у свиней великої білої та української м'ясної порід – мав по 10 алелів. Найнижчий ступінь поліморфізму відмічено в порід українська степова біла та ландрас – 4 та 5 алелів відповідно. Три алеля даного локусу (*SW911*¹⁵⁹, *SW911*¹⁶³ та *SW911*¹⁶⁵) були виявлені у всіх порід, які досліджувалися. Алеля *SW911*¹⁶⁹ не було виявлено лише у свиней породи українська степова біла. П'ять алелів зустрічалися лише у двох із семи досліджуваних порід. Унікальних алелів даного локусу не виявлено.

У переважної більшості порід найбільшу частоту мав алель *SW911*¹⁵⁹ – від 0,337 у великої білої породи до 0,609 – в української степової білої породи.

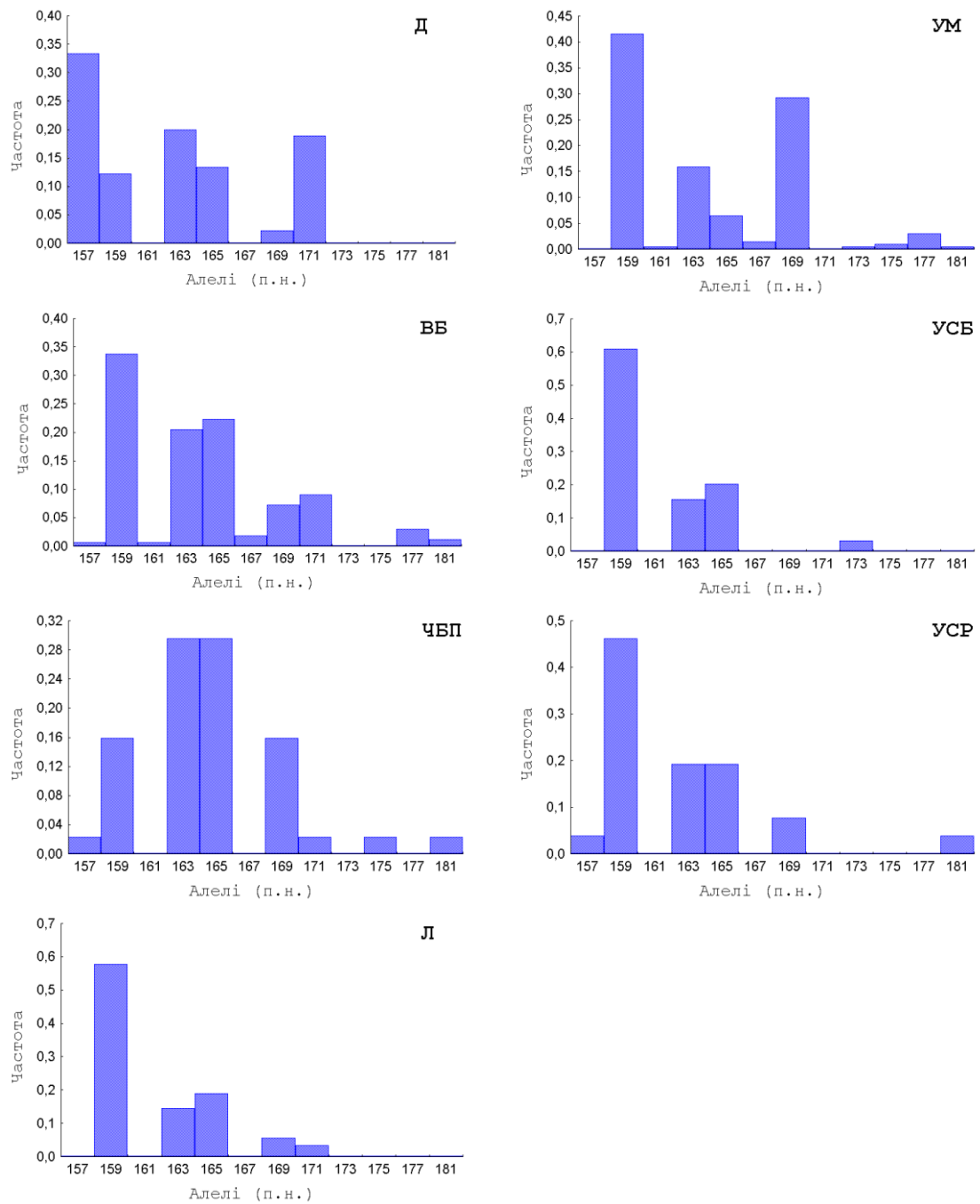


Рис. 3.11. Алельні профілі локусу *SW911* у свиней різних порід

Однак, у порід дюрок та червона білопояса частота даного алеля була значно нижчою – 0,122 та 0,159 відповідно. Очевидно, це пов'язано зі значним впливом спадковості породи дюрок при створенні червоної білопоясої породи. До того ж, у свиней породи дюрок встановлено найвищу частоту алеля *SW911*¹⁵⁷ (0,333), який взагалі не був виявлений у тварин порід ландрас, українська м'ясна та українська степова біла, а у інших порід мав частоту лише від 0,006 (ВВ) до 0,038 (УСР). І, навіть, у тварин ЧБП породи,

Водночас, українська степова ряба порода мала вірогідні відмінності лише з породами дюрок та українська м'ясна.

Локус *S0228*. Алельні профілі даного локусу також не визначалися у свиней порід миргородська, п'єтрен та полтавська м'ясна.

У досліджуваного масиву тварин було виявлено 17 алелів даного локусу, сім із яких виявилися унікальними (рис. 3.12).

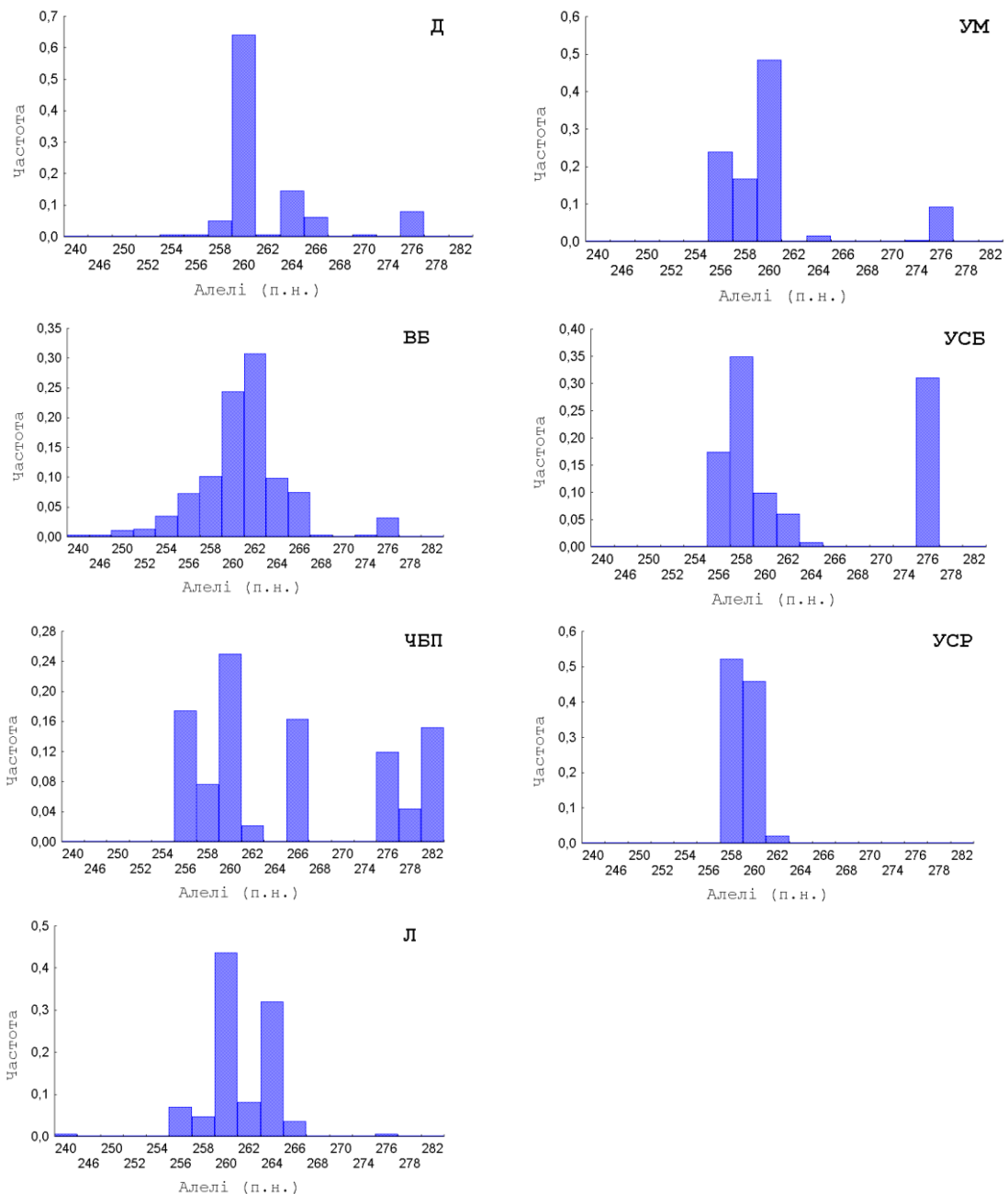


Рис. 3.12. Алельні профілі локусу *S0228* у свиней різних порід

У всіх досліджуваних порід було виявлено алелі $S0228^{258}$ та $S0228^{260}$. Лише у тварин української степової рябої породи не було виявлено алелів

Отже, кожна із досліджуваних порід свиней має свої характерні особливості алельних профілів 12 локусів мікросателітів ДНК, що зумовлюються загальною кількістю алелів того чи іншого локусу, наявністю або відсутністю певних алелів, частотою окремого алеля, наявністю унікальних алелів. Здебільшого, встановлені особливості пов'язані зі специфікою породотворчого процесу та генезисом порід, що досліджувалися.

Крім того, алельне різноманіття локусів мікросателітів ДНК значною мірою пов'язане зі ступенем розповсюдженості породи. Найвищий рівень поліморфізму властивий генофонду тварин великої білої породи – у них виявлено найбільшу кількість алелів у 11 із 12 досліджуваних локусів (за винятком *SW24*). Також достатньо високий рівень алельного різноманіття відмічено і в інших транскордонних порід – ландрас та дюррок.

Породи свиней не білої масті, в свою чергу, мають ряд подібних характеристик алельних профілів мікросателітів ДНК: відсутність вірогідних відмінностей за алельним профілем локусу *S0155* між породами п'єтрен, червона білопояса, миргородська, українська степова ряба; висока частота алеля *S0101*²⁰⁹ (дюррок – 0,872, українська степова ряба порода – 0,800, червона білопояса – 0,478).

Виявлено алелі, які можуть бути маркерною ознакою для тієї чи іншої породи. Зокрема, алель *S0386*¹⁸² доцільно використовувати в якості генетичного маркера належності до червоної білопоясої породи, алель *SW911*¹⁵⁷ – до породи дюррок.

3.2. Генетичне різноманіття, між- та внутрішньопородна диференціація свиней за мікросателітними локусами

3.2.1. Генетичне різноманіття порід свиней

Найважливішими показниками стану стада і результативності селекційної роботи є рівень гомозиготності та ступінь генетичної

різноманітності. Збільшення першого і зменшення другого до певних значень вказують на досягнення селекційного плато і, навіть, на інбредованість стада [174].

Порода дюрок. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусу *S0101* (три алелі). Найвище алельне різноманіття відмічено для локусу *SW240* (11 алелів) (табл. 3.14). Але найбільша ефективна кількість алелів характерна для локусу *SW24* ($A_e = 5,51$).

Таблиця 3.14

Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у свиней породи дюрок

Локус	<i>n</i>	<i>N_a</i>	<i>A_e</i>	<i>I_{Sh}</i>	<i>H_{obs}</i>	<i>H_{exp}</i>	<i>F_{is}</i>
<i>SW24</i>	88	9	5,51	1,84	0,830	0,819	-0,013
<i>S0155</i>	88	6	3,01	1,27	0,591	0,668	0,116
<i>SW72</i>	89	7	2,79	1,24	0,753	0,641	-0,174
<i>SW951</i>	89	8	2,95	1,28	0,697	0,661	-0,054
<i>S0386</i>	82	5	1,95	0,93	0,232	0,487	0,524
<i>S0355</i>	79	5	2,35	1,02	0,241	0,575	0,581
<i>SW240</i>	81	11	5,37	1,84	0,741	0,814	0,090
<i>SW857</i>	89	6	2,31	1,04	0,573	0,568	-0,009
<i>S0101</i>	90	3	1,30	0,46	0,233	0,229	-0,018
<i>SW936</i>	89	5	2,49	1,06	0,697	0,599	-0,163
<i>SW911</i>	45	6	4,55	1,61	0,578	0,780	0,259
<i>S0228</i>	89	9	2,25	1,21	0,449	0,556	0,191

Рівень фактичної гетерозиготності коливається в межах від 0,232-0,233 (для локусів *S0386* та *S0101*) до 0,830 (для локусу *SW24*). При цьому, для деяких локусів виявлено певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Особливо це стосується локусів *S0386* ($F_{is} = 0,524$) та *S0355* ($F_{is} = 0,581$). Певний

надлишок гетерозиготності відмічено лише для локусів *SW936* ($F_{is} = -0,163$) та *SW72* ($F_{is} = -0,174$).

У цілому, для свиней породи дюрк лише для чотирьох локусів з 12-ти досліджених емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом – *SW24*, *SW951*, *SW240* та *S0101* (табл. 3.15).

Таблиця 3.15

**Результати перевірки стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом
мікросателітних локусів свиней різних порід**

Локус	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
<i>SW24</i>	ns	D***	D*	ns	D***	D***	D***	D***	D**	ns
<i>S0155</i>	D**	D**	ns	ns	ns	ns	ns	D*	D**	ns
<i>SW72</i>	E**	D***	E*	D***	ns	ns	ns	ns	D*	ns
<i>SW951</i>	ns	D***	ns	D***	D*	ns	ns	ns	D***	ns
<i>S0386</i>	D***	D***	D***	ns	D***	ns	ns	D***	D***	ns
<i>S0355</i>	D***	D***	D***	D***	D***	ns	ns	D***	D***	D*
<i>SW240</i>	ns	D***	ns	D***	ns	ns	D*	D***	D*	ns
<i>SW857</i>	D*	D***	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
<i>S0101</i>	ns	D***	ns	ns	E*	E*	E*	D*	ns	ns
<i>SW936</i>	E*	D***	ns	D***	-	-	-	ns	ns	ns
<i>SW911</i>	D**	D*	D**	D*	-	-	-	D*	ns	ns
<i>S0228</i>	D**	D***	D**	D***	-	-	-	ns	ns	ns

Для двох локусів (*SW72* та *SW936*) спостерігається вірогідний надлишок гетерозигот в популяції, а для шести (50% від використаних в аналізі) – їх вірогідний дефіцит.

Велика біла порода. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусів *SW24* та *SW951* (по 10 алелів). Найвище алельне різноманіття відмічено для локусу *SW936* (19 алелів) (табл. 3.16). Для

цього ж локусу також була максимальною і ефективна кількість алелів ($A_e = 7,80$).

Таблиця 3.16

Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у свиней великої білої породи

Локус	n	N_a	A_e	I_{Sh}	H_o	H_e	F_{is}
SW24	94	10	3,40	1,44	0,617	0,706	0,126
S0155	199	11	3,63	1,44	0,548	0,724	0,244
SW72	189	15	4,67	1,83	0,667	0,786	0,152
SW951	196	10	4,26	1,71	0,658	0,765	0,140
S0386	197	12	3,41	1,53	0,492	0,707	0,304
S0355	196	16	7,55	2,19	0,684	0,868	0,212
SW240	174	16	5,42	2,15	0,563	0,815	0,309
SW857	189	11	7,42	2,13	0,762	0,865	0,119
S0101	191	14	4,23	1,73	0,707	0,764	0,075
SW936	180	19	7,80	2,38	0,622	0,872	0,286
SW911	83	10	4,54	1,73	0,566	0,780	0,274
S0228	187	14	5,34	1,95	0,588	0,813	0,276

Рівень фактичної гетерозиготності коливається в межах від 0,492 (для локусу S0386) до 0,762 (для локусу SW857). При цьому, для всіх досліджених локусів відмічається певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Особливо, це стосується локусів S0386 ($F_{is} = 0,304$) та SW240 ($F_{is} = 0,309$).

У цілому, у свиней породи ВБ спостерігається вірогідний дефіцит гетерозигот для всіх досліджених мікросателітних локусів (табл. 3.15).

Червона білопояса порода. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусів SW951 та S0101 (по чотири алелі), водночас п'ять локусів мали по 8 алелів (табл. 3.17). Але при цьому, найбільшу ефективну кількість алелів було виявлено для локусу S0228 ($A_e = 6,06$).

**Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у
свиней червоної білопоясої породи**

Локус	<i>n</i>	<i>N_a</i>	<i>A_e</i>	<i>I_{Sh}</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{is}</i>
<i>SW24</i>	44	8	4,96	1,77	0,727	0,799	0,089
<i>S0155</i>	46	8	4,91	1,76	0,739	0,796	0,072
<i>SW72</i>	46	6	3,61	1,41	0,848	0,723	-0,173
<i>SW951</i>	46	4	1,51	0,70	0,304	0,339	0,101
<i>S0386</i>	44	7	3,48	1,48	0,477	0,713	0,330
<i>S0355</i>	44	7	1,98	1,07	0,409	0,495	0,173
<i>SW240</i>	38	6	4,22	1,55	0,763	0,763	0,000
<i>SW857</i>	45	8	3,69	1,56	0,800	0,729	-0,097
<i>S0101</i>	46	4	2,85	1,15	0,630	0,649	0,029
<i>SW936</i>	46	6	3,32	1,39	0,783	0,699	-0,120
<i>SW911</i>	22	8	4,40	1,65	0,545	0,773	0,294
<i>S0228</i>	46	8	6,06	1,90	0,761	0,835	0,089

Характерною особливістю генетичної структури тварин цієї породи є дуже нерівномірний розподіл алелів за окремими локусами, що супроводжується суттєвими відмінностями між абсолютною та ефективною кількістю алелів. Так, для локусу *S0355* всього було відмічено сім алелів, але ефективна їх кількість становила лише 1,98. Це зумовлено дуже високою частотою алеля *S0355*²⁴⁷ (0,693), при тому, що решта алелів зустрічаються з частотами 0,011-0,102.

Рівень фактичної гетерозиготності коливається в межах від 0,304 (для локусу *SW951*) до 0,800 (для локусу *SW857*). При цьому, для ряду локусів відмічається певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Особливо, це стосується локусів *S0386* (*Fis* = 0,330) та *SW911* (*Fis* = 0,294). Певний надлишок гетерозиготності відмічається лише для локусів *SW936* (*Fis* = -0,120) та *SW72*

($F_{is} = -0,173$).

У цілому, для свиней ЧБП породи для шести локусів з 12-ти досліджених емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (див. табл. 3.15). Лише для локусу *SW72* спостерігається вірогідний надлишок гетерозигот у популяції, при тому, що для п'яти локусів (41,7% від використаних в аналізі) – вірогідний дефіцит гетерозигот.

Порода ландрас. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусів *S0155* та *SW911* (по п'ять). Максимальний прояв алельного різноманіття відмічено для локусу *SW72* – 13 алелів (табл. 3.18).

Таблиця 3.18

Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у свиней породи ландрас

Локус	<i>n</i>	<i>N_a</i>	<i>A_e</i>	<i>I_{Sh}</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{is}</i>
<i>SW24</i>	69	10	4,22	1,64	0,797	0,763	-0,045
<i>S0155</i>	90	5	2,52	1,14	0,589	0,603	0,024
<i>SW72</i>	85	13	2,97	1,49	0,671	0,664	-0,010
<i>SW951</i>	88	7	1,57	0,79	0,307	0,361	0,151
<i>S0386</i>	90	10	2,75	1,46	0,578	0,637	0,093
<i>S0355</i>	85	10	3,04	1,42	0,412	0,671	0,386
<i>SW240</i>	77	12	5,49	2,01	0,675	0,818	0,174
<i>SW857</i>	86	10	5,22	1,85	0,814	0,809	-0,007
<i>S0101</i>	87	6	3,29	1,30	0,747	0,696	-0,074
<i>SW936</i>	85	12	2,67	1,43	0,435	0,625	0,304
<i>SW911</i>	45	5	2,53	1,19	0,422	0,605	0,303
<i>S0228</i>	86	8	3,25	1,44	0,488	0,693	0,295

Але при цьому, найбільша ефективна кількість алелів характерна для локусу *SW240* ($A_e = 5,49$).

Рівень фактичної гетерозиготності коливається в межах від 0,307 (для локусу *SW951*) до 0,747 (для локусу *S0101*). При цьому, для деяких локусів відмічається певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Особливо, це стосується локусів *S0355* ($F_{is} = 0,386$), *SW936* ($F_{is} = 0,304$) та *SW911* ($F_{is} = 0,303$).

У цілому, для свиней породи ландрас лише для п'яти локусів (з 12-ти досліджених) емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (див. табл. 3.15). Для решти локусів (58,3% від використаних в аналізі) спостерігається вірогідний дефіцит гетерозигот.

Миргородська порода. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусу *S0355* – лише два. Водночас, максимальний прояв алельного різноманіття відмічається для локусу *SW857* – вісім алелів (табл. 3.19). Але при цьому, найбільша ефективна кількість алелів характерна для локусу *S0386* ($A_e = 4,15$).

Таблиця 3.19

Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у свиней миргородської породи

Локус	n	N_a	A_e	I_{Sh}	H_o	H_e	F_{is}
<i>SW24</i>	19	6	2,61	1,28	0,158	0,616	0,744
<i>S0155</i>	26	5	2,83	1,29	0,692	0,647	-0,070
<i>SW72</i>	26	4	2,50	1,09	0,615	0,600	-0,026
<i>SW951</i>	26	4	2,55	1,09	0,577	0,607	0,050
<i>S0386</i>	18	6	4,15	1,58	0,389	0,759	0,488
<i>S0355</i>	25	2	1,68	0,59	0,160	0,403	0,603
<i>SW240</i>	26	7	3,58	1,51	0,577	0,720	0,199
<i>SW857</i>	26	8	3,72	1,57	0,846	0,732	-0,157
<i>S0101</i>	25	5	3,97	1,46	0,920	0,748	-0,230

Рівень фактичної гетерозиготності коливається в межах від 0,158 (для локусу *SW24*) до 0,920 (для локусу *S0101*). При цьому, для деяких локусів

відмічається певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Особливо, це стосується локусів *SW24* ($F_{is} = 0,744$), *S0355* ($F_{is} = 0,603$) та *S0386* ($F_{is} = 0,488$). Певний надлишок гетерозиготності відмічається лише для локусів *SW857* ($F_{is} = -0,157$) та *S0101* ($F_{is} = -0,230$).

У цілому, для свиней миргородської породи для чотирьох локусів з дев'яти досліджених емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (див. табл. 3.15). Лише для локусу *S0101* спостерігається вірогідний надлишок гетерозигот в популяції, а для трьох локусів (33,3% від використаних в аналізі) – їх вірогідний дефіцит.

Порода п'єстрен. Для свиней даної породи було відмічено дуже низький рівень аельного різноманіття – кількість виявлених алелів коливалося від двох (для локусів *SW951* та *S0386*) до п'яти (локуси *SW24*, *S0155* та *SW857*) (табл. 3.20).

Таблиця 3.20

Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у свиней породи п'єстрен

Локус	n	N_a	A_e	I_{Sh}	H_o	H_e	F_{is}
<i>SW24</i>	7	5	3,63	1,44	0,143	0,724	0,803
<i>S0155</i>	6	5	4,00	1,47	0,833	0,750	-0,111
<i>SW72</i>	7	3	2,00	0,83	0,429	0,500	0,143
<i>SW951</i>	7	2	1,32	0,41	0,286	0,245	-0,167
<i>S0386</i>	7	2	1,69	0,60	0,286	0,408	0,300
<i>S0355</i>	7	3	1,78	0,76	0,286	0,439	0,349
<i>SW240</i>	7	4	2,13	0,99	0,714	0,531	-0,346
<i>SW857</i>	7	5	4,08	1,49	0,857	0,755	-0,135
<i>S0101</i>	7	4	2,58	1,09	1,000	0,612	-0,633

Це може бути пов'язано з малою чисельністю вибірки тварин цієї породи, використаних для проведення генетичного аналізу.

При цьому, для локусів *S0155* та *SW857* відмічається й найбільша ефективна кількість алелів – 4,00-4,08. Рівень фактичної гетерозиготності коливається в межах від 0,143 (для локусу *SW24*) до 1,000 (для локусу *S0101*). При цьому, для чотирьох із дев'яти досліджених локусів відмічається дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Особливо суттєві значення даного індексу відмічено для локусів *SW24* ($F_{is} = 0,803$), *S0355* ($F_{is} = 0,349$) та *S0386* ($F_{is} = 0,300$). Найбільш значний надлишок гетерозиготності відмічено для локусу *S0101* ($F_{is} = -0,633$).

У цілому, для свиней породи п'єстрен майже для всіх локусів (для семи з дев'яти досліджених) емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (див. табл. 3.15). Лише для локусу *S0101* спостерігається вірогідний надлишок гетерозигот в популяції, а для локусу *SW24* – їх вірогідний дефіцит.

Полтавська м'ясна порода. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусу *SW951* – лише два алелі. Водночас, максимальний прояв алельного різноманіття було виявлено для локусу *SW857* – шість алелів (табл. 3.21). Найбільша ефективна кількість алелів також була характерна для даного локусу – 4,51.

Рівень фактичної гетерозиготності коливався в межах від 0,154 (для локусу *SW951*) до 0,923 (для локусів *SW857* та *S0101*). При цьому, для більшості локусів відмічається певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Найбільшою мірою це властиво для локусів *SW24* ($F_{is} = 0,695$), *SW951* ($F_{is} = 0,409$) та *SW72* ($F_{is} = 0,407$). Надлишок гетерозиготності відмічається лише для локусів *S0101* ($F_{is} = -0,451$) та *SW857* ($F_{is} = -0,186$).

У цілому, для свиней породи ПМ для шести із дев'яти досліджених локусів емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (див. табл. 3.15).

**Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у
свиней полтавської м'ясної породи**

Локус	<i>n</i>	<i>N_a</i>	<i>A_e</i>	<i>I_{Sh}</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{is}</i>
<i>SW24</i>	10	4	2,90	1,21	0,200	0,655	0,695
<i>S0155</i>	13	4	3,07	1,23	0,462	0,675	0,316
<i>SW72</i>	12	4	2,29	0,96	0,333	0,563	0,407
<i>SW951</i>	13	2	1,35	0,43	0,154	0,260	0,409
<i>S0386</i>	13	4	3,10	1,25	0,615	0,678	0,092
<i>S0355</i>	12	4	2,91	1,16	0,583	0,656	0,111
<i>SW240</i>	13	4	2,10	0,99	0,385	0,524	0,266
<i>SW857</i>	13	6	4,51	1,61	0,923	0,778	-0,186
<i>S0101</i>	13	3	2,75	1,05	0,923	0,636	-0,451

Лише для локусу *S0101* спостерігається вірогідний надлишок гетерозигот в популяції, а для локусів *SW24* та *SW240* – вірогідний їх дефіцит.

Українська м'ясна порода. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусу *SW951* (п'ять алелів). Максимальне значення алельного різноманіття відмічено для локусу *SW24* – 14 алелів (табл. 3.22).

Найбільша ефективна кількість алелів ($A_e = 5,89$) також була характерна для цього локусу.

Рівень фактичної гетерозиготності коливався в межах від 0,477 (для локусу *SW951*) до 0,923 (для локусу *SW72*). При цьому, для більшості локусів оцінки фактичної та очікуваної гетерозиготності майже не відрізнялися. Лише для трьох локусів відмічається певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації – *S0355* ($F_{is} = 0,268$), *S0386* ($F_{is} = 0,192$) та *SW240* ($F_{is} = 0,174$).

**Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у
свиней української м'ясної породи**

Локус	<i>n</i>	<i>Na</i>	<i>Ae</i>	<i>I_{sh}</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>
<i>SW24</i>	123	14	5,89	1,96	0,748	0,830	0,099
<i>S0155</i>	126	7	4,50	1,65	0,706	0,778	0,092
<i>SW72</i>	125	9	4,54	1,64	0,832	0,780	-0,067
<i>SW951</i>	128	5	1,89	0,86	0,477	0,471	-0,013
<i>S0386</i>	125	6	3,26	1,39	0,560	0,693	0,192
<i>S0355</i>	119	9	4,33	1,65	0,563	0,769	0,268
<i>SW240</i>	116	11	4,39	1,88	0,638	0,772	0,174
<i>SW857</i>	124	7	3,78	1,57	0,774	0,735	-0,053
<i>S0101</i>	126	7	2,89	1,33	0,619	0,654	0,054
<i>SW936</i>	125	10	3,98	1,66	0,744	0,749	0,007
<i>SW911</i>	101	10	3,46	1,48	0,723	0,711	-0,016
<i>S0228</i>	126	6	3,05	1,30	0,635	0,673	0,056

У цілому, для свиней породи УМ для п'яти з 12-ти досліджених локусів емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (див. табл. 3.15). Для решти локусів (58,3% від використаних в аналізі) спостерігається вірогідний дефіцит гетерозигот.

Українська степова біла порода. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусів *S0101* та *SW911* – по чотири алелі. Максимальний прояв алельного різноманіття відмічається для локусу *SW24* – 12 алелів. (табл. 3.23).

Найбільша ефективна кількість алелів також була характерна для даного локусу ($Ae = 5,02$).

Також, як і для тварин породи ЧБП, особливістю генетичної структури свиней породи УСБ є дуже нерівномірний розподіл алелів за окремими

локусами, що супроводжується суттєвими різницями між абсолютною та ефективною кількістю алелів.

Таблиця 3.23

Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у свиней української степової білої породи

Локус	n	N_a	A_e	I_{Sh}	H_o	H_e	F_{is}
<i>SW24</i>	67	12	5,02	1,81	0,806	0,801	-0,006
<i>S0155</i>	65	7	2,88	1,27	0,477	0,653	0,270
<i>SW72</i>	65	7	2,01	1,07	0,569	0,502	-0,135
<i>SW951</i>	65	9	2,67	1,20	0,462	0,625	0,262
<i>S0386</i>	62	7	3,92	1,51	0,581	0,745	0,221
<i>S0355</i>	60	9	4,17	1,66	0,483	0,760	0,364
<i>SW240</i>	54	8	1,70	0,95	0,389	0,410	0,052
<i>SW857</i>	66	8	3,57	1,53	0,727	0,720	-0,011
<i>S0101</i>	65	4	2,54	1,07	0,662	0,606	-0,092
<i>SW936</i>	65	7	3,04	1,43	0,723	0,671	-0,078
<i>SW911</i>	32	4	2,28	1,02	0,469	0,562	0,166
<i>S0228</i>	66	6	3,82	1,47	0,697	0,738	0,056

Так, для локусу *SW240* всього було відмічено вісім алелів, але ефективна їх кількість (A_e) становила лише 1,70. Це зумовлено дуже високою частотою алеля *SW240*⁹⁵ – 0,759, при тому, що решта алелів зустрічаються з частотами 0,009-0,074.

Рівень фактичної гетерозиготності коливається в межах від 0,389 (для локусу *SW240*) до 0,806 (для локусу *SW24*). При цьому, для ряду локусів відмічається дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Найбільшою мірою це виражено для локусів *S0355* ($F_{is} = 0,364$), *S0155* ($F_{is} = 0,270$) та *SW951* ($F_{is} = 0,262$). Найбільший надлишок гетерозиготності відмічено для локусу *SW72* ($F_{is} = -0,135$).

У цілому, для свиней породи УСБ для п'яти із 12-ти досліджених локусів емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (табл. 3.15). Для решти локусів (58,3% від використаних в аналізі) спостерігається вірогідний дефіцит гетерозигот.

Українська степова ряба порода. Найменшу кількість алелів у свиней даної породи було зафіксовано для локусів *SW951* та *S0228* – по три алелі. Максимальний прояв алельного різноманіття було виявлено для локусу *SW240* – дев'ять алелів (табл. 3.24). Найбільша ефективна кількість алелів також була характерна для даного локусу ($A_e = 4,10$).

Таблиця 3.24

Показники генетичного різноманіття різних локусів мікросателітів у свиней української степової рябої породи

Локус	n	N_a	A_e	I_{Sh}	H_o	H_e	F_{is}
<i>SW24</i>	25	6	3,49	1,37	0,680	0,714	0,047
<i>S0155</i>	25	4	2,98	1,21	0,720	0,665	-0,083
<i>SW72</i>	25	6	2,35	1,14	0,680	0,574	-0,185
<i>SW951</i>	25	3	1,28	0,44	0,240	0,218	-0,103
<i>S0386</i>	25	4	2,24	1,03	0,480	0,554	0,133
<i>S0355</i>	23	5	3,54	1,39	0,478	0,717	0,333
<i>SW240</i>	18	9	4,10	1,70	0,778	0,756	-0,029
<i>SW857</i>	25	5	2,96	1,23	0,680	0,662	-0,028
<i>S0101</i>	25	5	1,53	0,76	0,360	0,348	-0,034
<i>SW936</i>	24	4	1,85	0,86	0,458	0,459	0,002
<i>SW911</i>	13	6	3,38	1,44	0,538	0,704	0,235
<i>S0228</i>	24	3	2,08	0,78	0,500	0,518	0,035

Рівень фактичної гетерозиготності коливався в межах від 0,240 (для локусу *SW951*) до 0,778 (для локусу *SW240*). При цьому, для деяких локусів відмічається певний дефіцит гетерозиготності, що супроводжується позитивними значеннями індексу фіксації. Найбільшою мірою це властиво

локусам *S0355* ($F_{is} = 0,333$) та *SW911* ($F_{is} = 0,235$). Найбільш значний надлишок гетерозиготності відмічено для локусу *SW72* ($F_{is} = -0,185$).

У цілому, для свиней породи УСР майже для всіх досліджених локусів (за виключенням локусу *S0355*) емпіричний розподіл генотипів відповідає стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом (див. табл. 3.15).

Якщо проводити порівняння генетичного різноманіття у розрізі порід, то найбільшим воно є у свиней великої білої (в середньому для тварин цієї породи відмічено 13,17 алелів на локус), ландрас (9,00 алелів) та української м'ясної (8,42 алелі) порід (табл. 3.25).

Таблиця 3.25

**Середні показники генетичного різноманіття 12 локусів мікросателітів
у свиней різних порід**

Порода	Показник					
	<i>Na</i>	<i>Na(95%)</i>	<i>Ae</i>	<i>PrA</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>
Д	6,67 ± 0,644	3,83 ± 0,297	3,07 ± 0,390	0,33 ± 0,142	0,551 ± 0,0134	0,616 ± 0,0075
ВБ	13,17 ± 0,851	4,92 ± 0,398	5,14 ± 0,466	2,67 ± 0,632	0,623 ± 0,0017	0,798 ± 0,0010
ЧБП	6,67 ± 0,432	4,50 ± 0,314	3,75 ± 0,370	0,25 ± 0,179	0,649 ± 0,0088	0,693 ± 0,0058
Л	9,00 ± 0,798	3,92 ± 0,288	3,29 ± 0,330	0,75 ± 0,25	0,578 ± 0,0088	0,662 ± 0,0041
М	3,92 ± 0,811	3,25 ± 0,641	2,30 ± 0,444	0	0,548 ± 0,0243	0,648 ± 0,0041
П	2,75 ± 0,566	2,75 ± 0,566	1,93 ± 0,425	0	0,537 ± 0,0330	0,552 ± 0,0102
ПМ	2,95 ± 0,570	2,58 ± 0,514	2,08 ± 0,420	0,08 ± 0,083	0,509 ± 0,0262	0,603 ± 0,0072
УМ	8,42 ± 0,743	4,83 ± 0,345	3,83 ± 0,295	0,17 ± 0,167	0,668 ± 0,0031	0,718 ± 0,0025
УСБ	7,33 ± 0,632	3,92 ± 0,229	3,13 ± 0,284	0,08 ± 0,083	0,587 ± 0,0051	0,649 ± 0,0039
УСР	5,00 ± 0,477	3,33 ± 0,256	2,65 ± 0,257	0	0,549 ± 0,0075	0,574 ± 0,0079

Найменша кількість алелів притаманна свиням порід п'єтрєн (2,75 алелів) та полтавська м'ясна (2,95 алелів). Але це може бути пов'язано із малою кількістю генотипованих тварин вказаних порід.

Характерною особливістю алельного різноманіття досліджених порід є відносно близькі значення показника середньої кількості алелів, що зустрічаються із частотою не менше 0,05. Він варіював у свиней різних порід у дуже вузьких межах – від 2,58 (у породи ПМ) до 4,92 (у породи ВБ).

Це свідчить про те, що загальне алельне різноманіття у свиней різних порід визначається, насамперед, кількістю рідкісних алелів, при тому, що кількість найбільш поширених алелів у свиней різних порід знаходиться майже на одному рівні, який, можливо, є характерним для виду *Sus scrofa* в цілому (рис. 3.13).

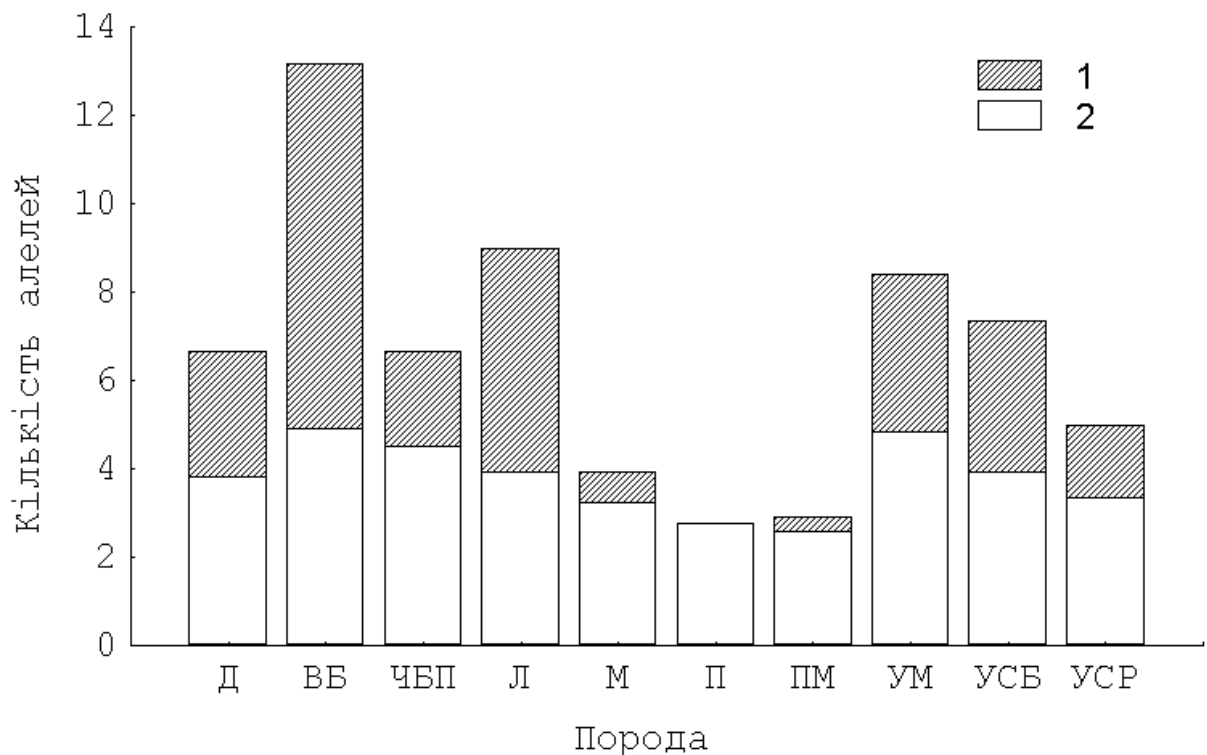


Рис. 3.13. Середня кількість рідкісних (1) та поширених (2) алелів 12 локусів мікросателітів у свиней різних порід

Певні алелі були унікальними, тобто, зустрічалися лише у тварин однієї породи і їх не було виявлено у свиней решти порід. У свиней великої

білої породи таких алелей було 32, у свиней породи ландрас – дев'ять, чотири – у свиней породи дюрк, три – ЧБП, два – породи УМ та по одному алелю – у свиней порід ПМ та УСБ. У свиней порід М, П та УСР всі наявні алелі були широко поширеними у тварин різних порід.

Середня (для включених в аналіз мікросателітних локусів) фактична гетерозиготність варіювала в дуже вузьких межах – від 0,509 (для тварин породи ПМ) до 0,668 (для свиней породи УМ).

Для всіх без виключення порід свиней очікувана гетерозиготність була вищою, ніж фактична, що свідчить про певний дефіцит тварин із гетерозиготними генотипами, що може бути наслідком суттєвого інбридингу в породах свиней, що розводяться в Україні.

3.2.2. Міжпородна генетична диференціація свиней за мікросателітними локусами

Результати аналізу молекулярної мінливості на підставі емпіричного розподілу частот алелів серед 10 досліджених порід свиней свідчать про наявність високо вірогідних відмінностей між ними. В цілому, на міжпородну компоненту приходиться біля 17% загальної генетичної мінливості особин та, відповідно, 83% – на внутрішньопородну компоненту (табл. 3.26).

Таблиця 3.26

Результати аналізу молекулярної мінливості (Φ_{st}) для свиней різних порід

Джерело мінливості	<i>SS</i>	<i>df</i>	<i>MS</i>	<i>E(MS)</i>	Φ_{st}	<i>p</i>
Між породами	929,644	9	103,294	1,493	0,174	0,001
Між тваринами	4897,649	689	7,108	7,108		
Загальна	5827,293	698	110,402	8,601		

При цьому, вірогідні відмінності ($p < 0,001$) було встановлено між всіма використаними в аналізі породами свиней. Виключення складають лише свині порід М, П та ПМ, для котрих встановлена висока ступінь генетичної подібності за локусами мікросателітів ДНК (табл. 3.27).

Таблиця 3.27

Попарні оцінки показника генетичної диференціації (Φ_{st}) між різними породами свиней

Порода	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
Д	X	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
ВБ	0,192	X	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
ЧБП	0,240	0,162	X	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
Л	0,269	0,180	0,252	X	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001
М	0,335	0,178	0,307	0,212	X	0,021	0,002	0,001	0,001	0,001
П	0,306	0,156	0,280	0,200	0,063	X	0,166	0,001	0,001	0,001
ПМ	0,270	0,145	0,252	0,113	0,081	0,035	X	0,001	0,001	0,001
УМ	0,153	0,072	0,152	0,119	0,179	0,142	0,084	X	0,001	0,001
УСБ	0,304	0,141	0,266	0,197	0,200	0,207	0,166	0,155	X	0,001
УСР	0,211	0,137	0,206	0,207	0,278	0,228	0,186	0,099	0,205	X

Примітка: Під діагоналлю – оцінки Φ_{st} , над діагоналлю – оцінки рівня їх значущості. Напівжирним курсивом виділено невірогідні оцінки рівня значущості (з врахуванням поправки Бонферроні).

Найвищий рівень відмінностей було відмічено між свинями породи дюрок, з одного боку, та свинями порід М, П та УСБ, з іншого ($\Phi_{st} = 0,304-0,335$). Крім того, суттєві відмінності за генетичною структурою притаманні свиням порід М та ЧБП ($\Phi_{st} = 0,307$).

Водночас, найменші, але вірогідні відмінності було відмічено між свинями порід ВБ та УМ ($\Phi_{st} = 0,072$), УМ та ПМ ($\Phi_{st} = 0,084$), а також УМ та УСР ($\Phi_{st} = 0,072$).

В таблиці 3.28 наведено результати Assignment-тесту для свиней різних порід на підставі поліморфізму 12 локусів мікросателітів. Найвищий рівень генетичної консолідованості відмічено у тварин породи УСР – всіх генотипованих особини цієї породи було правильно віднесено до своєї групи.

Таблиця 3.28

Результати Assignment-тесту для свиней різних порід на підставі поліморфізму 12 локусів мікросателітів

Порода (фактично)	Порода (теоретично)										Точність прогнозу, %
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР	
Д	87	2	1	1	0	0	0	0	0	0	95,60
ВБ	3	166	5	6	0	0	1	12	7	6	80,58
ЧБП	2	0	41	0	0	0	0	3	0	0	89,13
Л	2	12	1	72	0	0	0	2	1	0	80,00
М	0	0	0	0	21	3	2	0	0	0	80,77
П	0	0	0	0	1	3	3	0	0	0	42,86
ПМ	0	0	0	0	2	3	7	0	1	0	53,85
УМ	1	1	3	1	0	0	1	113	4	4	88,28
УСБ	1	2	0	1	0	0	0	3	59	1	88,06
УСР	0	0	0	0	0	0	0	0	0	25	100,00

Крім того, суттєву генетичну унікальність було відмічено для свиней порід дюрок (95,60% правильного віднесення тварин до власної групи), ЧБП (89,13%), УМ (88,28%) та УСБ (88,06%).

Найнижчий рівень був притаманний свиням порід ПМ (лише сім з 13 особин, тобто 53,85%, було вірно віднесено до власної групи) та п'єстрен (три з семи, тобто, 42,86%).

Характерно, що 12 особин великої білої породи помилково було віднесено до свиней породи УМ. Водночас, лише одну особину породи УМ

було помилково віднесено до ВБ породи. Майже аналогічну закономірність відмічено серед свиней порід ВБ та УСБ.

Найбільший вклад в міжпородну генетичну диференціацію вносять мікросателітні локуси *S0386*, *S0355*, *S0228*, *SW951*, *S0101* та *SW936* (табл. 3.29).

Таблиця 3.29

Індекси С. Райта (за Weir, Cockerham, 1984) за даними мікросателітного аналізу свиней різних порід

Локус	$f (=Fis)$	$\Theta (=Fst)$	$F (=Fit)$
<i>SW24</i>	0,186	0,101	0,095
<i>S0155</i>	0,241	0,113	0,145
<i>SW72</i>	0,051	0,053	-0,002
<i>SW951</i>	0,208	0,121	0,100
<i>S0386</i>	0,386	0,157	0,271
<i>S0355</i>	0,403	0,129	0,315
<i>SW240</i>	0,238	0,059	0,190
<i>SW857</i>	0,112	0,097	0,016
<i>S0101</i>	0,120	0,120	0,000
<i>SW936</i>	0,216	0,120	0,109
<i>SW911</i>	0,258	0,082	0,191
<i>S0228</i>	0,288	0,124	0,186
$\bar{X} \pm S\bar{x}$	$0,228 \pm 0,030$	$0,106 \pm 0,008$	$0,136 \pm 0,029$
95% CI	[0,172; 0,285]	[0,090; 0,122]	[0,082; 0,191]

Примітка. 95% CI – 95% довірчий інтервал.

Стосовно мікросателітних локусів *SW72* та *SW240*, навпаки, відмічається суттєва подібність щодо розподілу як генотипів, так і алелів.

Отримані для більшості використаних мікросателітних локусів оцінки F-статистик С. Райта свідчать про наявність суттєвого інбридингу серед

свиней досліджених порід. В середньому для різних локусів, індекс інбридингу складає $f = 0,228 \pm 0,030$ (з 95% довірчим інтервалом: 0,172-0,285), що зумовлено значним дефіцитом тварин, що мають гетерозиготні генотипи.

На рис. 3.14 наведено UPGMA-дендрограму подібності між різними породами свиней на підставі матриці генетичних відстаней М. Нея, розрахованих на основі даних поліморфізму 12 локусів мікросателітів.

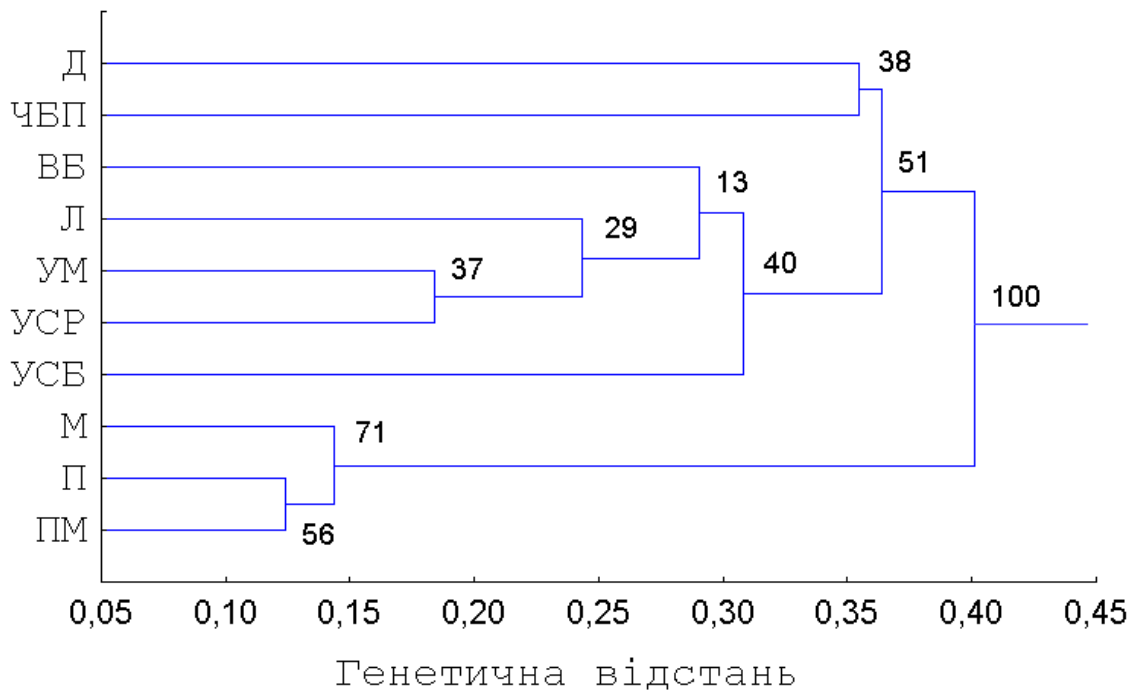


Рис. 3.14. UPGMA-дендрограма подібності між різними породами свиней на підставі матриці генетичних відстаней М. Нея, розрахованих на основі даних поліморфізму 12 локусів мікросателітів

(Для кожної “гілки” надано bootstrap-оцінка ймовірності її формування)

Отже, всі досліджувані породи свиней можуть бути розподілені у два великих кластери. Перший містить особин порід М, П та ПМ, а другий – решту порід. У просторі перших двох Головних координат серед тварин другого кластеру можна відмітити відокремлення тварин порід Д та ЧБП (рис. 3.15).

Таким чином, на підставі генетичної мінливості за використаними локусами мікросателітів ДНК, свині різних порід можуть бути розподілені у три суттєво відокремлені генетичні групи.

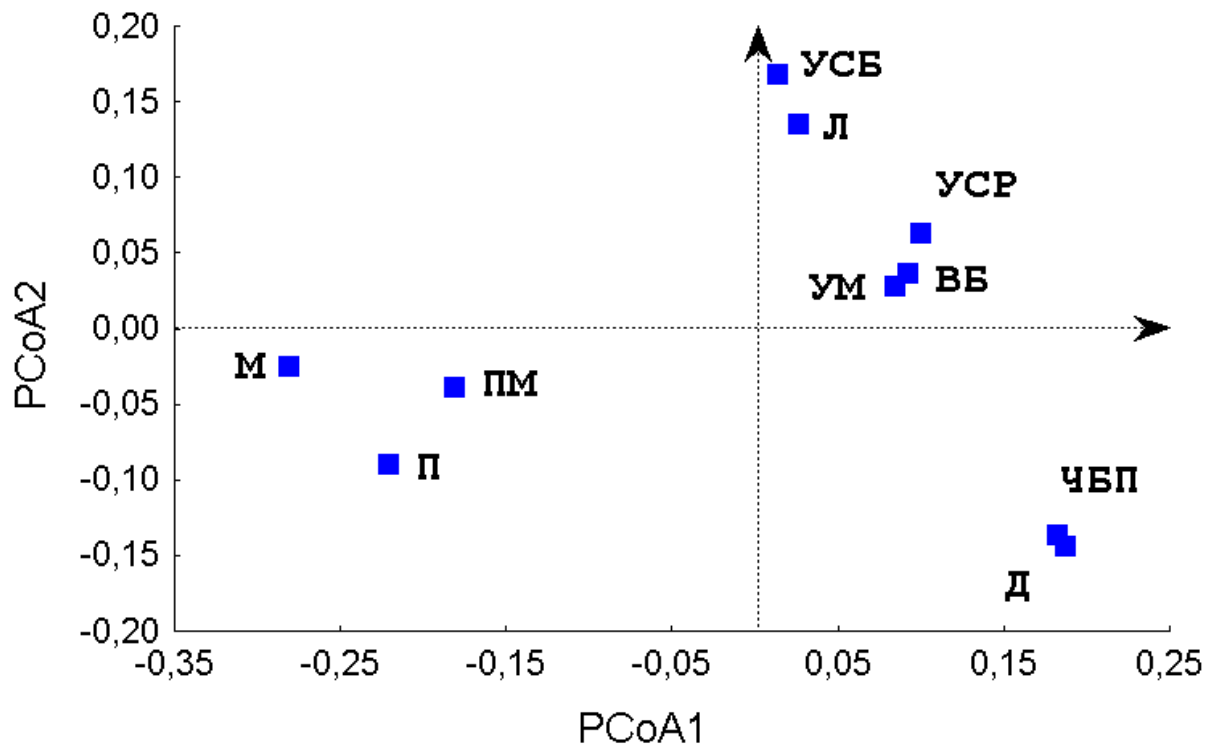


Рис. 3.15. Розміщення центрів популяцій різних порід свиней в просторі перших двох Головних Координат на підставі матриці генетичних відстаней М.Нея, розрахованих на основі даних поліморфізму 12 локусів мікросателітів

Перша група містить тварин порід М, П та ПМ. Генетична близькість між ними може бути пов'язана із «прилиттям крові» свиней породи п'єтрен при розведенні свиней миргородської породи, обмежена чисельність якої вимагає інтродукції спадкового матеріалу для забезпечення уникнення інбредної депресії. Крім того, високі м'ясні якості свиней породи п'єтрен зумовлюють її використання у схрещуваннях з місцевими породами, зокрема і полтавською м'ясною, для поліпшення м'ясних якостей останніх.

Друга група поєднує свиней порід Д та ЧБП, що може бути пояснено значною часткою спадковості породи дюрок в ЧБП, оскільки однією з основних порід, на основі яких вона створювалася, є саме порода дюрок.

Третя група складається з решти досліджених порід. При цьому, породи Л та УСБ найбільш близькі між собою, також як і породи ВБ, УМ та УСР.

Оптимальну кількість груп серед загального масиву можна визначити на підставі характеру змін оцінок логарифму правдоподібності $\ln P(K)$, що отримано для різних значень K . Як встановлено G. Evanno et al. [358], оптимальним буде таке значення K , при якому графік логарифму правдоподібності $\ln P(K)$ виходить на плато.

В результаті наших досліджень встановлено, що саме при $K = 10$ оцінки, отримані для ΔK мають максимальний прояв (рис. 3.16).

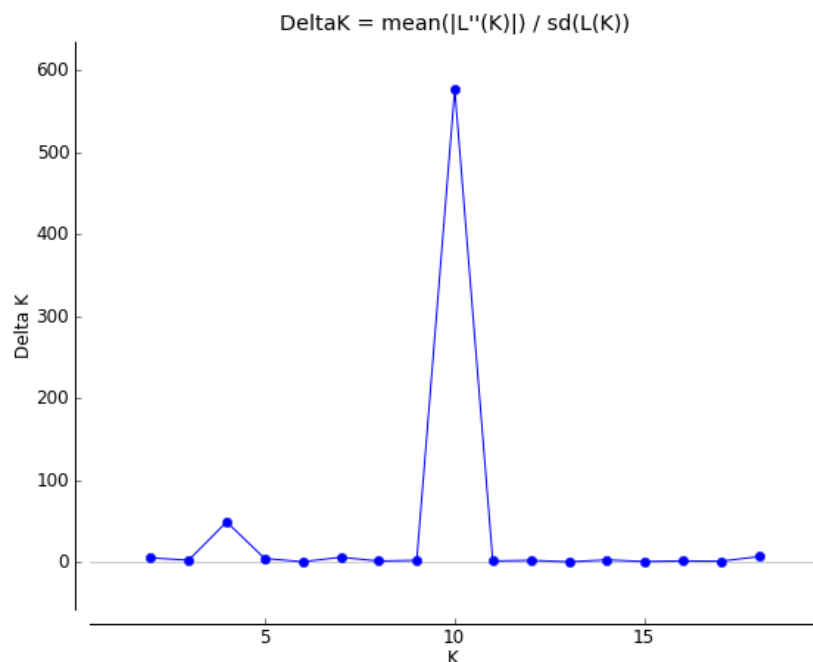


Рис. 3.16. Графік оцінки логарифму правдоподібності ΔK залежно від кількості використаних генетичних груп для досліджуваних порід за результатами використання програми STRUCTURE

Отримані нами результати аналізу «тонкої» генетичної структури свідчать про те, що найбільш реальною є наявність десяти генетичних груп, що відповідає фактичній кількості досліджуваних порід свиней.

При оцінці ступеня генетичної диференціації чотирьох локальних порід свиней України: дюрок, української м'ясної, української степової білої та

української степової рябої встановлено, що оцінки генетичних дистанцій, отримані на основі даних генетичного поліморфізму локусів мікросателітів ДНК, свідчать про те, що найбільш генетично диференційованими є породи свиней Д і УСБ (табл. 3.30).

Таблиця 3.30

Генетичні дистанції за М. Nei між породами свиней дюрок, українська м'ясна, українська степова біла та українська степова ряба

Порода	Порода			
	Д	УМ	УСБ	УСР
Д	0,000			
УМ	0,271	0,000		
УСБ	0,576	0,272	0,000	
УСР	0,378	0,159	0,327	0,000

Найменший рівень генетичної диференціації відзначений між породами УМ і УСР – $DN = 0,159$. Практично подібний рівень генетичної диференціації відзначений між породою УМ з одного боку та породами Д та УСБ з іншого ($DN = 0,271$ та $0,272$ відповідно).

Отримані значення генетичних дистанцій між вивченими породами значною мірою узгоджуються з результатами досліджень В. М. Іовенка та співавторів [96], проведеними на підставі поліморфізму 5 генетичних систем груп крові. Зокрема, нами був підтверджений високий рівень генетичних дистанцій між породою Д та іншими породами свиней. Однак, не підтверджено максимальний рівень генетичної дистанції між породами Д і УСР. Також дещо різняться і оцінки генетичних дистанцій між породами УМ і УСБ та УСР – В. М. Іовенком зі співавторами виявлено, що більш високий рівень диференціації спостерігається між породами УМ і УСР, ніж між УМ і УСБ.

Таким чином, у цілому, оцінки рівня генетичної диференціації між локальними породами свиней, проведених різними методами і в різні періоди

часу, свідчать про значну консолідацію генофонду, а виявлені незначні відмінності можуть свідчити як про різну точність застосовуваних методів досліджень, так і про зміни в структурі досліджуваних популяцій.

Результати аналізу головних координат (*PCoA*), проведеного на основі матриць генетичних дистанцій (табл. 3.30), підтверджують висновок про те, що найменше генетично диференційовані породи свиней УМ і УСР (рис. 3.17).

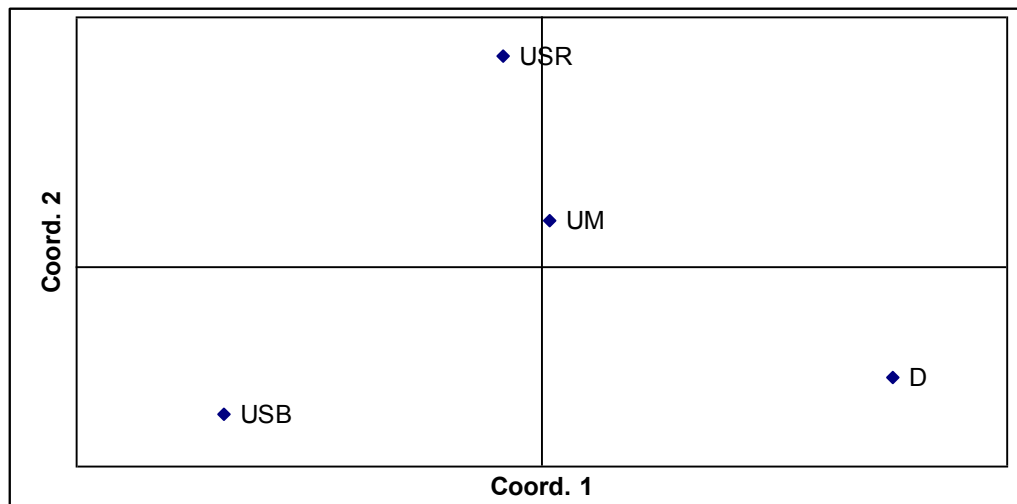


Рис. 3.17. Результати аналізу головних координат (PCoA)

Ці породи генетично є практично рівновіддаленими від порід Д та УСБ.

Результати загального та попарного Assignment-тесту чотирьох локальних порід свиней України (рис. 3.18 і 3.19) також свідчать про високу ступінь генетичної диференціації досліджуваних порід при достатньому рівні їх консолідації.

За результатами Assignment-тесту до «не своєї» популяції були віднесені 2,2% тварин породи Д, 7,9% – породи УМ, 6,1% – породи УСБ. Свині породи УСР всі були віднесені до «своєї» популяції. Причому, всі віднесені до «не своєї» популяції тварини порід Д та УМ належали одному з двох племінних господарств, в яких розводяться дані породи.

Очевидно, це свідчить про відмінності в програмах генетичного вдосконалення стада, а також про різницю у культурі ведення селекційно-племінної роботи в різних суб'єктів племінної справи.

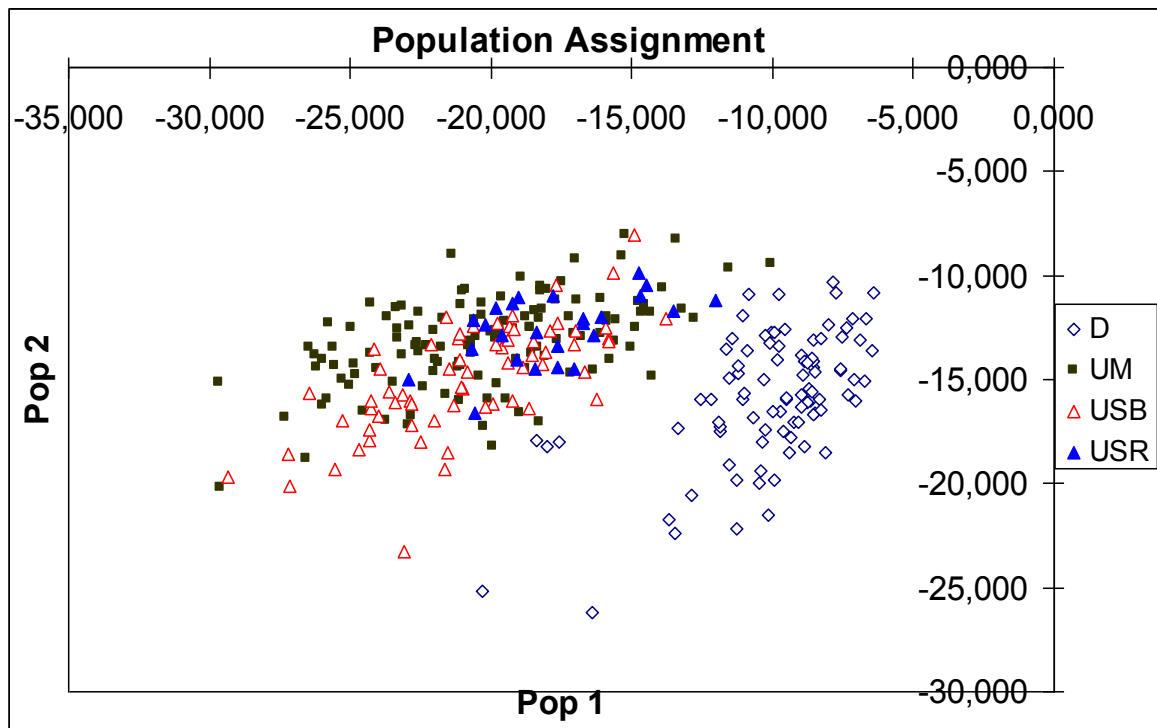


Рис. 3.18. Результати загального Assignment-тесту чотирьох локальних порід свиней України

Аналіз мультилокусних генотипів дозволяє визначити генетичне походження, не використовуючи інформацію про фактичне походження індивідів вибірки [143].

Це здійснюється на основі моделювання алгоритму кластеризації, який ідентифікує підгрупи на підставі властивих їм характерних частот алелів. Ця процедура, реалізована в комп'ютерній програмі STRUCTURE [342, 358, 487], розподіляє індивідів на K груп, де число K вибирається заздалегідь. Цією величиною можна варіювати в незалежних запусках алгоритму.

При розподілі досліджуваного масиву тварин ($n = 308$) на два кластери ($K = 2$) встановлено, що один з кластерів практично повністю утворився із тварин породи дюрок. Інші три породи увійшли до другого кластеру (рис. 3.20).

При розподілі досліджуваного масиву тварин на три кластери ($K = 3$) встановлено, що стійко зберігається кластер, утворений тваринами породи дюрок.

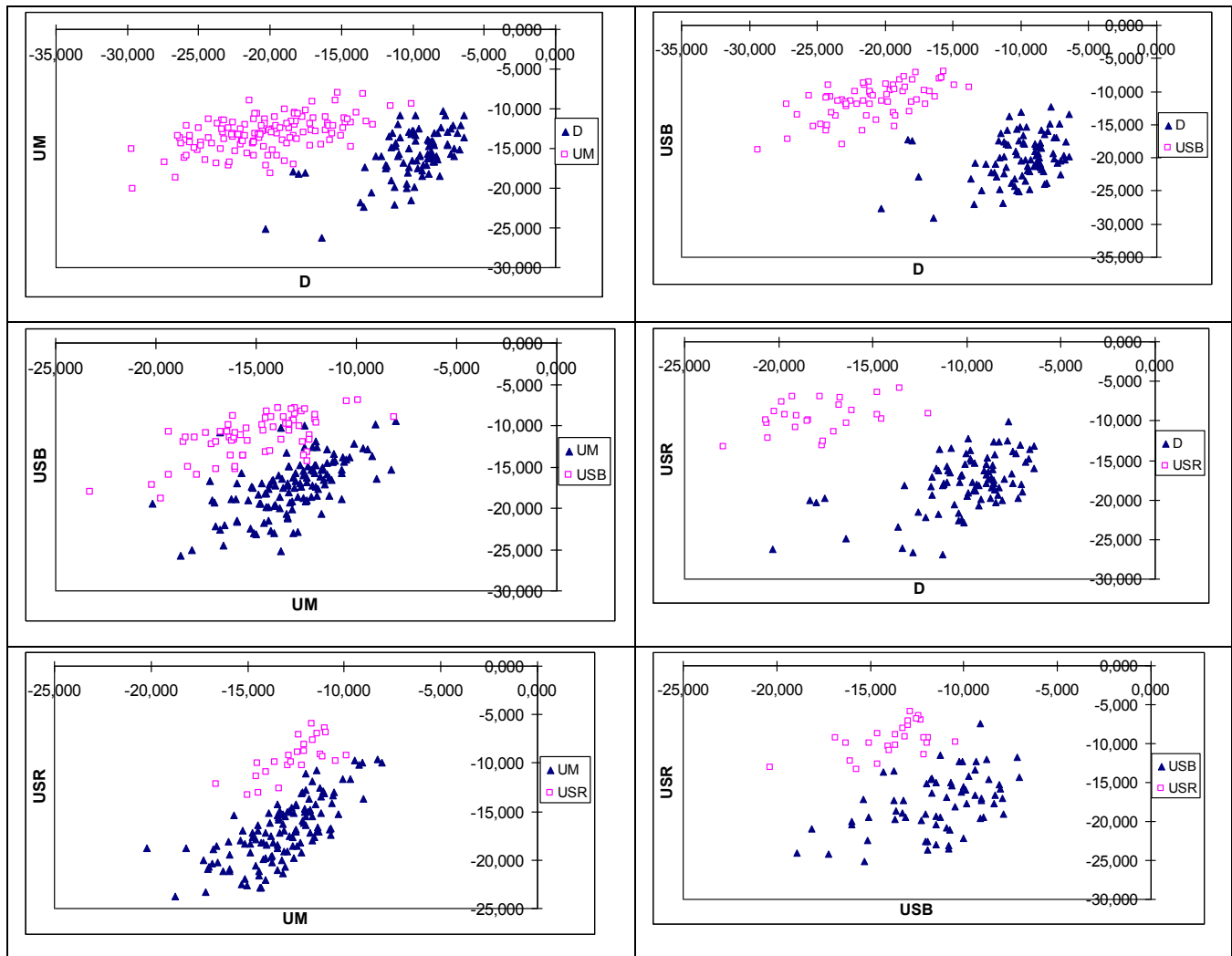


Рис. 3.19. Результати попарного Assignment-тесту чотирьох локальних порід свиней України

Крім того, (за винятком незначної кількості індивідів) виділяється кластер, утворений породою УСБ. Третій кластер переважно складають тварини породи УМ. Однак, серед масиву тварин цієї породи чітко простежується розділення на два кластери, в одному з яких індивіди поєднують в собі ознаки всіх трьох кластерів. Слід відзначити, що цей розподіл тварин породи УМ повністю співпадає з їх приналежністю до різних племінних господарств. Тварини породи УСР при даному розподілі переважно поєднують в собі ознаки, на основі яких утворений кластер породи УСБ.

При розподілі досліджуваного масиву тварин на чотири кластери, що відповідає кількості досліджуваних порід, встановлено, що здебільшого

зберігається кластер, утворений тваринами породами Д.

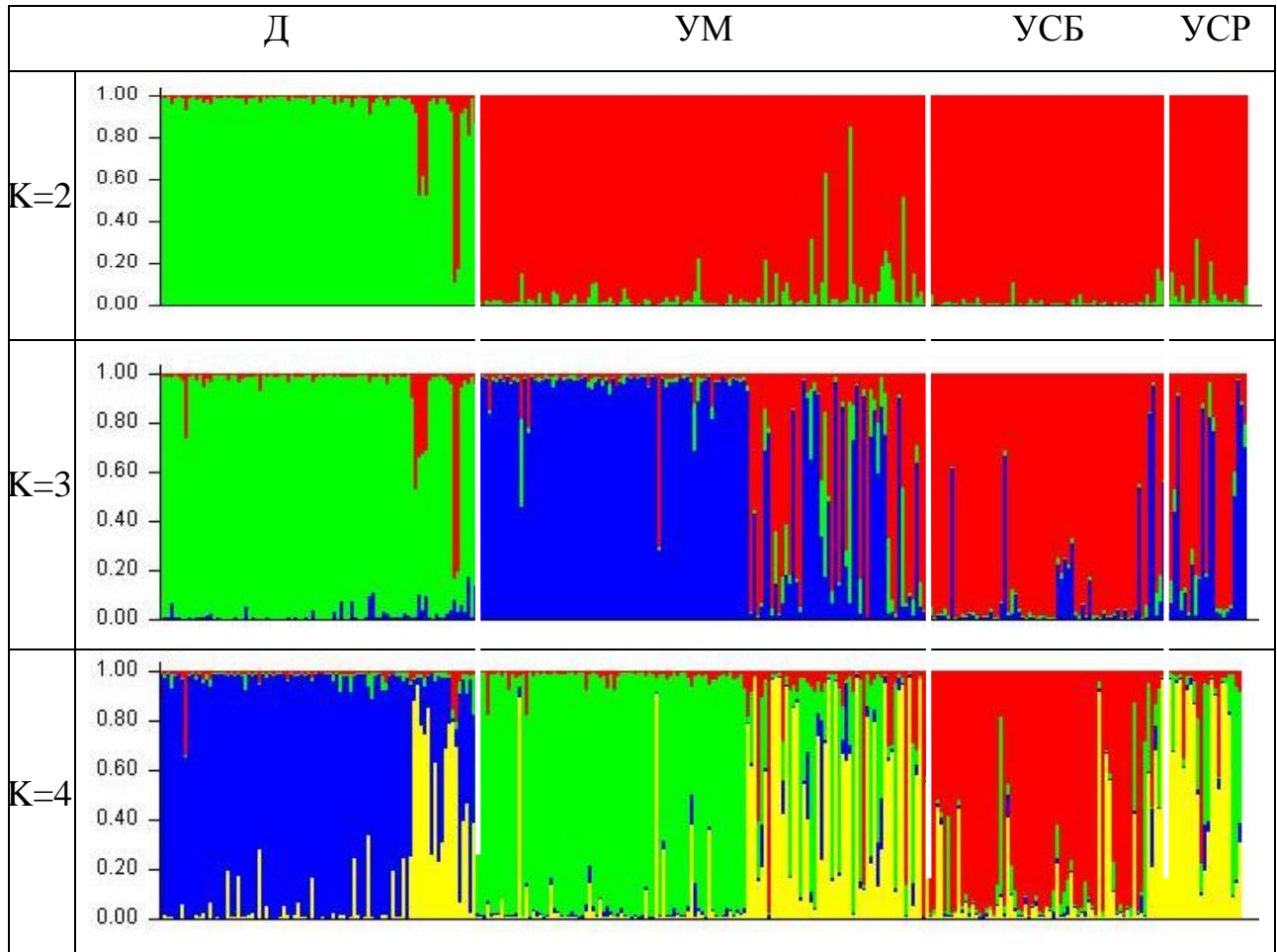


Рис. 3.20. Результати оцінки структури популяцій чотирьох порід свиней (Кожен індивід представлений тонкою вертикальною лінією, яка розділена на кольорові сегменти. Дані сегменти представляють оцінену частку відношення індивіда до кожного з К кластерів. Білі лінії розділяють особин різних порід. Породи позначено у верхньому рядку).

Достатньо стійкими виявилися і кластери, утворені породою УСБ та частиною тварин породи УМ. Також, необхідно відзначити виділення в окремий кластер тварин породи УСП. Більше того, характерні особливості цього кластера відзначаються і серед тварин порід УСБ та УМ і частково навіть породи Д. Ця певна генетична спільність порід УСП, УСБ та частково УМ, на наш погляд, обумовлена тим, що всі ці тварини належать одному племінному господарству і, відповідно, не можна виключити імовірність обміну спадковим матеріалом між ними. Особливо, якщо врахувати дуже

обмежену чисельність тварин локальних порід та небезпеку виникнення інбредної депресії.

Певна спільність генетичних характеристик порід УСР і Д, швидше за все, може бути зумовлена наявністю в родоводах їх тварин якихось унікальних спільних предків, наприклад беркширської породи.

Кількісною мірою належності кожного індивіда до тієї чи іншої популяції є коефіцієнт Q. Найбільша питома вага тварин, віднесених до «своєї» популяції при $Q \geq 0,9$, нами була відзначена у породі Д – 67,8%, а найменшим (44,0%) цей показник був серед тварин УСР породи (табл. 3.31).

Таблиця 3.31

Питома вага тварин, віднесених до «своєї» популяції, при різних значеннях коефіцієнта Q, %

Порода	Значення коефіцієнта		
	$\geq 0,5$	$\geq 0,8$	$\geq 0,9$
Д, в цілому	86,7	72,2	67,8
Д ₁	100,0	87,5	83,3
Д ₂	33,3	11,1	5,6
УМ, в цілому	68,5	59,8	48,0
УМ ₁	96,1	85,7	79,2
УМ ₂	26,0	14,0	0,0
УСБ	86,4	72,7	60,6
УСР	68,0	52,0	44,0

Примітка: Д₁, Д₂, УМ₁, УМ₂ – популяції свиней порід дюрок та українська м'ясна, що розводяться в різних племінних заводах.

Однак, значення даного показника істотно змінюються залежно від приналежності тварин однієї й тієї ж породи різним господарствам. Наприклад, у популяції Д₁ цей показник склав 83,3%, в той же час, як у популяції Д₂ – всього 5,6%. Аналогічна ситуація відмічена і серед тварин двох племінних заводів породи УМ – 79,2 і 0,0% відповідно.

3.2.3. Внутрішньопородна генетична мінливість свиней за мікросателітними локусами

Важливе значення в селекції тварин має рівень внутрішньопородної диференціації, що є основою породно-лінійної гібридизації, спрямованої на отримання ефекту гетерозису [171, 220].

Велика біла порода. Нами було проведено порівняльний аналіз рівня генетичної мінливості та генетичної диференціації між тваринами великої білої породи, що утримувалися у чотирьох різних господарствах.

Найбільший рівень алельного різноманіття було зареєстровано за локусами *SW936* та *SW240* у тварин із господарства №4 (18 та 15 алелів, відповідно). Найменша кількість алелів (по чотири) була притаманна свиням із різних досліджених господарств за різними мікросателітними локусами.

У цілому, середня кількість алелів (за 12 проаналізованими локусами мікросателітів) була найбільшою у тварин із господарства № 4 ($10,25 \pm 1,136$ алелів).

Найнижчим рівнем алельного різноманіття характеризувалися свині господарства № 1 ($6,25 \pm 0,411$ алелів). Але, при цьому, за середньою кількістю ефективних алелів найнижчий рівень було відмічено у тварин із господарства № 5 ($3,15 \pm 0,227$ алелів) (табл. 3.32).

Таблиця 3.32

Показники генетичної мінливості свиней великої білої породи із різних господарств за 12 мікросателітними локусами

Господарство	Показник				
	<i>Na</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>
№ 1	6,25 $\pm 0,411$	3,40 $\pm 0,183$	0,681 $\pm 0,0219$	0,696 $\pm 0,0171$	0,021 $\pm 0,0234$
№ 2	9,50 $\pm 0,802$	4,92 $\pm 0,403$	0,626 $\pm 0,0246$	0,783 $\pm 0,0162$	0,198 $\pm 0,0320$
№ 4	10,25 $\pm 1,136$	5,63 $\pm 0,725$	0,611 $\pm 0,0517$	0,793 $\pm 0,0221$	0,217 $\pm 0,0797$
№ 5	7,25 $\pm 0,641$	3,15 $\pm 0,227$	0,621 $\pm 0,0428$	0,663 $\pm 0,0260$	0,079 $\pm 0,0443$

Рівень гетерозиготності варіював від 0,373 (для локусу *S0228*) до 1,000 (для локусу *SW911*) у тварин із господарства № 4. Середній рівень фактичної гетерозиготності був найвищий у тварин із господарства № 1 ($0,681 \pm 0,0219$), а найнижчий – у тварин із господарства № 4 ($0,611 \pm 0,0517$).

Очікувана гетерозиготність була вищою, ніж фактична в усіх досліджених популяціях свиней породи ВБ. Найвищого рівня цей показник досягав у тварин із господарства № 4 ($0,793 \pm 0,0221$). Таким чином, тварини цього господарства характеризуються найвищим рівнем інбредованості – індекс фіксації в цілому для всіх вивчених мікросателітних локусів має додатній знак та суттєво переважає нуль ($0,217 \pm 0,0797$).

Тварини, що утримувалися в господарстві № 1, навпаки, мали оцінку індексу фіксації, що вірогідно не відхиляється від нуля ($0,021 \pm 0,0234$). Також, невірогідне відхилення від нуля відмічається для тварин із господарства № 5 ($0,079 \pm 0,0443$).

На рис. 3.21-3.22 наведено алельні профілі за 12 мікросателітними локусами у тварин великої білої породи із різних господарств.

Встановлено суттєві відмінності у розподілі за частотою певних алелів у тварин. Хоча, найчастіше, одні й ті ж найбільш поширені алелі зустрічаються у тварин різних господарств. Наприклад, за локусом *SW24* найбільш поширеним є алель *SW24¹⁰⁷* (у всіх чотирьох господарствах), алель *SW24¹⁰⁹* (у господарствах №№ 1 та 2) та алель *SW24¹¹³* (у господарствах №№ 4 та 5).

Але, при цьому, нами було відмічено, що частина алелів були унікальними, тобто, зустрічалися лише у тварин лише з одного певного господарства. Найбільшу кількість унікальних алелів було відмічено у тварин із господарств № 4 (24 алеля) та № 2 (16 алелів).

У цілому, всі відмінності у характері розподілу алелів призводять до формування суттєвих генетичних відмінностей між тваринами великої білої породи, що утримувалися у різних господарствах.

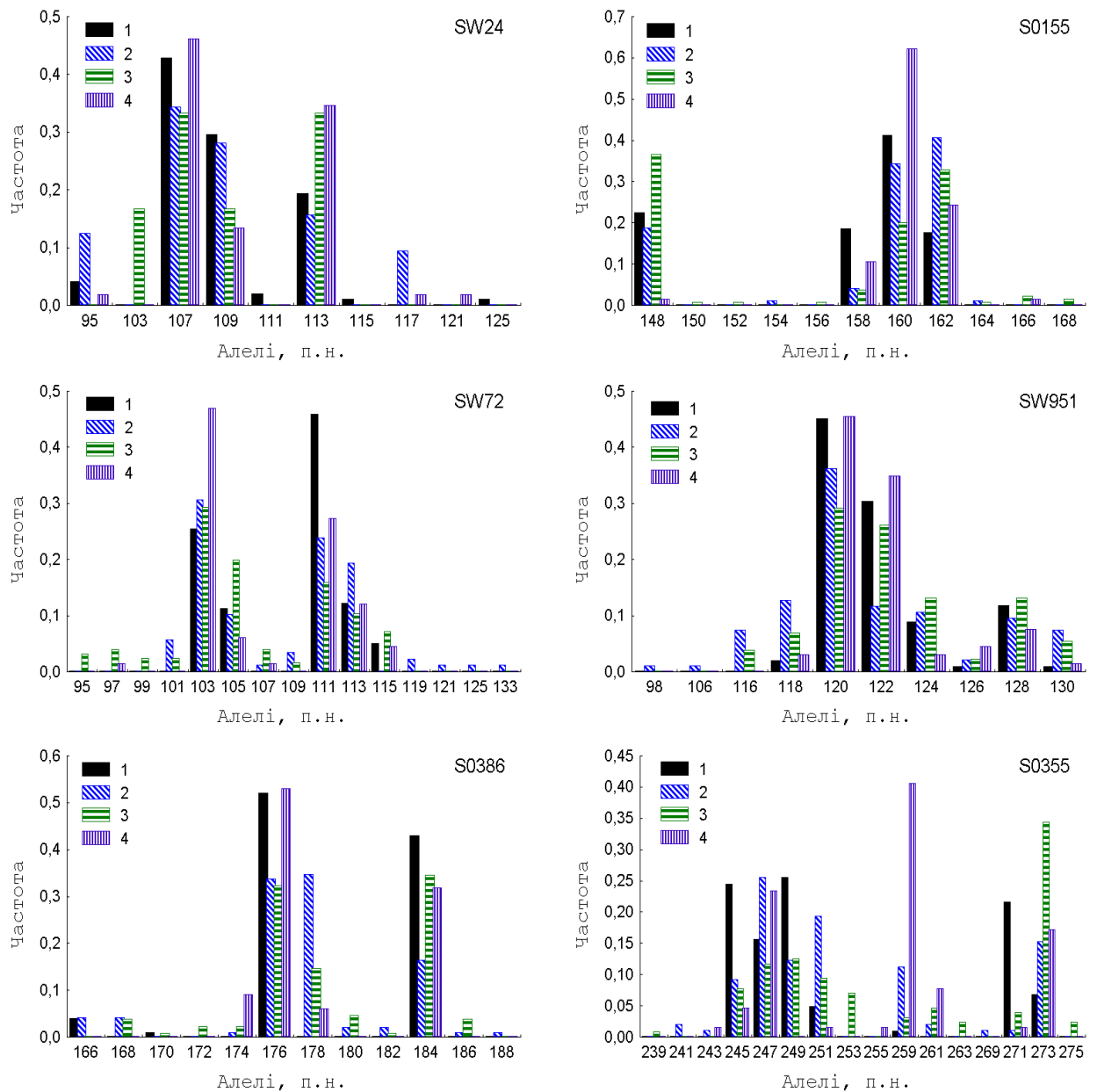


Рис. 3.21. Алельні профілі мікросателітних локусів *SW24*, *S0155*, *SW72*, *SW951*, *S0386* та *S0355* свиней великої білої породи із різних господарств (1 – № 1; 2 – №2; 3 – № 4; 4 – № 5)

В табл. 3.33 наведено оцінки показників генетичної диференціації (F_{st}) та потоку генів (Nm) між свинями великої білої породи із різних господарств для 12 локусів мікросателітів ДНК. За всіма мікросателітними локусами (за виключенням локуса *SW24*) відмічаються вірогідні значення індексу генетичної диференціації.

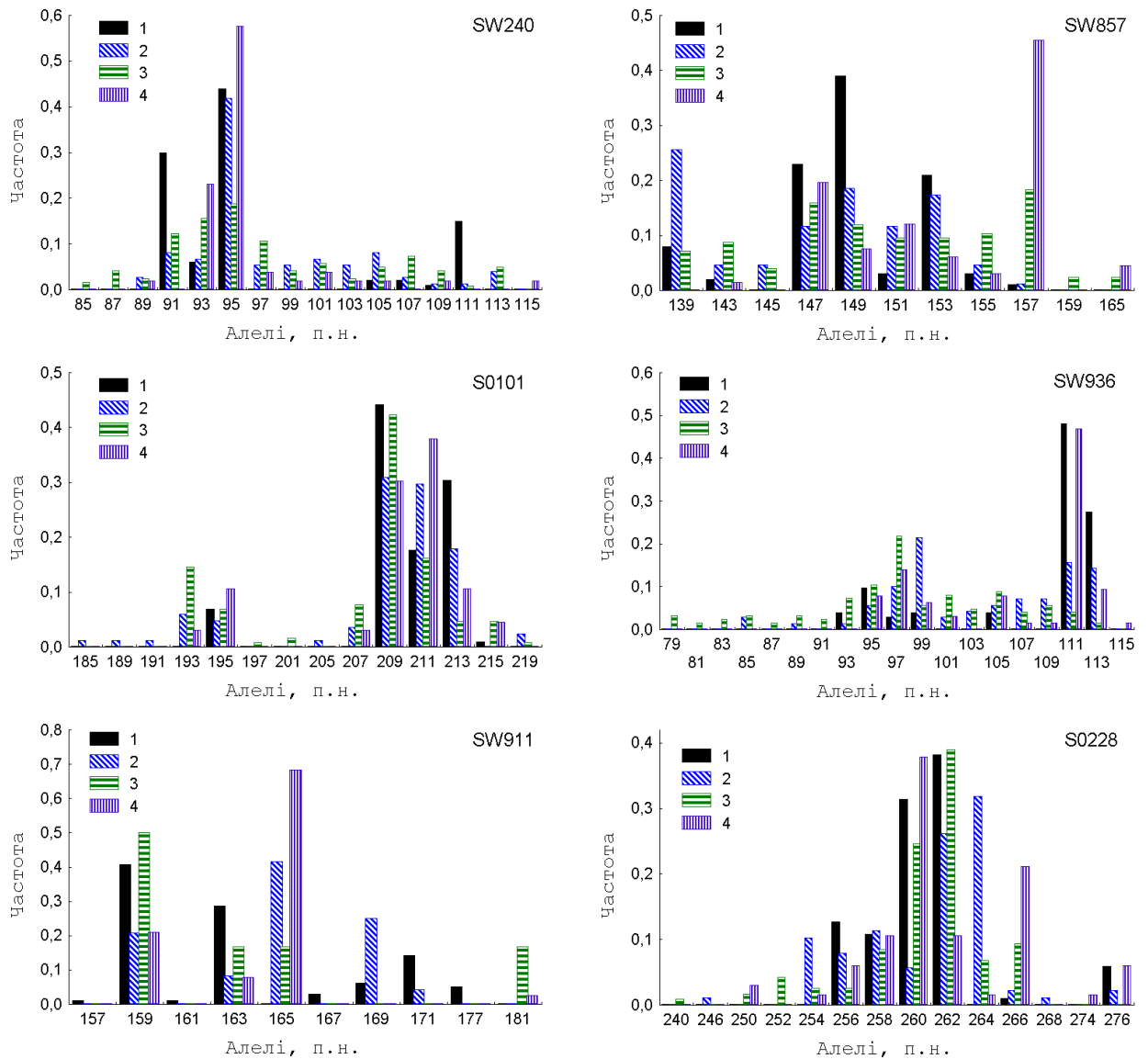


Рис. 3.22. Алельні профілі мікросателітних локусів *SW240*, *SW857*, *S0101*, *SW936*, *SW911* та *S0228* у свиней великої білої породи із різних господарств (1 – № 1; 2 – № 2; 3 – № 4; 4 – № 5)

У цілому, для 12 локусів мікросателітів ДНК значення індексу генетичної диференціації між тваринами різних господарств складає $F_{st} = 0,062 \pm 0,009$. Середнє значення потоку генів складає $4,86 \pm 0,76$ особин за одну генерацію.

В табл. 3.34 наведено результати Assignment-тесту для свиней великої білої породи із різних господарств на підставі мультилокусних генотипів за 12 локусами мікросателітів ДНК.

Показники генетичної диференціації (F_{st}) та потоку генів (Nm) між свинями великої білої породи із різних господарств для 12 локусів мікросателітів ДНК

Локус	Показник		
	F_{st}	Nm	p
SW24	0,033	7,31	0,087
S0155	0,070	3,32	0,001
SW72	0,032	7,52	0,001
SW951	0,023	10,49	0,006
S0386	0,056	4,22	0,001
S0355	0,076	3,03	0,001
SW240	0,058	4,07	0,001
SW857	0,076	3,03	0,001
S0101	0,034	7,06	0,001
SW936	0,071	3,28	0,001
SW911	0,145	1,48	0,001
S0228	0,067	3,49	0,001
В цілому:	0,062 ± 0,009	4,86 ± 0,76	

Примітка. Напівжирним курсивом виділені значення, які були вірогідними після використання поправки Бонферроні

Свині господарства № 1 характеризуються найвищим рівнем генетичної унікальності – всіх тварин, що належали цьому господарству, було віднесено до своєї власної популяції. Тварини із господарств №№ 2 та 4, навпаки, характеризувалися найнижчим рівнем генетичної унікальності – лише 60,0% та 61,1% особин з цих популяцій, відповідно, було віднесено до власної популяції, а решту було класифіковано невірно.

У цілому, для тварин усіх досліджених господарств майже $\frac{3}{4}$ особин (74,3%) було вірно віднесено до власної популяції.

Результати Assignment-тесту для свиней великої білої породи із різних господарств на підставі мультилокусних генотипів за 12 локусами мікросателітів ДНК

Господарство	Віднесено до:	
	власної популяції	чужої популяції
№ 1	51 / 100,0%	0 / 0,0%
№ 2	30 / 60,0%	20 / 40,0%
№ 4	44 / 61,1%	28 / 38,9%
№ 5	28 / 84,8%	5 / 15,2%
В цілому	153 / 74,3%	53 / 25,7%

Це свідчить про відносно низький рівень генетичної унікальності тварин із різних господарств, що й можна було очікувати для свиней найбільш поширеної у світі породи.

Порода дюрок. Нами було проведено порівняльний аналіз рівня генетичної мінливості та генетичної диференціації між тваринами породи дюрок, що утримувалися у двох різних господарствах.

Найбільший рівень алельного різноманіття було зареєстровано за локусом *SW240* серед тварин із господарства №1 (10 алелів). Найменша кількість алелів була притаманна свиням із господарства № 2 за локусами *S0355* та *SW911* (по два алеля).

У цілому, середня кількість алелів за 12 проаналізованими локусами мікросателітів, була найбільшою у тварин із господарства № 1 ($5,25 \pm 0,605$ алелів) (табл. 3.35).

Рівень гетерозиготності варіював від 0,000 (для локусу *SW911*) до 1,000 (для локусу *SW72*) у тварин із господарства № 2. Середній рівень фактичної гетерозиготності був майже на одному рівні у тварин із різних господарств ($0,555 \pm 0,0600$ та $0,522 \pm 0,0966$, відповідно).

Таблиця 3.35

Показники генетичної мінливості свиней породи дюрок із двох господарств за 12 мікросателітними локусами

Господарство	Показник				
	<i>Na</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>
№ 1	5,25 ± 0,605	2,83 ± 0,355	0,555 ± 0,0600	0,588 ± 0,0472	0,062 ± 0,0643
№ 2	4,75 ± 0,538	2,60 ± 0,351	0,522 ± 0,0966	0,540 ± 0,0542	0,126 ± 0,1171

Очікувана гетерозиготність була дещо вищою, ніж фактична для обох досліджених популяцій свиней породи дюрок. Найвищого рівня цей показник досягав у тварин із господарства № 1 ($0,588 \pm 0,0472$).

Індекс фіксації в цілому для всіх вивчених мікросателітних локусів мав позитивний знак і хоча був вищим у тварин із господарства № 2, але несуттєво переважав нуль в обох випадках ($0,062 \pm 0,0643$ та $0,126 \pm 0,1171$, відповідно). Це свідчить про низький рівень ступеня інбридингу серед досліджених тварин.

У таблиці 3.36 наведено частоти алелів 12 мікросателітних локусів у свиней породи дюрок різних господарств.

Таблиця 3.36

Частоти алелів 12 локусів мікросателітів ДНК у свиней породи дюрок різних господарств

Локус	Алель	Господарство		Локус	Алель	Господарство	
		№1	№2			№1	№2
1	2	3	4	5	6	7	8
SW24	93	0,171	0,028	SW240	91	0,038	0,000
	95	0,071	0,194		93	0,262	0,156
	99	0,043	0,000		95	0,215	0,375
	101	0,236	0,222		97	0,092	0,156
	107	0,229	0,056		99	0,000	0,031

Продовження табл. 3.36

1	2	3	4	5	6	7	8	
<i>SW24</i>	109	0,000	0,056	<i>SW240</i>	105	0,008	0,000	
	113	0,007	0,194		107	0,223	0,031	
	115	0,007	0,000		109	0,115	0,250	
	117	0,236	0,250		111	0,031	0,000	
<i>S0155</i>	148	0,007	0,000	<i>SW857</i>	113	0,008	0,000	
	154	0,543	0,167		123	0,008	0,000	
	156	0,007	0,028		145	0,000	0,028	
	158	0,093	0,000		147	0,099	0,056	
	160	0,343	0,111		149	0,592	0,528	
	162	0,007	0,694		153	0,310	0,250	
<i>SW72</i>	103	0,514	0,389	<i>S0101</i>	155	0,000	0,111	
	105	0,042	0,000		157	0,000	0,028	
	111	0,007	0,139		207	0,097	0,083	
	113	0,345	0,250		209	0,889	0,806	
	115	0,092	0,167		213	0,014	0,111	
	125	0,000	0,028		<i>SW936</i>	97	0,000	0,056
	131	0,000	0,028			99	0,000	0,028
<i>SW951</i>	98	0,000	0,028	<i>SW911</i>	105	0,204	0,194	
	108	0,000	0,028		111	0,542	0,611	
	120	0,458	0,444		113	0,254	0,111	
	122	0,028	0,167		157	0,395	0,000	
	124	0,007	0,000		159	0,145	0,000	
	126	0,359	0,250		163	0,211	0,143	
	128	0,134	0,083		165	0,000	0,857	
	132	0,014	0,000		169	0,026	0,000	
<i>S0386</i>	166	0,070	0,000	<i>S0228</i>	171	0,224	0,000	
	174	0,070	0,000		254	0,000	0,028	
	176	0,695	0,639		256	0,000	0,028	

Продовження табл. 3.36

1	2	3	4	5	6	7	8
<i>S0386</i>	184	0,164	0,333	<i>S0228</i>	258	0,056	0,028
	186	0,000	0,028		260	0,599	0,806
<i>S0355</i>	243	0,015	0,000		262	0,000	0,028
	245	0,689	0,000		264	0,183	0,000
	247	0,189	0,731		266	0,063	0,056
	257	0,008	0,000		270	0,000	0,028
	259	0,098	0,269	276	0,099	0,000	

Виявлено суттєві відмінності у розподілі за частотою певних алелів у тварин. Хоча, найчастіше, одні й ті ж найбільш поширені алелі зустрічаються у тварин різних господарств. Наприклад, за локусом *SW24* найбільш поширеним є алель *SW24¹⁰¹* та алель *SW24¹¹⁷*.

Натомість, для інших локусів спостерігається протилежна ситуація – в обох досліджених господарствах домінують за частотою різні алелі. Наприклад, за локусом *S0155* у тварин із господарства № 1 найвища частота притаманна алелю *S0155¹⁵⁴* (0,543), водночас як у тварин із господарства № 2 найвищу частоту має алель *S0155¹⁶²* (0,694).

При цьому, нами було відмічено, що частина алелів були унікальними, тобто, зустрічалися лише у тварин лише з одного певного господарства. Найбільшу кількість унікальних алелів було відмічено серед тварин із господарства № 1 (23 алеля), при тому, що у тварин із господарства № 2 таких алелів було 17.

У цілому, всі відмінності у характері розподілу алелів призводять до формування суттєвих генетичних відмінностей між тваринами породи дюрок, що утримувалися у різних господарствах.

В табл. 3.37 наведено оцінки показників генетичної диференціації (*Fst*) та потоку генів (*Nm*) між свинями із обох господарств для 12 локусів мікросателітів ДНК.

Виявлено, що за половиною із досліджених мікросателітних локусів відмічаються вірогідні значення індексу генетичної диференціації, водночас за рештою – свині із різних господарств виявилися генетично подібними. В цілому, для 12 локусів мікросателітів ДНК значення індексу генетичної диференціації між тваринами із обох господарств становить $Fst = 0,098 \pm 0,039$. Середнє значення потоку генів – $10,61 \pm 2,40$ особин за одну генерацію.

Таблиця 3.37

Показники генетичної диференціації (Fst) та потоку генів (Nm) між свинями породи дюрок із різних господарств для 12 локусів мікросателітів ДНК

Локус	Показник		
	Fst	Nm	p
SW24	0,032	7,564	0,005
S0155	0,243	0,780	0,001
SW72	0,019	13,160	0,074
SW951	0,013	18,902	0,210
S0386	0,022	11,291	0,200
S0355	0,314	0,547	0,001
SW240	0,031	7,852	0,026
SW857	0,010	25,358	0,321
S0101	0,015	16,035	0,160
SW936	0,012	20,233	0,175
SW911	0,332	0,503	0,001
S0228	0,046	5,194	0,012
В цілому:	$0,098 \pm 0,039$	$10,61 \pm 2,40$	

Примітка. Напівжирним курсивом виділено значення p для локусів, за якими тварини вірогідно відрізняються за частотами алелів

У табл. 3.38 наведено результати Assignment-тесту для свиней породи дюррок із двох господарств на підставі мультилокусних генотипів за 12 локусами мікросателітів ДНК.

У цілому, для досліджених тварин відмічається дуже високий рівень генетичної унікальності тварин; точність віднесення до власної популяції становить 98,6% та 100,0% для тварин із двох господарств, відповідно.

Певно, це є наслідком різного спрямування селекції свиней даної породи в господарствах, зокрема відмінностей щодо інтродукції зарубіжного генетичного матеріалу.

Таблиця 3.38

Результати Assignment-тесту свиней породи дюррок із різних господарств на підставі мультилокусних генотипів за 12 локусами мікросателітів ДНК

Господарство	Віднесено до:	
	власної популяції	чужої популяції
№ 1	72 / 98,6%	1 / 1,4%
№ 2	18 / 100,0%	0 / 0,0%
В цілому	90 / 98,9%	1 / 1,1%

За чистопородного розведення доцільним є проведення оцінки ступеня генетичної диференціації між різними структурними елементами породи, зокрема родинами. Зважаючи на це, нами було проведено оцінку генетичної структури різних родин свиней породи дюррок.

У результаті дослідження встановлено, що у середньому в одному локусі мікросателітів у свиноматок різних родин було відмічено від 2,667 (Мика) до 4,333 (Ронала) алелів (табл. 3.39).

Ефективна кількість алелів коливалася у значно вужчому діапазоні – 2,131-2,836. Мінімальне та максимальне значення даного показника також було відмічено у родин Мики та Ронали відповідно.

Таблиця 3.39

Показники генетичного різноманіття різних родин за всіма дослідженими локусами мікросателітів ДНК

Родина	Показник				
	<i>Na</i>	<i>Ae</i>	<i>Hobs</i>	<i>Hexp</i>	<i>Fis</i>
Булдера	4,167±0,423	2,637±0,324	0,572±0,070	0,551±0,055	-0,015±0,066
Коломбуца	2,917±0,193	2,282±0,196	0,550±0,080	0,518±0,049	-0,061±0,102
Моргула	3,750±0,494	2,501±0,422	0,524±0,083	0,506±0,064	-0,029±0,085
Ронала	4,333±0,414	2,836±0,309	0,591±0,059	0,599±0,044	0,023±0,062
Тарзанка	4,000±0,444	2,798±0,331	1,097±0,110	0,590±0,045	0,065±0,120
Хампа	3,417±0,229	2,296±0,253	0,519±0,078	0,510±0,048	-0,002±0,104
Мика	2,667±0,225	2,131±0,180	0,507±0,086	0,483±0,055	-0,051±0,140

У п'яти із досліджених родин виявлено переважання фактичної гетерозиготності над очікуваною, а у родин Ронали та Тарзанки відмічено дефіцит гетерозигот. Приватні алелі виявлено у п'яти родин: Булдера, Тарзанка та Хампа – по 2; Ронала – 5; Моргула – 1 (табл. 3.40).

Таблиця 3.40

Приватні алелі локусів мікросателітів у різних родин свиноматок

Родина	Локус	Алель	Частота
Булдера	<i>SW951</i>	124	0,031
Булдера	<i>SW240</i>	105	0,033
Моргула	<i>SW240</i>	123	0,045
Ронала	<i>SW24</i>	115	0,036
Ронала	<i>S0155</i>	148	0,036
Ронала	<i>S0155</i>	156	0,036
Ронала	<i>SW72</i>	111	0,036
Ронала	<i>S0355</i>	243	0,083
Тарзанка	<i>SW24</i>	113	0,045
Тарзанка	<i>SW240</i>	113	0,050
Хампа	<i>S0155</i>	162	0,063
Хампа	<i>S0355</i>	257	0,083

Із всіх виявлених приватних алелів по три належать до локусів *SW240* та *S0155*, по два – до локусів *S0355* та *SW24* та по одному – до локусів *SW72* та *SW951*.

Виявлені особливості алельних профілів кожної із родин можуть бути підґрунтям для визначення маркерних алелей, які можна було б використовувати при подальшій поглибленій племінній роботі, а також для генетичної ідентифікації та підтвердження походження тварин.

У результаті перевірки частот генотипів кожної з родин та стада породи дюрок в цілому відповідності стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга встановлено, що в цілому у популяції свиней породи дюрки племінного заводу ПАТ «Племзавод «Степной» по восьми локусах із 12 досліджених не виявлено вірогідного відхилення (табл. 3.41).

Таблиця 3.41

Результати тесту на відповідність генетичній рівновазі Гарді-Вайнберга

Родина	Локус МС-ДНК											
	<i>SW24</i>	<i>S0155</i>	<i>SW72</i>	<i>SW951</i>	<i>S0386</i>	<i>S0355</i>	<i>SW240</i>	<i>SW857</i>	<i>S0101</i>	<i>SW936</i>	<i>SW911</i>	<i>S0228</i>
Булдера	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	**	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
Колумбуса	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
Моргула	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	**
Ронала	<i>ns</i>	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
Тарзанка	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
Хампа	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
Мика	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>M</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
В цілому	<i>ns</i>	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***	***	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	***

У тварин родини Мики взагалі не виявлено вірогідного відхилення від стану генетичної рівноваги по жодному із локусів, у родин Булдери,

Коломбуси та Моргули відхилення від стану генетичної рівноваги відмічено по одному із досліджених локусів – *S0355* ($p < 0,01$), *SW24* ($p < 0,05$) та *S0228* ($p < 0,01$) відповідно. У родин Ронали, Тарзанки та Хампи вірогідне відхилення від стану генетичної рівноваги виявлено за двома локусами.

Для більш детального уявлення про характер філогенетичних зв'язків між різними родинами нами було проведено визначення генетичних дистанцій та генетичної подібності між ними. В результаті проведеного розрахунку генетичних дистанцій за М. Nei [459] встановлено, що найбільш генетично диференційованими між собою є родини Мики та Коломбуси, а найбільш подібними – Ронали та Булдери (табл. 3.42).

Таблиця 3.42

Генетичні дистанції між різними родинами свиноматок

Родина	Родина					
	Булдера	Коломбуса	Моргула	Ронала	Тарзанка	Хампа
Булдера	0,000					
Коломбуса	0,128	0,000				
Моргула	0,069	0,156	0,000			
Ронала	0,040	0,124	0,075	0,000		
Тарзанка	0,101	0,104	0,148	0,098	0,000	
Хампа	0,079	0,135	0,118	0,077	0,073	0,000
Мика	0,138	0,196	0,186	0,113	0,158	0,134

Отже, різні родини свиней породи дюрок характеризуються певними особливостями генетичних профілів локусів мікросателітів ДНК. Свідченням цього є наявність приватних алелів, а також різниці у ступені гетерозиготності. Найбільш генетично диференційованими між собою є родини Мики та Коломбуси, а найбільш подібними – Ронали та Булдери.

Українська м'ясна порода. Нами було проведено порівняльний аналіз рівня генетичної мінливості та генетичної диференціації між тваринами породи УМ, що утримувалися у двох різних господарствах.

Найбільший рівень алельного різноманіття було зареєстровано за локусом *SW24*, найменша кількість алелів була відмічена за локусом *SW951* (чотири алеля) із господарства № 2. У цілому, середні показники кількості алелів, ефективною кількості алелів, фактичної та очікуваної гетерозиготності, а також індексу фіксації за 12 проаналізованими локусами мікросателітів майже не відрізнялися у тварин із різних господарств (табл. 3.43).

Таблиця 3.43

Показники генетичної мінливості свиней породи УМ із двох господарств за 12 мікросателітними локусами

Господарство	Показник				
	<i>Na</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>
№ 1	7,25 ± 0,446	3,64 ± 0,257	0,674 ± 0,0356	0,706 ± 0,0266	0,043 ± 0,0363
№ 2	7,00 ± 0,603	3,55 ± 0,273	0,664 ± 0,0333	0,698 ± 0,0253	0,046 ± 0,0405

Рівень гетерозиготності варіював від 0,431 (для локусу *SW951*) у тварин із господарства № 2 до 0,838 (для локусу *SW936*) у тварин із господарства № 1. Середній рівень фактичної гетерозиготності був майже на одному рівні у тварин із різних господарств ($0,674 \pm 0,0356$ та $0,664 \pm 0,0333$, відповідно).

Очікувана гетерозиготність суттєво не переважала фактичну для обох досліджених популяцій свиней породи УМ. Відповідно, індекс фіксації в цілому для всіх вивчених мікросателітних локусів мав позитивний знак і не вірогідно переважав нуль в обох випадках ($0,043 \pm 0,0363$ та $0,046 \pm 0,0405$, відповідно). Це свідчить про низький рівень ступеня інбридингу серед досліджених тварин, як і у випадку зі свинями породи дюрк.

У таблиці 3.44 наведено частоти алелів 12 мікросателітних локусів свиней породи УМ різних господарств. Відмічено суттєві відмінності розподілу частот певних алелів тварин.

Таблиця 3.44

**Частоти алелів 12 локусів мікросателітів ДНК у свиней породи УМ
із різних господарств**

Локус	Алель	Господарство		Локус	Алель	Господарство	
		№1	№2			№1	№2
1	2	3	4	5	6	7	8
SW24	93	0,075	0,020	S0386	166	0,123	0,052
	95	0,048	0,090		170	0,006	0,104
	101	0,075	0,090		174	0,422	0,229
	105	0,000	0,020		176	0,351	0,510
	107	0,281	0,250		180	0,058	0,052
	109	0,233	0,070		184	0,039	0,052
	111	0,007	0,000	S0355	245	0,393	0,273
	113	0,240	0,100		247	0,207	0,273
	115	0,007	0,000		249	0,107	0,125
	117	0,027	0,330		251	0,007	0,148
	119	0,000	0,010		257	0,000	0,034
	123	0,000	0,010		259	0,247	0,114
	125	0,007	0,000		261	0,000	0,011
	131	0,000	0,010		271	0,020	0,023
S0155	148	0,266	0,255	273	0,020	0,000	
	154	0,013	0,112	SW240	91	0,019	0,115
	158	0,052	0,245		93	0,182	0,013
	160	0,357	0,245		95	0,422	0,436
	162	0,227	0,122		99	0,032	0,000
	164	0,039	0,020		101	0,006	0,026
	166	0,045	0,000		103	0,000	0,038

Продовження табл. 3.44

1	2	3	4	5	6	7	8	
<i>SW72</i>	99	0,007	0,000	<i>SW240</i>	105	0,097	0,115	
	101	0,000	0,030		107	0,084	0,077	
	103	0,260	0,460		109	0,058	0,013	
	105	0,147	0,090		111	0,026	0,103	
	107	0,007	0,000		113	0,071	0,064	
	111	0,260	0,100	<i>SW857</i>	139	0,195	0,085	
	113	0,153	0,220		147	0,149	0,351	
	115	0,160	0,100		149	0,409	0,447	
	119	0,007	0,000		151	0,052	0,000	
<i>SW951</i>	118	0,013	0,000		153	0,091	0,011	
	120	0,708	0,667		155	0,091	0,043	
	122	0,175	0,265		157	0,013	0,064	
	124	0,006	0,010	<i>SW911</i>	159	0,404	0,446	
	128	0,097	0,059		161	0,007	0,000	
<i>S0101</i>	193	0,000	0,010		163	0,137	0,214	
	195	0,039	0,082		165	0,000	0,232	
	207	0,039	0,010		167	0,021	0,000	
	209	0,513	0,541		169	0,384	0,054	
	211	0,143	0,173		173	0,000	0,018	
	213	0,221	0,184		175	0,014	0,000	
	215	0,045	0,000		177	0,034	0,018	
<i>SW936</i>	89	0,000	0,010		181	0,000	0,018	
	93	0,014	0,000		<i>S0228</i>	256	0,283	0,170
	95	0,034	0,020			258	0,125	0,230
	97	0,054	0,098			260	0,487	0,480
	99	0,378	0,324			264	0,013	0,020
	105	0,095	0,039			274	0,007	0,000
	109	0,000	0,020			276	0,086	0,100

Продовження табл. 3.44

1	2	3	4	5	6	7	8
SW936	111	0,243	0,431				
	113	0,041	0,029				
	117	0,142	0,029				

З одного боку, одні й ті ж найбільш поширені алелі зустрічаються у тварин різних господарств. Наприклад, за локусом *SW951* найбільш поширеним є алель *SW951^{I20}*; його частота у тварин із різних господарств становить 0,708 та 0,667, відповідно. Хоча, найчастіше одні і ті ж алелі є найбільш поширеними у тварин із різних господарств.

При цьому, нами було відмічено, що частина алелів були унікальними, тобто, зустрічалися лише у тварин лише з одного певного господарства. Найбільшу кількість унікальних алелів було відмічено у тварин із господарства № 1 (17 алелів). У тварин із господарства № 2 таких алелів було 14.

Загалом, всі відмінності характеру розподілу алелів призводять до формування суттєвих генетичних відмінностей між тваринами породи УМ, що утримувалися у різних господарствах.

У таблиці 3.45 наведено оцінки показників генетичної диференціації (F_{st}) та потоку генів (Nm) між свинями породи УМ із обох господарств для 12 локусів мікросателітів ДНК.

За більшістю досліджених мікросателітних локусів відмічаються вірогідні значення індексу генетичної диференціації (виключення складають лише локуси *SW951*, *S0101* та *S0228*).

У цілому, для 12 локусів мікросателітів ДНК значення індексу генетичної диференціації між тваринами із обох господарств відносно низьке і становить $F_{st} = 0,024 \pm 0,004$. Середнє значення потоку генів становить $20,11 \pm 6,39$ особин за одну генерацію.

Показники генетичної диференціації (*Fst*) та потоку генів (*Nm*) між свинями породи УМ із різних господарств для 12 локусів мікросателітів ДНК

Локус	Показник		
	<i>Fst</i>	<i>Nm</i>	<i>p</i>
<i>SW24</i>	0,043	5,51	0,001
<i>S0155</i>	0,023	10,45	0,002
<i>SW72</i>	0,025	9,66	0,001
<i>SW951</i>	0,006	41,44	0,196
<i>S0386</i>	0,028	8,68	0,003
<i>S0355</i>	0,019	13,06	0,017
<i>SW240</i>	0,016	15,46	0,015
<i>SW857</i>	0,024	10,39	0,001
<i>S0101</i>	0,003	82,17	0,592
<i>SW936</i>	0,019	12,78	0,003
<i>SW911</i>	0,059	3,97	0,001
<i>S0228</i>	0,009	27,72	0,132
В цілому:	0,024 ± 0,004	20,11 ± 6,39	

Примітка. Напівжирним курсивом виділено значення *p* для локусів, за якими тварини вірогідно відрізняються за частотами алелів

В таблиці 3.46 наведено результати Assignment-тесту для свиней породи УМ із двох господарств на підставі мультилокусних генотипів за 12 локусами мікросателітів ДНК.

У цілому, для досліджених тварин відмічається відносно високий рівень генетичної унікальності тварин; точність віднесення до власної популяції складає 92,2% та 90,2% для тварин із двох господарств, відповідно. Лише 11 тварин (із 128 досліджених) було помилково віднесено до власної популяції.

Результати Assignment-тесту для свиней породи УМ із різних господарств на підставі мультилокусних генотипів за 12 локусами мікросателітів ДНК

Господарство	Віднесено до:	
	власної популяції	чужої популяції
№ 1	71 / 92,2%	6 / 7,8%
№ 2	46 / 90,2%	5 / 9,8%
В цілому	117 / 91,4%	11 / 8,6%

Певно, це є результатом особливостей та якості селекційно-племінної роботи зі свинями даної породи в господарствах.

3.2.4. Генетична мінливість за мікросателітними локусами серед помісних тварин

Нами було проведено порівняльний аналіз рівня генетичної мінливості та генетичної диференціації між тваринами великої білої породи, породи ландрас та помісями, отриманими на їх основі (ВБ × Л), що утримувалися в господарстві № 8. Оскільки мікросателітні локуси мають нейтральний характер, то можна було очікувати, що помісні тварини будуть проявляти проміжний рівень генетичного різноманіття між двома батьківськими породами.

Алельне різноманіття було вищим у тварин породи ВБ (10-16 алелів на локус). У тварин породи ландрас кількість алелів на локус варіювала від 5 до 13. Помісні тварини характеризувалися майже таким же рівнем алельного різноманіття, як і тварини породи ландрас (5-11 алелів на локус).

У цілому, середня кількість алелів за 12 проаналізованими локусами мікросателітів була найбільшою у свиней великої білої породи ($13,17 \pm 0,851$). Свині породи ландрас мали дещо нижчу оцінку середньої кількості

алелів ($9,00 \pm 0,798$). Водночас, помісні тварини характеризувалися найнижчим рівнем алельного різноманіття ($6,83 \pm 1,072$) (табл. 3.47).

Таблиця 3.47

Показники генетичної мінливості свиней порід велика біла і ландрас та їх помісей за 12 мікросателітними локусами

Порода	Показник				
	<i>Na</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>
ВБ	13,17 $\pm 0,851$	5,14 $\pm 0,466$	0,623 $\pm 0,0220$	0,789 $\pm 0,0172$	0,210 $\pm 0,0240$
Л	9,00 $\pm 0,798$	3,29 $\pm 0,330$	0,578 $\pm 0,0480$	0,662 $\pm 0,0345$	0,133 $\pm 0,0459$
ВБ \times Л	6,83 $\pm 1,072$	3,24 $\pm 0,551$	0,501 $\pm 0,0763$	0,603 $\pm 0,0832$	0,169 $\pm 0,0463$

Але за показником ефективної кількості алелів свині породи ландрас та помісні тварини характеризувалися майже однаковими значеннями ($3,29 \pm 0,330$ та $3,24 \pm 0,551$ алелів на локус).

Фактична гетерозиготність варіювала в дуже значних межах, але ці межі були майже однакові для тварин різних порід та їх помісей (для ВБ: 0,492-0,797; для Л: 0,412-0,814; для (ВБ \times Л): 0,444-0,898).

У цілому, очікувана гетерозиготність була вищою, ніж фактична, тому в більшості випадків (як для різних порід, так й для різних локусів) значення індексу фіксації було додатнім. Найбільшою мірою дефіцит гетерозиготності був характерним для тварин породи ВБ (для 12 локусів у середньому: $Fis = 0,210 \pm 0,0240$). Для свиней породи ландрас ця оцінка була нижчою, але також вірогідно переважала нуль ($0,133 \pm 0,0459$). Помісні тварини характеризувалися майже аналогічним рівнем рівня гетерозиготності ($0,169 \pm 0,0463$).

На рис. 3.23-3.24 наведено алельні профілі за 10 мікросателітними локусами тварин порід велика біла, ландрас та їх помісей.

Відмічено суттєві відмінності у розподілі за частотою певних алелів у тварин. У більшості випадків проявляється нейтральний характер

успадкування мікросателітів ДНК, особливо, для алелів, що мають відносно високу частоту.

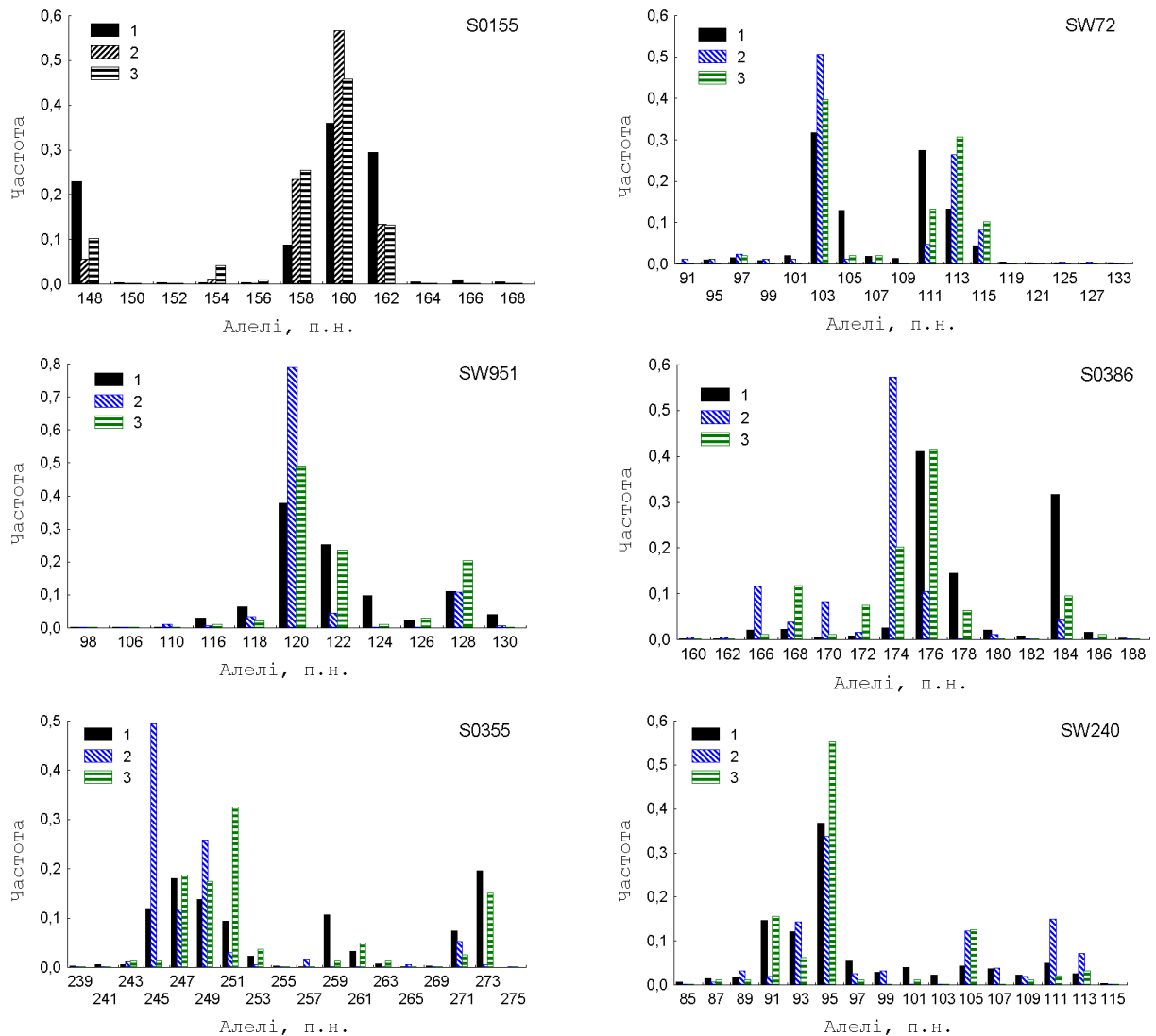


Рис. 3.23. Алельні профілі мікросателітних локусів *S0155*, *SW72*, *SW951*, *S0386*, *S0355* та *SW240* свиней різних порід (1 – ВБ; 2 – Л; 3 – ВБ × Л)

Наприклад, частота алеля *S0155*¹⁶⁰ у тварин породи ВБ становить 0,359, у тварин породи ландрас – 0,567, водночас, у помісних свиней частота цього алеля має проміжне значення – 0,459. Аналогічна ситуація і стосовно другого за частотою алеля цього локуса (0,229, 0,056 та 0,102, відповідно).

У деяких випадках, частота алеля у помісних тварин близька до величини, що характерна для однієї з батьківських порід. Наприклад, частота алеля *S0155*¹⁶² у тварин породи ВБ, ландрас та їх помісей становила 0,294,

0,133 та 0,133, відповідно; частота алеля $SW951^{I22}$ у тварин породи ВБ, ландрас та їх помісей – 0,253, 0,045 та 0,235, відповідно.

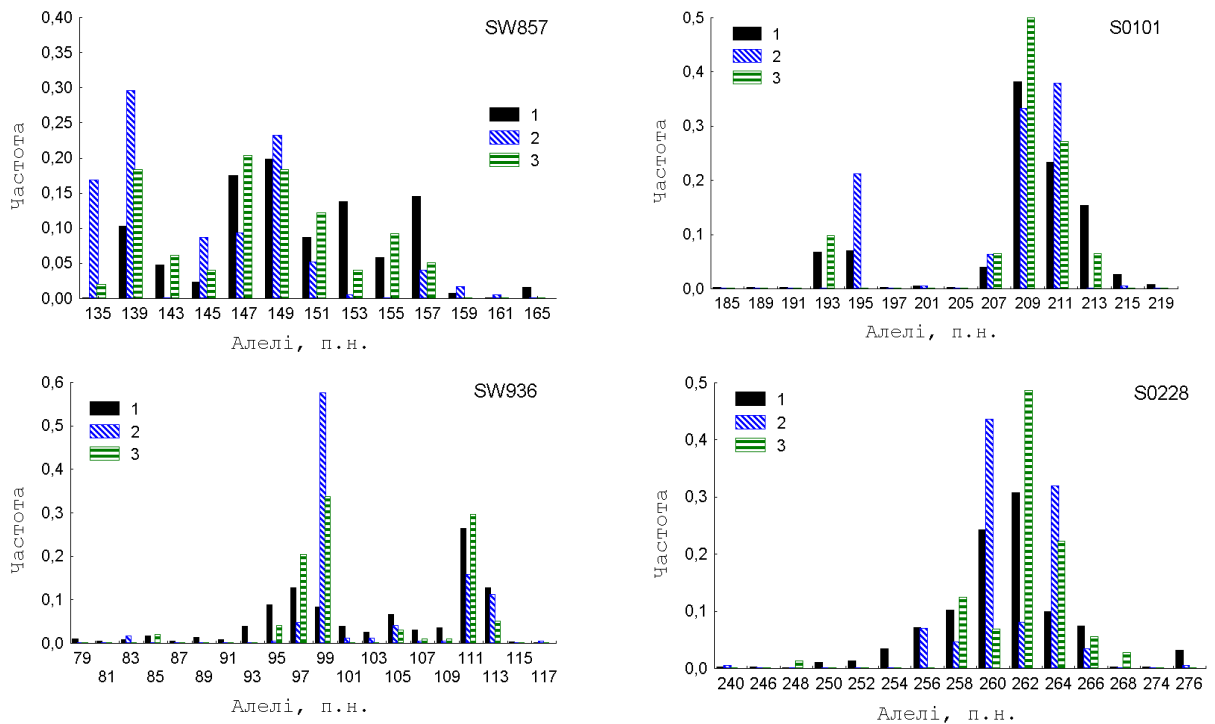


Рис. 3.24. Алельні профілі за мікросателітними локусами $SW857$, $S0101$, $SW936$ та $S0228$ у свиней різних порід (1 – ВБ; 2 – Л; 3 – ВБ × Л)

Водночас, дуже рідко, але зустрічаються випадки, коли частота алеля у помісних тварин значно переважає його частоту у тварин батьківських порід. Це, наприклад, відмічено для алеля $S0355^{251}$ – його частота у тварин породи ВБ, ландрас та їх помісей складає 0,094, 0,025 та 0,325, відповідно.

Стосовно кількості унікальних (тобто, в даному випадку, породно-специфічних) алелів, відмічено дуже цікаву залежність. Найбільшу кількість унікальних алелів було відмічено серед тварин порід ВБ (49 алелів) та ландрас (13 алелів). При цьому, у помісних тварин було зареєстровано лише один унікальний алель – решта алелів були спільними із тваринами обох «батьківських» порід (табл. 3.48).

В цілому, всі відмінності у характері розподілу алелів призводять до формування суттєвої генетичної диференціації між чистопородними та помісними тваринами.

**Унікальні алелі, відмічені для локусів мікросателітів ДНК свиней порід
велика біла, ландрас та їх помісей**

Локус	Порода, породність		
	ВБ	Л	ВБ × Л
<i>SW24</i>	103, 115, 121, 125	91, 93, 99, 101	na
<i>S0155</i>	150, 152, 164, 166, 168	-	-
<i>SW72</i>	109, 119, 121, 133	91, 127	-
<i>SW951</i>	98, 106	110	-
<i>S0386</i>	182, 188	160, 162	-
<i>S0355</i>	239, 241, 255, 269, 275	257, 265	-
<i>SW240</i>	85, 103, 115	-	-
<i>SW857</i>	165	161	-
<i>S0101</i>	185, 189, 191, 197, 205, 219	-	-
<i>SW936</i>	79, 81, 87, 89, 91, 93, 115	117	-
<i>SW911</i>	157, 161, 167, 177, 181	-	na
<i>S0228</i>	246, 250, 252, 254, 274	-	248
В цілому	49	13	1

Примітка. na – дані відсутні.

В табл. 3.49 наведено оцінки показників генетичної диференціації (*Fst*) та потоку генів (*Nm*) між свинями порід ВБ, ландрас та їх помісями за локусами мікросателітів ДНК.

Встановлено суттєвий рівень генетичної диференціації між різними групами тварин за всіма локусами (за виключенням локусу *SW240*).

В цілому, для 10 локусів мікросателітів ДНК, що було включено до аналізу, значення індексу генетичної диференціації між дослідними тваринами складає $Fst = 0,057 \pm 0,010$, а середнє значення потоку генів – $5,53 \pm 0,91$ особин за одну генерацію.

Таблиця 3.49

Показники генетичної диференціації (*Fst*) та потоку генів (*Nm*) між свинями порід велика біла, ландрас та їх помісями для 10 локусів мікросателітів ДНК

Локус	<i>Fst</i>	<i>Nm</i>	<i>p</i>
<i>S0155</i>	0,035	6,99	0,005
<i>SW72</i>	0,032	7,52	0,005
<i>SW951</i>	0,069	3,39	0,001
<i>S0386</i>	0,121	1,81	0,001
<i>S0355</i>	0,085	2,70	0,001
<i>SW240</i>	0,026	9,35	0,070
<i>SW857</i>	0,027	9,05	0,001
<i>S0101</i>	0,031	7,84	0,007
<i>SW936</i>	0,065	3,62	0,001
<i>S0228</i>	0,077	2,99	0,001
В цілому:	0,057 ± 0,010	5,53 ± 0,91	

Примітка. Напівжирним курсивом виділені значення, які були вірогідними після використання поправки Бонферроні.

В таблиці 3.50 наведено результати Assignment-тесту для свиней порід ВБ, ландрас та їх помісей на підставі мультилокусних генотипів за 10 локусами мікросателітів ДНК.

Таблиця 3.50

Результати Assignment-тесту для свиней порід велика біла, ландрас та їх помісей на підставі мультилокусних генотипів 10 локусів мікросателітів ДНК

Порода	Віднесено до:	
	власної популяції	чужої популяції
ВБ	181 / 87,9%	25 / 12,1%
Л	75 / 83,3%	15 / 16,7%
ВБ × Л	37 / 75,5%	12 / 24,5%
В цілому	293 / 84,9%	52 / 15,1%

У цілому, для досліджених тварин відмічається відносно суттєвий рівень генетичної унікальності тварин; точність віднесення до власної популяції становить 87,9% для тварин породи ВБ, 83,3% – для породи ландрас та лише 75,5% – для помісних тварин. Останній показник може бути пояснений тим, що помісні тварини мають спільні мультилокусні генотипи (повністю або частково) із тваринами батьківських порід, що призводить до зниження частоти їх правильного віднесення до власної групи.

Зважаючи на те, що помісні тварини були представлені свиноматками, припускаємо, що зміна частот окремих алелів відносно батьківських форм може бути наслідком селекції, спрямованої на підвищення показників відтворювальних ознак.

3.3. Аналіз впливу генетичної мінливості мікросателітних локусів на показники відтворювальних ознак свиноматок

Нами було проаналізовано зв'язок між показниками відтворювальних ознак свиноматок двох порід – ВБ та УМ (в середньому за 1-5-й опороси) та наявністю або відсутністю у їх індивідуальному генотипі певних алелів досліджених локусів мікросателітів ДНК.

3.3.1. Велика біла порода

Локус SW24. Найбільш поширеними у досліджуваних особин були три алеля – $SW24^{107}$, $SW24^{109}$ та $SW24^{113}$. Нами було встановлено, що особини, що мали в генотипі різні алелі, вірогідно відрізняються за рівнем багатоплідності ($F = 2,74$; $df_1 = 2$; $df_2 = 71$; $p = 0,041$). Так, особини, що мали в генотипі алель $SW24^{107}$ мали 9,25 живих поросят при народженні, тоді як особини, що мали в генотипі алелі $SW24^{109}$ та $SW24^{113}$, характеризувалися більш високими показниками багатоплідності (10,10-10,30 поросят).

Характерно, що дану залежність було відмічено лише у тварин із господарства № 1. Водночас, у свиноматок, що утримувалися в господарстві

№ 4, вірогідного зв'язку між відтворювальними якостями та генотипом за локусом встановлено не було (рис. 3.25).

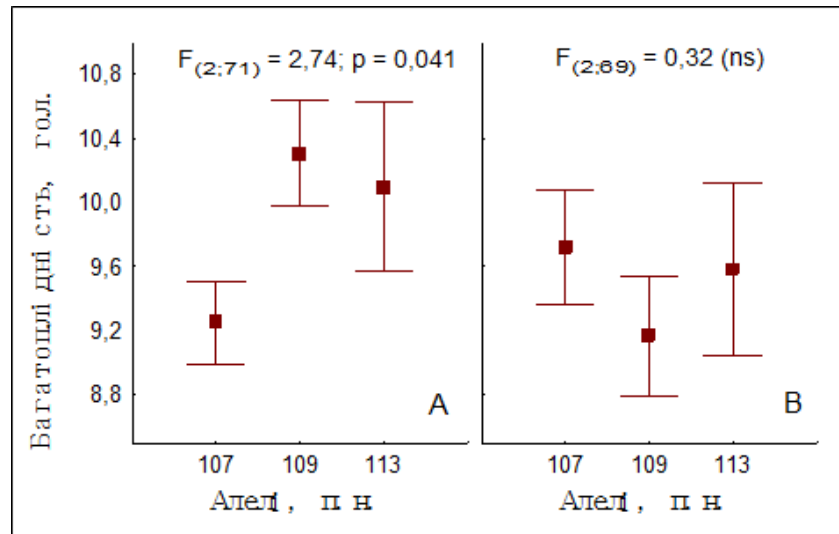


Рис. 3.25. Багатоплідність свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу *SW24*

(А – господарство № 1; В – господарство № 4)

Локус *SW72*. Найбільш поширеними у досліджуваних особин були п'ять алелів – *SW72*¹⁰³, *SW72*¹⁰⁵, *SW72*¹¹¹, *SW72*¹¹³ та *SW72*¹¹⁵. Нами було встановлено, що особини з господарства № 4, що мали в генотипі різні алелі, вірогідно відрізняються за рівнем багатоплідності ($F = 3,47$; $df_1 = 4$; $df_2 = 112$; $p = 0,041$) та кількості поросят при відлученні ($F = 3,05$; $df_1 = 4$; $df_2 = 110$; $p = 0,003$). Так, багатоплідність особин, які мали в генотипі алель *SW72*¹⁰³ становила 10,42 гол., при тому, що ті тварини, які мали в генотипі будь-який із решти алелів, характеризувалися більш низькими показниками багатоплідності (8,59-9,19 поросят) (рис. 3.26).

Аналогічно, у свиноматок із алелем *SW72*¹⁰³ середня кількість поросят при відлученні складала 9,27 особин, тоді як у тварин із іншими алелями в генотипі значення цього показника варіювала в межах 7,32-8,52 поросяти.

Характерно, що алель *SW72*¹⁰³ був маркером більш високих показників відтворювальних якостей у свиней великої білої породи незалежно від їх умов утримання.

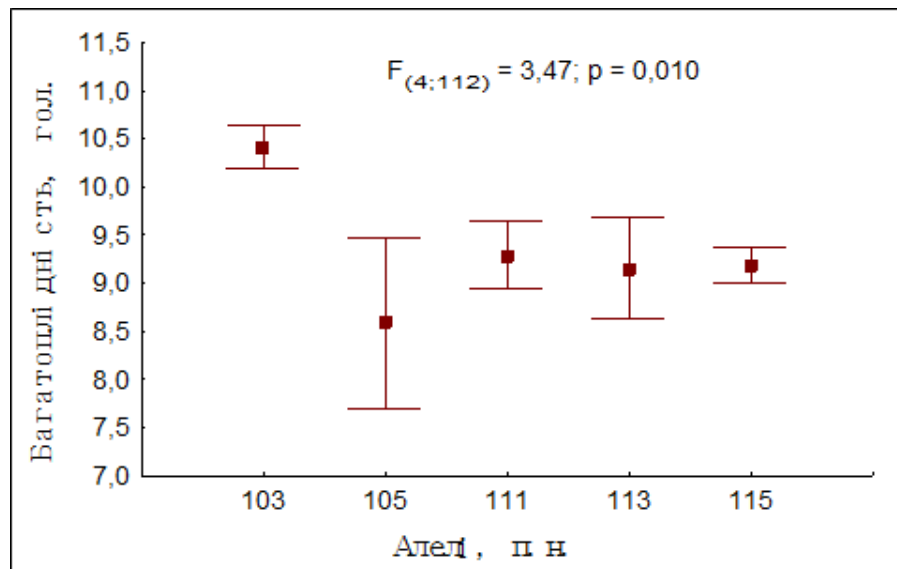


Рис. 3.26. Багатоплідність свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу *SW72* (господарство №4)

І хоча для свиноматок із господарства № 1 відмічається лише деяка тенденція до збільшення рівня багатоплідності у тварин, що мали в генотипі цей алель, для свиноматок із господарства № 4 різниця між тваринами, що мають та не мають в генотипі алель *SW72*¹⁰³ за показником багатоплідності, була вірогідною на другому рівні значущості (рис. 3.27).

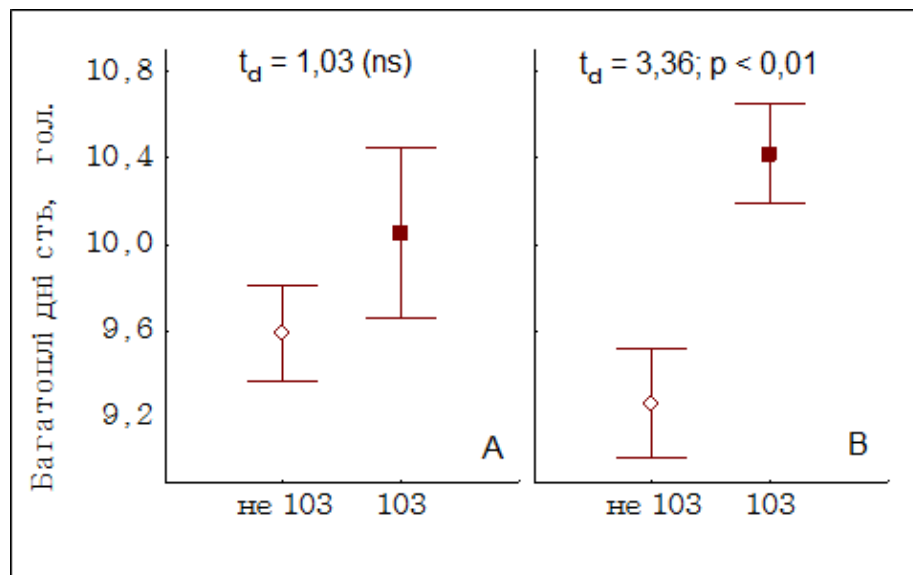


Рис. 3.27. Багатоплідність свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу *SW72* (А – господарство №1; В – господарство №4)

Локус SW951. Найбільш поширеними у досліджуваних особин були чотири алеля – $SW951^{120}$, $SW951^{122}$, $SW951^{124}$ та $SW951^{128}$. Нами було встановлено, що свиноматки з господарства № 1, які мали в генотипі різні алелі, вірогідно відрізнялися за загальною кількістю поросят при народженні ($F = 3,38$; $df_1 = 3$; $df_2 = 72$; $p = 0,023$). Так, особини, що мали в генотипі алель $SW951^{122}$ мали найменшу загальну кількість поросят при народженні (10,05 гол.). Водночас, які мали в генотипі будь-який з решти алелів, характеризувалися більш високими оцінками показника (11,03-11,68 гол.).

Залежності, що було відмічено стосовно зв'язку між наявністю в генотипі тварин алеля $SW951^{122}$ та загальною кількістю поросят при народженні, притаманні лише свиноматкам із господарства № 1, при тому, що у тварин із господарства № 4 подібний зв'язок відмічено не було (рис. 3.28).

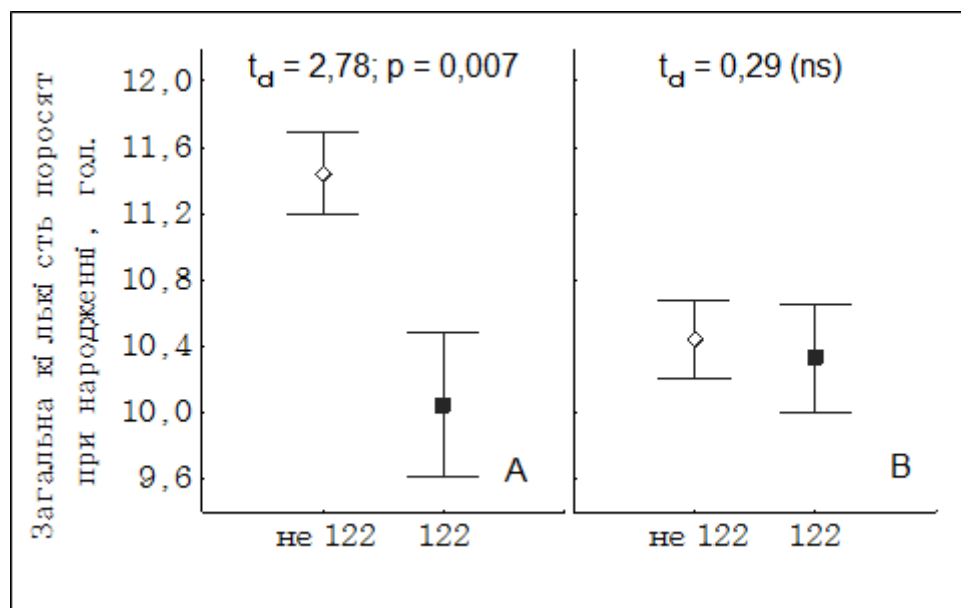


Рис. 3.28. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу *SW951* (А – господарство №1; В – господарство №4)

Водночас, у свиноматок із господарства № 4 було відмічено вірогідний зв'язок між наявністю / відсутністю в генотипі певних алелів та продуктивністю свиноматок, але цей вплив було встановлено на середню

кількість поросят при відлученні ($F = 3,44$; $df_1 = 3$; $df_2 = 113$; $p = 0,019$). Тварини із алелем $SW951^{128}$ в генотипі характеризувалися найнижчою кількістю поросят при відлученні (7,22 поросят), при тому, що тварини, в генотипі яких зустрічалися інші алелі, характеризувалися більш високими показниками (8,43-9,27 поросят).

Локус S0386. Найбільш поширеними у особин були чотири алеля – $S0386^{174}$, $S0386^{176}$, $S0386^{178}$ та $S0386^{184}$. Нами було встановлено, що особини з господарства № 4, що мали в генотипі різні алелі, вірогідно відрізняються за загальною кількістю поросят при народженні ($F = 6,26$; $df_1 = 3$; $df_2 = 111$; $p < 0,001$). Так, особини, що мали в генотипі алель $S0386^{178}$ мали найбільшу загальну кількість поросят при народженні (13,87 поросят), тоді як особини, що мали в генотипі будь-який з решти алелів, характеризувалися суттєво нижчими оцінками показника (10,10-10,80 поросят) (рис. 3.29).

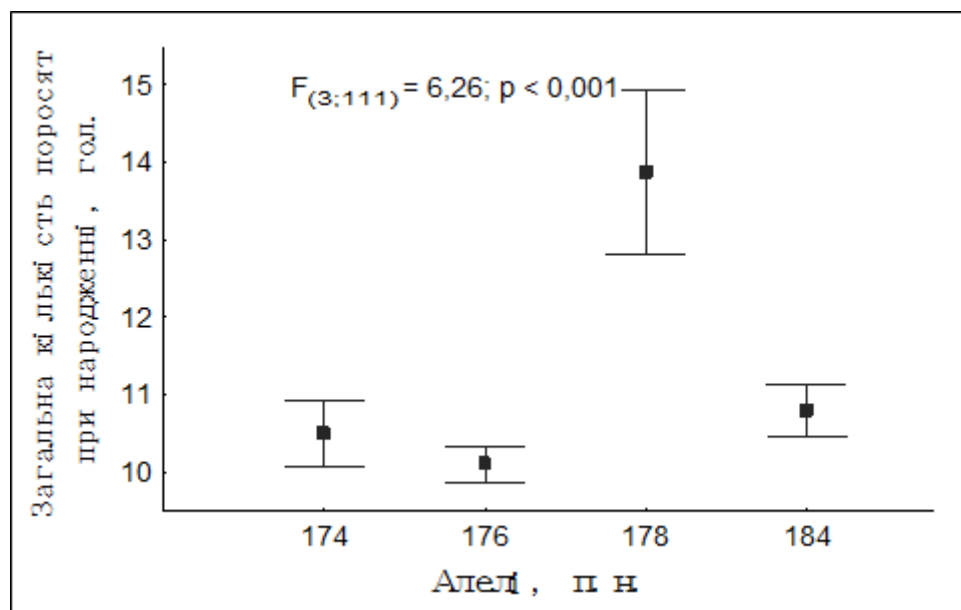


Рис. 3.29. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу S0386

Локус S0355. Найбільш поширеними у особин були чотири алеля із довжиною в 245, 247, 249 та 273 п. н. Характерною особливістю цього локусу є те, що вірогідний зв'язок було відмічено не з наявністю певного алеля, а інтервалу алелів. Так, у особин з господарства № 4, які мали в генотипі алелі

*S0355*²⁴⁷⁻²⁴⁹, було відмічено більш низьке значення загальної кількості поросят при народженні (9,23 поросят) та багатоплідності (8,77 поросят), порівняно зі свиноматками, що мали будь-який інший алель (10,44 та 9,90 поросят, відповідно). Для обох показників ця різниця була вірогідною (для загальної кількості поросят при народженні: $p = 0,017$; для багатоплідності: $p = 0,015$).

Відмічена залежність відмічається лише для тварин, що утримувалися в господарстві № 4, а у свиноматок із господарства № 1 наявність / відсутність у генотипі особин алелів *S0355*²⁴⁷⁻²⁴⁹ не пов'язана із загальною кількістю поросят при народженні (рис. 3.30).

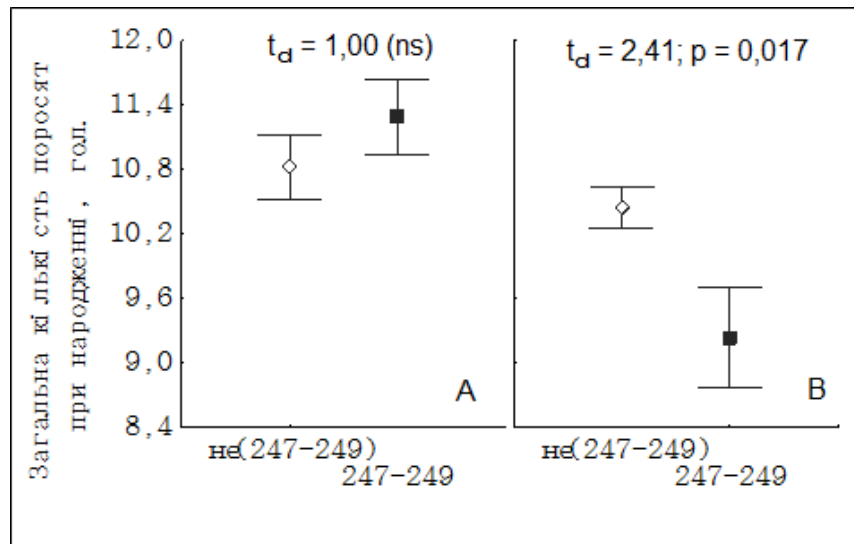


Рис. 3.30. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу *S0355* (А – господарство №1; В – господарство №4)

Але, з іншого боку, у тварин із обох господарств було відмічено односпрямований характер мінливості кількості поросят при відлученні у особин що мали (або не мали) в генотипі алелі *S0355*²⁴⁷⁻²⁴⁹ (рис. 3.31).

Локус *SW240*. Найбільш поширеними у особин були чотири алеля – *SW240*⁹¹, *SW240*⁹³, *SW240*⁹⁵ та *SW240*¹¹¹. В цілому, було відмічено вірогідний вплив на показники відтворювальних якостей свиноматок лише наявності / відсутності алеля *SW240*⁹³. Причому, цей зв'язок був характерний для свиноматок, що утримуються в різних господарствах.

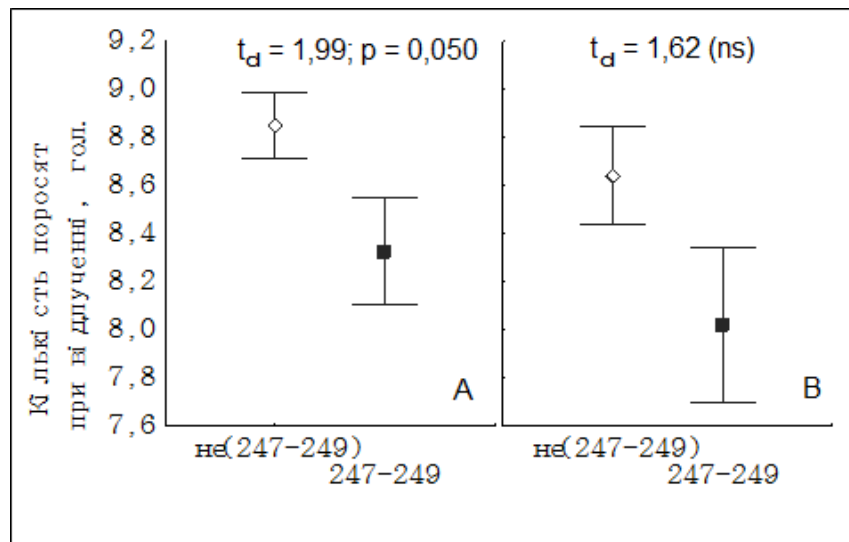


Рис. 3.31. Кількість поросят при відлученні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу S0355 (А – господарство №1; В – господарство №4)

Так, тварини, які мали в генотипі цей алель, за показником загальної кількості поросят при народженні вірогідно переважали свиней, у яких цього алеля не було на 1,49 та 0,84 поросяти, відповідно. Хоча у свиноматок з господарства № 1 ця різниця має вигляд тенденції (рис. 3.32).

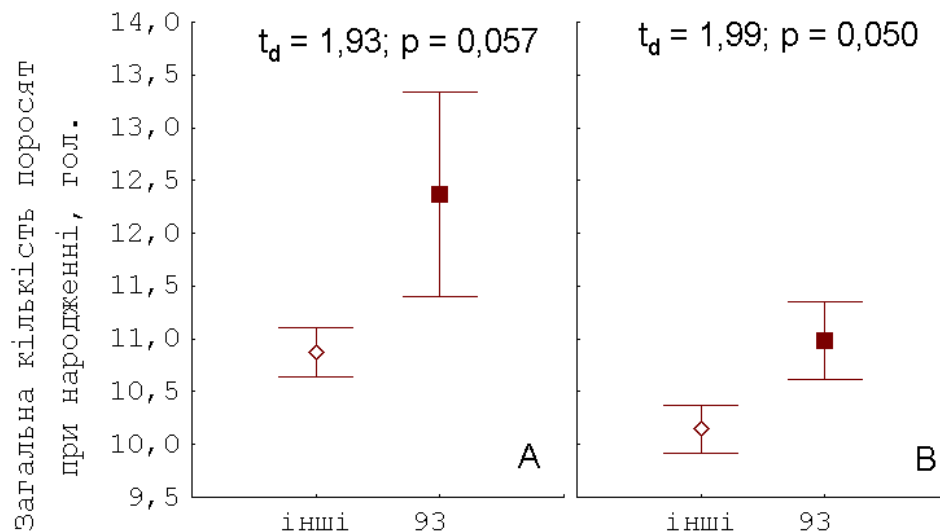


Рис. 3.32. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу SW240 (А – господарство №1; В – господарство №4)

Аналогічні залежності було отримано і щодо багатоплідності – тварини, які мали в генотипі алель *SW240*⁹³, характеризувалися більш високими значеннями, порівняно зі свиноматками, в генотипі яких цей алель відсутній (господарство № 1: 10,60 та 9,63 поросят, відповідно; господарство № 4: 10,24 та 9,48 поросят, відповідно). При цьому, у свиноматок з господарства № 1 ця різниця мала вигляд тенденції (рис. 3.33).

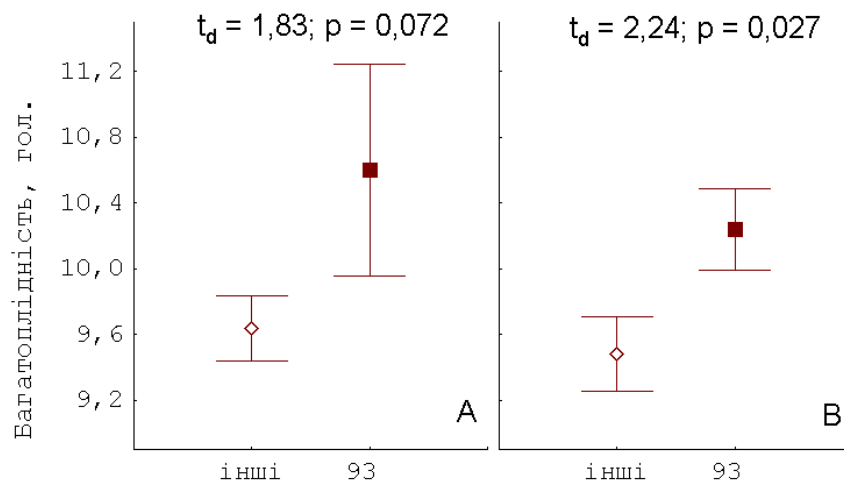


Рис. 3.33. Багатоплідність свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу *SW240* (А – господарство №1; В – господарство №4)

Локус *SW857*. Крім зв'язку з певними алелями, нами було встановлено, що показники відтворювальних ознак можуть бути пов'язані з широким інтервалом алелів. Наприклад, для локусу *SW857* вірогідні відмінності було встановлено між групами тварин, що мали алелі з довжиною до 144 п. н. (включно) та алелі з довжиною більше 145 п. н. Так, у тварин господарства № 1 з «короткими» алелями загальна кількість поросят при народженні середньому складала 13,12 поросят. Водночас свиноматки, в генотипі яких були присутні більш «довгі» алелі, мали на 2,55 поросяти менше ($td = 3,95$; $p < 0,001$).

Характерно, що серед тварин господарства № 4 також було встановлено вірогідну залежність довжини алелів з показниками

відтворювальних ознак (рис. 3.34). Але в цьому випадку цей зв'язок мав зворотній напрямок – тварини з більш «довгими» алелями, навпаки, вірогідно переважали свиноматок, у генотипі яких були присутні алелі з довжиною менше 144 п. н. ($t_d = 2,11$; $p = 0,039$).

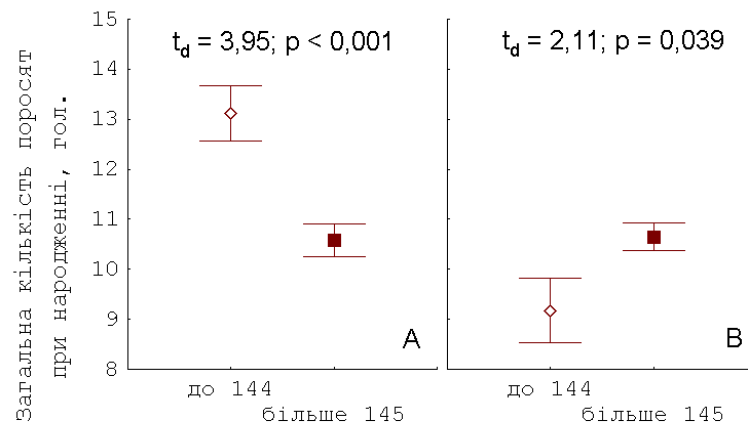


Рис. 3.34. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу SW857 (А – господарство №1; В – господарство №4)

Аналогічний зв'язок було відмічено між генотипом тварин за цим локусом та кількістю поросят при відлученні – більшою збереженістю поросят характеризувалися свиноматки, що мали в генотипі більш «довгі» алелі локусу SW857. Але вірогідним цей зв'язок був лише у тварин із господарства № 4 (рис. 3.35).

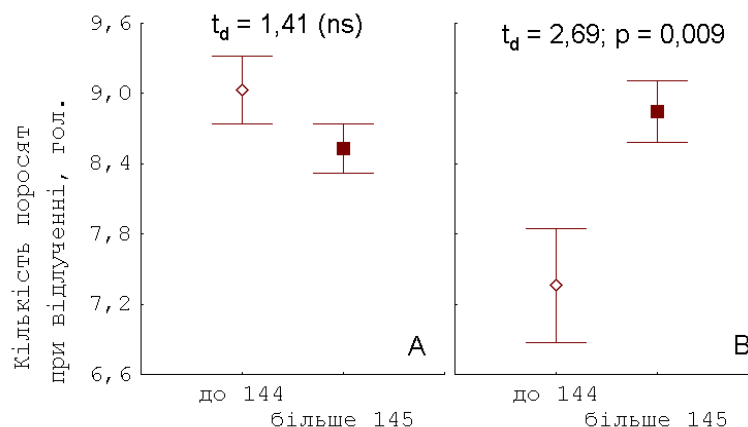


Рис. 3.35. Кількість поросят при відлученні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу SW857 (А – господарство №1; В – господарство №4)

Локус S0101. Найбільш поширеними у досліджуваного поголів'я свиноматок були чотири алелі – $S0101^{195}$, $S0101^{209}$, $S0101^{211}$ та $S0101^{213}$. Нами було встановлено, що особини, що мали в генотипі різні алелі, вірогідно відрізняються за рівнем багатоплідності ($F = 2,94$; $df_1 = 3$; $df_2 = 103$; $p = 0,037$). Так, багатоплідність особин із господарства № 4, які мали в генотипі алель $S0101^{211}$ становила 10,35 гол., в той час як особини, що мали в генотипі інші алелі, характеризувалися більш низькими показниками даної ознаки (8,80-9,40 гол.) (рис. 3.36).

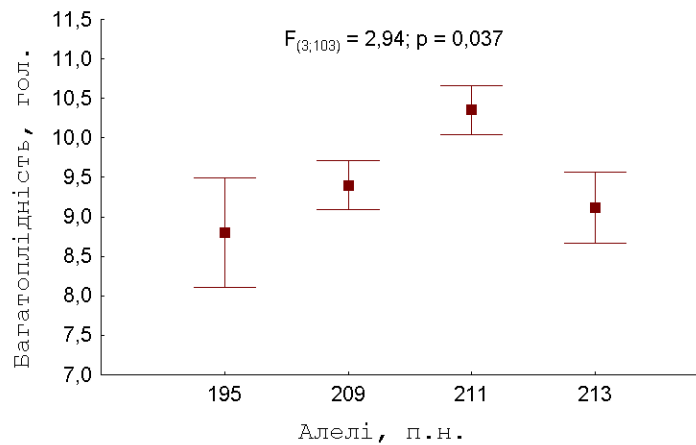


Рис.3.36. Багатоплідність свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу S0101

Ще більш вираженими були відмічені відмінності за показником кількості поросят при відлученні ($F = 4,57$; $df_1 = 3$; $df_2 = 101$; $p = 0,005$) (рис. 3.37).

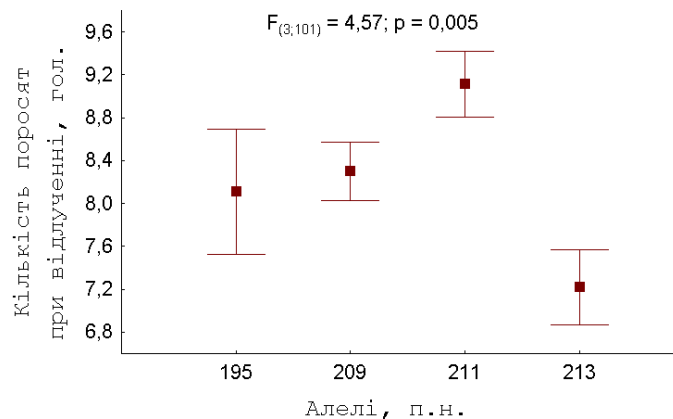


Рис. 3.37. Кількість поросят при відлученні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу S0101

Тварини, які мали в генотипі алель $S0101^{211}$, переважали в середньому на 0,81-1,89 поросят свиноматок, в генотипі яких були присутні алелі $S0101^{195}$, $S0101^{209}$ або $S0101^{213}$.

Локус SW911. Найбільш поширеними у досліджуваного поголів'я свиноматок також були чотири алеля даного локусу – $SW911^{159}$, $SW911^{163}$, $SW911^{169}$ та $SW911^{171}$. Нами було встановлено, що особини з господарства № 1, які мали в генотипі різні алелі, вірогідно відрізнялися за рівнем багатоплідності ($F = 3,15$; $df_1 = 3$; $df_2 = 66$; $p = 0,030$) та кількістю поросят при відлученні ($F = 2,77$; $df_1 = 3$; $df_2 = 66$; $p = 0,049$). Так, від тварин, що мали в генотипі алель $SW911^{159}$ було отримано в середньому 10,39 живих поросят, при тому, що у свиноматок, які мали решту алелів у генотипі, показник багатоплідності варіював у межах 8,85-9,34 поросяти (рис. 3.38).

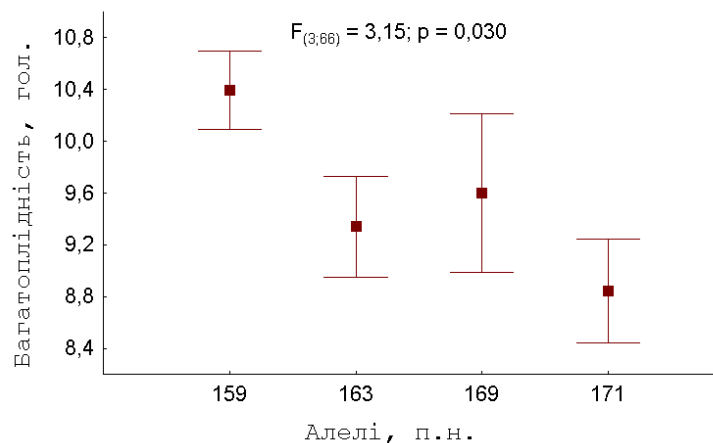


Рис. 3.38. Багатоплідність свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу SW911

У тварин, що утримувалися в господарстві № 4 вірогідного зв'язку між їх генотипом за даним локусом та рівнем прояву їх відтворювальних ознак не встановлено.

Локус S0228. Для даного локусу, як і для локусу SW857, вірогідні відмінності було встановлено між групами тварин, що мали «короткі» та «довгі» алелі. Так, тварини, які мали в генотипі алелі з довжиною більше 258 п. н., характеризувалися меншою кількістю поросят при відлученні, ніж свиноматки із алелями довжиною до 257 п. н. Але вірогідною ця залежність

була лише у тварин, які утримувалися в господарстві № 4 ($t_d = 3,04$; $p = 0,003$). Водночас, у свиноматок із господарства № 1 відмінності між тваринами із різною довжиною алелей за цим локусом були не вірогідні (рис. 3.39).

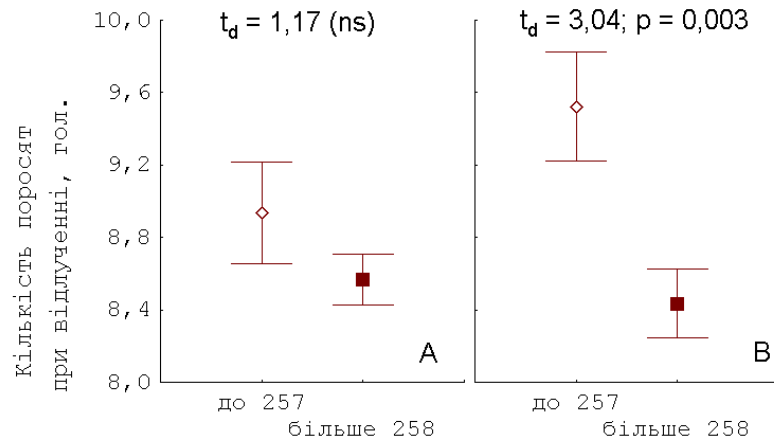


Рис. 3.39. Кількість поросят при відлученні у свиноматок з різними алелями мікросателітного локусу *S0228*

В таблиці 3.51 узагальнено результати щодо наявності (та напрямку) зв'язку між певними алелями (або інтервалами алелів) мікросателітних локусів та показниками відтворювальних ознак свиноматок великої білої породи.

Таблиця 3.51

Алелі або інтервали алелів мікросателітних локусів, для яких було встановлено вірогідний зв'язок з показниками відтворювальних ознак свиноматок великої білої породи

Локус	Позитивний зв'язок	Негативний зв'язок
1	2	3
<i>SW24</i>		<i>SW24</i> ¹⁰⁷
<i>SW72</i>	<i>SW72</i> ¹⁰³	
<i>SW951</i>		<i>SW951</i> ¹²²
<i>S0386</i>	<i>S0386</i> ¹⁷⁸	
<i>S0355</i>		<i>S0355</i> ²⁴⁷⁻²⁴⁹
<i>SW240</i>	<i>SW240</i> ⁹³	

Продовження табл. 3.51

1	2	3
<i>SW857</i>	до 144 п. н. (господарство № 1)	до 144 п. н. (господарство № 4)
<i>S0101</i>	<i>S0101</i> ²¹¹	
<i>SW911</i>	<i>SW911</i> ¹⁵⁹	
<i>S0228</i>	до 257 п. н.	

Примітка: Напівжирним курсивом виділено ті алелі (або інтервали алелів), зв'язок яких з відтворювальними ознаками має подібний характер у свиней із різних господарств (тобто, породно-специфічні алелі).

Встановлено, що деякі алелі характеризувалися подібним напрямком зв'язку, не залежно від умов утримання свиней (тобто, належності до господарства). Лише для одного локусу *SW857* було зареєстровано вірогідний, але протилежний зв'язок між продуктивними якостями та генотипом тварин із різних господарств.

У решті випадків зв'язок (позитивний чи негативний) було відмічено лише у тварин з певного господарства, при тому, що для свиноматок з іншого господарства вірогідного впливу відмічено не було.

В цілому, нами було виявлено сім генетичних маркерів, що пов'язані із підвищенням рівня відтворювальних ознак (найчастіше багатоплідності або кількості поросят при відлученні) та чотири маркери, що пов'язані із їх зниженням. Таким чином, можна рекомендувати використання цих маркерів у маркер-залежній селекції. Особливо тих, прояв яких не залежав від умов утримання тварин.

3.3.2. Українська м'ясна порода

Локус *SW24*. Найбільш поширеними у свиноматок УМ породи були шість алелів – *SW24*⁹³, *SW24*⁹⁵, *SW24*¹⁰¹, *SW24*¹⁰⁷, *SW24*¹⁰⁹ та *SW24*¹¹³. Нами було встановлено, що особини, які мали в генотипі різні алелі, вірогідно відрізняються за кількістю поросят при відлученні ($F = 2,76$; $df_1 = 5$; $df_2 = 101$; $p = 0,022$). Так, тварини-носії алеля *SW24*¹¹³ мали в середньому 9,51 поросят

при відлученні, при тому, що особини, які мали в генотипі алель $SW24^{93}$, характеризувалися найменшою кількістю поросят при відлученні (7,96 гол.).

У цілому, спостерігається тенденція, що зі збільшенням довжини алелів у генотипі свиноматок кількість поросят при відлученні зростає (рис. 3.40).

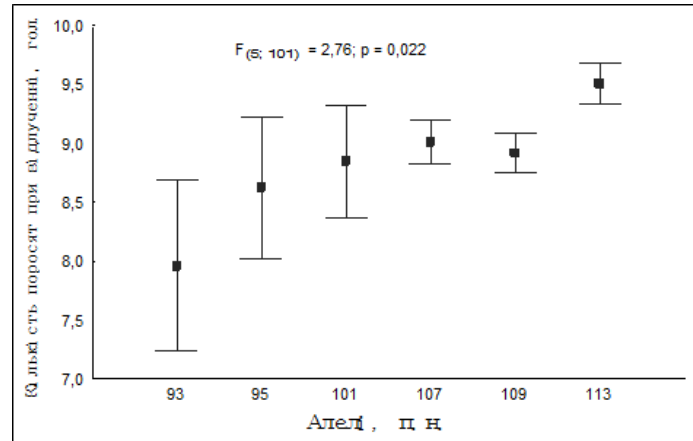


Рис. 3.40. Кількість поросят при відлученні у свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу $SW24$

Локус $SW951$. Аналогічна тенденція була відмічена і щодо локусу $SW951$. Тварини, які мали в генотипі алель з довжиною в 128 п. н. характеризувалися вищою загальною кількістю поросят при народженні (11,90 гол.), при тому, що особини з алелями $SW951^{120}$ та $SW951^{122}$ мали на 1,10 та 0,83 гол. менше, відповідно. Хоча, в цілому, ця тенденція знаходилася на межі першого рівня вірогідності ($F = 2,86$; $df_1 = 2$; $df_2 = 119$; $p = 0,061$) (рис. 3.41).

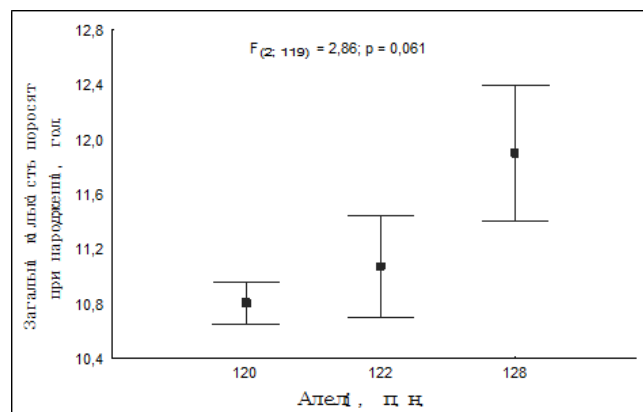


Рис. 3.41. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок української м'ясної породи з різними алелями локусу $SW951$

Але різниця між тваринами із алелями 120 та 128 п. н. була вже вірогідною ($td = 2,12$; $p = 0,045$).

Локус S0386. Найбільш поширеними у досліджуваних свиноматок були п'ять алелів – $S0386^{166}$, $S0386^{174}$, $S0386^{176}$, $S0386^{180}$ та $S0386^{184}$. При цьому, було встановлено, що останній з цих алелів має вірогідний негативний вплив на кількість поросят при відлученні – у тварин, що мали алель $S0386^{184}$ в генотипі у середньому до відлучення доживало 8,12 поросят. Водночас свиноматки, які мали в генотипі будь-який із решти виявлених алелів, мали тенденцію до переважання тварин першої групи на 0,93 гол. ($td = 1,84$; $p = 0,068$) (рис. 3.42).

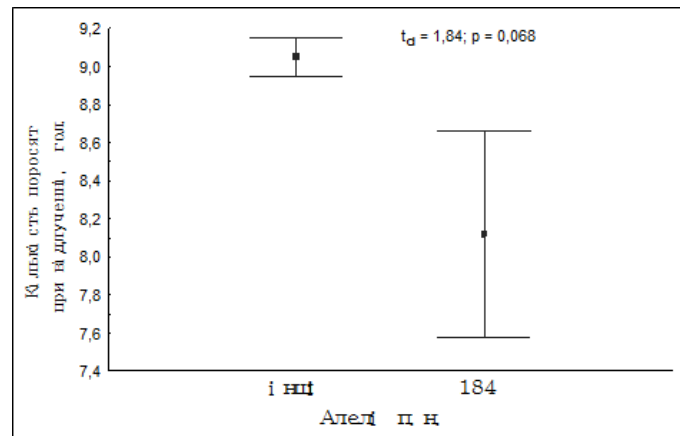


Рис. 3.42. Кількість поросят при відлученні у свиноматок української м'ясної породи з різними алелями локусу S0386

Локус S0355. Найбільш поширеними у досліджуваних свиноматок були чотири алеля цього локусу із довжиною в 245, 247, 249 та 259 п. н. При цьому, тварини із найменш «короткими» алелями (245 та 247 п. н.) характеризувалися, в цілому, нижчими значеннями показників відтворюваних ознак. Так, за загальною кількістю поросят при народженні тварини із алелями $S0355^{245-247}$ мали тенденцію поступатися свиноматкам, що мали в генотипі більш «довгі» алелі ($td = 1,90$; $p = 0,060$) (рис. 3.43).

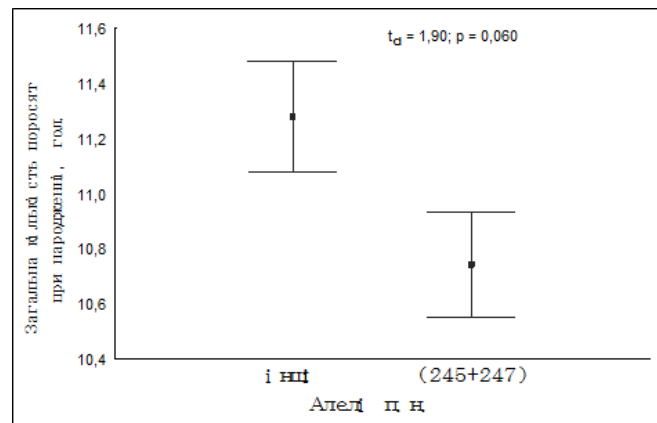


Рис. 3.43. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок української м'ясної породи з різними алелями локусу *S0355*

Локус *SW240*. У досліджених тварин за цим локусом було зареєстровано найбільше алельне різноманіття. При цьому, було відмічено вірогідний вплив генотипу тварин на їх багатоплідність ($F = 3,07$; $df_1 = 6$; $df_2 = 111$; $p = 0,008$). Виявлено тенденцію до підвищення рівня багатоплідності у тварин, які мають у генотипі алелі «середньої» довжини, при тому, що свиноматки з найбільш «короткими» та найбільш «довгими» алелями, навпаки, характеризувалися найнижчими оцінками багатоплідності (рис. 3.44).

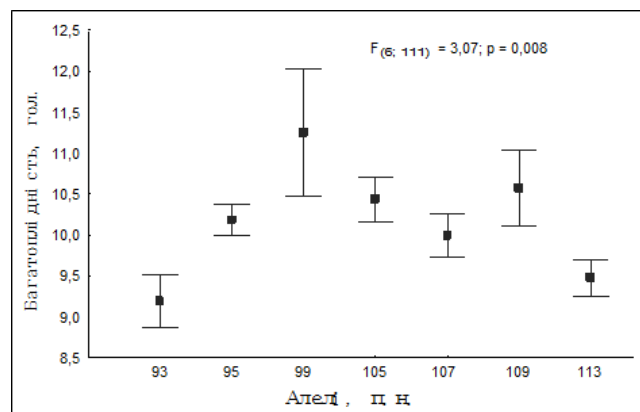


Рис. 3.44. Багатоплідність свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу *SW240*

При цьому, найнижчу загальну кількість поросят при народженні було відмічено у тварин із алелем *SW240*⁹³, порівняно зі свиноматками, які мали в генотипі будь-який інший алель ($td = 3,50$; $p < 0,001$) (рис. 3.45).

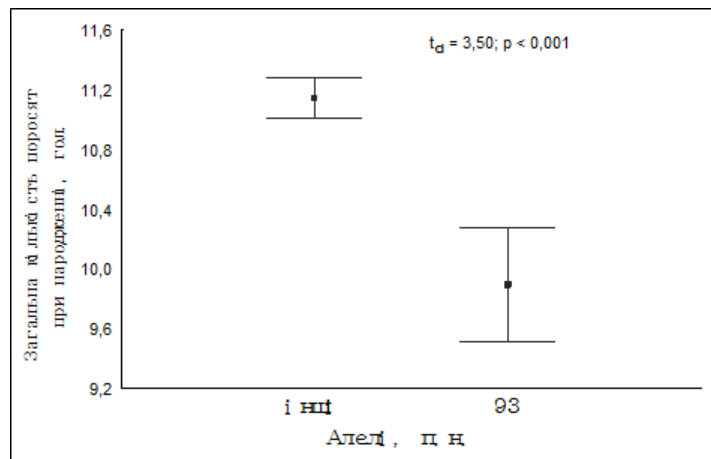


Рис. 3.45. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу SW240

Водночас, тварини, які мали в генотипі алелі довжиною 99-109 п. н., навпаки, характеризувалися більш високим рівнем багатоплідності (10,50 гол.), порівняно із тваринами, які мали інші алелі в генотипі ($t_d = 2,22$; $p = 0,029$) (рис. 3.46).

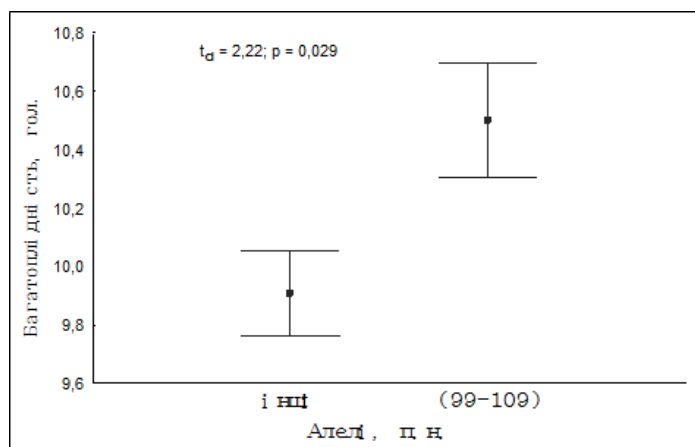


Рис. 3.46. Багатоплідність свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу SW240

Локус SW857. Хоча за цим локусом було зафіксовано наявність шести алелів у досліджених тварин, вірогідного впливу генотипу на показники їх відтворювальних ознак встановлено не було, а виявлено лише певну тенденцію до підвищення багатоплідності у свиноматок, які мали в генотипі більш «довгі» алелі – більше 149 п. н. (рис. 3.47).

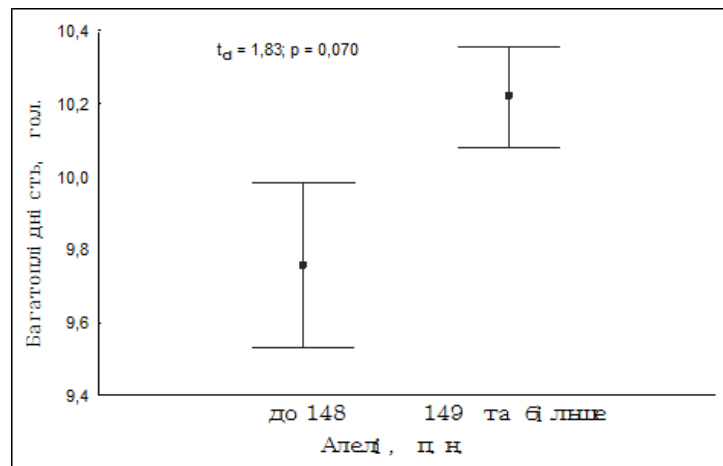


Рис. 3.47. Багатоплідність свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу SW857

Локус S0101. Найбільш поширеними у досліджуваних свиноматок були п'ять алелів – $S0101^{195}$, $S0101^{209}$, $S0101^{211}$, $S0101^{213}$ та $S0101^{215}$. Хоча, в цілому вірогідних відмінностей між тваринами із різними алелями в генотипі, виявлено не було, тим не менше нами було встановлено, що свиноматки, які мали алелі довжиною 209-213 п. н. характеризувалися більш високими показниками кількості поросят при відлученні, порівняно із тваринами, які не мали в генотипі алелів з цього інтервалу (9,09 та 8,32 поросят, відповідно). Ця різниця була вірогідною ($t_d = 2,41$; $p = 0,017$) (рис. 3.48).

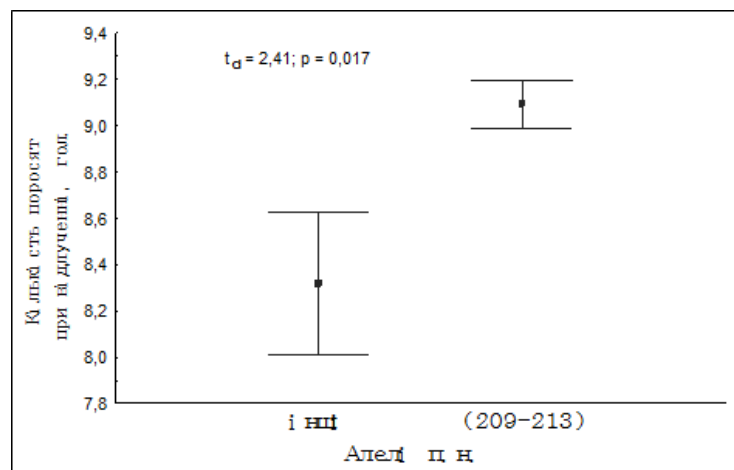


Рис. 3.48. Кількість поросят при відлученні у свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу S0101

SW936. Із п'яти проаналізованих алелів цього локусу (довжиною 97, 99, 105, 111 та 117 п. н.) лише для останнього було відмічено наявність

вірогідного впливу на показники відтворювальних ознак свиноматок. Тварини, які мали в генотипі алель $SW936^{117}$, вірогідно поступалися за багатоплідністю та кількістю поросят при відлученні свиноматкам, які були носіями інших алелів (в обох випадках $p < 0,05$) (рис. 3.49).

Локус $S0228$. Найбільш поширеними у досліджуваних свиноматок були чотири алелі – $S0228^{256}$, $S0228^{258}$, $S0228^{260}$ та $S0228^{276}$. При цьому, було відмічено вірогідний вплив генотипу тварин на загальну кількість поросят при народженні ($F = 2,96$; $df_1 = 3$; $df_2 = 115$; $p = 0,035$).

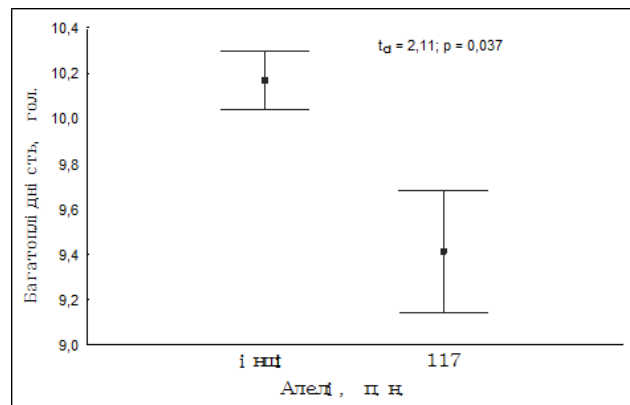


Рис. 3.49. Багатоплідність свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу $SW936$

Найвищого прояву дана ознака мала у тварин, які мали в генотипі алель $S0228^{276}$ (рис. 3.50).

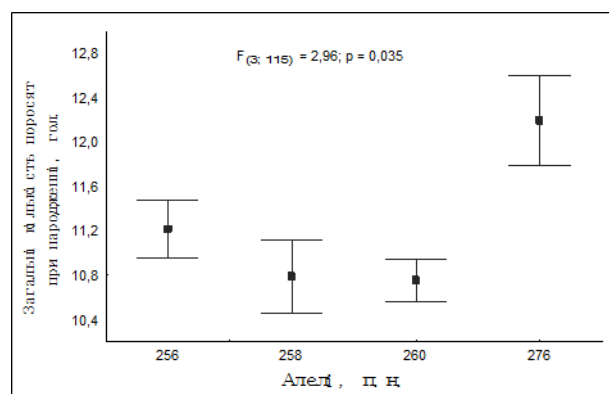


Рис. 3.50. Загальна кількість поросят при народженні у свиноматок української м'ясної породи з різними алелями мікросателітного локусу $S0228$

У цілому, вони переважали свиноматок із іншими алелями в генотипі на 0,98-1,44 поросят.

В табл. 3.52 узагальнено результати щодо наявності та напрямку зв'язку між певними алелями (або інтервалами алелів) мікросателітних локусів та показниками відтворювальних ознак свиноматок української м'ясної породи.

Таблиця 3.52

Алелі (або інтервали алелів) мікросателітних локусів, для яких було відмічено вірогідний зв'язок з показниками відтворювальних ознак свиноматок української м'ясної породи

Локус	Позитивний зв'язок	Негативний зв'язок
<i>SW24</i>	<i>SW24</i> ¹¹³	<i>SW24</i> ⁹³
<i>SW240</i>	<i>SW240</i> ⁹⁹⁻¹⁰⁹	<i>SW240</i> ⁹³
<i>S0101</i>	<i>S0101</i> ²⁰⁹⁻²¹³	
<i>SW936</i>		<i>SW936</i> ¹¹⁷
<i>S0228</i>	<i>S0228</i> ²⁷⁶	

Отже, нами було встановлено чотири генетичних маркери, що пов'язані із підвищенням рівня відтворювальних ознак (найчастіше, багатоплідності або кількості поросят при відлученні) та три маркери, що пов'язані із його зниженням. Таким чином, можна рекомендувати використання цих маркерів в маркер-залежній селекції тварин породи УМ.

Якщо розглядати зв'язок між генотипом тварин та характером прояву їх відтворювальних ознак на міжпородному рівні, то лише за локусом *S0101* було встановлено вірогідний позитивний зв'язок між певним алелем (чи інтервалом алелів) та продуктивністю свиноматок як породи ВБ (алель *S0101*²¹¹), так і породи УМ (алелі *S0101*²⁰⁹⁻²¹³).

У двох інших випадках (для локусів *SW240* та *S0228*) напрямком цього зв'язку був протилежним у тварин різних порід, що свідчить про його породну специфічність.

Отже, для тварин великої білої породи було виявлено 11 генетичних маркерів (для використаних мікросателітних локусів), що були пов'язані із

проявом відтворювальних ознак свиноматок; з них сім маркерів, що пов'язані із підвищенням їх рівня (найчастіше, багатоплідності або кількості поросят при відлученні) та чотири маркери, що пов'язані із їх зниженням.

Встановлено, що певні маркери характеризувалися подібним напрямком зв'язку, не залежно від умов утримання свиней (тобто, належності до того чи іншого господарства).

Для тварин української м'ясної породи було виявлено сім генетичних маркерів (серед використаних мікросателітних локусів), що були пов'язані із проявом відтворювальних ознак свиноматок; з них чотири маркери, що пов'язані із підвищенням їх рівня (багатоплідності або кількості поросят при відлученні) та три маркери, що пов'язані із їх зниженням.

Встановлено, що певні алелі характеризуються вірогідним зв'язком із рівнем продуктивності незалежно від породи свиноматок, при тому, що зв'язок інших алелів є породно-специфічним.

3.4. Між- та внутрішньопородна мінливість структурних генів у свиней

3.4.1. Міжпородна генетична диференціація свиней за структурними генами

Ген естрогенового рецептора (ESR). За геном *ESR* було проаналізовано 463 особини свиней п'яти порід (Д, ВБ, УСБ, УМ та Л) та 62 особини, що являли собою два варіанти двопородних помісей (ВБ × Л та УМ × Л). В таблиці 3.53 наведено розподіл частот генотипів та алелів гена *ESR* свиней різних порід та помісей.

Характерною особливістю цього розподілу є мала частка особин із генотипом *ESR^{BB}* – вони зустрічаються лише серед свиней великої білої породи (0,125) та помісних тварин ВБ × Л (0,040).

**Частота генотипів та алелів гена *ESR* свиней різних порід та породності
($p_{MC} < 0,001$)**

Порода, породність	<i>n</i>	Частота генотипу			Частота алеля	
		<i>ESR^{AA}</i>	<i>ESR^{AB}</i>	<i>ESR^{BB}</i>	<i>ESR^A</i>	<i>ESR^B</i>
Д	45	0,978	0,022	0,000	0,989	0,011
ВБ	208	0,510	0,365	0,125	0,692	0,308
УСБ	5	0,800	0,200	0,000	0,900	0,100
УМ	86	0,814	0,186	0,000	0,907	0,093
Л	57	0,842	0,158	0,000	0,921	0,079
ВБ × Л	50	0,820	0,140	0,040	0,890	0,110
УМ × Л	12	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000

Саме це зумовлює максимальну частоту алеля *ESR^B* саме у тварин даних генотипових груп. Найнижча частота алеля *ESR^B* відмічається у тварин породи дюрок (0,011), а також у помісних тварин УМ × Л (не виявлено).

У помісних тварин розподіл частот алелів має певні особливості. У тварини ВБ × Л алель *ESR^B* зустрічається з частотою, що має проміжне значення (0,110) між обома батьківськими породами (0,308 та 0,079).

Водночас у тварин УМ × Л алель *ESR^B* зовсім не було виявлено, хоча у особин обох батьківських порід цей алель було зафіксовано, хоча й з дуже низькою частотою.

Найнижчий рівень фактичної гетерозиготності було відмічено у помісей УМ × Л, які були мономорфні й мали генотип *ESR^{AA}*, та у тварин породи дюрок (0,022), а найвищий – у тварин великої білої породи – 0,365, які характеризувалися й найвищим значенням очікуваної гетерозиготності (0,426) (табл. 3.54).

У цілому, свині порід Д, УСБ, УМ та Л характеризувалися деяким надлишком гетерозигот, тоді як дефіцит гетерозиготності було відмічено лише у тварин породи ВБ та помісних тварини ВБ × Л.

Таблиця 3.54

Показники генетичної різноманітності гена *ESR* свиней різних порід

Порода, породність	Показник					
	<i>n</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{is}</i>	χ^2	<i>p</i>
Д	45	0,022	0,022	-0,011	0,01	0,940
ВБ	208	0,365	0,426	0,142	4,22	0,040
УСБ	5	0,200	0,180	-0,111	0,06	0,804
УМ	86	0,186	0,169	-0,103	0,90	0,342
Л	57	0,158	0,145	-0,086	0,42	0,518
ВБ × Л	50	0,140	0,196	0,285	4,06	0,044
УМ × Л	12	0,000	0,000	моно	моно	моно

Примітка. моно – локус мономорфний

Саме у популяціях цих тварин відмічається вірогідне відхилення розподілу частот генотипів від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга. В цілому по всій вибірці тварин, що досліджувалися, відмічено суттєвий дефіцит гетерозигот ($p_{MC} < 0,001$).

При аналізі попарних відмінностей за частотою генотипів гена *ESR* між свинями різних порід встановлено, що вони є вірогідними лише між тваринами великої білої породи з одного боку, та іншими дослідженими породами (за винятком української степової білої) з іншого (табл. 3.55).

Таблиця 3.55

Рівень подібності за частотою генотипів гена *ESR*
між різними породами свиней

Порода, породність	Порода, породність						
	Д	ВБ	УСБ	УМ	Л	ВБ × Л	УМ × Л
1	2	3	4	5	6	7	8
Д	X	***	ns	ns	ns	ns	ns
ВБ		X	ns	***	***	***	***
УСБ			X	ns	ns	ns	ns
УМ				X	ns	ns	ns

Продовження табл. 3.55

1	2	3	4	5	6	7	8
Л					X	ns	ns
ВБ × Л						X	ns
УМ × Л							X

Примітка. *** - $p < 0,001$; ns – різниця не вірогідна з врахуванням поправки Бонферроні на множинні порівняння

Ген рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*). За даним геном було проаналізовано 139 гол. свиней чотирьох порід – Д, ВБ, ЧБП та УМ. У всіх досліджених порід даний ген характеризувався поліморфізмом (табл. 3.56).

Таблиця 3.56

**Частота генотипів та алелів гена *ECR F18/FUT1* у свиней різних порід
($p_{MC} < 0,001$)**

Порода	<i>n</i>	Частота генотипу			Частота алеля	
		<i>ECR^{AA}</i>	<i>ECR^{AG}</i>	<i>ECR^{GG}</i>	<i>ECR^A</i>	<i>ECR^G</i>
Д	8	0,625	0,250	0,125	0,750	0,250
ВБ	57	0,035	0,263	0,702	0,167	0,833
ЧБП	35	0,171	0,286	0,543	0,314	0,686
УМ	39	0,179	0,051	0,769	0,205	0,795

Визначено суттєву відмінність розподілу генотипів даного гена у свиней породи дюрок – частота генотипу *ECR^{AA}* у них становила 0,625, при тому, що у трьох інших порід, що досліджувалися даний показник перебував у межах 0,035-0,179. Відповідно, частота алеля *ECR^A* у свиней породи дюрок була найвищою і становила 0,750.

Найвища частота алеля *ECR^G* відмічена у тварин великої білої та української м'ясної порід (0,833 та 0,795 відповідно). Водночас, свині породи дюрок характеризувалися дуже низькою частотою даного алеля – 0,250.

Найнижчий рівень фактичної гетерозиготності було відмічено у тварин породи УМ – 0,051 (табл. 3. 57).

**Показники генетичної різноманітності гена *ECR F18/FUT1* у свиней
різних порід**

Порода	Показник					
	<i>n</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>	χ^2	<i>p</i>
Д	8	0,250	0,375	0,333	0,89	0,346
ВБ	57	0,263	0,278	0,053	0,16	0,691
ЧБП	35	0,286	0,431	0,337	3,98	0,046
УМ	39	0,051	0,326	0,843	27,70	<0,001

Тварини решти досліджених порід характеризувалися майже подібним рівнем фактичної гетерозиготності – 0,250-0,286.

Свині всіх порід, що досліджувалися за цим геном, характеризувалися дефіцитом гетерозигот, що має своє відображення в позитивних оцінках індексу фіксації. Але вірогідне відхилення розподілу частот генотипів від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга було зафіксовано лише у тварин порід ЧБП та УМ.

Вірогідні відмінності за частотою генотипів гена *ECR F18/FUT1* виявлено лише між породами велика біла та дюрок ($p < 0,001$), а також між тваринами породи УМ, з одного боку, та Д і ВБ, з іншого ($p < 0,05$) (табл. 3.58).

Таблиця 3.58

**Рівень подібності за частотою генотипів гена *ECR F18/FUT1*
між різними породами свиней**

Порода	Порода			
	Д	ВБ	ЧБП	УМ
Д	X	***	ns	*
ВБ		X	ns	*
ЧБП			X	ns
УМ				X

Примітки: *** - $p < 0,001$; * - $p < 0,05$; ns – різниця не вірогідна з врахуванням поправки Бонферроні на множинні порівняння

Ген інсуліноподібного фактора росту (IGF2). За даним геном було проаналізовано 155 особин свиней двох порід (ВБ та Л) та напівкровних помісей (ВБ × Л). Серед дослідженого поголів'я свиней породи Л не було виявлено тварин із генотипом $IGF2^{QQ}$ (табл. 3.59).

Таблиця 3.59

Частота генотипів та алелів гена $IGF2$ у свиней різних порід ($p_{MC} < 0,001$)

Порода, породність	<i>n</i>	Частота генотипу			Частота алеля	
		$IGF2^{QQ}$	$IGF2^{Qq}$	$IGF2^{qq}$	$IGF2^Q$	$IGF2^q$
ВБ	81	0,667	0,259	0,074	0,796	0,204
Л	18	0,000	0,444	0,556	0,222	0,778
ВБ × Л	56	0,107	0,536	0,357	0,375	0,625

У цілому, частота алеля $IGF2^q$ дуже відрізнялася у тварин різних порід. Водночас, у помісних свиней його частота (0,625) була близькою до проміжного значення між двома батьківськими породами (0,204 та 0,778 відповідно).

Найнижчий рівень фактичної гетерозиготності було відмічено у тварин породи ВБ – 0,259, а найвищий – у помісних тварин – 0,536 (табл. 3. 60).

Таблиця 3.60

Показники генетичної різноманітності гена $IGF2$ у свиней різних порід

Порода, породність	Показник					
	<i>n</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{is}</i>	χ^2	<i>p</i>
ВБ	81	0,259	0,324	0,201	3,27	0,071
Л	18	0,444	0,346	-0,286	1,47	0,225
ВБ × Л	56	0,536	0,469	-0,143	1,14	0,285

У тварин породи ВБ відмічається деякий дефіцит гетерозигот та додатне значення індексу фіксації (0, 201). У тварин породи ландрас та помісних свиней, навпаки – надлишок гетерозигот, що зумовив від'ємне значення індексу фіксації (-0,286 та -0,143, відповідно). Але в усіх трьох

групах отримані значення індексу фіксації не суттєво відхиляються від нуля, що свідчить про те, що розподіл частот генотипів за геном *IGF2* вірогідно не відхиляється від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга.

У цілому, відмічаються суттєві відмінності між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів даного гена ($p_{MC} < 0,01$).

При аналізі попарних відмінностей за частотою генотипів гена *IGF2* між свинями різних порід встановлено, що вірогідні відмінності відмічаються між великою білою породою, з одного боку, породою ландрас і помісними тваринами, з іншого (табл. 3.61).

Таблиця 3.61

**Рівень подібності за частотою генотипів гена *IGF2*
між свинями різних порід**

Порода, породність	Порода, породність		
	ВБ	Л	ВБ × Л
ВБ	X	***	***
Л		X	ns
ВБ × Л			X

Натомість вірогідних відмінностей між породою ландрас та помісями ВБ × Л не становлено.

Ген ріанодинового рецептора (*RYR1*). Загалом за даним геном було генотиповано 200 голів свиней п'яти порід (табл. 3.62).

Таблиця 3.62

Частота генотипів та алелів гена *RYR1* у свиней різних порід

Порода	<i>n</i>	Частота генотипу			Частота алеля	
		<i>RYR^{NN}</i>	<i>RYR^{Nn}</i>	<i>RYRⁿⁿ</i>	<i>RYR^N</i>	<i>RYRⁿ</i>
Д	16	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
ВБ	95	0,947	0,053	0,000	0,974	0,026
ЧБП	40	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
Л	12	1,000	0,000	0,000	1,000	0,000
УМ	37	0,946	0,054	0,000	0,973	0,027

Серед генотипованих тварин порід дюрок, червона білопояса та ландрас не було виявлено особин-носіїв алеля RYR^n . Водночас, серед тварин порід велика біла та українська м'ясна частота даного алеля була практично однаковою і становила 0,026-0,027.

Отже, можна вважати, що досліджувані популяції свиней п'яти порід є вільними від рецесивної мутації, пов'язаної зі схильністю тварин до стресу.

Ген β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону ($FSH\beta$). Загалом за даним геном було генотиповано 60 тварин лише великої білої породи. Лише одна особина мала генотип $FSH\beta^{AA}$, а всі інші виявилися мономорфними за генотипом $FSH\beta^{BB}$. Отже, частота генотипу $FSH\beta^{AA}$ становила 0,017, а генотипу $FSH\beta^{BB}$ – 0,983. Аналогічні значення мали і частоти алелів $FSH\beta^A$ та $FSH\beta^B$.

Ген пропердину (BF). Загалом за даним геном було генотиповано 171 тварину лише великої білої породи. Частота генотипів BF^{CC} , BF^{CT} та BF^{TT} становила 0,012, 0,246 та 0,742 відповідно. Частота алеля BF^C становила 0,135, а алеля BF^T – 0,865.

3.4.2. Внутрішньопородна мінливість свиней великої білої породи за структурними генами

Загальна кількість свиней великої білої породи, що використано в аналізі генетичної мінливості, була найбільшою. Ці тварини належали чотирьом господарствам та були генотиповані за п'ятьма структурними генами. Нижче ми наводимо результати внутрішньопородної мінливості свиней ВБ породи у розрізі як окремих господарств, так і різних генів.

Ген естрогенового рецептора (ESR). Встановлено, що у різних господарствах свиням великої білої породи притаманні характерні особливості розподілу частот генотипів та алелів даного гена (табл. 3.63).

Зокрема, частота генотипу ESR^{AA} в різних стадах варіювала від 0,258 (господарство №5) до 0,625 (господарство №2). Частота генотипу ESR^{BB} коливалася у межах 0,078-0,290.

**Частота генотипів та алелів гена *ESR* у свиней великої білої породи
із різних господарств ($p_{MC} = 0,007$)**

Господарство	<i>n</i>	Частота генотипу			Частота алеля	
		<i>ESR^{AA}</i>	<i>ESR^{AB}</i>	<i>ESR^{BB}</i>	<i>ESR^A</i>	<i>ESR^B</i>
№ 1	51	0,549	0,314	0,137	0,706	0,294
№ 2	64	0,625	0,297	0,078	0,773	0,227
№ 4	60	0,467	0,450	0,083	0,692	0,308
№ 5	31	0,258	0,452	0,290	0,484	0,516

Також, відмічено і суттєві відмінності за частотою алеля *ESR^B* у тварин, що утримуються в різних господарствах. Так, найбільшого значення даний показник набув у тварин із господарства № 5 – 0,516.

У решти досліджених тварин частота цього алеля майже не відрізняється (0,227-0,308).

При оцінці генетичної різноманітності гена *ESR* свиней великої білої породи із різних господарств встановлено, що значення фактичної гетерозиготності відносно близькі у тварин господарств №№ 1 та 2 – 0,314 і 0,297, відповідно, та господарств №№ 4 і 5 – 0,450 та 0,452, відповідно (табл. 3.64).

Таблиця 3.64

**Показники генетичної різноманітності гена *ESR* свиней великої білої
породи із різних господарств**

Господарство	Показник					
	<i>n</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{is}</i>	χ^2	<i>p</i>
№ 1	51	0,314	0,415	0,244	3,05	0,081
№ 2	64	0,297	0,350	0,153	1,50	0,221
№ 4	60	0,450	0,427	-0,055	0,18	0,670
№ 5	31	0,452	0,499	0,096	0,28	0,594

У всіх випадках (за винятком господарства № 4) відмічено дефіцит гетерозигот, що відображується в позитивних оцінках величини індексу фіксації. Але вірогідного відхилення розподілу частот генотипів від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга не відмічено у тварин жодного із господарств.

В цілому, відмічаються суттєві відмінності між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів ($p_{MC} = 0,007$).

В результаті оцінювання попарних відмінностей за частотою генотипів гена *ESR* між свинями великої білої породи із різних господарств встановлено, що вірогідні відмінності ($p < 0,01$) за частотою генотипів гена *ESR* є лише між тваринами із господарств № 2 та № 5 (табл. 3.65).

Таблиця 3.65

Рівень подібності за частотою генотипів гена *ESR* між свинями великої білої породи із різних господарств

Господарство	Господарство			
	№ 1	№ 2	№ 4	№ 5
№ 1	X	ns	ns	ns
№ 2		X	ns	**
№ 4			X	ns
№ 5				X

Таким чином, незважаючи на належність до однієї породи, різні стада тварин великої білої породи характеризуються своєрідним генетичним профілем за геном естрогенового рецептора. Така ситуація, очевидно, зумовлена особливостями формування стад, а також відсутністю генетичного моніторингу.

Тому, попереднім етапом перед розробкою систем маркер-залежної селекції за геном *ESR* має стати вивчення генетичної структури наявного поголів'я у кожному конкретному господарстві.

Ген пропердину (BF). В результаті оцінки частоти генотипів та алелів гена BF у свиней великої білої породи встановлено, що в господарстві № 4 не було відмічено жодної тварини з генотипом BF^{CC} (табл. 3.66).

Таблиця 3.66

**Частота генотипів та алелів гена BF у свиней великої білої породи
із різних господарств ($p_{MC} = 0,113$)**

Господарство	n	Частота генотипу			Частота алеля	
		BF^{CC}	BF^{CT}	BF^{CT}	BF^C	BF^T
№ 1	17	0,059	0,294	0,647	0,206	0,794
№ 2	60	0,017	0,317	0,667	0,175	0,825
№ 4	90	0,000	0,200	0,800	0,100	0,900

При цьому, відмінності тварин із різних господарств за частотами алелів даного гена є несуттєвими. Наприклад, частота алеля BF^T коливалася від 0,794 до 0,900, відповідно.

Відсутність вагомій різниці між генетичною структурою свиней великої білої породи за геном BF між тваринами трьох стад, що досліджувалися, підтверджується і показниками генетичної різноманітності даного гена. Значення фактичної гетерозиготності відносно близькі у тварин з різних господарств 0,200-0,317 (табл. 3.67).

Таблиця 3.67

**Показники генетичної різноманітності гена BF у свиней великої білої
породи із різних господарств**

Господарство	n	H_o	H_e	Fis	χ^2	p
№ 1	17	0,294	0,327	0,101	0,17	0,679
№ 2	60	0,317	0,289	-0,097	0,56	0,454
№ 4	90	0,200	0,180	-0,111	1,11	0,292

Водночас, у свиней з господарства № 1 відмічається деякий несуттєвий дефіцит гетерозигот, тоді як для решти тварин, навпаки, має місце незначний

надлишок гетерозигот. Вірогідного відхилення розподілу частот генотипів від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга у тварин з різних господарств не відмічено.

У цілому, не виявлено вірогідних відмінностей між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів ($p_{MC} = 0,113$).

Ген рецетора *E. Coli F18 (ECR F18/FUT1)*. В результаті оцінки частоти генотипів та алелів гена *ECR* свиней великої білої породи із двох господарств встановлено, що в господарстві № 1 не було виявлено жодної тварини з генотипом *ECR^{AA}* (табл. 3.68).

Таблиця 3.68

Частота генотипів та алелів гена *ECR F18/FUT1* у свиней великої білої породи із різних господарств ($p_{MC} = 0,072$)

Господарство	<i>n</i>	Частота генотипу			Частота алеля	
		<i>ECR^{AA}</i>	<i>ECR^{AG}</i>	<i>ECR^{GG}</i>	<i>ECR^A</i>	<i>ECR^G</i>
№ 1	26	0,000	0,154	0,846	0,077	0,923
№ 4	31	0,065	0,355	0,581	0,242	0,758

Крім того, відмічено різницю за частотою гетерозиготного генотипу, яка в господарстві № 4 була більше, ніж вдвічі вищою, порівняно з аналогічним показником по стаду господарства № 1, (0,355 та 0,154 відповідно). Зазначені особливості зумовили різницю в частоті алелів даного гена. Зокрема, частота алеля *ECR^A* в дослідженому масиві тварин господарства № 1 становила 0,077, що майже тричі менше, ніж у тварин господарства № 4.

При оцінці показників генетичної різноманітності гена *ECR F18/FUT1* свиней великої білої породи з двох господарств встановлено, що значення фактичної гетерозиготності значно відрізняється у тварин з досліджених господарств – 0,154 та 0,355, відповідно (табл. 3.69).

У свиней із господарства № 1 відмічено несуттєвий надлишок гетерозигот, а у тварин із господарства № 4, навпаки, спостерігався

незначний їх дефіцит.

Таблиця 3.69

Показники генетичної різноманітності гена *ECR F18/FUT1* свиней великої білої породи із різних господарств

Господарство	Показник					
	<i>n</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>	χ^2	<i>p</i>
№ 1	26	0,154	0,142	-0,083	0,18	0,671
№ 4	31	0,355	0,367	0,033	0,03	0,856

Вірогідного відхилення розподілу частот генотипів від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга не відмічено у тварин із жодного із господарств.

В цілому, не відмічається вірогідних відмінностей між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів ($p_{MC} = 0,072$).

Ген β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону (*FSH β*). В результаті проведеного генотипування 60 тварин великої білої породи із двох господарств за геном *FSH β* лише у однієї особини було виявлено генотип *FSH β^{AA}* , а решта особин мали генотип *FSH β^{BB}* (табл. 3.70).

Таблиця 3.70

Частота генотипів та алелів гена *FSHb* у свиней великої білої породи із різних господарств ($p_{MC} = 0,543$)

Господарство	<i>n</i>	Частота генотипу			Частота алеля	
		<i>FSHβ^{AA}</i>	<i>FSHβ^{AB}</i>	<i>FSHβ^{BB}</i>	<i>FSHβ^A</i>	<i>FSHβ^B</i>
№ 2	44	0,023	0,000	0,977	0,023	0,977
№ 4	16	0,000	0,000	1,000	0,000	1,000

Тому повного аналізу рівня генетичної мінливості провести не було можливості.

Ген інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*). У результаті оцінки частоти генотипів та алелів гена *IGF2* у свиней великої білої породи із різних

господарств встановлено, що стадо господарства №2 мало генетичну структуру, яка суттєво відрізнялася від інших досліджених стад. В даному стаді виявлено найменшу питому тварин із генотипом $IGF2^{QQ}$. Його частота становила лише 0,292 (табл. 3.71). При цьому у двох інших господарствах даний показник становив 0,739-0,882.

Таблиця 3.71

Частота генотипів та алелів гена $IGF2$ у свиней великої білої породи із різних господарств ($p_{MC} < 0,001$)

Господарство	n	Частота генотипу			Частота алеля	
		$IGF2^{QQ}$	$IGF2^{Qq}$	$IGF2^{qq}$	$IGF2^Q$	$IGF2^q$
№ 2	24	0,292	0,500	0,208	0,542	0,458
№ 4	23	0,739	0,261	0,000	0,870	0,130
№ 5	34	0,882	0,088	0,029	0,926	0,074

До того ж, у даному стаді виявлено значно вищу частку тварин із гетерозиготним генотипом 0,500, в той час як у інших досліджуваних господарствах даний показник був на рівні 0,088-0,261. В результаті виявлено і суттєві відмінності за частотами алелів даного гена.

Так, найбільшого значення частота алеля $IGF2^q$ досягає у тварин із господарства № 2 – 0,458. Водночас, у тварин з господарства № 5 частота цього алеля майже в шість разів нижче – 0,074.

Значення фактичної гетерозиготності дуже низьке у тварин з господарства № 5 (0,088), тоді як у господарстві № 2 половина тварин має гетерозиготний генотип (табл. 3.72).

Вірогідне відхилення розподілу частот генотипів від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга відмічено лише у тварин з господарства № 5, для яких також має місце суттєвий дефіцит гетерозигот та позитивне значення індексу фіксації (0,352).

В цілому, відмічаються суттєві відмінності між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів ($p_{MC} < 0,001$).

**Показники генетичної різноманітності гена *IGF2* у свиней
великої білої породи із різних господарств**

Господарство	Показник					
	<i>n</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>	χ^2	<i>p</i>
№ 2	24	0,500	0,497	-0,007	0,00	0,973
№ 4	23	0,261	0,227	-0,150	0,52	0,472
№ 5	34	0,088	0,136	0,352	4,22	0,040

Результати оцінки попарних відмінностей за частотою генотипів гена *IGF2* між тваринами великої білої породи із різних господарств наведено в таблиці 3.73.

Таблиця 3.73

**Рівень подібності за частотою генотипів гена *IGF2* між популяціями
великої білої породи із різних господарств**

Господарство	Господарство		
	№ 2	№ 4	№ 5
№ 2	X	*	***
№ 4		X	ns
№ 5			X

Встановлено, що вірогідні відмінності відмічаються між тваринами з господарства № 2, з одного боку, та з господарств №№ 4 та 5 з іншого.

3.4.3. Попарні асоціації між структурними генами

Крім аналізу кожного із структурних генів окремо в розрізі порід та господарств, нами також було проведено перевірку гіпотези щодо випадкового сполучення певних пар генів у тварин свиней різних порід (табл. 3.74-3.77).

Лише стосовно генів *ESR* та *IGF2* нами було зареєстровано наявність невідповідного сполучення окремих ділокусних генотипів серед певних особин ($p_{MC} = 0,004$). При цьому, відмічається суттєвий дефіцит особин з ділокусним генотипом $ESR^{AA}IGF2^{QQ}$, та надлишок тварин з ділокусними генотипами $ESR^{AB}IGF2^{QQ}$, $ESR^{BB}IGF2^{QQ}$ та $ESR^{AA}IGF2^{qq}$.

Таблиця 3.74

Асоціація між генами *ESR* та *BF* свиней різних порід ($p_{MC} = 0,874$)

Генотип за геном <i>ESR</i>	Генотип за геном <i>BF</i>		
	<i>BF^{CC}</i>	<i>BF^{CT}</i>	<i>BF^{TT}</i>
<i>ESR^{AA}</i>	1 / 0,6	20 / 21,4	55 / 54,0
<i>ESR^{AB}</i>	0 / 0,3	14 / 13,3	33 / 33,3
<i>ESR^{BB}</i>	0 / 0,1	3 / 2,2	5 / 5,7

Примітка. В чисельнику – фактичні абсолютні частоти, в знаменнику – теоретичні абсолютні частоти.

Таблиця 3.75

Асоціація між генами *ESR* та *IGF2* свиней різних порід ($p_{MC} = 0,004$)

Генотип за геном <i>ESR</i>	Генотип за геном <i>IGF2</i>		
	<i>IGF2^{QQ}</i>	<i>IGF2^{Qq}</i>	<i>IGF2^{qq}</i>
<i>ESR^{AA}</i>	22 / 31,7	29 / 26,0	24 / 17,3
<i>ESR^{AB}</i>	22 / 16,9	13 / 13,8	5 / 9,2
<i>ESR^{BB}</i>	11 / 6,3	3 / 5,2	1 / 3,5

Примітка. В чисельнику – фактичні абсолютні частоти, в знаменнику – теоретичні абсолютні частоти.

Таблиця 3.76

Асоціація між генами *ESR* та *FSHb* свиней різних порід ($p_{MC} = 0,091$)

Генотип за геном <i>ESR</i>	Генотип за геном <i>FSHb</i>		
	<i>FSHb^{AA}</i>	<i>FSHb^{AB}</i>	<i>FSHb^{BB}</i>
<i>ESR^{AA}</i>	0 / 0,5	-	30 / 29,5
<i>ESR^{AB}</i>	0 / 0,4	-	21 / 20,6
<i>ESR^{BB}</i>	1 / 0,1	-	4 / 4,9

Примітка. В чисельнику – фактичні абсолютні частоти, в знаменнику – теоретичні абсолютні частоти.

Асоціація між генами *ESR* та *ECR* свиней різних порід ($p_{MC} = 0,393$)

Генотип за геном <i>ESR</i>	Генотип за геном <i>ECR</i>		
	<i>ECR^{AA}</i>	<i>ECR^{AG}</i>	<i>ECR^{GG}</i>
<i>ESR^{AA}</i>	7 / 6,7	5 / 7,3	38 / 36,0
<i>ESR^{AB}</i>	3 / 3,1	5 / 3,4	15 / 16,6
<i>ESR^{BB}</i>	0 / 0,3	1 / 0,3	1 / 1,4

Примітка. В чисельнику – фактичні абсолютні частоти, в знаменнику – теоретичні абсолютні частоти.

Можливо, це може бути пов'язано із селекційною роботою, спрямованою на збільшення тварин з «бажаним» генотипом (та алелем), яким за геном естрогенового рецептора є генотип *ESR^{BB}*, а за геном інсуліноподібного фактора росту – *IGF2^{qq}*.

Для решти поєднань генів має місце випадкове сполучення у тварин свиней різних порід.

Отже, нами встановлено вірогідні відмінності між окремими породами свиней за характером розподілу частот генотипів та алелів досліджених структурних генів. Помісні тварини найчастіше характеризуються частотами алелів, що мають проміжне значення між батьківськими породами.

Тварини великої білої породи з різних господарств найчастіше характеризуються подібними частотами генотипів та алелів досліджених структурних генів, за виключенням генів *ESR* та *IGF2*, частоти алелів яких мають певні особливості в різних господарствах.

При цьому, щодо генів *ESR* та *IGF2* було зареєстровано наявність не випадкового сполучення окремих ділокусних генотипів серед певних особин ($p_{MC} = 0,004$). Це може бути пов'язано із селекційною роботою, спрямованою на збільшення тварин з «бажаним» генотипом або алелем.

3.5. Вплив генетичної мінливості структурних генів на показники відтворювальних ознак свиноматок великої білої породи

Тварини з різними генотипами за геном естрогенового рецептора (*ESR*) відрізнялися між собою за показниками відтворювальних ознак. Однак, напрямок залежності у тварин із різних господарств виявився протилежним. У свиноматок господарства № 1 загальна кількість поросят при народженні та багатоплідність зростали у ряду генотипів $ESR^{AA} \rightarrow ESR^{AB} \rightarrow ESR^{BB}$ (табл. 3.78).

Таблиця 3.78

Відтворювальні якості свиноматок великої білої породи з різними генотипами за геном естрогенового рецептора (*ESR*), $\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$

Ознака	Генотип					
	<i>ESR</i> ^{AA}	<i>ESR</i> ^{AB}	<i>ESR</i> ^{BB}	<i>ESR</i> ^{AA}	<i>ESR</i> ^{AB}	<i>ESR</i> ^{BB}
	Господарство № 1			Господарство № 4		
<i>n</i>	22	12	6	22	24	5
Загальна кількість поросят при народженні, гол.	10,7 ±0,44	11,4 ±0,41	12,1 ±0,87	11,0 ±0,58	10,7 ±0,39	10,3 ±0,70
Багатоплідність, гол.	9,5 ±0,37	10,2 ±0,40	10,4 ±0,54	10,3 ±0,55	10,1 ±0,33	9,9 ±0,49
Кількість поросят при відлученні, гол.	8,7 ±0,29	8,7 ±0,21	8,2 ±0,45	8,6 ±0,55	8,9 ±0,43	8,5 ±1,14

Найвищими значеннями даних ознак характеризувалися свиноматки з генотипом *ESR*^{BB} – 12,1 та 10,4 гол. відповідно, що на 1,4 та 0,9 гол. вище аналогічного показника тварин з генотипом *ESR*^{AA}. У особин з генотипом *ESR*^{AB} відмічено проміжні значення даних ознак. Водночас, кількість поросят при відлученні у тварин з генотипом *ESR*^{BB} виявилася найнижчою – 8,2 гол. Така ситуація може бути наслідком можливих порушень технології вирощування поросят-сисунів у господарстві і потребує подальшого аналізу.

У тварин господарства № 4 також відмічено залежність між генотипом свиноматок за досліджуваним геном та показниками їх відтворювальних ознак. Проте, така залежність мала зворотну тенденцію (рис. 3.51).

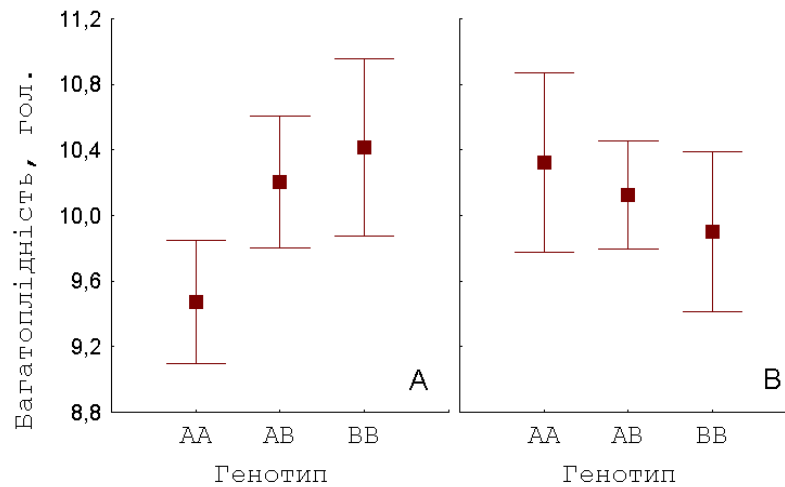


Рис. 3.51. Багатоплідність свиноматок з різними генотипами за геном естрогенового рецептора (*ESR*) (А – господарство № 1; В – господарство № 4)

Зокрема, у тварин з генотипом ESR^{BB} показники всіх трьох досліджуваних ознак виявилася найнижчими – 10,3 та 9,9 гол. та 8,5 гол., відповідно. Найвищу значення даних ознак були притаманні свиноматкам з генотипом ESR^{AA} .

Встановлена динаміка показників відтворювальних ознак не має статистичної вірогідності, проте виявлена різнонаправлена асоціація є свідченням необхідності її встановлення для кожного окремого стада при розробці програм маркер-залежної селекції за даним структурним геном.

При оцінці відтворювальних якостей свиноматок великої білої породи з різними генотипами за геном пропердину (BF) встановлено перевагу гомозиготних тварин з генотипом BF^{TT} над гетерозиготними особинами. Причому, цю перевагу відмічено серед тварин обох стад, що досліджувалися (табл. 3.79).

Перевага за загальною кількістю поросят при народженні становила 1,5 та 0,5 гол. у стадах господарств № 1 та № 4, відповідно.

**Відтворювальні якості свиноматок великої білої породи з різними
генотипами за геном пропердину (BF), $\bar{X} \pm s_{\bar{x}}$**

Ознака	Генотип			
	BF^{CT}	BF^{TT}	BF^{CT}	BF^{TT}
	Господарство № 1		Господарство № 4	
n	4	8	16	59
Загальна кількість поросят при народженні, гол.	9,5±1,07	11,0±0,67	10,1±0,36	10,6±0,31
Багатоплідність, гол.	8,8±1,12	9,7±0,59	9,6±0,31	9,9±0,31
Кількість поросят при відлученні, гол.	8,5±0,15	9,3±0,35	8,6±0,39	8,7±0,29

За багатоплідністю перевага становила 0,9 та 0,3 гол. відповідно (рис. 3.52).

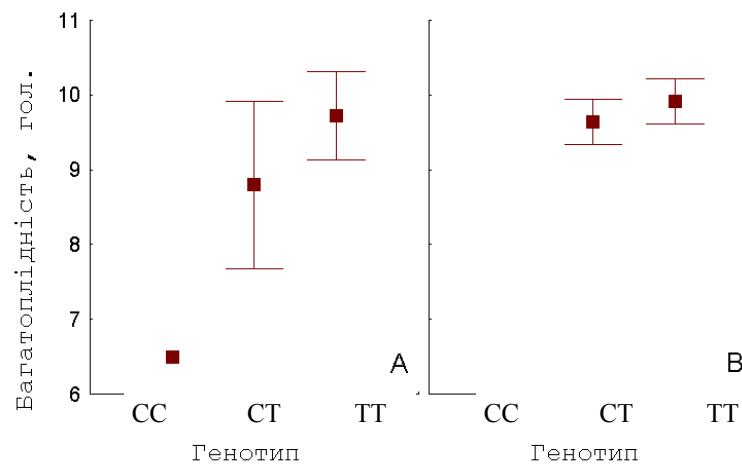


Рис. 3.52. Багатоплідність свиноматок з різними генотипами за геном пропердину (BF) (А – господарство № 1; В – господарство № 4)

Кількість поросят у гомозиготних свиноматок була вищою на 0,8 та 0,1 гол., відповідно. Проте, як і за геном естрогенового рецептора, виявлені відмінності статистичної вірогідності не мали.

Різноманітну асоціацію з показниками відтворювальних ознак свиноматок виявлено і для гена рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*). У господарстві № 1 за показниками загальної кількості поросят при народженні та багатоплідності перевагу мали тварини з генотипом ECR^{AG} – на 1,3 та 0,5 гол., відповідно (табл. 3.80).

Таблиця 3.80

Відтворювальні якості свиноматок великої білої породи з різними генотипами за геном рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*), $\bar{x} \pm S_{\bar{x}}$

Ознака	Генотип			
	ECR^{AG}	ECR^{GG}	ECR^{AG}	ECR^{GG}
	Господарство № 1		Господарство № 4	
<i>n</i>	4	18	10	18
Загальна кількість поросят при народженні, гол.	11,8±1,17	10,5±0,45	10,5±0,34	10,5±0,48
Багатоплідність, гол.	10,0±1,22	9,5±0,39	9,8±0,31	10,2±0,51
Кількість поросят при відлученні, гол.	7,9±0,36	8,6±0,32	8,5±0,36	9,1±0,40

Водночас, серед тварин господарства № 2 вищою багатоплідністю відзначалися особини з генотипом ECR^{GG} – 10,2 гол. (рис. 3.53).

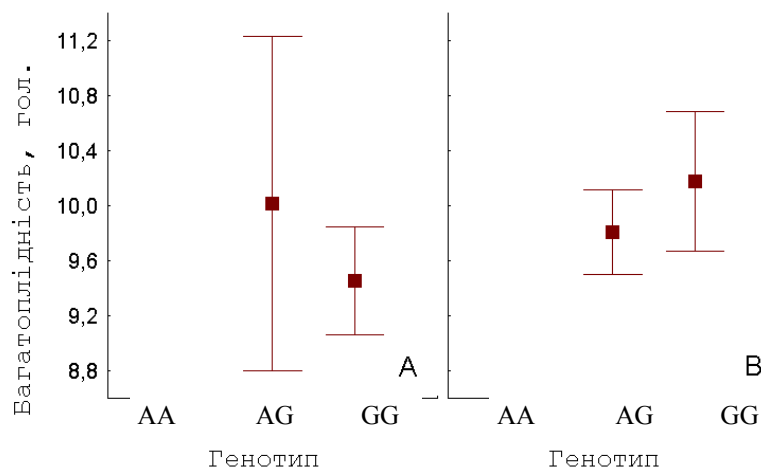


Рис. 3.53. Багатоплідність свиноматок з різними генотипами за геном рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*) (А – господарство № 1; В – господарство № 4)

Проте, вищу кількість поросят при відлученні в обох господарствах було відмічено у тварин з генотипом ECR^{GG} .

Встановлення залежності між показниками відтворювальних ознак та генотипом тварин за геном інсуліноподібного фактора росту ($IGF2$) проводилося лише в одному господарстві. Встановлено, що за загальною кількістю поросят при народженні та багатоплідністю свиноматки з генотипом $IGF2^{QQ}$ переважали гетерозиготних особин на 2,4 та 0,8 гол., відповідно (табл. 3.81).

Таблиця 3.81

Відтворювальні якості свиноматок великої білої породи з різними генотипами за геном інсуліноподібного фактора росту ($IGF2$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Ознака	Генотип	
	$IGF2^{QQ}$	$IGF2^{Qq}$
<i>n</i>	13	3
Загальна кількість поросят при народженні, гол.	12,3±0,59	9,9±1,95
Багатоплідність, гол.	10,7±0,75	9,9±1,95
Кількість поросят при відлученні, гол.	8,8±0,83	9,1±1,57

Водночас, у гетерозиготних тварин відмічено вищий показник кількості поросят при відлученні на 0,3 гол. Встановлені різниці статистичної вірогідності не мають.

При оцінці показників відтворювальних ознак свиноматок великої білої породи з різними мультилокусними генотипами за генами естрогенового рецептора (ESR), пропердину (BF) та рецептора *E. Coli* F18 ($ECR F18/FUT1$) встановлено, що найвища багатоплідність та кількість поросят при відлученні (10,8 та 9,4 гол., відповідно) властиві тваринам з генотипом $ESR^{AB}BF^{CT}ECR^{GG}$ (табл. 3.82).

Відтворювальні якості свиноматок великої білої породи з різними мультилокусними генотипами за генами естрогенового рецептора (*ESR*), пропердину (*BF*) та рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*), $\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$

Генотип	n	Ознака		
		загальна кількість поросят при народженні, гол.	Багато-плідність, гол.	кількість поросят при відлученні, гол.
<i>ESR^{AA}BF^{CT}ECR^{GG}</i>	4	9,3±0,86	8,9±1,09	8,5±0,51
<i>ESR^{AA}BF^{TT}ECR^{GG}</i>	6	11,9±0,67	10,5±0,89	9,0±0,45
<i>ESR^{AB}BF^{CT}ECR^{GG}</i>	2	11,2±1,00	10,8±1,00	9,4±0,08
<i>ESR^{AB}BF^{TT}ECR^{AG}</i>	4	11,7±0,85	10,7±0,81	8,0±0,73
<i>ESR^{AB}BF^{TT}ECR^{GG}</i>	4	10,2±0,98	9,6±0,94	9,1±0,92

Водночас, у тварин із мультилокусним генотипом *ESR^{AA}BF^{CT}ECR^{GG}* всі ознаки, що досліджувалися мали найнижчі значення – 9,3, 8,9 та 8,5 гол., відповідно.

Отже, в результаті наших досліджень асоціації між показниками відтворювальних ознак та генотипами тварин за деякими структурними генами встановлено лише на рівні тенденцій. У різних стадах відмічаються специфічні особливості прояву відтворювальних ознак у тварин з різними генотипами за тим чи іншим структурним геном.

3.6. Аналіз впливу генетико-автоматичних процесів на формування генетичного різноманіття порід свиней України

Популяції свійських тварин дуже часто стають об'єктом впливу генетико-автоматичних процесів (дрейф генів), що є наслідком дії «ефекту засновника» (founder effect) або «ефекту пляшкового горлечка» (bottleneck effect). Тому, одним із важливіших завдань при оцінці рівня генетичного

поліморфізму (на підставі ДНК-маркерів) є оцінка наслідків (насамперед, негативних) популяційно-генетичних процесів у стадах свійських тварин, особливо, тих, що мають невисоку чисельність. Важливими «ефектами» таких процесів є зниження генетичного різноманіття, підвищення рівня інбридингу та, можливо, зниження ефективної чисельності популяції [363].

У якості досить адекватного методу оцінки прояву генетико-автоматичних процесів може бути використане співвідношення кількості визначених алелів (за певним мікросателітним локусом) до розмаху між довжиною крайніх за розмірами алелів за цим локусом, що було названо як *M-ratio* [367]. Показано, при зниженні рівня генетичного різноманіття із популяції будуть елімінуватися алелі, що мають найнижчу частоту, але не обов'язково це будуть алелі з мінімальною чи максимальною довжиною (у п. н.). Тому, в цьому випадку, показник *M-ratio* буде наближатися до свого мінімального значення.

В таблиці 3.83 наведено оцінки показника *M-ratio*, що були розраховані нами для різних порід свиней у розрізі окремих мікросателітних локусів.

Таблиця 3.83

Показники *M-ratio* для мікросателітних локусів свиней різних порід

Локус	Порода										$\bar{X} \pm S\bar{x}$
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
SW24	0,360	0,323	0,320	0,370	0,400	0,385	0,308	0,359	0,387	0,261	0,347 ± 0,014
S0155	0,400	0,524	0,421	0,333	0,333	0,333	0,235	0,368	0,368	0,267	0,358 ± 0,026
SW72	0,241	0,385	0,353	0,351	0,308	0,273	0,267	0,429	0,280	0,353	0,324 ± 0,019
SW951	0,229	0,303	0,444	0,333	0,444	0,667	0,667	0,455	0,231	0,429	0,420 ± 0,049
S0386	0,238	0,522	0,368	0,400	0,462	0,667	0,364	0,316	0,368	0,364	0,407 ± 0,038
S0355	0,294	0,432	0,259	0,323	0,400	0,200	0,148	0,310	0,310	0,185	0,286 ± 0,029

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
SW240	0,333	0,516	0,222	0,444	0,304	0,235	0,412	0,478	0,348	0,429	0,372 ± 0,032
SW857	0,462	0,407	0,421	0,370	0,421	0,294	0,353	0,368	0,381	0,333	0,381 ± 0,015
S0101	0,429	0,400	0,571	0,286	0,263	0,235	0,600	0,304	0,211	0,263	0,356 ± 0,044
SW936	0,294	0,514	0,316	0,343	-	-	-	0,345	0,368	0,267	0,349 ± 0,030
SW911	0,400	0,400	0,320	0,385	-	-	-	0,435	0,267	0,240	0,349 ± 0,028
S0228	0,391	0,378	0,296	0,216	-	-	-	0,286	0,286	0,600	0,351 ± 0,047
$\bar{X} \pm Sx$	0,339 ± 0,027	0,425 ± 0,022	0,359 ± 0,027	0,346 ± 0,017	0,371 ± 0,023	0,365 ± 0,060	0,373 ± 0,056	0,371 ± 0,018	0,371 ± 0,018	0,317 ± 0,018	0,332 ± 0,033

Генетико-автоматичні процеси по-різному проявляються для певних мікросателітних локусів. Найбільше зниження рівня генетичного різноманіття було зафіксовано для локусу S0355 ($M\text{-ratio} = 0,286 \pm 0,029$ на локус). Найменшою мірою це явище було притаманно для локусу SW951 ($M\text{-ratio} = 0,420 \pm 0,049$ на локус).

При цьому для більшості використаних в аналізі локусів отримані значення коливалися у відносно вузьких межах.

Суттєві відмінності було відмічено й серед різних порід свиней – найвищий прояв зниження рівня генетичного різноманіття було встановлено для свиней породи УСБ ($M\text{-ratio} = 0,317 \pm 0,018$ на локус), водночас серед свиней великої білої породи, навпаки, швидкість втрати алельного різноманіття виявилася найнижчою ($M\text{-ratio} = 0,425 \pm 0,022$ на локус).

Показники кількості алелів (у т.ч., ефективної), що було проаналізовано в підрозділі 3.2.1, відображають рівень алельного різноманіття різних порід свиней. Проте, вони залежать від обсягу генотипованих тварин. Тому, для того, щоб отримати оцінки, які можна порівнювати між породами, необхідно використати методику оцінки алельного різноманіття, що базується на rarefaction-процедурі.

В таблиці 3.84 наведено оцінки кількісного алельного різноманіття (у розрізі окремих локусів мікросателітів ДНК) у свиней різних порід, що було отримано для 50 випадковим чином відібраних тварин.

Таблиця 3.84

Кількість алелів, розрахована на підставі rarefaction-процедури (для 50 випадкових чином обраних тварин) серед свиней різних порід

Локус	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
SW24	8,4	7,9	8,0	9,2	6,0	5,0	4,0	10,1	10,7	6,0
S0155	5,4	6,6	8,0	4,8	5,0	5,0	4,0	7,0	6,5	4,0
SW72	6,1	11,0	6,0	10,9	4,0	3,0	4,0	7,0	6,7	6,0
SW951	6,5	8,4	4,0	5,9	4,0	2,0	2,0	4,3	7,8	3,0
S0386	4,6	9,4	7,0	8,8	6,0	2,0	4,0	6,0	6,8	4,0
S0355	4,5	11,7	7,0	8,5	3,0	3,0	4,0	8,0	8,6	5,0
SW240	9,4	14,7	6,0	11,5	7,0	4,0	4,0	10,6	7,8	9,0
SW857	5,1	11,4	8,0	9,1	8,0	5,0	6,0	7,0	7,9	5,0
S0101	3,0	9,8	4,0	5,1	5,0	4,0	3,0	6,3	4,0	5,0
SW936	4,4	15,8	6,0	9,9	-	-	-	8,6	6,8	4,0
SW911	6,0	9,0	8,0	5,0	-	-	-	8,1	4,0	6,0
S0228	7,2	10,5	8,0	7,2	-	-	-	5,3	5,8	3,0
$\bar{X} \pm S_x$	5,9 ± 0,52	10,5 ± 0,77	6,7 ± 0,43	8,0 ± 0,68	5,3 ± 0,53	3,7 ± 0,41	3,9 ± 0,35	7,3 ± 0,53	6,9 ± 0,54	5,0 ± 0,48

Найвищу кількість алелів було зафіксовано у свиней великої білої породи ($10,5 \pm 0,77$ алелів на локус). При цьому, вона варіювала від 6,6 (для локусу S0155) до 15,8 (для локусу SW936). Найнижча кількість алелів була притаманна свиням порід п'єтрен ($3,7 \pm 0,41$ алеля на локус) та ПМ ($3,9 \pm 0,35$ алеля на локус).

При цьому, частина серед цих алелів були унікальними, тобто, зустрічалися лише у тварин певної породи (табл. 3.85).

Кількість унікальних алелей, розрахована на підставі rarefaction-процедури (для 50 випадкових чином обраних тварин) у свиней різних порід

Локус	Порода									
	Д	ВБ	ЧБП	Л	М	П	ПМ	УМ	УСБ	УСР
SW24	0,2	0,6	0,0	0,9	0,1	0,0	0,0	1,5	1,2	0,0
S0155	0,0	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SW72	0,6	1,7	0,0	2,1	0,0	0,0	1,0	0,0	0,1	0,0
SW951	1,0	0,8	0,0	0,8	0,0	0,0	0,0	0,0	1,5	0,0
S0386	0,1	0,6	0,4	1,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
S0355	0,1	2,3	0,0	0,7	1,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,4
SW240	0,6	1,6	1,0	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SW857	0,0	1,9	0,0	1,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
S0101	0,0	3,2	0,0	0,3	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
SW936	0,0	0,0	0,0	0,0	-	-	-	0,0	0,0	0,0
SW911	0,0	0,0	0,0	0,0	-	-	-	0,0	0,0	0,0
S0228	0,0	0,0	0,0	0,0	-	-	-	0,0	0,0	0,0
$\bar{X} \pm S\bar{x}$	0,2 ± 0,10	1,1 ± 0,29	0,1 ± 0,09	0,6 ± 0,20	0,1 ± 0,11	0,0	0,1 ± 0,11	0,1 ± 0,13	0,2 ± 0,16	0,0

Кількість унікальних алелів (оцінена на підставі rarefaction-методу) значною виявилася лише у тварин великої білої породи та ландрас. Решта досліджених порід свиней майже не мали породно-специфічних алелів.

Проявом дії генетико-автоматичних процесів є зниження рівня гетерозиготності та, відповідно, більш високий рівень інбредності серед тварин. У цьому випадку, фактична гетерозиготність буде значно менше за «рівноважну» (*Heq*), оскільки дрейф генів переважатиме дію мутаційного процесу.

Результати перевірки можливого впливу ефекту «пляшкового горлечка» на генетичну структуру свиней різних порід надано в таблиці 3.86.

Таблиця 3.86

Результати перевірки гіпотези щодо впливу ефекту «пляшкового горлечка» серед свиней різних порід

Порода	Модель IAM			Модель TPM			Модель SMM		
	<i>D</i>	<i>E</i>	<i>p</i>	<i>D</i>	<i>E</i>	<i>p</i>	<i>D</i>	<i>E</i>	<i>p</i>
Д	5	7	ns	9	3	0,020	10	2	0,003
ВБ	10	2	0,003	12	0	< 0,001	12	0	< 0,001
ЧБП	4	8	ns	6	6	ns	8	4	ns
Л	8	4	ns	8	4	ns	11	1	< 0,001
М	4	5	ns	4	5	ns	5	4	ns
П	5	4	ns	5	4	ns	5	4	ns
ПМ	5	4	ns	6	3	ns	7	2	0,033
УМ	3	9	ns	8	4	ns	10	2	0,004
УСБ	6	6	ns	8	4	ns	11	1	< 0,001
УСР	7	5	ns	9	3	0,019	10	2	0,003

У свиней великої білої породи майже всі досліджені локуси мікросателітів ДНК мали рівень фактичної гетерозиготності нижче, ніж у випадку рівноваги між генетичним дрейфом та мутаційним процесом. Це свідчить про те, що у минулому, тварини цієї породи відчули значний прес ефекту «пляшкового горлечка».

Крім тварин цієї породи, вірогідний вплив даного ефекту було зафіксовано на тварин порід Д та УСР. Але, якщо розглядати найбільш песимістичну модель (модель SMM), то ефект «пляшкового горлечка» відмічається серед більшості порід свиней (сім з 10 досліджених).

При цьому, порівняння фактичної кількості зареєстрованих алелів із теоретичною, що було розраховано нами на підставі моделей SMM та IAM дає можливість стверджувати, що процес формування алельного

різноманіття у свиней досліджених порід більшою мірою відповідає саме покроковій мутаційній моделі (SMM) (рис. 3.54).

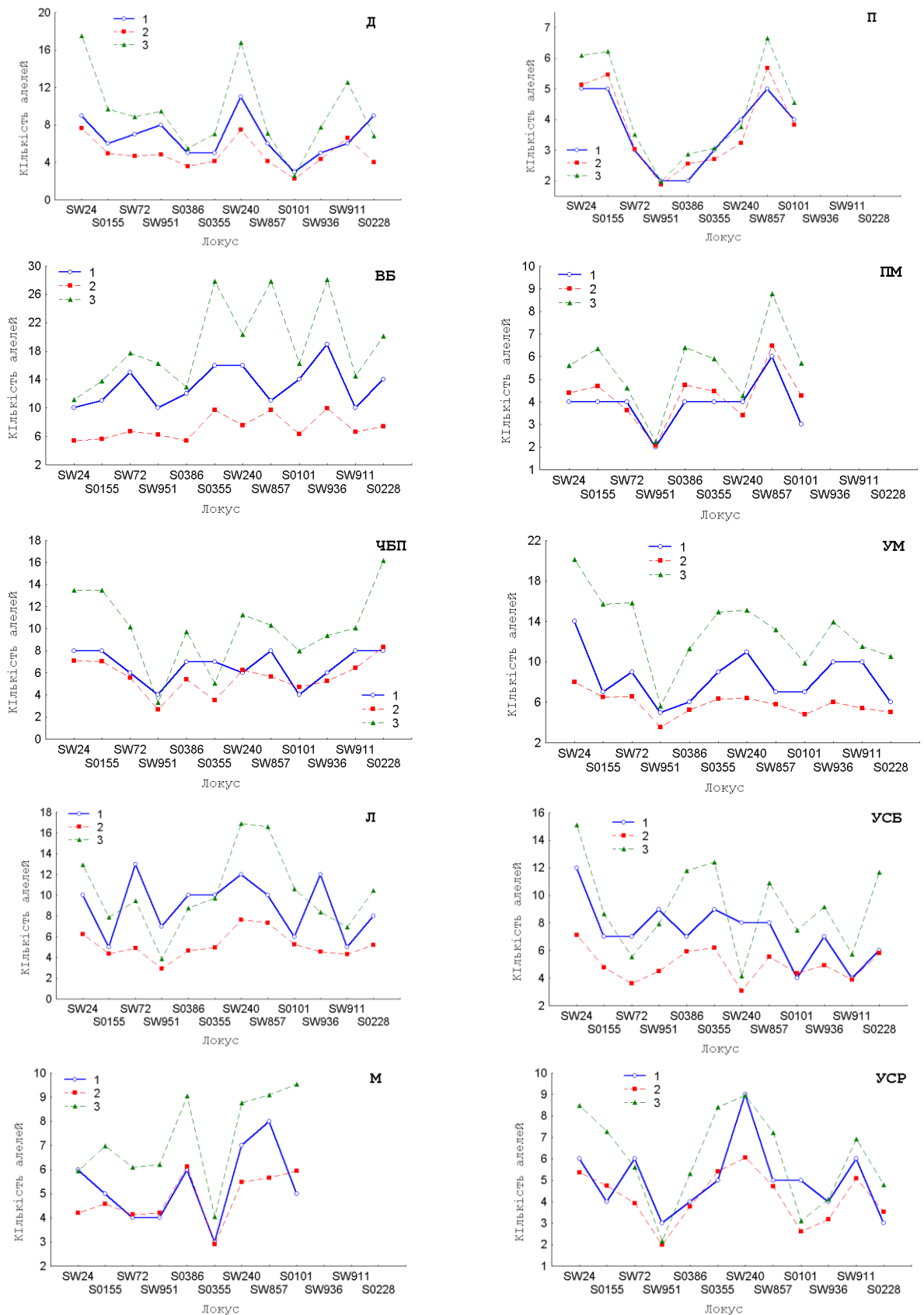


Рис. 3.54. Кількість алелів окремих мікросателітних локусів у свиней різних порід: 1 – фактична; 2 – для моделі SMM; 3 – для моделі IAM

Лише для тварин великої білої породи відмічаються суттєві відмінності між фактичною то модельними оцінками кількості алелів.

Таким чином, можна вважати доведеним, що для більшості досліджених порід свиней України має місце прояв ефекту «пляшкового горлечка», внаслідок чого генетичне різноманіття свиней може знаходитися на загрозливому рівні.

Ступінь інбредованості можна також проаналізувати на підставі оцінок індексу фіксації (*Fis*). Встановлено, що лише для свиней великої білої породи середні значення індексу фіксації (для 12 проаналізованих мікросателітних локусів) вірогідно перевищують нуль (рис. 3.55).

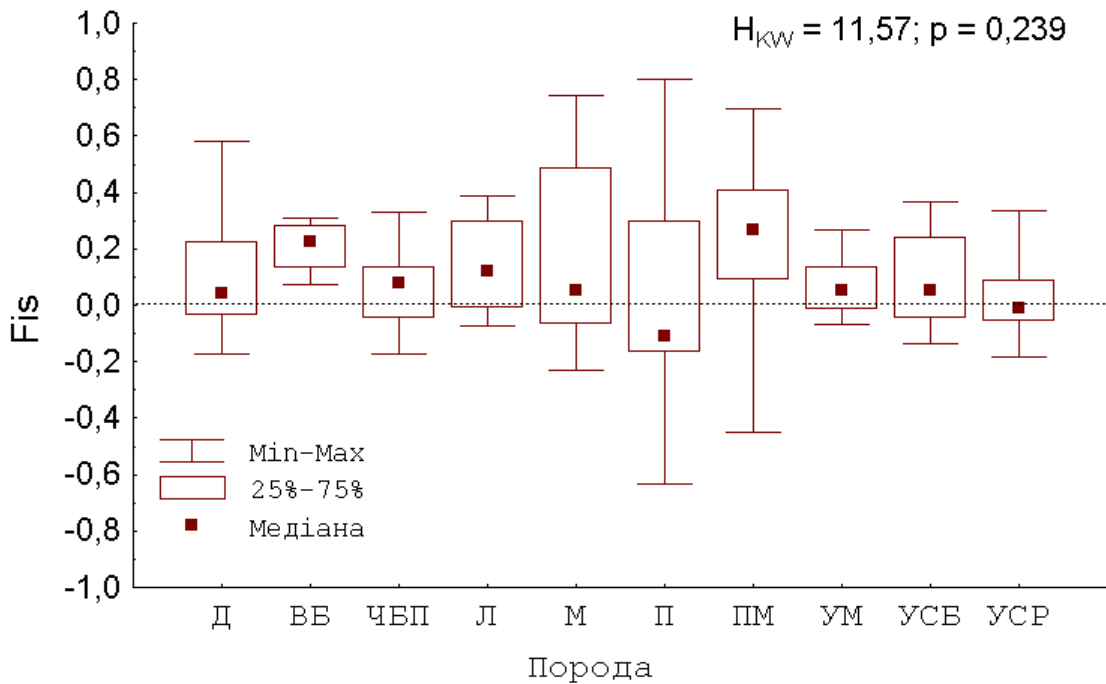


Рис. 3.55. Показники мінливості індексу фіксації (*Fis*) у різних порід свиней

Водночас, для більшості порід середні оцінки мають позитивне значення (що свідчить про наявність певного інбридингу серед генотипованих тварин). Виключення складає лише тварини породи п'єтрен.

Щодо досліджених локусів – у більшості випадків спостерігається аналогічна тенденція. Найбільш високий рівень інбридингу відмічається для локусів *S0386*, *S0355* та *S0228* (рис. 3.56).

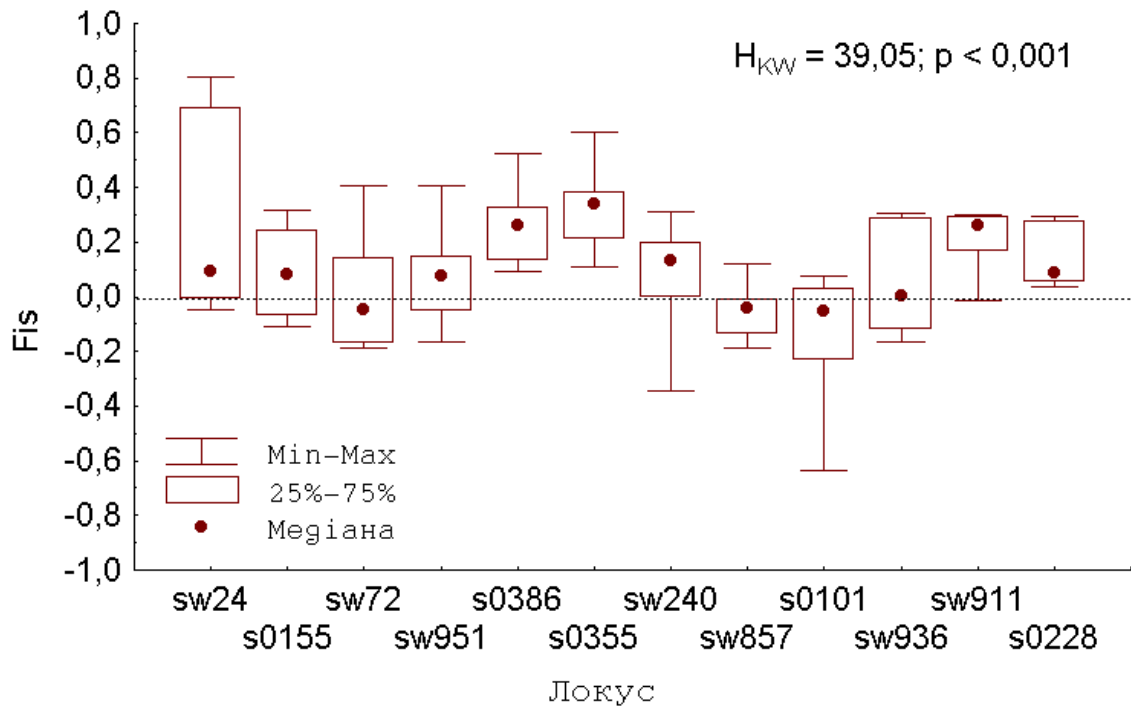


Рис. 3.56. Показники мінливості індексу фіксації (*Fis*) різних локусів мікросателітів

Характерно, що якщо міжпородних відмінностей оцінок індексу фіксації не встановлено, то між локусами мікросателітів ДНК, навпаки, спостерігаються суттєві відмінності за величиною даного показника. Це може свідчити про те, що генетико-автоматичні процеси проявляються для різних локусів не однаковою мірою. Можливо, це пов'язано із формуванням груп зчеплення алелей певних локусів.

Таким чином, одним із наслідків дії цих процесів може бути прояв нерівноваги за зчепленням (*LD*), тобто, не випадкової асоціації між окремими алелями досліджених локусів мікросателітів (табл. 3.87).

Нами було встановлено, що найбільша кількість випадків такого зчеплення було зафіксовано серед досліджених тварин великої білої породи (150 разів) та Л (109 разів).

Крім того, у загрозовому стані знаходиться рівень генетичного різноманіття свиней породи дюрок. Що повністю узгоджується з результатами, отриманими нами раніше при аналізі негативного впливу генетико-автоматичних процесів у популяціях свиней.

Таблиця 3.87

Результати перевірки гіпотези щодо прояву нерівноваги за зчепленням (LD) серед свиней різних порід

Порода	N_{LD}	WHD	df	X^2	p
Д	29	0,129	12	37,18	< 0,001
ВБ	150	0,252	12	85,86	< 0,001
ЧБП	4	0,119	12	14,46	ns
Л	109	0,173	12	31,55	0,002
М	3	0,159	12	23,38	0,025
П	0	-0,026	11	6,64	ns
ПМ	2	0,146	12	6,91	ns
УМ	29	0,064	12	15,74	ns
УСБ	36	0,150	12	23,84	0,021
УСР	11	0,074	12	7,55	ns

Примітка. N_{LD} – кількість випадків зчеплення між алелями різних локусів мікросателітів; WHD – міра не випадкового об'єднання гамет

Як відомо, згідно правила «50 : 500», якщо ефективна чисельність популяції перевищує 500 особин – популяція знаходиться у сприятливому стані, якщо знаходиться у межах 50-500 особин – у загрозовому і якщо знижується нижче 50 особин – на межі зникнення [441].

Для досліджених порід свиней лише в чотирьох випадках (для порід дюрок, велика біла, ЧБП та УМ) отримані оцінки ефективної чисельності популяції (N_e) перевищували нижнє критичне значення, тобто 50 голів (табл. 3.88). Метод MA (побудований на урахуванні ступеню сумісного походження) дає ще більш низькі оцінки (за виключенням тварин ЧБП).

Оцінки ефективної чисельності популяції (N_e) свиней різних порід, гол.

Порода	LD-метод		MA-метод	
	оцінка	95% ДІ	оцінка	95% ДІ
Д	55,8	34,2 – 107,3	8,9	2,1 – 20,4
ВБ	49,3	39,8 – 61,8	19,3	7,1 – 37,5
ЧБП	59,2	35,8 – 128,7	114,3	0,1 – 574,0
Л	30,2	22,6 – 41,4	4,1	1,8 – 7,4
М	∞	na	14,1	0,4 – 52,2
П	8,1	2,3 – ∞	2,7	1,7 – 4,0
ПМ	35,0	7,8 – ∞	24,2	0,6 – 89,3
УМ	68,3	52,3 – 92,4	25,8	7,0 – 56,4
УСБ	32,3	22,8 – 48,2	∞	na
УСР	36,3	13,2 – ∞	14,7	1,8 – 41,0

Таким чином, можна вважати, що рівень генетичного різноманіття більшості порід свиней України знаходиться в загрозовому стані. Найбільшу оцінку швидкості втрати генетичного різноманіття можна очікувати серед тварин порід п'єтрен та ландрас.

3.7. Організаційно-інформаційне забезпечення впровадження маркер-залежної селекції

В Україні ведення племінного обліку у свинарстві регламентується розробленою на виконання Закону України «Про племінну справу у тваринництві» «Інструкцією з ведення племінного обліку у свинарстві», затвердженою наказом Міністерства аграрної політики України № 396 від 17.12.2002 року.

Відповідно до вимог даної Інструкції, в 2003 році М. М. Сердюком у співробітництві з вченими Інституту свинарства та агропромислового

виробництва НААНУ, Миколаївського національного аграрного університету та інших науково-дослідних установ та вищих навчальних закладів була розроблена комп'ютерна програма «Акцент – племінний облік у свинарстві».

Цей продукт наразі широко використовується у свинарських господарствах України, забезпечуючи можливість фахівцям-обліковцям і технологам з племінної справи у повному обсязі в автоматизованому режимі здійснювати ведення племінного обліку, створювати різні форми звітності, а також планувати графік проведення тих чи інших технологічних операцій [1].

Водночас, на сучасному етапі організації виробництва продукції тваринництва у країнах з розвинутою інфраструктурою селекційно-племінної роботи основні зусилля науковців спрямовані на впровадження новітніх досягнень геноміки, популяційної генетики і біотехнології у практику створення тварин з бажаними характеристиками і властивостями.

Початок використання інформації щодо впливу змін у деяких генах (або інших послідовностях) на фенотиповий прояв тих чи інших ознак свиней було покладено у 1991 році, коли J. Fujii зі співавторами [415] встановили залежність між мутацією в гені ріанодинового рецептору свиней та злякисною гіпертермією.

На сьогодні у світі при селекції свиней використовується близько 100 ДНК-маркерів, які охоплюють цілий ряд різних ознак. Були визначені і включені в селекційні програми маркери, які обумовлюють різницю в інтенсивності росту, вмісті пісної свинини, багатоплідності, якості м'яса, схильності до аномалій розвитку і, навіть, стійкості до хвороб. Найближчою перспективою є розробка удосконаленої версії BLUP, яка використовуватиме велику кількість генетичних маркерів для оцінки племінної цінності тварин [318].

В Україні також набуває поширення використання у практиці селекційної роботи у свинарстві даних генетичного поліморфізму деяких структурних генів. Найбільш широко наразі вивчено поліморфізм генів

ріанодинового рецептора (*RYR*), естрогенового рецептора (*ESR*) та деяких інших. Позитивний досвід використання даної інформації у селекційній роботі дає підставу вважати, що в подальшому такі дослідження матимуть більш масовий характер.

Враховуючи вищенаведене, виникла необхідність розширення функціоналу програми «Акцент – племінний облік у свинарстві» модулем, який би забезпечував зберігання та обробку інформації, що стосується генетичних профілів тварин за різними структурними генами.

Результатом стало створення додаткового модуля «Генетичний паспорт» у програмі «Акцент – племінний облік у свинарстві». Доступ до даного модуля для внесення інформації про генотип свиноматок реалізовано із третьої вкладки («Всі парування та опороси») форми 1-2-св (рис. 3.57).

III. Розвиток та продуктивність свиноматки (парування і опороси)														Текст	0	Додати пусті рядки						
Розвиток					Продуктивність																	
вік, місяць	хвіст, кг	Довж. тулуба, см	товщ. шпик., мм	Порядковий номер опоросу	Дата парування	К-сть днів від відл. до парув.	Дата опоросу	Дата відлучення	Народилося усього	у т.ч. живих	кількість поросят, гол	маса пізда, кг	середня маса 1 поросяти, кг	Кличка, іден. № кнур, від якого одержано потомство	Бірка кнур	Індекс РЯ*	Вирі-няність пізда	Маса пізда при народж.	Молоч-ність	Індекс SZFTV		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17						
18	171	156	16	10000	20.01.2011				0	0	0	0	0	048905 General Lee			0					
18	171	156	16	10000	26.06.2011		19.10.2011		0	0	0	0	0	047207 General Lee			0					
18	171	156	16	1	26.06.2011		19.10.2011	24.11.2011	10	10	9	166,05	18,45	047207 General Lee		37,72	3	Опорос №1	4,95	17,93	116,61	93
18	171	156	16	10000	29.11.2011	5	22.03.2012		0	0	0	0	0	652/10/OS	314		0					
18	171	156	16	2	29.11.2011		22.03.2012	15.05.2012	14	14	12	166,75	13,9	652/10/OS	314	45,47	0	Опорос №2	5,63	15,2	137,34	128
18	171	156	16	10000	19.05.2012	4	10.09.2012		0	0	0	0	0	3812051-1	331		0					
18	171	156	16	3	19.05.2012		10.09.2012	25.10.2012	11	11	10	136,5	13,65	3812051-1	331	38,38	0	Опорос №3	5,63	11	96	97
18	171	156	16	10000	29.10.2012	4			0	0	0	0	0	0N0713	0897		0					
18	171	156	16	10000	27.11.2012	33			0	0	0	0	0	3812051-1	331		0					

Рис. 3.57. Кнопка доступу (вказана стрілкою) до модуля «Генетичний паспорт» із третьої вкладки («Всі парування та опороси») картки племінної свиноматки (форма 1-2-св)

Для внесення інформації про генотип кнурів-плідників доступ до модуля «Генетичний паспорт» можна отримати з другої сторінки («Кнур») форми 1-2-св.

Розроблений модуль «Генетичний паспорт» дає можливість здійснювати запис даних щодо генетичного профілю тварини по кожному гену, генотип якого встановлено методом ПЛР-ПДРФ аналізу (рис. 3.58).

Генетичний паспорт - Акцент 7.4

Файл Правка Вид Окно Справка

Сільгоспдприємство СХЧП "ТЕХМЕТ-ЮГ"

Генетичний паспорт № від 13 лютого 2013 р.

Кличка та № Бірка Група використання Порода Породність

Мати До з'ясування Велика біла

Батько До з'ясування Велика біла

№ плп	Гени		Генотип фактичний Запис генотипу	←	Генотип розрахований	Генотип матері	Генотип батька
	Назва	Опис					
1	RYR1	Стресчутливість (Алелі: 1-N; 2-n)					
2	MC4R	Енергія росту, м'ясні якості (Алелі: 1-A; 2-B)					
3	PRLR	Відтворювальні якості (Алелі: 1-A; 2-B)					
4	BF	Відтворювальні якості (Алелі: 1-C; 2-T)	22				
5	FSHB	Відтворювальні якості (Алелі: 1-A; 2-B)	22				
6	ECR	Схильність до колібактеріозу (Алелі: 1-A; 2-G)					
7	IGF2	Енергія росту, м'ясні якості (Алелі: 1-Q; 2-q)	12				
8	ESR	Відтворювальні якості (Алелі: 1-A; 2-B)	12				

Генетичний паспорт Циф

Рис. 3.58. Вигляд модуля «Генетичний паспорт» при внесенні даних про генотип особини

Запис генотипу тварин здійснюється у цифровій формі, що робить можливою його інтеграцію у спеціальні програмні засоби для аналізу генетичних даних (наприклад GenAIEx). Відповідність цифрового позначення кожної алелі традиційній номенклатурі наводиться в описовій частині кожного гена.

У базовій версії модуля до переліку генів внесено 8 найменувань. Доповнення переліку необхідних генів, а також їх опис, користувач програми може здійснювати самостійно, залежно від потреби.

Важливою функцією блоку «Генетичний паспорт» є можливість розрахунку прогнозованих генотипів нащадків на основі даних про генотипи їх батьків (рис. 3.59).

Генетичний паспорт - Акцент 7.4

Файл Правка Вид Окно Справка

Сільгосп підприємство СХЧП "ТЕХМЕТ-ЮГ"

Генетичний паспорт № [] від 13 лютого 2013 р.

Кличка та № 1-2-СВ Бірка Група використання Порода Породиність

6702-006502 Fitoproductu [] Основна свиноматка Велика біла

Мати 4022/9/OS Fitoproduct kt 00010 Забій Велика біла

Батько 3097/UA48000003907 Забій Велика біла

№ пл	Гени		Генотип фактичний Запис генотипу	←	Генотип розрахований	Генотип матері Розрахунок генотипу	Генотип батька
	Назва	Опис					
1	RYR1	Стресчутливість (Алелі: 1-N; 2-n)	11		11	11	11
2	MC4R	Енергія росту, м'ясні якості (Алелі: 1-A; 2-B)					
3	PRLR	Відтворювальні якості (Алелі: 1-A; 2-B)					
4	BF	Відтворювальні якості (Алелі: 1-C; 2-T)	22		22	22	22
5	FSHB	Відтворювальні якості (Алелі: 1-A; 2-B)					
6	ECR	Схильність до колібактеріозу (Алелі: 1-A; 2-G)			50%11+50%12	12	11
7	IGF2	Енергія росту, м'ясні якості (Алелі: 1-Q; 2-q)					
8	ESR	Відтворювальні якості (Алелі: 1-A; 2-B)				12	

Генетичний паспорт

ЦИФ

Рис. 3.59. Вигляд заповненого модуля «Генетичний паспорт»

Особливо корисною дана функція є у тому випадку, коли генотипи нащадків є єдино можливими, тобто у випадку гомозиготності обох батьків. Так, на рис. 3. наведено зразок ситуації, коли генотип особи за двома генами (*RYR1* та *BF*) визначено розрахунковим шляхом. Таким чином, по цим двом генам усувається необхідність проведення лабораторного аналізу.

Також у наведеній на рисунку ситуації показано, що мати особи гетерозиготна по гену *ECR* (генотип 12), а батько цієї особи гомозиготний за алелю 1 (генотип 11). Отже, розрахований генотип даної особи із 50% ймовірністю може бути тільки 11 або 12. Тобто є потреба додатково провести

лабораторне ПЛР-ПДРФ дослідження. Водночас можна чітко встановити, що дана особина не може мати генотипу 22.

Коригування даних щодо генотипу тварини по різних генам, зокрема його доповнення новою інформацією, можна здійснювати як за відсутності даних про розраховані генотипи, так і за їх наявності.

Отже, новий модуль програми «Акцент – племінний облік у свинарстві» – «Генетичний паспорт» є ефективним інструментом, який значно спрощує облік генетичних даних, а також їх використання при веденні маркер-залежної селекції у свинарстві.

3.8. Економічна ефективність проведених досліджень

Оцінку економічної ефективності проведених досліджень було здійснено враховуючи результати аналізу структури генофонду різних порід та встановлення питомої ваги тварин, належність яких до тієї чи іншої породи не підтверджувалася. На підставі цього було розраховано обсяг можливої недоотриманої виручки внаслідок реалізації таких тварин у якості відгодівельного, а не племінного молодняка (табл. 3.89).

Отже, впровадження генетичної експертизи породної належності тварин, у середньому на одну голову молодняка живою масою 100 кг, забезпечує отримання додаткової виручки у розмірі 446,4 грн.

Економічну ефективність проведених досліджень щодо встановлення асоціації мікросателітів ДНК та структурних генів із відтворювальними ознаками тварин було визначено на підставі порівняння показників свиноматок з бажаними алелями відносно середніх значень рівня розвитку ознак по стаду (табл. 3.90).

Розрахунок собівартості однієї голови новонароджених поросят проведено на підставі визначеної вартості одного кормодня утримання свиноматок основного стада – 38,2 грн. Середня тривалість циклу відтворення у господарствах, де проводилися дослідження, становила

184,3 дні. Виходячи з даних розрахунків, загальна собівартість одного гнізда становила 7040 грн.

Таблиця 3.89

**Розрахунок економічної ефективності підтвердження
чистопородності свиней**

Порода	Точність прогнозу, %	Вартість 1 ц живої маси молодняка, грн*		Виручка у розрахунку на 1 ц, тис. грн		Вартість додатково отриманої продукції, грн
		товарного	племінного	фактична	потенційна	
ВБ	80,58	4611,60	5000	388,40		
ЧБП	89,13	4782,60	5000	217,40		
Л	80,00	4600,00	5000	400,00		
М	80,77	4615,40	5000	384,60		
П	42,86	3857,20	5000	1142,80		
ПМ	53,85	4077,00	5000	923,00		
УМ	88,28	4765,60	5000	234,40		
УСБ	88,06	4761,20	5000	238,80		
УСР	100,00	5000,00	5000	0,00		

Примітка. * - за цінами 2015 року.

Собівартість однієї голови новонароджених поросят розраховували шляхом ділення обсягу загальних витрат на багатоплідність. Таким чином, даний показник коливався у межах 664,2-741,4.

Отже, за інших рівних умов, нижча собівартість поросяти при народженні зумовлює отримання додаткового прибутку при їх реалізації.

Розрахунок економічної ефективності запровадження маркер-асоційованої селекції у свинарстві (на прикладі великої білої породи)

Генотип свиноматки	Багатоплідність свиноматок, гол.	Собівартість одного новонародженого поросяти, грн	Вартість додатково отриманої продукції у розрахунку на один опорос, грн
Локус SW24			
Наявний бажаний алель	10,10	697,0	253,5
Відсутній бажаний алель	9,75	722,1	×
Локус SW72			
Наявний бажаний алель	10,42	675,6	400,1
Відсутній бажаний алель	9,86	714,0	×
Локус S0355			
Наявний бажаний алель	9,90	711,1	300,0
Відсутній бажаний алель	9,50	741,4	×
Локус SW240			
Наявний бажаний алель	10,60	664,2	268,2
Відсутній бажаний алель	9,63	689,5	×
Ген естрогенового рецептора			
Наявний бажаний алель	10,4	676,9	355,7
Відсутній бажаний алель	9,9	711,1	×
В середньому	×	×	315,3

Отже, впровадження маркер-залежної селекції, спрямованої на підвищення показників відтворювальних ознак свиноматок на підставі використання поліморфізму мікросателітів ДНК та структурних генів, в середньому, забезпечує отримання додаткової продукції у розмірі 315,3 грн у розрахунку на один опорос однієї свиноматки.

РОЗДІЛ 4

АНАЛІЗ ТА УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕНЬ

4.1. Аналіз генофонду свиней з використанням поліморфізму мікросателітів ДНК

Глобальне поширення генофондів високопродуктивних комерційних порід неминуче призводить до «генетичної» ерозії генофондів домашніх видів, до витіснення локальних, більш давніх порід, що реалізується або через пряму заміну порід, або через поглинальні схрещування локальних і комерційних порід.

Крім того, включення у вітчизняне сільське господарство транснаціональних тваринницьких технологій створює небезпеку скорочення власних генетичних ресурсів сільськогосподарських видів, залежність від імпорту, а також загрозу глобалізації поширення інфекцій і прихованих генетичних дефектів.

Враховуючи вищенаведене, набуває виняткової актуальності необхідність оцінки рівня генетичного різноманіття вітчизняного генофонду сільськогосподарських тварин, а також розробка концепцій щодо його раціонального використання.

На сьогодні одним із найефективніших інструментів, що використовуються для досягнення зазначеної мети є аналіз поліморфізму мікросателітів ДНК.

У результаті оцінки алелофонду мікросателітів ДНК у досліджених порід свиней нами встановлено, що кожна з них має свої характерні особливості алельних профілів, що зумовлені загальною кількістю алелів того чи іншого локусу, наявністю або відсутністю певних алелів, частотою окремого алеля та наявністю унікальних алелів.

Зокрема, за локусом *SW24* у дослідженого поголів'я встановлено 19 алельних варіантів. Спільною характеристикою всіх досліджених порід є

наявність у їх генофонді алелів *SW24*¹⁰⁷ та *SW24*¹⁰⁹. Водночас, по даному локусу існують також унікальні алелі – лише у тварин породи ландрас виявлено алель *SW24*⁹¹, у свиней української м'ясної породи – *SW24*¹⁰⁵ та *SW24*¹³¹. Встановлено, також, відмінності стосовно частоти того чи іншого алеля у тварин різних порід. Зокрема, лише тварини порід дюррок та червона білопояса характеризувалися відносно високою частотою алеля *SW24*¹¹⁷, алель *SW24*¹⁰⁷ у великій білій породі мав частоту 0,420, а у тварин породи ландрас – лише 0,014. Загалом, можна відмітити відносно низьку частоту даного алеля у транскордонних порід м'ясного напрямку продуктивності: ландрас, п'єтрен, дюррок – 0,014, 0,071, 0,193 відповідно.

Найнижчим поліморфізмом локусу *S0155*, як і локусу *SW24*, також характеризувалися породи рябої масті та транскордонні породи м'ясного напрямку продуктивності. Середній рівень поліморфізму даного локусу відмічено в української м'ясної та червоної білопоясої порід – 7 та 8 алелів, відповідно. Дана тенденція, очевидно, є відображенням історії створення даних порід – методом складного відтворювального схрещування із залученням значної кількості вихідних порід, що, в кінцевому підсумку, і зумовило збагачення генофонду різними алелями.

Даний локус не мав вірогідних відмінностей за своїм алельним профілем у порід п'єтрен, червона білопояса, миргородська, українська степова ряба. Очевидно, це пов'язано зі їх спільною характеристикою – наявністю пігменту в шкірі.

Для порід дюррок та червона білопояса за даним локусом також виявлено спільну особливість – відносно високу частоту алеля *S0155*¹⁵⁴.

Найбільший поліморфізм локусу *SW72* було відмічено у тварин порід велика біла та ландрас – 15 та 13 алелів відповідно. Але, для тварин усіх порід притаманними були лише три алеля – *SW72*¹⁰³, *SW72*¹¹¹ та *SW72*¹¹³. За алельним профілем даного локусу найбільш своєрідними виявилися велика біла та українська м'ясна породи – статистично вірогідні відмінності ($p < 0,001$) відмічено між ними та шістьма з дев'яти інших порід, що

досліджувалися.

Для локусу *SW951* виявлено 14 алельних варіантів. Однак, 9 із них зустрічаються у трьох і менше порід. У всіх без винятку досліджених порід у генотипі були присутні алелі *SW951*¹²⁰ та *SW951*¹²². Разом з тим, встановлено унікальні алелі для порід дюрок, велика біла, ландрас та українська степова біла – *SW951*¹³², *SW951*¹⁰⁶, *SW951*¹¹⁰ та *SW951*¹³⁶, відповідно. За алельним профілем даного локусу найбільш своєрідними виявилися породи дюрок та українська степова біла.

Для локусу *S0386* у свиней різних порід загалом виявлено 14 алелів. Найбільш поліморфним він виявився у свиней порід велика біла та ландрас – 12 та 10 алелів відповідно. Характерною особливістю алельного профілю великої білої породи за даним локусом є висока частота алеля *S0386*¹⁸⁴. У тварин червоної білопоясої породи досить значну частоту мав алель *S0386*¹⁸² – 0,443, в той час як у свиней великої білої породи – лише 0,008. Таким чином, можна констатувати, що алель *S0386*¹⁸² доцільно використовувати у якості генетичного маркера належності до червоної білопоясої породи.

Локус *S0355* у дослідженого масиву свиней мав 18 алелів. Але алеля, який би зустрічався у всіх порід виявлено не було. Зокрема, у 9 із 10 досліджених порід було встановлено присутність у генофонді алеля *S0355*²⁴⁵. Не виявлено його було лише у тварин червоної білопоясої породи. Частота даного алеля в різних порід коливалася в межах від 0,071 (п'єтрен) до 0,576 (дюрок). Отже, свині порід дюрок та червона білопояса, незважаючи на ряд спільних характерних особливостей алелофонду, мають і суттєві генетичні відмінності.

Локус *SW240* у досліджуваного масиву тварин характеризувався наявністю 18 алельних варіантів. Причому, лише один алель виявився спільним для всіх досліджених порід свиней – *SW240*⁹⁵. Найвищий поліморфізм даного локусу виявлено у тварин великої білої породи – 16 алелів. Це, очевидно, є свідченням значної їх генетичної різноманітності, що виникла внаслідок інтенсивного поєднання спадкового матеріалу популяцій

із різних країн світу. Також високий ступінь поліморфізму даного локусу відмічено і у порід ландрас та дюрк – 12 та 11 алелів відповідно, що, імовірно, також пов'язано із значною їх поширеністю у світі (транскордонні породи).

Подібною до локусу *SW240* є характеристика алельного профіля і локусу *SW857*. Характерною особливістю алелофонду за даним локусом є найвища частота алеля *SW857¹³⁹* (0,297) у свиней породи ландрас, а також алеля *SW857¹⁴⁷* в українській степовій рябої, миргородської та української степової білої порід – 0,480; 0,423 та 0,417 відповідно. Враховуючи те, що остання особливість властива для вітчизняних локальних порід, які мають вже майже столітню історію, вважаємо доцільним розглядати даний алель у якості маркерного для даного генофонду.

За локусом *S0101* у досліджуваному масиві тварин виявлено 14 алелів. Найбільш поліморфним він був у свиней великої білої породи – виявлено всі 14 алелів, з яких 6 – унікальні. Алель *S0101²⁰⁹* було виявлено в усіх досліджуваних породах, проте його частота коливалася від 0,180 (миргородська порода) до 0,872 (порода дюрк). Алельний профіль даного локусу виявив суттєву різницю між українською степовою білою та українською степовою рябою породами. Так, у тварин УСБ породи частота алеля *S0101²¹¹* була максимальною і становила 0,531. Натомість, в УСР породи даний алель мав частоту лише 0,040. Водночас, у тварин УСР породи найвищою концентрацією характеризувався алель *S0101²⁰⁹* – 0,800. Причому, високу частоту даного алеля також встановлено і у інших порід свиней, які мали не білу масть – дюрк (0,872) та червона білопояса (0,478).

Найвищий поліморфізм локусу *SW936* встановлено у тварин великої білої породи (19 алелів) та ландрас (12 алелів), а найменш поліморфним він був у порід українська степова ряба (4 алеля) та дюрк (5 алелів). Поліморфізм даного локусу у порід п'єтрен, миргородська та полтавська м'ясна не досліджувався. У всіх досліджених порід виявлено алелі *SW936⁹⁹*, *SW936¹¹¹* та *SW936¹¹³*. Лише у свиней червоної білопоясої породи найбільшу

частоту (0,424) мав алель *SW936*¹⁰⁵, який у інших порід був представлений з частотою від 0,038 (українська степова біла) до 0,202 (дюрок).

У дослідженого масиву тварин виявлено 12 алелів локусу *SW911*. Найбільш поліморфним він був у свиней великої білої та української м'ясної порід – мав по 10 алелів. У свиней породи дюрок встановлено найвищу частоту алеля *SW911*¹⁵⁷ (0,333), якого взагалі не було виявлено у тварин порід ландрас, українська м'ясна та українська степова біла, а в інших порід – мав частоту лише від 0,006 (ВБ) до 0,038 (УСР). І, навіть, у тварин ЧБП породи, яка за генетичними профілями багатьох локусів є дуже подібною до породи дюрок, частота даного алеля становила лише 0,023.

Встановлена особливість генетичного профілю свиней породи дюрок за даним локусом може бути використана у якості маркерної ознаки для даної породи.

Крім того, специфічною особливістю генетичного профіля ЧБП породи за даним локусом є висока концентрація алелів *SW911*¹⁶³ та *SW911*¹⁶⁵ – по 0,295 при тому, що у решти порід їх частота становила 0,144-0,205 та 0,064-0,223 відповідно. Очевидно, це є свідченням суттєвого впливу на формування генофонду даного селекційного досягнення якоїсь іншої породи, яка не була охоплена даними дослідженнями.

За локусом *S0228* найвищий поліморфізм відмічено у свиней великої білої породи – 14 алелів, а найнижчим – у тварин української степової рябої породи – лише три алеля. Характерними особливостями алельного профілю за даним локусом є висока частота алеля *S0228*²⁶⁴ у свиней породи ландрас (0,320), при тому, що у інших порід даний показник становив від 0,008 (УСБ) до 0,146 (Д), а у ЧБП та УСР порід даний алель взагалі не було виявлено. Крім того, свині великої білої породи характеризувалися найвищою частотою алеля *S0228*²⁶² – 0,307, при тому, що у інших порід даний показник становив лише 0,006-0,081.

Отже, алельне різноманіття різних порід свиней визначається, насамперед, кількістю рідкісних алелів. Кількість найбільш поширених

алелів локусів мікросателітів ДНК (що зустрічаються із частотою не менше 0,05) у свиней різних порід знаходиться майже на одному рівні – від 2,58 у полтавської м'ясної породи до 4,92 у великої білої породи.

Здебільшого, встановлені особливості алелофонду мікросателітів ДНК у досліджених порід свиней пов'язані зі специфікою породотворчого процесу та генезисом порід.

Крім того, алельне різноманіття локусів мікросателітів ДНК значною мірою пов'язане зі ступенем розповсюдженості породи. Найвищий рівень поліморфізму властивий генофонду тварин великої білої породи – у них виявлено найбільшу кількість алелів у 11 із 12 досліджуваних локусів (за винятком *SW24*). Також достатньо високий рівень алельного різноманіття відмічено і в інших транскордонних порід – ландрас та дюррок.

В результаті оцінки генетичного різноманіття, між- та внутрішньопородної диференціації свиней за мікросателітними локусами встановлено, що спільною характеристикою досліджуваного генофонду є перевищення показнику очікуваної гетерозиготності над фактичною, що свідчить про дефіцит тварин із гетерозиготними генотипами. Це є наслідком суттєвої інбредованості порід свиней, що розводяться в Україні, зумовленої, з одного боку, тривалим їх розведенням «в собі» в умовах закритих популяцій (для локальних порід), а з іншого боку – збідненням генофонду в результаті широкого використання племінного матеріалу зарубіжного походження (для транскордонних порід).

Шість популяцій свиней локальних порід, розглянуті в нашому дослідженні, показали значну генетичну різноманітність, загальна середня кількість алелів на локус становила 6,23 (від 2 до 14) і середня очікувана гетерозиготність 0,572 для 12 локусів STR. На рівні породи середня кількість алелів на локус становила 5,71 (2,92-8,42), причому алельне багатство, скориговане на розмір вибірки, становило 2,84 (2,58-4,83) та очікувана гетерозиготність близько 0,525 (0,382-0,668). Ці результати узгоджуються з тими, що були встановлені для певних європейських порід свиней, але є

дещо нижчими, ніж ті, що повідомляються про азіатські породи [460].

Середня кількість алелів на локус – 5,00-8,42, зареєстрована в даному дослідженні для свиней української м'ясної, української степової білої та української степової рябої порід, більше, ніж удвічі перевищує середню кількість алелів – 2,92-3,92, зареєстрованих для миргородської та полтавської м'ясної порід, що свідчить про вищу генетичну різноманітність у деяких місцевих порід свиней України, але приблизно відповідає середньому, повідомленому R. Behl et al. [388] для двох індійських порід свиней – 7,00-7,70.

Відносно велика кількість алелів, виявлених в українській м'ясній та українській степовій рябій породах свиней, є свідченням того, що ефекти ізоляції та штучного відбору в цих популяціях були помірними. Менша кількість алелів у популяції свиней породи дюррок (6,67) відображає порівняно недавнє становлення популяції обмеженого розміру. Проте, кількість алелів у свиней даної породи все ж перевищує значення (2,39-2,80), про які повідомляють у бельгійських та деяких популяціях свиней Азії [284, 398].

Полтавську м'ясну породу, базуючись на оцінках ефективної кількості алелів та фактичної гетерозиготності, можна розглядати як українську локальну породу свиней з найменшою генетичною різноманітністю. Як згадувалося раніше в свинях Niang Megha (індійська місцева порода), низька ефективна кількість алелів може бути пов'язана з дуже низькою частотою більшості алелів у кожному локусі, і дуже мало алелів, можливо, сприяли більшій частині частоти алелів в кожному локусі [525]. В цілому, три українські локальні породи мали вищі середніх показники параметрів внутрішньопопуляційної генетичної різноманітності (таких як середня оцінка N_a , загальна кількість алелів та кількість рідкісних алелів), ніж ті, що були отримані для комерційної породи свиней дюррок. Крім того, висока кількість унікальних алелів, виявлених переважно у місцевих порід, показує їх важливість та необхідність збереження.

Результати досліджень свідчать про високу різноманітність місцевих порід свиней порівняно зі спеціалізованими (комерційними). Ця більш висока різноманітність пояснюється тим, що локально адаптовані генетичні групи не піддаються постійним програмам вдосконалення для специфічних характеристик, так як спеціалізовані породи [469]. Такі чинники, як рівень інбридингу, розмір популяції, походження та генезис популяції, рівень тиску штучного відбору та особливості селекційно-плеємної роботи впливають на генетичну різноманітність популяцій домашніх тварин [385].

В усіх вивчених локусах спостерігався вірогідний рівень інбридингу. Відсутність відповідності HWE, що спостерігається принаймні на одному локусі в більшості порід свиней в Україні, ймовірно, пов'язана з істотним дефіцитом гетерозиготності. Цей дефіцит може бути наслідком інбридингу чи внутрішньопородної субструктури, що є загальними властивостями для місцевих порід з малим розміром популяції [386].

Натомість, вивчаючи європейські комерційні свині породи, G. Laval et al. [383] повідомили, що більшість з них залишаються в межах HWE.

Середній загальний індекс фіксації (F_{IT}) 20,4%, зафіксований у нашому дослідженні, свідчить про значну генетичну диференціацію окремих тварин стосовно загальної популяції. Цей індекс поєднує в собі генетичні ефекти не випадкового спаровування в популяціях разом із ефектами генетичного дрейфу серед [385].

F_{ST} був найменшим у локусах *SW240* та *SW24* (0,085-0,088), тоді як у локусі *SW951* він був найбільшим (0,145). Середнє значення F_{ST} 0,122 вказує на те, що 12,2% від загальної генетичної мінливості спостерігається серед українських популяцій місцевого поголів'я свиней, що свідчить про помірну генетичну диференціацію. Це можна порівняти з результатами R. Ayizanga et al. [385], які повідомили про значне значення F_{ST} у 12% серед місцевих свиней Гани.

Результати AMOVA п'яти бразильських генетичних груп (локальні породи та ландрас), отримані B. P. Sollero et al. [382] показали, що 14% всієї

спостережуваної різноманітності зумовлено різницею між оціненими генетичними групами.

В іншому дослідженні, проведеному S. L. Yang et al. [399] на китайських свинях, встановлено значення F_{ST} 7,7%. Найвищі показники генетичної диференціації для популяції свиней – $F_{ST} = 27\%$ зафіксовані між європейськими породами свиней [383], а пізніше (26,1%) – в результаті диференційованого дослідження, яке також проводилося з європейськими, корейськими та китайськими свинями [394].

Середня кількість алелів на локус у свиней української м'ясної породи ($8,42 \pm 0,74$) виявилася вищою, ніж у інших локальних порід свиней України – української степової білої (7,33) і української степової рябої (5,00) [144], а також червоної білопоясої (6,67) [436], і практично не поступалася широко розповсюдженим породам свиней – українським популяціям великої білої – 8,25 [144] і ландрас – 9,00 [435], а також скоростиглої м'ясної породи – 7,50 алелів / локус [270].

Крім того, показник алельного різноманіття свиней української м'ясної породи, близький до середньої кількості алелів на локус, зафіксованої для локальних порід Бразилії – 8,96 [382], але менше, ніж для локальних порід Китаю – 13,31 алелів / локус [399]. Згідно даних R. A. Ayizanga et al. [385], для чотирьох локальних порід свиней Гани середня кількість алелів на локус варіювала від 5,75 (для свиней Tingoli) до 10,60 (для свиней Papu), хоча, при цьому, загальна середня оцінка для всіх Ганських локальних порід свиней становила 8,43 алелів / локус. Водночас, даний показник був значно вищим, ніж оцінки, отримані для місцевих порід свиней Індії: Meghalaya - 3,90 [525], Ghungroo – 4,90 [452], Doom – 5,45 [451], Mizoram – 5,54 [453] і Votho – 5,59 алелів / локус [454]. Дуже низькі оцінки середньої кількості алелів на локус раніше були відзначені також і для деяких локальних порід свиней, що розводяться в Російській Федерації: кемеровської – 5,00 [166], а також уржумської, аксайської та семиреченської – 4,8-5,7 алелів / локус [272].

Отже, на рівень алельного різноманіття МС-ДНК може мати суттєвий

вплив тривала селекція свиней у закритих популяціях. Так, було показано, що цей показник істотно відрізнявся в чотирьох різних українських популяціях свиней великої білої породи і варіював від $6,25 \pm 0,41$ до $10,25 \pm 1,14$ алелів / локус [149]. А для свиней породи беркшир, які тривалий час розводяться в закритій популяції, середня кількість алелів на локус досягала ще більш низького значення – 3,67 [166].

Крім зниження алельного різноманіття це може привести до прояву bottleneck-ефекту та істотного зниження ефективної чисельності популяції [118].

Рівень фактичної гетерозиготності у свиней української м'ясної породи ($0,668 \pm 0,030$) виявився близьким до оцінок, отриманих для свиней червоної білопоясої породи – 0,649 [436], а також китайських місцевих порід свиней – 0,609 [399] і локальних свиней Doon , що зустрічаються на північному сході Індії – 0,624 [451].

Середня фактична гетерозиготність для 23 локусів МС-ДНК локальних порід свиней, що зустрічаються на Андаманських і Нікобарських островах, становила 0,690 [374]. Ще більш високий рівень гетерозиготності було відзначено для порід свиней Мозамбіку [447] і локальних порід Російської Федерації – ливенської (0,780), муромської (0,768) і брейтовської (0,756) [272].

У двох інших українських локальних порід свиней (української степової білої і української степової рябої) рівень фактичної гетерозиготності був істотно нижчим – 0,587 і 0,549, відповідно [144]. Приблизно на такому ж рівні був цей показник і в свиней локальної породи Російської Федерації – кемеровської 0,554 [166]. Ще нижчим він був у чотирьох локальних порід свиней Гани – 0,388-0,529 [385].

Для свиней української м'ясної породи середня для всіх досліджених локусів мікросателітів ДНК оцінка індексу фіксації (*Fis*) була позитивною і незначно перевищувала нуль ($0,066 \pm 0,030$). Приблизно на такому ж рівні були відзначені оцінки даного показника і для інших локальних порід свиней

України – української степової білої, української степової рябої (0,089 і 0,027, відповідно) [144] і червоної білопоясої – 0,066 [436]. У свиней кемеровської породи оцінка індексу фіксації була істотно вищою – 0,148 [166].

Водночас, для ряду інших локальних порід, що розводяться в Російській Федерації, оцінки даного показника були негативними і варіювали від -0,067 (для свиней ливенської породи) до -0,021 (для свиней аксайської породи) [272]. Аналогічно, негативні оцінки *Fis* (-0,055) були виявлені при дослідженні локальної бразильської породи свиней Moura [382], однак, з іншого боку, в даному дослідженні було отримано високі позитивні оцінки для свиней породи Piau (0,126).

Відносно високі оцінки *Fis* (вище 0,10) відзначалися і для індійських локальних свиней порід: Votho – 0,273 [454] і Assam – 0,274 [450]. Для 12 використаних локусів МС-ДНК рівень інбридингу (*Fis*) для чотирьох локальних популяцій свиней, що розводяться в Гані, варіював від 32% (Papu) до 43% (Gia) [385].

Результати assignment-тесту показали реальну генетичну структуру з вірогідною диференціацією серед усіх популяцій, за винятком порід миргородська та полтавська м'ясна. В цілому, результати assignment-тесту підтверджують гіпотезу про високу однорідність більшості локальних порід свиней [485].

Найвищий рівень генетичної консолідованості властивий тваринам української степової рябої породи. За результатами Assignment-тесту всіх генотипованих особин даної породи було вірно віднесено до своєї групи. Суттєву генетичну унікальність було також відмічено для свиней порід дюрок (95,60% вірного віднесення тварин до власної групи), червона білопояса (89,13%), українська м'ясна (88,28%) та українська степова біла (88,06%).

Загалом, для дослідженого масиву тварин, за результатами аналізу «тонкої» генетичної структури на підставі поліморфізму локусів

мікросателітів ДНК, найбільш вірогідною є наявність чітко диференційованих десяти генетичних груп, що відповідає фактичній кількості порід свиней, що аналізувалися.

В результаті оцінки внутрішньопородної генетичної мінливості свиней за мікросателітними локусами встановлено, що свині різних порід характеризуються суттєвими внутрішньопородними генетичними відмінностями. Для свиней великої білої породи за 11 локусами мікросателітів ДНК (за винятком локуса *SW24*) відмічено вірогідне значення індексу генетичної диференціації (*F_{st}*) між тваринами із різних господарств. Для свиней породи дюрок – за шістьма локусами *SW24*, *S0155*, *S0355*, *SW240*, *SW911* та *S0228*. Для свиней української м'ясної породи – за дев'ятьма локусами (за винятком *SW951*, *S0101* та *S0228*). Для кожного із стад, що займаються розведенням свиней однієї породи властиві характерні особливості алельних профілів тварин, рівень їх гетерозиготності, ступінь інбредованості.

Н. А. Зинов'євою зі співавторами [178] було проаналізовано алелофонд та оцінено внесок різних популяцій, зокрема і української, у формування генетичного різноманіття свиней великої білої породи. Встановлено, що середня кількість алелів на локус варіювала від $3,8 \pm 0,5$ в популяції ферми Canadian Centre for Swine Improvement (Канада) до $7,5 \pm 0,5$ в популяції Нурог В.В.» (Канада). В 11 із 17 досліджуваних популяцій було виявлено унікальні алелі, причому найбільшу їх кількість було виявлено в українській популяції. При цьому, дві українські популяції вносили суттєвий внесок в генетичну мінливість всієї вибірки – $F_{ST} = 0,115 \pm 0,005$ та $0,0119 \pm 0,005$.

В результаті проведеного аналізу впливу генетичної мінливості мікросателітних локусів на показники відтворювальних ознак свиноматок, встановлено наявність залежності між показниками відтворювальних ознак свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК. Зокрема, підвищені показники відтворювальних ознак свиноматок великої білої породи вірогідно асоційовані з наявністю в їх генотипі алелів *SW72*¹⁰³,

*S0386*¹⁷⁸, *SW240*⁹³, *S0101*²¹¹, *SW911*¹⁵⁹, а також алелів локусу *SW857*, що мають довжину до 144 п. н. та алелів локусу *S0228*, що мають довжину до 257 п. н.

Позитивний вплив на показники відтворювальних ознак свиноматок української м'ясної породи мають алелі *SW24*¹¹³, *SW240*⁹⁹⁻¹⁰⁹, *S0101*²⁰⁹⁻²¹³ та *S0101*²⁰⁹⁻²¹³.

Виявлені асоціації між показниками відтворювальних ознак свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК здебільшого мають породно-специфічний характер. Лише за локусом *S0101* було встановлено вірогідний позитивний зв'язок між певним алелем або інтервалом алелів та продуктивністю тварин як великої білої (алель *S0101*²¹¹), так і української м'ясної порід (алелі *S0101*²⁰⁹⁻²¹³).

Доведено, на прикладі тварин великої білої породи, що специфічні варіанти асоціацій між показниками відтворювальних ознак свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК властиві також і для різних стад тварин однієї породи. Вірогідний зв'язок лише для особин одного із господарств було встановлено за алелями *SW24*¹⁰⁷, *SW951*¹²², *SW951*¹²⁸, *S0386*¹⁷⁸.

Раніше вже зазначалося наявність кореляції між присутністю / відсутністю певних алелів локусів мікросателітів ДНК і продуктивністю свиней (в тому числі і відтворювальними ознаками свиноматок). Так, свиноматки, отримані в результаті схрещування порід великої білої та мейшан, демонстрували алель-специфічну асоціацію щодо мікросателітного локусу, що фланкує ген *FSHβ*. Особини з генотипом 118/118 вірогідно перевищували за показником кількості поросят при відлученні свиноматок з генотипом 98/98 і 98/118, а також мали більшу масу гнізда і масу одного поросяти при відлученні, ніж особини з генотипом 98/98 [312]. Аналогічно, була виявлена вірогідна кореляція між генотипом мікросателітів ДНК, присутніх в локусі *IGF1*, і відтворювальними ознаками помісних свиноматок злотницької плямистої і великої білої порід [426].

Зазначені закономірності можуть бути породо- або навіть для

популяційно-специфічними. Так, у свиней великої білої породи було відзначено вірогідний зв'язок між товщиною шпику і присутністю в генотипі алелів 352 і 354 п. н. інтроного мікросателіта гена *LEPR*, хоча у свиней породи ландрас аналогічна кореляція не визначена. Також, у свиней породи ландрас було відзначено асоціацію між присутністю алеля 251 п. н. інтроного мікросателіта гена *A-FABP* і більш низькими оцінками товщини шпику, але більш високим вмістом внутрішньом'язового жиру [480]. Отже, результати наших досліджень, у даному контексті, узгоджуються із попередніми результатами інших дослідників.

Одним із важливіших завдань при оцінці рівня генетичного поліморфізму на підставі ДНК-маркерів є оцінка наслідків (насамперед, негативних) популяційно-генетичних процесів у стадах свійських тварин, особливо, тих, що мають невисоку чисельність. Важливими «ефектами» таких процесів є зниження генетичного різноманіття, підвищення рівня інбридингу та, можливо, зниження ефективної чисельності популяції.

В результаті аналізу впливу генетико-автоматичних процесів на формування генетичного різноманіття порід свиней України встановлено, що рівень генетичного різноманіття більшості порід свиней України знаходиться у загрозовому стані. Лише для чотирьох порід (ВБ, Д, ЧБП та УМ) оцінки ефективної чисельності популяції перевищували нижнє критичне значення – 50 голів. Найвище алельне різноманіття ($10,5 \pm 0,77$ алелів на локус) та найнижча швидкість його втрати ($M\text{-ratio} = 0,425 \pm 0,022$ на локус) характерні для великої білої породи, що зумовлено інтенсивним збагаченням її генофонду за рахунок племінного матеріалу зарубіжного походження.

Оцінка ефективної чисельності популяції (N_e) свиней української м'ясної породи склала всього 68,3 голів (з 95%-ним довірчим інтервалом від 52 до 92 голів). Отримані оцінки N_e для свиней червоної білопоясої породи були приблизно такого ж рівня – 59,2 (95% ДІ: 36-129) особин [436], також, як і для інших локальних порід – бразильської породи свиней Moura ($N_e = 30$ гол. [473]), свиней Cinta Senese в Італії ($N_e = 40$ гол. [44]), іберійських

локальних порід свиней ($N_e = 46-151$ гол. [332]).

Характерно, що оцінки ефективної чисельності, отримані для природних популяцій дикого кабана (*Sus scrofa* L., 1758), навпаки, свідчать про їх задовільний стан (наприклад, для Австралії: $N_e = 960-1477$ особин [363]).

Для більшості досліджених порід свиней України має місце прояв ефекту «пляшкового горлечка».

Як відомо з теоретичних розрахунків, оцінки ефективної чисельності популяції, що знаходяться в інтервалі 50-200 гол., в цілому, свідчать про загрозований статус популяції (виду), а при зниженні цієї величини нижче 50 особин – про її швидке зникнення [441]. Таким чином, для більшості досліджених популяцій локальних порід свиней, нижня межа 95% довірчого інтервалу знаходиться на рівні критичної оцінки в 50 голів, що свідчить про загрозований для їх збереження стан.

4.2. Аналіз генофонду свиней з використанням поліморфізму структурних генів

Ген естрогенового рецептора (*ESR*). Ген рецептора естрогену вважається одним із основних генів, поліморфізм яких пов'язаний із відтворювальними ознакам не лише свиноматок [14, 215, 231, 303, 304, 317], а і кнурів [505].

В результаті проведеного нами аналізу генофонду п'яти порід свиней (Д, ВБ, УСБ, УМ та Л) двох двопородних помісей (ВБ × Л та УМ × Л) встановлено, що характерною його особливістю є мала частка особин із генотипом ESR^{BB} – вони зустрічаються лише серед тварин великої білої породи (0,125) та помісей ВБ × Л (0,040). У цих же тварин відмічено і найвищу частоту алеля ESR^B . Найнижчу частоту даного алеля відмічено у тварин породи дюрочок (0,011), а також у помісних тварин УМ × Л (не виявлено).

При аналізі попарних відмінностей за частотою генотипів гена *ESR* між свинями різних порід встановлено, що вони є вірогідними лише між тваринами великої білої породи з одного боку, та іншими дослідженими породами (за винятком української степової білої) з іншого.

Низьку частоту алеля *ESR^B* у свиней різних порід відзначають і інші дослідники. Зокрема, за даними О. М. Церенюка зі співавторами [198] тварини породи уельс англійської селекції, та нові лінії та родини порід ландрас та уельс виявилися мономорфними за генотипом *ESR^{AA}*. Серед досліджуваного поголів'я не було встановлено гомозиготних особин генотипом *ESR^{BB}*, а гетерозиготні тварини були присутні лише в популяції породи ландрас вітчизняної селекції (частота генотипу 0,19).

За результатами генетичного аналізу свиноматок порід ландрас та українська м'ясна (30 та 16 гол. відповідно), які утримувалися в господарствах Київської області, О. Сидоренко [226] встановлено, що у тварин породи ландрас частота генотипу *ESR^{BB}* становила 0,19, а у свиней української м'ясної породи тварин з даним генотипом взагалі виявлено не було. Частота алеля *ESR^B* у тварин вищеназваних порід становила 0,40 та 0,41 відповідно.

А. Каграмановим [100] в господарствах Ставропольського краю виявлено поліморфізм гена естрогенового рецептора у свиней порід дюрорк і скоростигла м'ясна степового типу. Ним встановлено, що в породі дюрорк гомозиготні генотипи *ESR^{AA}* і *ESR^{BB}* зустрічалися у 64,0 і 5,3% тварин відповідно, гетерозиготний – 30,7%; у скоростиглої м'ясної породи степового типу – 45,3; 5,3; 46,7% відповідно.

У різних районах Білорусі в 2005 році І. П. Шейком зі співавторами [278] було проведено аналіз генетичного поліморфізму гена естрогенового рецептора серед 428 голів свиней різних порід (велика біла, білоруська чорно-ряба, білоруська м'ясна, естонська беконна, ландрас та дюрорк). В результаті досліджень встановлено, що частота алеля *ESR^B* була найбільшою у тварин великої білої породи (0,48), тоді як решта порід характеризувалися

відносно низькими показниками (0,11-0,17).

Дані генотипового тестування свиней великої білої породи за варіантами естрогенового рецептора, проведені в 2006 році, показали, що частота генотипу ESR^{BB} у свиней великої білої породи в різних господарствах Білорусі варіювала в досить широкому діапазоні: від 11,0 до 41,2% у свиноматок свинокомплексу «Зоря» і РУСПП «Свинокомплекс Борисовський», відповідно [223]. В середньому ж по породі частота генотипу ESR^{BB} становила 24,3%, алеля ESR^B – 0,46%, тобто перебувала на високому рівні. Різна концентрація алеля ESR^B у геномі свиней по стадам залежить від «породної чистоти» та рівня селекційної роботи. У чистопородних заводських стадах вона була максимальною (0,52-0,64), а мінімальною – в товарних стадах, де активно використовується міжпородне ротаційне схрещування.

В 2006 р. Н. Журиною [88] було проведено моніторинг за геном естрогенового рецептора серед свиней різних порід (великої білої, білоруської м'ясної, дюрок, та помісей велика біла × ландрас), що утримувалися в господарствах Гродненської, Могилевської та Вітебської областей. Частота алеля ESR^B була найвищою серед свиней великої білої породи і варіювала в дуже значних межах – від 0,30 до 0,46. Тоді як у свиней інших порід частота цього алеля найчастіше не перевищувала 0,25.

Генетичний моніторинг поліморфізму гена естрогенового рецептора у 534 свиней білоруської м'ясної породи, що утримувалися в господарстві РСУП СГЦ «Заднепровский» Оршанського району Вітебської області було проведено у 2008 році О. А. Епишко [83]. Встановлено, що частота генотипів гену $ESR2$ була 0,612 для генотипу ESR^{AA} , 0,315 – ESR^{AB} та 0,073 – ESR^{BB} .

В 2010 році Н. Лобан та О. Василюк [127] провели широкий аналіз розповсюдження різних генетичних маркерів (в тому числі й гена ESR) серед свиней білоруської великої білої породи. В результаті дослідження 662 голів свиней встановлено, що в середньому по породі частота генотипів гена ESR склала (%): ESR^{AA} – 39,0, ESR^{AB} – 37,8, ESR^{BB} – 23,2.

Поліморфізм гена *ESR* у таких порід як велика біла, ландрас, СМ1, йоркшир і дюрк було вивчено Л. Калашниковою та О. Лаломовою [102, 122] в різних господарствах Російської Федерації.

Було встановлено, що серед свиней породи ландрас поліморфізм по гену *ESR* відсутній і всі тварини є носіями генотипу *ESR^{AA}*. У чотирьох з п'яти порід свиней – СМ1, йоркшир, ландрас і дюрк спостерігається перевага алеля *ESR^A* і генотипу *ESR^{AA}*. У породі СМ1 частоти генотипів *ESR^{AA}*, *ESR^{AB}* і *ESR^{BB}* становили відповідно 0,67, 0,33 і 0,00 у кнурів і 0,69, 0,26 і 0,05 у свиноматок, частота алеля *ESR^B* 0,17-0,18.

За результатами досліджень С. М. Коновал зі співавторами [60, 167], в ході якого було проведено генетичне типування 123 свиней великої білої породи різного походження (місцевої, данської та англійської селекції) за геном естрогенового рецептора встановлено, що 18% тварин мають генотип *ESR^{BB}*. Найбільша частота даного генотипу була характерна для свиней англійської селекції – 27,9%, а серед тварин місцевої селекції – становила 8,0%, у тварин данської селекції – лише 4,5%. Частота алеля *ESR^B*, в цілому по дослідженому поголів'ю, становила 29%.

Найвищу частота алеля *ESR^B*, який позитивно асоційований з багатоплідністю свиноматок, відмічено у популяціях свиней великої білої породи, зокрема у особин англійської селекції та тварин, які належать до внутрішньопородного типу УВБ-1 – 0,40 та 0,64 відповідно. Найменша концентрація даного алеля була виявлена в популяціях свиней порід п'єтрен та велика чорна – 0,23 та 0,27 відповідно. Рівень фактичної гетерозиготності (*H_o*) за даним локусом найвищим був у свиней породи мейшан, а найнижчим – у тварин породи п'єтрен. Причому, рівень очікуваної гетерозиготності (*H_e*) вірогідно не відрізнявся від фактичної.

При аналізі 100 зразків ДНК свиней великої білої породи англійської селекції, які належали ВАТ «Племзавод «Степной» Запорізької області, встановлено, що в даній популяції концентрація алеля *ESR^B* становила 0,448. Частка генотипів даного гена становила: *ESR^{AA}* – 0,260; *ESR^{AB}* – 0,570; *ESR^{BB}*

– 0,160 [15].

С. О. Костенко та О. В. Сидоренко [108] проведено генетичний аналіз за геном естроген-рецептора племінних кнурів великої білої породи ($n = 8$), породи ландрас ($n = 7$) та синтетичного кросу alba ($n = 12$), що утримувалися у СВАТ «Агрокомбінат «Калита» Київської області, української м'ясної породи селекції ДДАУ, що утримувалися в ТОВ «Луговське» Дніпропетровської області ($n = 6$) та великої білої породи, що утримувалися в ТОВ «Шпилі» Київської області ($n = 6$). Встановлено, що у свиней породи ландрас частки генотипів даного гена становить: $ESR^{AA} - 0,29$; $ESR^{AB} - 0,71$; $ESR^{BB} - 0,00$. Частота алеля ESR^B становила 0,36, що є найнижчим показником серед всього досліджуваного поголів'я. Частота генотипу ESR^{BB} у тварин синтетичного кросу alba та української м'ясної породи селекції ДДАУ становила 0,17, а частота алеля ESR^B у даних тварин – відповідно 0,54 та 0,58. Найвища концентрація тварин з генотипом ESR^{BB} відмічена серед свиней великої білої породи, які належать ТОВ «Шпилі» Київської області – 0,33. Частота алеля ESR^B у них також виявилася найвищою і становила 0,67. Частота цього ж алеля у кнурів, що утримуються у СВАТ «Агрокомбінат «Калита» Київської області, становила 0,52.

За результатами досліджень 72 свиней різних ліній та родин великої білої породи, що утримуються у СВАТ «Агрокомбінат «Калита» Київської області, встановлено, що частота алеля ESR^B у свиноматок різних родин коливалася від 0,333 (родина Гвоздики; $n = 3$) до 0,800 (родина Беатриси; $n = 5$). Найвища частка тварин з генотипом ESR^{BB} відмічена серед свиноматок родини Беатриси ($n = 5$) – 0,600. Серед кнурів різних ліній найвищою частотою алеля ESR^B характеризувалися тварини лінії Р. Турка ($n = 8$) – 0,563, а найнижчою (0,300) – тварини лінії Денні ($n = 5$). Найвища частка тварин з генотипом ESR^{BB} відмічена серед кнурів-плідників лінії Вайсса – 0,222 ($n = 9$).

В результаті дослідження племінних свиней, що утримуються у СТОВ ПЗ «Калитянський бекон» (ВАТ «Агрокомбінат «Калита») Броварського

району Київської області С. Костенко зі співавторами [61] встановлено, що частота алеля ESR^B у свиноматок коливалась від 0,32 (2006...2007 рр.) до 0,59 (2008...2009 рр.). Порівняння отриманих показників частот за геном рецептора естрогену досліджуваної популяції протягом 2006...2009 рр. показують, що підвищилась ($P > 0,01$) частота гетерозиготних генотипів та зросла частота у популяції алеля ESR^B ($P > 0,01$).

Г. Максимов та В. Тупикін [151] проаналізували частоту різних генотипів та алелів гена ESR у свиноматок великої білої породи в Ростовській області. Ними встановлено, що 11 особин мали генотип ESR^{AA} , 26 – ESR^{AB} та 23 – ESR^{BB} . Частота бажаного алеля ESR^B , таким чином, становила 0,600.

В таблиці 4.1 наведено результати аналізу літературних даних щодо розподілу генотипів за геном естрогенового рецептора (ESR) у свиней великої білої породи в різних країнах світу. Загалом ці дані охоплюють близько 10 000 голів свиней, що утримувалися у 47 стадах, розташованих в 11 країнах Європи, Азії та Америки.

Таблиця 4.1

**Частоти генотипів за геном естрогенового рецептора (ESR)
у свиней великої білої породи в різних країнах світу**

Країна	<i>n</i>	Генотип			Джерело
		ESR^{AA}	ESR^{AB}	ESR^{BB}	
1	2	3	4	5	6
Білорусь	203	0,314	0,404	0,282	И. П. Шейко и др. [278]
Білорусь	581	0,324	0,433	0,243	И. П. Шейко и др. [223]
Білорусь	406	0,246	0,596	0,158	Н. В. Журина [88]
Білорусь	159	0,396	0,459	0,148	Н. В. Журина [88]
Білорусь	662	0,390	0,378	0,232	Н. А. Лобан [125]
Білорусь	61	0,230	0,557	0,213	Е. Л. Романишко и др. [215]
Бразилія	331	0,456	0,453	0,091	В. А. А. Santana et al. [317]
Італія	220	0,395	0,449	0,155	S. Dall’Olio et al. [392]
Китай	139	0,417	0,576	0,007	L. Lan et al. [477]

1	2	3	4	5	6
Китай	11	0,272	0,364	0,364	F. E. Li et al. [335]
Китай	158	0,285	0,468	0,247	Q. S. Shi et al. [343]
Китай	74	0,554	0,419	0,027	Z. Zhu et al. [481]
Китай	104	0,125	0,587	0,289	H. Yan et al. [389]
Польща	36	0,390	0,440	0,170	A. Terman et al. [505]
Польща	99	0,384	0,485	0,131	W. Kapelanski et al. [478]
Росія	60	0,183	0,383	0,433	Г. В. Максимов, В. В. Тупикин [151]
Росія	50	0,566	0,245	0,189	Е. М. Бублик [36]
Росія	37	0,060	0,240	0,700	О. Н. Полозюк [200]
Росія	80	0,275	0,550	0,175	Н. Н. Смирнов [231]
Росія	36	0,333	0,417	0,250	А. А. Заболотная [90]
Росія	15	0,400	0,333	0,267	Г. В. Максимов, Н. В. Ленкова [150]
Словаччина	76	0,461	0,474	0,066	R. Omelka et al. [346]
Словаччина	79	0,392	0,494	0,114	R. Omelka et al. [346]
Словаччина	184	0,294	0,565	0,141	Z. Chvojko ^v a, Š. Hraska [330]
США	136	0,270	0,650	0,080	B. J. Isler et al. [360]
Угорщина	226	0,314	0,478	0,208	G. Horogh et al. [463]
Україна	60	0,600	0,220	0,180	О. М. Коновал та ін. [60]
Україна	50	0,140	0,430	0,430	А. М. Саєнко, В. М. Балацький [80]
Україна	47	0,320	0,570	0,110	А. М. Саєнко, В. М. Балацький [218]
Україна	100	0,260	0,570	0,160	В. Н. Балацький и др. [195]
Україна	62	0,580	0,100	0,320	О. В. Сидоренко, С. О. Костенко [227]

1	2	3	4	5	6
Україна	47	0,150	0,600	0,250	О. В. Сидоренко, С. О. Костенко [227]
Україна	19	0,530	0,420	0,050	В. С. Топіха та ін. [261]
Україна	15	0,530	0,470	0,000	В. С. Топіха та ін. [261]
Україна	100	0,250	0,620	0,130	В. Н. Балацкий и др. [14]
Україна	100	0,120	0,450	0,430	В. Н. Балацкий и др. [14]
Україна	149	0,651	0,181	0,168	В. Н. Балацкий и др. [14]
Україна	29	0,140	0,760	0,100	С. О. Костенко та ін. [108]
Україна	89	0,494	0,382	0,124	Л. О. Домашова [79]
Чехія	246	0,270	0,490	0,240	P. Humpolicek et al. [343]
Чехія	137	0,394	0,518	0,088	V. Matousek et al. [344]
Чехія	82	0,527	0,378	0,085	V. Matousek et al. [344]
Чехія	3597	0,286	0,493	0,220	E. Goliasova, J. Wolf [403]
Чехія	176	0,256	0,500	0,244	P. Humpolicek et al. [84]
Чехія	289	0,259	0,507	0,225	P. Humpolicek et al. [412]
Чехія	73	0,438	0,438	0,122	P. Humpolicek et al. [412]
Чехія	24	0,087	0,391	0,522	P. Humpolicek et al. [412]

Встановлено значну мінливість щодо питомої ваги свиней, які мали бажаний генотип ESR^{BB} – від майже повної відсутності таких тварин (В. С. Топіха та ін. [261]; L. Lan et al. [477]) до, навпаки, значного переважання їх серед свиней із іншими генотипами (О. Н. Полозюк [200]).

У середньому для всіх проаналізованих тварин частка особин із генотипом ESR^{BB} становила $0,204 \pm 0,004$. При цьому, для 13 проаналізованих стад свиней великої білої породи, що розводяться в Україні, лише в чотирьох випадках (30,8%) частота генотипу ESR^{BB} була вищою, ніж в середньому для світу. Водночас, наприклад, для Білорусі та Російської Федерації частка таких стад (із кількості проаналізованих) становила 66,7%, а для Чехії –

62,5%.

Значення частоти бажаного алеля ESR^B також значно коливалися у свиней як різних стад, так і різних країн світу (табл. 4.2).

Таблиця 4.2

Частоти алелів та індекс інбридингу (Fis) за геном естрогенового рецептора у свиней великої білої породи в різних країнах Світу

Країна	n	Алель		Fis	X^2	Джерело
		ESR^A	ESR^B			
1	2	3	4	5	6	7
Білорусь	203	0,516	0,484	0,191	7,419	И. П. Шейко и др. [278]
Білорусь	581	0,541	0,460	0,128	9,561	И. П. Шейко и др. [223]
Білорусь	406	0,544	0,456	-0,201	16,452	Н. В. Журина [88]
Білорусь	159	0,626	0,378	0,028	0,125	Н. В. Журина [88]
Білорусь	662	0,579	0,421	0,225	33,408	Н. А. Лобан [125]
Білорусь	61	0,508	0,492	-0,115	0,807	Е. Л. Романишко и др. [215]
Бразилія	331	0,683	0,318	-0,045	0,678	В. А. А. Santana et al. [317]
Італія	220	0,620	0,380	0,045	0,447	S. Dall'Olio et al. [392]
Китай	139	0,705	0,295	-0,385	20,580	L. Lan et al. [477]
Китай	11	0,454	0,546	0,266	0,777	F. E. Li et al. [335]
Китай	158	0,519	0,481	0,063	0,620	Q. S. Shi et al. [343]
Китай	74	0,764	0,237	-0,160	1,900	Z. Zhu et al. [481]
Китай	104	0,419	0,583	-0,204	4,327	Н. Yan et al. [389]
Польща	36	0,610	0,390	0,075	0,204	A. Terman et al. [505]
Польща	99	0,627	0,374	-0,036	0,131	W. Kapelanski et al. [478]
Росія	60	0,375	0,625	0,182	1,992	Г. В. Максимов, В. В. Тупикин [151]
Росія	50	0,689	0,312	0,429	9,194	Е. М. Бублик [36]

1	2	3	4	5	6	7
Росія	37	0,180	0,820	0,187	1,294	О. Н. Полозюк [200]
Росія	80	0,550	0,450	-0,111	0,988	Н. Н. Смирнов [231]
Росія	36	0,542	0,459	0,160	0,924	А. А. Заболотная [90]
Росія	15	0,567	0,434	0,322	1,555	Г. В. Максимов, Н. В. Ленкова [150]
Словаччина	76	0,698	0,303	-0,121	1,105	R. Omelka et al. [346]
Словаччина	79	0,639	0,361	-0,071	0,395	R. Omelka et al. [346]
Словаччина	184	0,577	0,424	-0,157	4,540	Z. Chvojková, Š. Hrásková [330]
США	136	0,595	0,405	-0,349	16,535	B. J. Isler et al. [360]
Угорщина	226	0,553	0,447	0,033	0,251	G. Horogh et al. [463]
Україна	60	0,710	0,290	0,466	13,016	О. М. Коновал та ін. [60]
Україна	50	0,355	0,645	0,061	0,186	А. М. Саєнко, В. М. Балацький [80]
Україна	47	0,605	0,395	-0,193	1,743	А. М. Саєнко, В. М. Балацький [218]
Україна	100	0,545	0,445	-0,175	3,067	В. Н. Балацький и др. [195]
Україна	62	0,630	0,370	0,785	38,255	О. В. Сидоренко, С. О. Костенко [227]
Україна	47	0,450	0,550	-0,212	2,115	О. В. Сидоренко, С. О. Костенко [227]
Україна	19	0,740	0,260	-0,091	0,159	В. С. Топіха та ін. [261]
Україна	15	0,765	0,235	-0,307	1,415	В. С. Топіха та ін. [261]
Україна	100	0,560	0,440	-0,258	6,662	В. Н. Балацький и др. [14]
Україна	100	0,345	0,655	0,004	0,002	В. Н. Балацький и др. [14]
Україна	149	0,742	0,259	0,528	41,516	В. Н. Балацький и др. [14]

1	2	3	4	5	6	7
Україна	29	0,520	0,480	-0,522	7,915	С. О. Костенко та ін. [108]
Україна	89	0,685	0,315	0,115	1,173	Л. О. Домашова [79]
Чехія	246	0,515	0,485	0,019	0,090	P. Humpolicek et al. [343]
Чехія	137	0,653	0,347	-0,143	2,803	V. Matousek et al. [344]
Чехія	82	0,716	0,274	0,037	0,110	V. Matousek et al. [344]
Чехія	3597	0,533	0,467	0,009	0,274	E. Goliasova, J. Wolf [403]
Чехія	176	0,506	0,494	0,000	0,000	P. Humpolicek et al. [84]
Чехія	289	0,513	0,479	-0,034	0,329	P. Humpolicek et al. [412]
Чехія	73	0,657	0,341	0,022	0,037	P. Humpolicek et al. [412]
Чехія	24	0,283	0,718	0,035	0,030	P. Humpolicek et al. [412]

Переважає більшість отриманих оцінок розподілу за частотою алеля *ESR^B* гена естрогенового рецептора у свиней великої білої породи з різних країн світу знаходилась у межах 0,200-0,500. В цілому, частота даного алеля коливалася від 0,235 [261] до 0,820 [200] і в середньому для всіх проаналізованих країн становила $0,431 \pm 0,004$. При цьому, майже половина досліджених українських стад переважали середньосвітовий показник.

Найвищі значення частоти алеля *ESR^B* у свиней великої білої породи з українських стад досягали рівня 0,655 [14] та 0,645 [218]. Дані, отримані під час власних досліджень, свідчать, що частота алеля *ESR^B* серед досліджених тварин значно поступається цим величинам (0,315).

Важливу роль при впровадженні MAS-селекції має також наявність або відсутність стану генетичної рівноваги (за Гарді-Вайнбергом) для різних генотипів за геном естрогенового рецептора у досліджених тварин.

Нами встановлено, що у 33 випадках (70,2%) із 47 досліджених стад співвідношення генотипів за геном естрогенового рецептора вірогідно не

відхилялося від стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом. Таким чином, має місце вірогідне переважання випадків, що характеризуються наявністю генетичної рівноваги (критерій знаків Уїлкоксона: $p < 0,01$).

Із 14 випадків встановленого нами відхилення від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнбергу серед досліджених стад, сім випадків демонстрували вірогідний дефіцит гетерозигот, а інші сім – їх вірогідний дефіцит.

Таким чином, можна зробити висновок, що селекційна робота, спрямована на підвищення у свиней частоти бажаного алеля ESR^B (та генотипу ESR^{BB} , відповідно) проводиться в різних країнах світу ще не на належному рівні.

При цьому, для 13 досліджених стад свиней великої білої породи з України середня фактична частка свиней із генотипом ESR^{BB} складала $0,189 \pm 0,037$, а середня очікувана (у випадку наявності стану генетичної рівноваги) – $0,187 \pm 0,035$. Хоча в трьох випадках відмічається значна перевага фактичної частки свиней із генотипом ESR^{BB} над очікуваною [60, 195, 227], що свідчить про значну ефективність селекційної роботи, спрямованої на збільшення частоти бажаної алелі В в цих стадах.

Поряд із аналізом розподілу за генотипами та алелями гена естрогенового рецептора свиней великої білої породи в різних країнах світу, нами також було проаналізовано основні показники відтворювальних ознак (загальна кількість поросят при народженні, багатоплідність та кількість поросят при відлученні) для тварин різних генотипів. При цьому, було проведено двохфакторний дисперсійний аналіз (без повторюваностей) для виявлення впливу як походження свиней, так і їх генотипу за геном естрогенового рецептора.

Встановлено, що середні значення досліджених показників відтворювальних якостей свиней суттєво відрізняються в різних стадах. Тоді як вплив генотипу за геном естрогенового рецептора відмічається тільки для загальної кількості поросят при народженні та багатоплідності (табл. 4.3).

Результати дисперсійного аналізу впливу країни / стада та генотипу за геном естрогенового рецептора на основні показники відтворювальних ознак свиней великої білої породи із різних країн Світу

Ознака	Країна / стадо		Генотип	
	<i>F</i> (<i>df</i>)	<i>p</i>	<i>F</i> (<i>df</i>)	<i>p</i>
Загальна кількість поросят при народженні	24,05 (15; 30)	< 0,001	7, 40 (2; 30)	0,002
Багатоплідність	31,97 (17; 34)	< 0,001	9,46 (2; 34)	< 0,001
Кількість поросят при відлученні	12,78 (13; 26)	< 0,001	0,16 (2; 26)	<i>ns</i>

Примітка. *ns* – вплив не вірогідний.

При аналізі 17 стад свиней великої білої породи із різних країн світу нами встановлено вірогідний вплив генотипу за геном естрогенового рецептора на основні показники відтворювальних ознак свиней. Середні значення за загальною кількістю поросят при народженні свиноматок із різним генотипом формують наступний ряд: $ESR^{AA} < ESR^{AB} < ESR^{BB}$.

За багатоплідністю вірогідну перевагу позитивних оцінок над негативним нами було встановлено для різниць $ESR^{BB} - ESR^{AA}$ та $ESR^{BB} - ESR^{AB}$. Відповідно, при аналізі 19 стад свиней великої білої породи із різних країн світу нами також встановлено вірогідність впливу генотипу за геном естрогенового рецептора на основні показники відтворювальних якостей свиней. Але в цьому середні значення за загальною кількістю поросят при народженні свиноматок із різним генотипом формують наступний ряд: $ESR^{AA} = ESR^{AB} < ESR^{BB}$. Тобто, тварини із генотипом ESR^{BB} вірогідно переважають за багатоплідністю свиноматок із іншими двома генотипами, вірогідної різниці між якими нами не встановлено.

Щодо кількості поросят при відлученні, то при аналізі 15 стад свиней

великої білої породи із різних країв світу нами не було встановлено вірогідної переваги позитивних та негативних оцінок, що не дає підстав стверджувати про генотипово-залежний характер мінливості цієї ознаки. Таким чином, середні значення за кількістю поросят при відлученні свиноматок із різним генотипом формують наступний ряд: $ESR^{AA} = ESR^{AB} = ESR^{BB}$.

О. В. Сидоренко [226] за результатами власних досліджень дійшла висновку, що обидва алеля гену *ESR* є господарсько-корисними і фактично конкуруючими між собою – алель *ESR^A* пов'язаний з відгодівельними ознаками, а алель *ESR^B* – з відтворювальними.

Отже, результати наших досліджень, в цілому узгоджуються із висновками інших дослідників та доповнюють інформацію щодо генофонду свиней різних порід за геном естрогенового рецептора.

Ген рецептора *E. Coli* F18 (*ECR F18/FUT1*). Одним із перспективних шляхів вдосконалення специфічної профілактики колібактеріозу є проведення селекційних заходів, спрямованих на підвищення генетичної стійкості молодняку до цього захворювання.

В результаті наших досліджень за поліморфізмом даного гена було проаналізовано свиней чотирьох порід – Д, ВБ, ЧБП та УМ. Визначено суттєву відмінність розподілу генотипів даного гена у свиней породи дюрок – частота генотипу *ECR^{AA}* у них становила 0,625, при тому, що у трьох інших порід, що досліджувалися – у межах 0,035-0,179. Відповідно, частота алеля *ECR^A* у свиней породи дюрок була найвищою і становила 0,750, а найнижчою – у великої білої та української м'ясної порід – 0,167 та 0,205, відповідно.

Аналогічно, невисокі частоти бажаного алеля *ECR^A* в досліджуваних популяціях тварин встановлено і в результаті досліджень Н. В. Журиної та ін. [43]: білоруська велика біла порода – 0,37; помісні тварини поєднання білоруська м'ясна × ландрас – 0,25; ландрас – 0,17 і дюрок – 0,2. При цьому частота генотипу *ECR^{AA}* становила: білоруська велика біла порода – 21,7%; ландрас – 8,3% і дюрок – 4,5%. У кнурів поєднання білоруська м'ясна порода × ландрас генотипу *ECR^{AA}* виявлено взагалі не було. У той же час в

досліджених популяціях встановлено досить високу частоту небажаного генотипу ECR^{GG} – від 47,9 (білоруська велика біла порода) до 63,7% (дюрок).

В ході проведених досліджень Т. И. Епишко зі співавторами [169] було встановлено, що тварини з генотипом ECR^{AA} , тобто стійкі до колібактеріозу, відрізнялися більш високими показниками швидкості (на 6,6%) і енергії росту (на 14,1%), мали більш довгий тулуб (на 10,4%). Було виявлено, що з 23,6% тварин, які вибули під час експерименту, 16,3% – були особини чутливі до колібактеріозу (ECR^{GG}), а 7,2% мали генотип ECR^{AG} і були сприйнятливі до ешеріхіозов.

Аналіз взаємозв'язку поліморфних варіантів гена ECR з показниками спермопродукції кнурів-плідників виявив, що тварини з генотипом ECR^{AA} мали більш низький відсоток браку еякулятів (на 6,5%, а в порівнянні з тваринами генотипу ECR^{AG} – на 1,4%), більш високу концентрацію сперміїв в еякуляті (на 9,7 млн / мл) і їх переживаємість (на 25,5 години) в порівнянні з тваринами генотипу ECR^{GG} .

У результаті вивчення впливу мутації в гені ECR на відтворювальні якості кнурів-плідників білоруської м'ясної породи встановлено зниження багатоплідності маток, запліднених спермою кнурів генотипу ECR^{GG} , на 0,3-0,6 поросяти. У маток стійких до ешеріхіозов (генотип ECR^{AA}) на 1,3 і 2,5 народжувалося більше поросят, в тому числі живих на 1,1 і 2,5 гол. з більшою масою гнізда на 1,2 і 0,7 кг, порівняно з матками генотипу ECR^{AG} і ECR^{GG} .

Скринінг гена ECR у порід свиней, що розводяться в Білорусі, виявив високий рівень частот алеля ECR^G , який змінювався в залежності від породної приналежності (білоруська м'ясна – 0,72, дюрок – 0,67, ландрас – 0,92, йоркшир – 0,83), популяції (білоруська м'ясна – від 0,70 до 0,86) і біологічних потреб тварин (білоруська м'ясна від – 0,63 у кнурів-плідників до 0,86 у відгодівельного молодняка). Встановлено, що найбільш високою частотою алеля ECR^G , що детермінує чутливість свиней до колібактеріозу характеризувалася популяція плідників породи ландрас (0,92) в якій 85,7%

тварин були носіями генотипу ECR^{GG} (чутливі) і 12,2% – ECR^{AG} (схильні).

У популяції білоруської м'ясної породи, що розводиться в РСУП «СГЦ «Задніпровський», в середньому частота алеля ECR^G становила 0,68 і змінювалася залежно від біологічних потреб тварин від 0,63 у кнурів-плідників до 0,70 у свиноматок. В ході аналізу розподілу генотипів встановлено, що тільки 9,4% тварин в даній популяції мали генотип ECR^{AA} і були стійкими до колібактеріозу, 46,8% мали генотип ECR^{AG} і були носіями мутації, і 43,8% тварин з генотипом ECR^{GG} були сприйнятливі до ешеріхіозов [169].

Н. N. Kadarmideen [421] встановлено, що в популяції шведських свиней великої білої породи частота алеля ECR^A становила 0,42, а алеля ECR^G – 0,57.

При оцінці внутрішньопородної мінливості свиней великої білої породи за даним геном, не відмічено вірогідних відмінностей між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів ($p_{MC} = 0,072$).

Отже, отримані нами результати, в цілому, узгоджуються із результатами інших дослідників і свідчать про невисоку питому вагу тварин різних порід, що характеризуються генетичною стійкістю до колібактеріозу. Така ситуація є наслідком недостатньої селекції за даним геном і зумовлює необхідність ДНК типування тварин з метою створення стад свиней, стійких до колібактеріозу.

Ген інсуліноподібного фактора росту (IGF2). Результати наших досліджень свідчать, що частота алеля $IGF2^q$ дуже відрізнялася у тварин різних порід – у тварин великої білої породи становила 0,204, а в породи ландрас – 0,778. У цілому, відмічено суттєві відмінності між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів даного гена ($p_{MC} < 0,01$).

У результаті оцінки частоти генотипів та алелів гена $IGF2$ у свиней великої білої породи із різних господарств встановлено, що стадо господарства №2 мало генетичну структуру, яка суттєво відрізнялася від інших досліджених стад. В даному стаді виявлено найменшу питому тварин

із генотипом *IGF2^{Q/Q}*. Його частота становила лише 0,292. При цьому у двох інших господарствах даний показник становив 0,739-0,882. Відмінності між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів є високовірогідними ($p_{MC} < 0,001$).

У свиней планових порід Республіки Білорусь (йоркшир, ландрас, дюрк, білоруська велика біла і білоруська м'ясна) Н. Лобан зі співавторами [126, 192] визначили частоту алеля *IGF2^Q*. Було встановлено, що у кнурів порід йоркшир, ландрас і дюрк частота даного алеля вище (0,75-0,98), ніж у представників порід білоруська велика біла і білоруська м'ясна (0,34-0,36). При цьому тварини білоруської великої білої породи з генотипами *IGF2^{Q/Q}* і *IGF2^{Q/q}* характеризувалися достовірно більш високими показниками розвитку, а відгодівельний молодняк – підвищеними м'ясними і відгодівельними якостями, порівняно з аналогами, отриманими від батьків з генотипом *IGF2^{q/q}*.

Ген ріанодинового рецептора (*RYR1*). У свинарстві небажаним генетичним тягарем, що завдає значного економічного збитку галузі, є мутація в ріанодин-рецепторному гені *RYR1*, що виникає в результаті заміни у 1843 позиції нуклеотиду цитозин на тимін, що викликає заміну аргініну на цистеїн у 615-й послідовності амінокислот у поліпептидному ланцюзі білка [40]. Білок, що кодується геном *RYR1*, діє як регулятор транспорту кальцію через канали саркоплазматичного ретикулуму скелетних м'язів. Мутація в гені ріанодинового рецептора пов'язана з підвищеною чутливістю свиней до стресу (PSS – Porcine Stress Syndrom). Свині, чутливі до стресу, мають бліде, м'яке або темне, жорстке, сухе м'ясо та синдром злоякісної гіпертермії (MHS – Malignant Hyperthermic Syndrome), характерними симптомами якої є тахікардія, яскраво виражена гіперемія шкіри, підвищення температури тіла та довготривала регідність м'язів після галатанового наркозу [13, 35, 193].

Господарська цінність тварин, мутантних за геном *RYR1*, знижена через значно погіршену якість м'яса, підвищену загибель їх при транспортуванні та під час вирощування, зменшення стійкості до впливу негативних факторів

утримання. Однак саме стресчутливі свині характеризуються кращим розвитком спинної частини туші, зменшеним вмістом жиру і, взагалі, вищими, порівняно зі стресостійкими тваринами, показниками м'ясності. Тому, інтенсивна селекція на підвищення м'ясності туш, як правило, не супроводжується покращенням якості свинини і може бути пов'язана зі зниженням адаптаційних властивостей тварин [78, 219].

В результаті наших досліджень свиней п'яти порід за даним геном, серед генотипованих тварин порід дюрок, червона білопояса та ландрас не було виявлено особин-носіїв алеля *RYRⁿ*. Водночас, серед тварин порід велика біла та українська м'ясна було виявлено гетерозиготних особин – п'ять та дві тварини, відповідно. Тому, частота даного алеля була практично однаковою і становила 0,026-0,027.

В. І. Россохою зі співавторами [40] було проведено дослідження поліморфізму гена ріанодинового рецептора (*RYRI*) у свиней породи ландрас синтетичної популяції, створеної на основі поєднання тварин вітчизняної, бельгійської, данської, фінської та французької селекції (ТОВ «АПК «Донецький») та французької селекції (ТОВ «Агротех»). В результаті досліджень встановлено, що в обох стадах були відсутні тварини – носії генотипу *RYRIⁿⁿ*. Частота гетерозиготних генотипів у популяціях коливалася в межах 0,06-0,10.

О. М. Церенюком зі співавторами [198] було досліджено поліморфізм генів *RYRI* та *ESR* у тварин заводських одиниць, що створюються у породах ландрас та уельс. Серед досліджуваного поголів'я не було виявлено особин з генотипом *RYRIⁿⁿ*, а серед свиней породи уельс англійської селекції – і гетерозиготних тварин. Частка гетерозиготних генотипів коливалася від 0,29 (ландрас вітчизняної селекції) до 0,50 (популяції нових ліній порід ландрас та уельс).

Є. М. Агаповою зі співавторами [3], Р. Л. Суолом [245, 247] було проаналізовано рівень продуктивності свиней породи п'єстрен залежно від алельних варіантів генів *RYRI* та *MC4R*. Встановлено, що за геном *RYRI* усі

завезені кнури-плідники основного стада були носіями гена стресреактивності, серед завезених свиноматок частота генотипів склала: NN – 11,1%, Nn – 77,8%, nn – 11,1%. У одержаного та вирощеного ремонтного молодняка в умовах України частота генотипів склала: NN – 3,2%, Nn – 67,8%, nn – 29,0% (ремонтні свинки) та Nn – 25,0%, nn – 75,0% (ремонтні кнури). Багатоплідність свиноматок генотипу nn склала в середньому 6,4 голів при підвищеній кількості мертвонароджених поросят – 1,5 голів на опорос. Багатоплідність свиноматок носіїв генотипу Nn була вищою на 0,7 гол. та становила – 7,8 гол. при практично вдвічі меншій кількості мертвонароджених поросят – 0,8 гол. на опорос.

Отже, можна вважати, що досліджувані нами популяції свиней п'яти порід є вільними від рецесивної мутації, пов'язаної зі схильністю тварин до стресу.

Ген β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону ($FSH\beta$). Даний ген впливає на репродуктивну функцію свиней, гонадотропний гормон передньої долі гіпофіза: стимулює утворення фолікулів, їх дозрівання, утворення граафових пухирців, підвищує секрецію естрогенів, і таким чином, взаємопов'язаний за біохімічними процесами з естрогеном і пролактином. Фолікулостимулюючі гормони відносять до родини глікопротеїнових гормонів, відіграють важливу роль у гаметогенезі і статевому розвитку ссавців. [470]. Фолікулостимулюючий гормон (FSH) належить до родини α/β гетеродимерних глікопротеїнових гормонів, яка складається з лютеїнізуючого гормону, тиреоїд-стимулюючого гормону і хоріоного гонадотропіну.

На різних породах було показано, що локус $FSH\beta$ впливає на відтворювальну здатність свиноматок. Від тварин з генотипом BB в середньому отримують за опорос на одне поросля більше, ніж від свиноматок з генотипом AA [323].

В результаті наших досліджень, лише одна особина великої білої породи мала генотип $FSH\beta^{AA}$, а всі інші виявилися мономорфними за

генотипом $FSH\beta^{BB}$. Отже, частота генотипу $FSH\beta^{AA}$ становила 0,017, а генотипу $FSH\beta^{BB}$ – 0,983.

Аналогічно, високу частоту генотипу $FSH\beta^{BB}$ було виявлено О. А. Епишко [83] в популяції кнурів-плідників та свиноматок білоруської м'ясної породи, яка становила 50-100% та 78-93%, відповідно. Також було встановлено мономорфність за алелем $FSH\beta^B$ популяції тварин породи дюрок. М. Vano et al. [364] визначили поліморфізм гена $FSH\beta$ у свиней білої м'ясної породи і встановили, що частоти генотипів $FSH\beta^{AA}$, $FSH\beta^{AB}$ та $FSH\beta^{BB}$ становили, відповідно 0,000, 0,093 та 0,907.

За даними Y. Zhao et al. [366], у свиней великої білої породи частоти цих же генотипів становили 0,015, 0,153 та 0,830, а за даними Wang et al. [348] – 0,00, 0,11 та 0,89.

Водночас, у результаті досліджень Р. Humpolíček et al. [343], проведених на свинях великої білої породи, встановлено, що частоти генотипів $FSH\beta^{AA}$, $FSH\beta^{AB}$ та $FSH\beta^{BB}$ становили, відповідно 0,09, 0,28 та 0,62.

Отже, отримані нами дані щодо генетичної структури свиней великої білої породи за геном β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону узгоджуються із результатами інших дослідників із різних країн світу.

Ген пропердину (BF). В результаті наших досліджень за даним геном було генотиповано тварин лише великої білої породи. Частота генотипів BF^{CC} , BF^{CT} та BF^{TT} становила 0,012, 0,246 та 0,742, відповідно. Частота алеля BF^C становила 0,135, а алеля BF^T – 0,865. При цьому, відмінності тварин із різних господарств за частотами алелів даного гена були несуттєвими. Наприклад, частота алеля BF^T коливалася від 0,794 до 0,900, відповідно.

У цілому, не виявлено вірогідних відмінностей між дослідженими тваринами за характером розподілу частот генотипів ($p_{MC} = 0,113$).

Розподіл алелів BF^C та BF^T гену пропердину характеризується відносно сталими значеннями у свиней різних порід та вивчених у різних країнах Світу. Серед помісних тварин (ВБ \times Ландрас) \times Лейкома у Німеччині оцінки частот алелів складають 0,105 та 0,895 [302]. Майже аналогічні значення

було отримано при вивченні грецької популяції свиней (ВБ × Ландрас) – 0,106 и 0,894 [313]. Хоча серед останніх повністю були відсутні гомозиготні тварини генотипу BF^{TT} . Серед тварин чорної пекінської породи (Beijing Black Pig) у Китаї частоти алелів BF^C та BF^T були 0,137 та 0,863 [300]. Ці значення дуже близькі до оцінок, отриманих нами для досліджених тварин великої білої породи.

Нами було встановлено, що свиноматки генотипу BF^{TT} характеризувалися більшим високим рівнем багатоплідності та масою гнізда при народженні по першому опоросу – 9,41 гол. та 12,97 кг, відповідно.

Раніше аналогічний характер зв'язку меж генотипом тварин за локусом пропердину та загальною кількістю поросят при народженні та багатоплідністю також було відмічено для помісних свиноматок (ВБ × Ландрас) × Лейкома у Німеччині [302] та грецької популяції свиней (ВБ × Ландрас) [313].

Таким чином, стосовно показників відтворювальних ознак селекційну роботу необхідно спрямовувати на підвищення серед тварин стада питомої ваги свиноматок із генотипом BF^{TT} та збільшення частоти алеля BF^T .

ВИСНОВКИ

1. Кожна з досліджуваних порід свиней України має свої характерні особливості алельних профілів 12 локусів мікросателітів ДНК, що зумовлені загальною кількістю алелів того чи іншого локусу, наявністю або відсутністю певних алелів, частотою окремого алеля, наявністю унікальних алелів. Здебільшого, встановлені особливості пов'язані зі специфікою породотворчого процесу та генезисом порід, що досліджувалися.

2. Алельне різноманіття різних порід свиней визначається, насамперед, кількістю рідкісних алелів. Кількість найбільш поширених алелів локусів мікросателітів ДНК (що зустрічаються із частотою не менше 0,05) у свиней різних порід знаходиться майже на одному рівні – від 2,58 у полтавської м'ясної породи до 4,92 у великої білої породи.

3. Спільною характеристикою досліджуваного генофонду свиней є перевищення показнику очікуваної гетерозиготності над фактичною, що свідчить про дефіцит тварин із гетерозиготними генотипами. Це є наслідком суттєвої інбредованості порід свиней, що розводяться в Україні, зумовленої, з одного боку, тривалим їх розведенням «в собі» в умовах закритих популяцій (для локальних порід), а з іншого боку – збідненням генофонду в результаті широкого використання племінного матеріалу зарубіжного походження (для транскордонних порід).

4. Для дослідженого масиву тварин, за результатами аналізу «тонкої» генетичної структури на підставі поліморфізму локусів мікросателітів ДНК, найбільш вірогідною є наявність чітко диференційованих десяти генетичних груп, що відповідає фактичній кількості порід свиней, що аналізувалися.

5. Найвищий рівень генетичної консолідованості властивий тваринам української степової рябої породи. За результатами Assignment-тесту всіх генотипованих особин даної породи було вірно віднесено до своєї групи. Суттєву генетичну унікальність було також відмічено для свиней порід дюрок (95,60% вірного віднесення тварин до власної групи), червона

білопояса (89,13%), українська м'ясна (88,28%) та українська степова біла (88,06%).

6. Свині різних порід характеризуються суттєвими внутрішньопородними генетичними відмінностями. Для свиней великої білої породи за 11 локусами мікросателітів ДНК (за винятком локуса *SW24*) відмічено вірогідне значення індексу генетичної диференціації (*F_{st}*) між тваринами із різних господарств. Для свиней породи дюррок – за шістьма локусами *SW24*, *S0155*, *S0355*, *SW240*, *SW911* та *S0228*. Для свиней української м'ясної породи – за дев'ятьма локусами (за винятком *SW951*, *S0101* та *S0228*). Для кожного із стад, що займаються розведенням свиней однієї породи властиві характерні особливості алельних профілів тварин, рівень їх гетерозиготності, ступінь інбредованості.

7. Родинна належність свиноматок зумовлює характерні особливості генофонду тварин. У свиноматок різних родин породи дюррок було відмічено від 2,667 (Мика) до 4,333 (Ронала) алелів на локус. У п'яти із досліджених родин виявлено переважання фактичної гетерозиготності над очікуваною, хоча у родин Ронали та Тарзанки відмічено дефіцит гетерозигот. Свиноматки родини Мики взагалі не виявляли вірогідного відхилення від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга по жодному із локусів, у родин Булдери, Коломбуси та Моргули відхилення відмічено по одному із досліджених локусів – *S0355* ($p < 0,01$), *SW24* ($p < 0,05$) та *S0228* ($p < 0,01$), відповідно.

8. Алельні профілі напівкровних помісних тварин мають відмінні від вихідних батьківських форм характерні особливості, що зумовлюють формування вірогідної ($p = 0,01-0,007$) генетичної диференціації між чистопородними та помісними особинами.

9. Встановлено залежність між показниками відтворювальних ознак свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК. Підвищені показники відтворювальних ознак свиноматок великої білої породи вірогідно асоційовані з наявністю в їх генотипі алелів *SW72*¹⁰³, *S0386*¹⁷⁸, *SW240*⁹³,

*S0101*²¹¹, *SW911*¹⁵⁹, а також алелів локусу *SW857*, що мають довжину до 144 п. н. та алелів локусу *S0228*, що мають довжину до 257 п. н. Позитивний вплив на показники відтворювальних ознак свиноматок української м'ясної породи мають алелі *SW24*¹¹³, *SW240*⁹⁹⁻¹⁰⁹, *S0101*²⁰⁹⁻²¹³ та *S0101*²⁰⁹⁻²¹³.

10. Виявлені асоціації між показниками відтворювальних ознак свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК здебільшого мають породно-специфічний характер. Лише за локусом *S0101* було встановлено вірогідний позитивний зв'язок між певним алелем або інтервалом алелів та продуктивністю тварин як великої білої (алель *S0101*²¹¹), так і української м'ясної порід (алелі *S0101*²⁰⁹⁻²¹³).

11. Специфічні варіанти асоціацій між показниками відтворювальних ознак свиноматок та їх генотипом за локусами мікросателітів ДНК властиві також і для різних стад тварин однієї породи (велика біла). Вірогідний зв'язок лише для особин одного із господарств було встановлено за алелями *SW24*¹⁰⁷, *SW951*¹²², *SW951*¹²⁸, *S0386*¹⁷⁸.

12. Тварини великої білої породи вірогідно відрізняються від інших порід за генетичними профілями структурних генів – лише серед них виявлено особин з генотипами *ESR*^{BB} гена естрогенового рецептора та *IGF2*^{QQ} гена інсуліноподібного фактора росту; для них характерна найвища частота алеля *ECR*^G гена рецептора *E. Coli* F18 – 0,833.

13. Різні стада свиней великої білої породи характеризуються своєрідними генетичними профілями за генами естрогенового рецептора (*ESR*) та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*), що зумовлено особливостями формування стад, напрямком селекційного процесу в них, а також відсутністю генетичного моніторингу.

14. Асоціації між показниками відтворювальних ознак та генотипами тварин за структурними генами встановлено лише на рівні тенденцій. У різних стадах відмічаються специфічні особливості прояву відтворювальних ознак у тварин з різними генотипами за тим чи іншим структурним геном. Тому, попереднім етапом перед розробкою систем маркер-залежної селекції

за даними генами має стати вивчення генетичної структури наявного поголів'я у кожному конкретному стаді, а також встановлення залежності продуктивних ознак від генотипу.

15. Рівень генетичного різноманіття більшості порід свиней України знаходиться у загрозовому стані. Лише для чотирьох порід (ВБ, Д, ЧБП та УМ) оцінки ефективної чисельності популяції перевищували нижнє критичне значення – 50 голів. Найвище алельне різноманіття ($10,5 \pm 0,77$ алелів на локус) та найнижча швидкість його втрати ($M\text{-ratio} = 0,425 \pm 0,022$ на локус) характерні для великої білої породи, що зумовлено інтенсивним збагаченням її генофонду за рахунок племінного матеріалу зарубіжного походження.

16. Розширення функціоналу програми «Акцент – племінний облік у свинарстві» модулем «Генетичний паспорт» забезпечує зберігання та обробку інформації щодо генетичних профілів тварин за різними структурними генами та надає можливість розрахунку прогнозованих генотипів нащадків на основі даних про генотипи їх батьків.

17. Впровадження маркер-залежної селекції, спрямованої на підвищення показників відтворювальних ознак свиноматок на підставі використання поліморфізму мікросателітів ДНК та структурних генів, забезпечує отримання додаткової продукції у розмірі 315,3 грн у розрахунку на один опорос однієї свиноматки.

ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

1. Для підвищення показників відтворювальних ознак свиноматок, запроваджувати маркер-залежну селекцію із використанням встановлених асоціацій алелів локусів мікросателітів та структурних генів (позитивне рішення про видачу патенту № 20707/ЗУ/18 від 26.07.2018).

2. Для підтвердження належності тварин до тієї чи іншої породи, стада, родини використовувати Assignment-тест на основі створеної бази даних генетичних профілів порід свиней.

3. З метою організаційно-інформаційного забезпечення маркер-залежної селекції використовувати розроблений модуль «Генетичний паспорт» у програмі «Акцент – племінний облік у свинарстві».

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Автоматизована інформаційна система «Акцент-племінний облік у свинарстві» в селекції тварин / С. І. Луговий, В. Я. Лихач, А. В. Лихач [та ін.] // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава : ТОВ «Фірма «Техсервіс», 2015. Вип. 67. С. 90-95.
2. Агапова Є. М., Сусол Р. Л. Характеристика свиней заводського типу «Причорноморський» за відгодівельними та м'ясними якостями // Розведення і генетика тварин. 2015. № 49. С. 57-62.
3. Агапова Є. М., Сусол Р. Л., Москалюк Ю. А. Відтворювальна здатність свиней породи п'єтрен з урахуванням стресреактивності в умовах півдня України // Розведення і генетика тварин : міжвідом. темат. наук. зб. К., 2012. Вип. 46. С. 194-196.
4. Акимов С. В. Методы формирования линейной структуры центрального типа украинской мясной породы свиней // Зоотехния. 2005. № 4. С. 10-11.
5. Акимов С. В., Перетяцько Л. Г. Проблемы сохранения и развития отечественных мясных пород свиней Украины // Аграрний вісник Причорномор'я. Одеса, 2005. Вип. 31. С. 12-14.
6. Акимов С. В., Перетяцько Л. Г., Фесенко О. Г. История создания украинской мясной породы свиней, размещение племенной базы, показатели продуктивных качеств животных // Современные проблемы интенсификации производства свинины : сб. науч. трудов по материалам XIV междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству (Ульяновск, 11-13 июля 2007 г.). Ульяновск : УГСХА, 2007. Т. 1. С. 66-74.
7. Акімов С. В. Стан справ і перспективи розвитку української м'ясної породи свиней // Ефективне птахівництво та тваринництво. 2003. № 5. С. 24-25.
8. Акімов С., Перетяцько Л. Основні напрями подальшої роботи по вдосконаленню свиней полтавської та української м'ясних порід //

- Тваринництво України. 2002. № 5. С. 23-24.
9. Анализ 30 микросателлиных маркеров у шести локальных популяций крупного рогатого скота / Т. Ю. Киселева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2010. Вып. 6. С. 20-25.
 10. Анализ ассоциации между маркерами STR-локусов и воспроизводительными качествами свиноматок крупной белой породы / С. И. Луговой [и др.] // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины». 2017. Т. 53. Вып. 4. С. 130-134.
 11. Анализ генетической структуры пород домашних кур с использованием микросателлитных маркеров / В. И. Фисинин [и др.] // Проблемы биологии продуктивных животных. 2011. № 1. С. 68-72.
 12. Балацкий В. Н. Разработка ДНК-технологий генотипирования свиней и их использование в свиноводстве // Вісник аграрної науки Причорномор'я. 2002. Вип. 3 (17). С. 5-8.
 13. Балацкий В. Н., Метлицкая Е. И. ДНК-диагностика стресс-синдрома свиней и ассоциация *RYR1*-генотипов с жизнеспособностью поросят раннего возраста // Цитология и генетика. 2001. № 3. С. 43-49.
 14. Балацкий В. Н., Саенко А. М., Гришина Л. П. Полиморфизм локуса рецептора эстрогена 1 в популяциях свиней разных генотипов и его ассоциация с репродуктивными признаками свиноматок крупной белой породы // Цитология и генетика. 2012. № 4. С. 213-217.
 15. Балацький В. М., Овсяник Т. В., Корінний С. М. Асоціації генів у популяції свиней великої білої породи англійської селекції // Свинарство. 2008. Вип. 56. С. 41-45.
 16. Балашов Н. Т., Паламаренко И. К. Эффективность промышленного скрещивания в свиноводстве // Свиноводство. 1966. № 6. С. 5-9.
 17. Баньковский Б. В. Выведение новой породы на кроссбредной основе // Свиноводство. 1971. № 9. С. 30.
 18. Баньковский Б. В. Методы выведения и совершенствования полтавской

и украинской мясных пород свиней // Нові методи селекції і відтворення високопродуктивних порід і типів тварин : матеріали наук.-виробн. конф. К. : Асоціація «Україна», 1996. С. 205.

19. Баньковский Б. В. Состояние и перспективы создания новых линий свиней на кроссбредной основе в хозяйствах Полтавского НИИ свиноводства // Сборник статей под ред. А. И. Овсянникова. М. : Колос, 1973. С. 112-124.
20. Баньковский Б. В. Специализированные породы свиней при чистопородном разведении и скрещивании // Свиноводство. 1970. № 9. С. 9-10.
21. Баньковська І. Б. Роль методичних підходів у створенні полтавської м'ясної породи свиней // Свинарство. 2012. Вип 60. С. 58-63.
22. Баньковський Б. В. Українська м'ясна порода // Тваринництво України. 1992. № 7-8. С. 6-7.
23. Баньковський Б. В., Медведєв В. А., Соловійов І. В. Українська м'ясна порода свиней // Науково-виробничий бюлетень «Селекція». К., 1994. С. 50-54.
24. Бекенев В. А. Селекция свиней. Новосибирск : РАСХН, Сиб. отд., 2007. 184 с.
25. Березовский Н. Направление и перспективы селекции крупной белой породы свиней // Свиноводство. 2006. № 2. С. 9-10.
26. Березовский Н. Селекция свиней крупной белой породы // Свиноводство. 1994. № 2. С. 9-11.
27. Березовський М. Д. Етапи селекції великої білої породи свиней в Україні // Вісник Полтавської державної аграрної академії. 2005. № 3. С. 27-28.
28. Березовський М. Д. Породи свиней України та перспективи їх розведення // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник. Полтава, 2007. Вип. 55. С. 3-5.
29. Березовський М. Д. Проблеми та можливості ефективного використання племінної бази свинарства // Свинарство України. 2011. № 2. С. 12-13.

30. Березовський М. Д. Проблемні питання з удосконалення племінного свинарства в Україні та їх вирішення // Свинарство. 2014. Вип. 64. С. 37-48.
31. Березовський М. Д. Спеціалізація селекції з великою білою породою свиней в Україні // Шляхи підвищення виробництва та поліпшення якості свинини : міжнар. наук.-практ. конф. : тези доп. Х., 1995. С. 41-42.
32. Березовський М. Д., Ломако Д. В. Підтримання високого рівня продуктивності у свиней нових внутрішньопородних типів // Нові методи селекції і відтворення високопродуктивних порід і типів тварин : матеріали наук.-виробн. конф. 29-30 травня 1996 р. К.: Асоціація «Україна», 1996. С. 206.
33. Березовський М. Д., Хатько І. В., Нагаєвич В. М. Випробування спеціалізованих типів свиней великої білої породи // Вісник Полтавської державної аграрної академії. 2004. № 2. С. 30-32.
34. Бондаренко А. Ф. Рябая улучшенная миргородская свинья // Проблемы животноводства. 1936. № 9. С. 47-64.
35. Брэм Г., Бренинг Б. Использование в селекции свиней молекулярной генной диагностики злокачественного гипертермического синдрома (MHS) // Генетика. 1993. Т. 29. № 6. С. 1009-1013.
36. Бублик Е. М. Влияние генов *MC4R*, *POU1F1*, *PRLR*, *ESR* на продуктивные качества свиней // Молодой ученый. 2013. № 6 (53). С. 238-240.
37. Буркат В. П. Селекція, генетика і біотехнологія в тваринництві // Вісник аграрної науки. 1997. № 9. С. 46-52.
38. Бурундуковский Н. В. Характеристика свиней миргородской улучшенной породной группы // Свиноводство. 1936. № 5. С. 48-51.
39. Вейр Б. Анализ генетических данных. М. : Мир, 1995. 399 с.
40. Вивчення поліморфізму гену *RYR1* свиней породи ландрас / В. І. Россоха [та ін.] // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН. 2011. № 105. С. 145-150.

41. Використання та удосконалення генофонду свиней в умовах ТОВ «Таврійські свині» / В. С. Топіха, В. Я. Лихач, С. І. Луговий [та ін.] // Науковий вісник «Асканія-Нова». Нова Каховка : Пиел, 2012. Вип. 5. Ч. II. С. 283-289.
42. Вишневський Л. В., Войтенко С. Л., Петренко С. М. Внутрішньопородна селекція та схрещування свиней миргородської породи // Вісник аграрної науки. 2008. № 10. С. 43-45.
43. Влияние полиморфных вариантов генов *MUC4*, *ECR F18/FUT1* и *MX1* на репродуктивные качества свиноматок / Н. В. Журина [и др.] // Зоотехническая наука Беларуси. 2015. Т. 50. С. 66-73.
44. Войтенко С. Миргородська порода свиней: сучасний стан та ефективність використання // Тваринництво України. 2010. № 1. С. 2-5.
45. Войтенко С. Л. Генеалогічна структура порід свиней України // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : Миколаївський ДАУ, 2010. Вип. 1 (52). Т. 2. С. 58-61.
46. Войтенко С. Л. Генезис миргородської породи свиней // Вісник Полтавської державної аграрної академії. 2012. № 2. С. 94-99.
47. Войтенко С. Л. Использование вводного скрещивания для создания нового генотипа // Свиноводство. 2005. № 5. С. 5.
48. Войтенко С. Л. Історія створення та напрям селекції з миргородською породою свиней // Ефективне птахівництво та тваринництво. 2004. № 10. С. 69-71.
49. Войтенко С. Л. Чи доцільно зберігати локальні породи сільськогосподарських тварин // Науковий вісник НУБіПУ. 2011. № 160. Ч. 1. С.179-183.
50. Войтенко С. Л., Вишневський Л. В. Состояние племенного свиноводства Украины // Современные проблемы и научное обеспечение инновационного развития свиноводства : сборник научных статей по материалам XXIII Междунар. науч.-практ. конф., 21-23 июня 2016, ФГБНУ ВНИИплем, Московская обл., п. Лесные Поляны, 2016. С. 19-26.

51. Войтенко С. Л., Вишневський Л. В. Контролювання генетичної ситуації в миргородській породі свиней // Науковий вісник «Асканія-Нова». 2012. Вип. 5 (2). С. 195-200.
52. Войтенко С. Л., Вишневський Л. В. Ризики втрати місцевих вітчизняних порід свиней та великої рогатої худоби // Науковий вісник НУБіП. 2014. № 202. – С. 186-191.
53. Войтенко С. Л., Петренко С. Н., Алфьоров С. Ю. Результативність «прилиття крові» до миргородської породи свиней білоруської чорно-рябої породи // Аграрний вісник Причорномор'я. 2005. Вип. 31. С. 58-60.
54. Войтенко С., Петренко С., Пісковий М. Локальні породи свиней: збереження та відтворення // Тваринництво України. 2007. № 2. С. 70-72.
55. Галімов С. М. Характеристика продуктивних якостей свиней великої білої породи імпоротної селекції // Зб. наук. праць ВНАУ. Вінниця : ВНАУ, 2012. Вип. 5 (67). С. 96-99.
56. Генетическая характеристика свиней пород крупная белая и йоркшир различного происхождения с использованием ДНК-маркеров / Н. А. Зиновьева [и др.] // Доклады РАСХН. 2008. Вып. 2. С. 33-36.
57. Генетические процессы в популяции свиней / И.Ф.Парасочка [и др.] // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства : материалы XV Междунар. науч.-практ. конф. Горки : БГСХА, 2012. С. 30-35.
58. Генетические ресурсы сельскохозяйственных животных: редкие и исчезающие породы / И. Г. Моисеева [и др.]. М. : Наука, 1992. 136 с.
59. Генетична структура української гірськокарпатської породи овець за використання мікросателітних локусів / Т. В. Чокан [та ін.] // Розведення і генетика тварин. 2016. Вип. 51. С. 225-230.
60. Генетична структура української популяції свиней породи велика біла за геном естроген-рецептора / О. М. Коновал [та ін.] // Доповіді Національної академії наук України. 2008. № 3. С. 149-151.
61. Генетичний моніторинг свиней великої білої породи за генами *ESR* та

- MC4R / С. О. Костенко [та ін.] // Фактори експериментальної еволюції організмів: зб. наук. пр. НАН України, НААН України, АМН України, Укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова; редкол.: В. А. Кунах (голов. ред.) [та ін.]. К. : Логос, 2010. Т. 8. С. 148-154.
62. Генетичний поліморфізм гена *BF* (*BF_in 1_C79T*) у свиней великої білої породи різного походження / Н. А. Зинов'єва, О. О. Гладирь, С. І. Луговий [та ін.] // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. Львів, 2011. Т. 13. № 4 (50). Ч. 2. С. 71-75.
63. Генотипи свиней асканійської селекції : минуле та сьогодення / [Ю. Шульга, О. Дудка, А. Маслюк, А. Івін] // Тваринництво України. 2012. №. 8. С. 76-79.
64. Генофонд национальных пород свиней Украины, их создатели и современные координаторы / В. П. Рыбалко [и др.]. Полтава : Полтавський літератор, 2011. 156 с.
65. Генофонд свійських тварин України / Д. І. Барановський, В. І. Герасимов, В. М. Нагаєвич [та ін.] ; за ред. Д. І. Барановського, В. І. Герасимова. Х. : Еспада, 2005. 400 с.
66. Герасименко В. В. Генофонд пород свиней Южного региона Украины по иммуногенетическим показателям // Генетика. 2004. Т. 40, № 9. С. 1200-1208.
67. Герасименко В. В., Скрепець К. В. Імуногенетичні особливості генофонду свиней асканійського типу української м'ясної породи // Свинарство. 2008. С. 46-52.
68. Герасимов В. И. Биологические особенности и хозяйственно-полезные качества свиней крупной белой и ее помесей с ландрасом и миргородской породой // Индивидуальное развитие сельскохозяйственных животных и формирование их продуктивности. К., 1966. С. 334-335.
69. Гетья А. А. Організація селекційного процес в сучасному свинарстві :

монографія. Полтава : Полтавський літератор, 2009. 192 с.

70. Гладырь Е. А., Зиновьева Н. А., Брем Г. Характеристика генофонда и установление генеалогических связей между породами овец России с использованием ДНК-микросателлитов // Доклады РАСХН. 2004. № 2. С. 26-29.
71. Гришина Л. П. Еколого-генетичні параметри розвитку та відтворних ознак свиней заводського типу «Бахмутський» на етапах його створення // Таврійський науковий вісник : наук. журнал. Херсон : Гринь Д. С., 2011. Вип. 76. Ч. 2. С. 63-67.
72. Гришина Л. П. Ефективність використання кнурів датської селекції в племінній роботі з великою білою породою свиней // Вісник Сумського національного аграрного університету. 2003. Вип. 7. С. 60-63.
73. Гришина Л. П. Методи створення заводського типу свиней «Бахмутський» у великій білій породі // Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. К., 2009. Вип. 138. С. 151-156.
74. Гришина Л. П. Селекційно-генетичні прийоми удосконалення племінного стада свиней // Наукові праці академ. сільськогосп. наук. 2002. Т. 1. С. 152-154.
75. Гришина Л. П., Волощук В. М., Акневський Ю. П. Методологія створення спеціалізованого типу свиней : монографія. Полтава : ТОВ «Фірма «Техсервіс», 2015. 233 с.
76. Дзіщук В. В., Круглик С. Г., Спиридонов В. Г. Генетичний аналіз собак породи німецька вівчарка з використанням мікросателітних маркерів ДНК // Розведення і генетика тварин. 2016. Вип. 52. С. 166-171.
77. Дзіщук В. В., Круглик С. Г., Спиридонов В. Г. Дослідження поліморфізму мікросателітів ДНК у собак породи російський той-тер'єр // Розведення і генетика тварин. 2015. Вип. 50. С. 125-130.
78. ДНК-діагностика стрес-синдрому в популяції свиней м'ясного напрямку продуктивності / В. Ф. Коваленко [та ін.] // Вісник аграрної науки. 1999.

№ 9. С. 40-43.

79. Домашова Л. О. Асоціація відтворювальних якостей свиноматок великої білої породи з їх генотипом по гену естрогенового рецептора (*ESR*) // Збірник наукових праць Вінницького НАУ. Серія: Сільськогосподарські науки. Вінниця, 2013. Вип. 2 (72). С. 84-89.
80. Драган О. В. Продуктивні якості та генетичні особливості свиней при внутрішньопородному поєднанні різних типів української м'ясної породи : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук : спец. 06.02.01 «Розведення та селекція тварин». Полтава, 2009. 20 с.
81. Дудка О. І. Індексна оцінка племінної цінності та адаптації свиней української степової рябої породи // Науковий вісник «Асканія-Нова». Нова Каховка : ЧП «Пиел», 2009. Вип. 2. С. 127-133.
82. Дудка О. І. Селекційні досягнення при розведенні української степової рябої породи свиней // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон: Айлант, 2008. Вип. 58. Ч. 2. С. 163-169.
83. Епишко О. А. Гены, детерминирующие воспроизводительную функцию свиноматок // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі: Серыя аграрных навук. 2008. № 2. С. 81-85.
84. Ефименко М. Я., Подоба Б. Е., Стоянов Р. А. Проблемы пороодообразовательного процесса в животноводстве // Вісник аграрної науки. 1999. № 5. С. 26-30.
85. Жабалиев М. А. Некоторые биологические особенности помесей крупной черной и миргородской пород свиней с ландрас // Бюллетень ВИЖа. 1960. Вып. 3. С. 90-97.
86. Животовский Л. А. Популяционная биометрия. М. : Наука, 1991. 271 с.
87. Жиркова Р. Асканійський тип української м'ясної породи // Тваринництво України. 1996. № 3. С. 14.
88. Журина Н. В. Влияние гена эстрогенового рецептора на репродуктивные признаки свиноматок крупной белой и белорусской мясной пород // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі: Серыя аграрных навук.

2006. № 4. С. 71-74.

89. Забезпечення високої продуктивності свиней в умовах ТОВ «Таврійські свині» / В. Я. Лихач [та ін.] // Таврійський науковий вісник: зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Айлант, 2009. Вип. 64. Ч. 3. С. 181-185.
90. Заболотная А. А. Хозяйственно-биологические особенности и методы повышения продуктивности свиней отечественной и зарубежной селекции : автореф. дис. на соискание уч. степени доктора с-х. наук : спец. 06.02.10 «Частная зоотехния, технология производства продуктов животноводства». Новосибирск, 2013. 34 с.
91. Зиновьева Н. А. Молекулярно-генетические методы и их использование в свиноводстве // Достижения науки и техники АПК. 2008. № 10. С. 37-39.
92. Иванов М. Ф. Свиноводство. М., Сельхозиздат. 1937. 304 с.
93. Изучение изменчивости микросателлитов при создании нового типа мясного скота Сибири / Е. А. Гладырь [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 10. С. 30-32.
94. Изучение информативности микросателлитов кур *G. gallus* для характеристики аллелофонда индеек *M. gallopavo* / И. П. Новгородова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 10. С. 66-67.
95. Иммуногенетические параметры свиней породы дюрок украинской селекции и крупной белой / В. С. Топиха [и др.] // Свиноводство. 2003. № 1. С. 6-8.
96. Иовенко В. Н., Герасименко В. В., Плахотников А. Г. Генофонд овец и свиней юга Украины по иммуногенетическим маркерам. Новая Каховка : Пиел, 2007. 140 с.
97. Использование свиней центрального типа / Б. Баньковский [и др.] // Свиноводство. 1992. № 1. С. 20-21.
98. Інформативність мікросателітних маркерів для аналізу генетичної структури популяцій білого (*Hyporhamphichthys molitrix*) та строкатого

- (*Aristichthys nobilis*) товстолобиків / І. І. Грициняк [та ін.] // Розведення і генетика тварин. 2015. Вип. 50. С. 118-124.
99. Інформаційні технології в племінному свинарстві України / М. М. Сердюк, С. І. Луговий, Ю. М. Сердюк [та ін.] // Математичні методи, моделі та інформаційні технології в економіці : матеріали III міжнар. науково-методичної конф., (Чернівці, 14-17 травня 2013 р.). Чернівці, 2013. С. 242-245.
100. Каграманов А. Р. Продуктивные качества свиней пород дюрок и скороспелая мясная степного типа разных генотипов по локусам *ESR* и *H-FABP* : автореф. дисс. на соискание науч. степени канд. биол. наук : спец. 06.02.07 «Разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных». Ставрополь, 2011. 25 с.
101. Кайлачакова О. Н. Использование молекулярно-генетических маркеров при оценке репродуктивных качеств свиней : дисс. ... кандидата биол. наук : 06.02.01 / Кайлачакова Оксана Николаевна. М., 2005. 120 с.
102. Калашникова Л. А., Лаломова Е. В. Полиморфизм свиней по генам эстрогенового и пролактинового рецепторов // Зоотехния. 2009. № 12. С. 5-6.
103. Калиниченко Г. И., Кислинская А. И. Показатели роста различных сочетаний молодняка свиней крупной белой породы венгерской селекции в постадаптационный период // Современные проблемы и технологические инновации в производстве свинины в странах СНГ : сб. науч. трудов XX междунар. науч.-практ. конф. Чебоксары, 2013. С. 254-259.
104. Кислинська А. І. Продуктивні якості свиней великої білої породи угорської селекції при чистопородному розведенні та схрещуванні // Сучасні проблеми розведення та селекції с.-г. тварин : матеріали міжнар. наук.-практ. конф., 22-23 травня 2013. Житомир : ЖНАЕУ, 2013. С.50-52.
105. Коновалова Е. Н. Полиморфизм гена рецептора *E.Coli F 18* (*ECR*

- F18/FUT1*) и его влияние на хозяйственно-полезные признаки свиней : дисс. ... кандидата биол. наук : 03.00.23 / Коновалова Елена Николаевна. Дубровицы, 2003. 95 с.
106. Коновалова Е. Н., Гладырь Е. А., Зиновьева Н. А. Исследование полиморфизма гена рецептора *E.coli* как гена-кандидата хозяйственно-полезных признаков свиней // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : сб. трудов междунар. науч. конференции. ВИЖ, п. Дубровицы, 2002. С. 142-143.
 107. Корінний С. М., Балацький В. М. Генетична структура великої білої породи свиней за результатами генотипування по локусах мікросателітної ДНК // Науковий вісник НУБіП України. К., 2009. Вип.138. С.336-344.
 108. Костенко С. О., Сидоренко О. В., Драгулян М. В. Вплив поліморфізму генів рецепторів естрогену та пролактину на спермопродуктивність кнурів великої білої породи // Науковий вісник «Асканія-Нова» Вип. 5. Ч. II. С. 254-260.
 109. Крамаренко О. С. Аналіз генетичної диференціації за локусами мікросателітів худоби південної м'ясної породи // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва : зб. наук. праць. Біла Церква : Білоц. нац. аграр. ун-т, 2015. Вип. 1 (116). С. 31- 35.
 110. Крамаренко О. С. Генетична структура південної м'ясної породи на підставі мультилокусних генотипів за мікросателітами // Зоотехнічна наука: проблеми перспективи : матеріали V міжнар. наук.-практ. конф., 21-22 травня 2015 року / за ред. професора В.В. Іванишина / Подільський державний аграрно-технічний університет. Кам'янець-Подільський : Видавець ПП Зволейко Д.Г., 2015. С. 104-108.
 111. Крамаренко С. С., Луговий С. І. Порівняльний аналіз оцінок ефективної чисельності свиней великої білої породи на основі молекулярно-генетичних маркерів // Зоотехнічна наука Поділля: історія, проблеми, перспективи : матеріали міжнар. наук.-практ. конф., присвяченої 90-

- річчю заснування та 55-річчю відродження біотехнологічного факультету Подільського ДАТУ, 16-18 березня 2010 р. / за ред. професора М. Г. Повознікова / Подільський ДАТУ. Кам'янець-Подільський : видавець ПП Зволейко Д. Г., 2010. С. 133-135.
112. Крамаренко С. С., Луговой С. И. VLUP-оценки воспроизводительных качеств свиноматок украинской мясной породы разного происхождения // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Грінь Д.С., 2011. Вип. 76. Ч. 2. С. 105-110.
113. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Использование энтропийно-информационного анализа для оценки воспроизводительных качеств свиноматок // Вестник Алтайского ГАУ. Барнаул, 2013. № 9. С. 58-62.
114. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценивание эффективной численности популяции свиней крупной белой породы на основе молекулярно-генетических маркеров // Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ : сб. науч. трудов по материалам XVII междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству, (Ульяновск, 7-10 июля 2010 г.). Ульяновск : УГСХА, 2010. С. 210-216.
115. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценка генетического разнообразия свиней с использованием мультилокусных генотипов микросателлитов ДНК // Инновационные технологии в животноводстве : тезисы докладов Междунар. науч.-практ. конф. (7-8 октября 2010 г.) Жодино : РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству», 2010. Ч. 1. С. 67-69.
116. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Характеристика генетической дифференциации разных генеалогических линий свиней крупной белой породы английской селекции // Современные проблемы интенсификации производства свинины : сб. научных трудов XIV междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству (11-13 июля 2007 г.). Ульяновск, 2007. т. 1. С. 233-240.

117. Крамаренко С. С., Луговой С. И., Крамаренко А. С. Методы оценки потенциального генетического разнообразия популяций домашних свиней (*Sus scrofa*) на основе полиморфизма локусов микросателлитов // Биоразнообразии и устойчивое развитие : тезисы докладов II Международной науч.-практ. конф. (Симферополь, 12-16 сентября 2012 г.) Симферополь, 2012. С. 382-384.
118. Крамаренко С. С., Луговой С. И., Лихач В. Я. Анализ генетико-демографических процессов у свиней крупной белой породы с использованием локусов микросателлитов // The scientific heritage. 2017. № 10 (10). Р. 3. С. 4-7.
119. Крилова Л., Шульга Ю. Селекційні перлини степу України // Пропозиція. 2004. № 7. С. 83.
120. Круглик С. Г., Дзіцюк В. В., Спиридонов В. Г. Аналіз генетичної структури собак породи французький бульдог з використанням микросателітних маркерів ДНК // Розведення і генетика тварин. 2016. Вип. 51. С. 185-171.
121. Крупная белая порода свиней – основа генофонда в свиноводстве страны / А. И. Филатов [и др.] // Зоотехния. 1991. № 1. С. 15-18.
122. Лаломова Е. В. Полиморфизм свиней по генам эстрогенового, пролактинового и рианодинового рецепторов : дисс. ... кандидата биол. наук : 06.02.01 / Лаломова Елена Владимировна. п. Лесные Поляны Московской обл., 2007. 107 с.
123. Лебедев Ю. Крупная белая порода // Свиноводство. 1980. № 6. С. 31-33.
124. Ли Ч. Введение в популяционную генетику. М. : Наука, 1978. 356 с.
125. Лобан Н. А. Метод повышения продуктивных качеств свиней с использованием маркерных генов // Вісник аграрної науки Причорномор'я. 2010. Вип. 3 (55). Т. 2. Ч. 1. С. 117-128.
126. Лобан Н. А. Способ селекции для повышения мясооткормочных качеств свиней на основе скрининга гена *IGF-2* и с учетом его полиморфизма // Актуальные проблемы интенсивного развития

- животноводства. Сборник научных трудов. Горки, 2010. Вып. 13. Ч. 2. С. 14-19.
127. Лобан Н. А., Василюк О. Я. Карта генетического профиля свиней белорусской крупной белой породы // Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии. 2010. № 2. С. 116-121.
128. Лобан Н. А., Василюк О. Я., Пищелка Л. В. Воспроизводительные качества белорусской крупной белой породы свиней в контексте использования методов популяционной и маркерной селекции // Современные проблемы и научное обеспечение инновационного развития свиноводства : сборник научных статей по материалам XXIII Междунар. науч.-практ. конф., 21-23 июня 2016, ФГБНУ ВНИИплем, Московская обл., п. Лесные Поляны, 2016. С. 256-262.
129. Лобан Н. А., Шейко И. П. Формообразующий процесс в свиноводстве на основе комплекса селекционно-генетических методов // Научный фактор в стратегии инновационного развития свиноводства : сборник материалов XXII Междунар. науч.-практ. конф., (9-11 сентября 2015 г.). Гродно : ГГАУ, 2015. С. 91-99.
130. Луговий С. І. Велика біла порода свиней імпортої селекції в умовах України // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв, 2002. Вип. 3 (17). С. 218-220.
131. Луговий С. І. Відтворювальна здатність свиней великої білої породи англійської селекції // Аграрний вісник Причорномор'я. Одеса, 2005. Вип. 31. С. 44-45.
132. Луговий С. І. Відтворювальні якості свиноматок асканійського м'ясного типу української м'ясної породи в умовах ТОВ «Таврійські свині» Херсонської області // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (11-13 квітня 2007 р.). Миколаїв : МДАУ, 2007. С. 5-7.

133. Луговий С. І. Внутрішньопородна мінливість свиней породи дюррок за локусами мікросателітів ДНК // Сучасні проблеми розведення і селекції сільськогосподарських тварин : матеріали міжнар. наук.-практ. конф., (Житомир, 22-23 травня 2013 р.). Житомир : Полісся, 2013. С. 19-20.
134. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості свиней породи дюррок за локусами мікросателітів ДНК // Вісник Житомирського національного агроекологічного університету. 2013. Вип. № 1. (35). Т. 2. С. 105-113.
135. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості української м'ясної породи свиней за локусами мікросателітів ДНК // Збірник наукових праць Вінницького НАУ. Серія: Сільськогосподарські науки. 2013. Вип. 2 (72). С. 109-114.
136. Луговий С. І. Оцінка ефективної чисельності свиней великої білої породи з використанням мікросателітів ДНК // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (13-15 квітня 2010 р.). Миколаїв : Миколаївський ДАУ, 2010. С. 22-23.
137. Луговий С. І. Селекційно-генетична диференціація та деякі біологічні особливості імпортованих генотипів свиней великої білої породи : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук : спец. 06.02.01 «Розведення та селекція тварин». Херсон, 2006. 18 с.
138. Луговий С. І. Характеристика алелофонду свиней української степової рябої породи за локусами мікросателітів ДНК // Зоотехнічна наука : історія, проблеми, перспективи : матеріали III міжнар. наук.-практ. конф., (Кам'янець-Подільський, 22-24 травня 2013 р.) / Подільський державний аграрно-технічний університет. Кам'янець-Подільський : видавець ПП Зволейко Д. Г., 2013. С. 193-194.
139. Луговий С. І., Загайкан О. І. Нове племінне господарство з розведення асканійського типу свиней української м'ясної породи // Проблеми зооінженерії та ветеринарної медицини : зб. наук. пр. Харківської

- ДЗВА. Х. : Золоті сторінки, 2007. Вип. 15 (40). Т. 1. Ч. 1. С. 187-190.
140. Луговий С. І., Кіш С. В. Оцінка генетичної структури різних родин свиней породи дюрок за локусами мікросателітів ДНК // Вісник аграрної науки Причорномор'я. 2015. Вип. 2. Т. 1. Ч. 2. С. 130-135.
141. Луговий С. І., Леонтьєв В. В. Асканійський м'ясний тип свиней – проблеми та перспективи // Таврійський науковий вісник : зб. наук. пр. ХДАУ. Херсон : Айлант, 2007. Вип. 53. С.138-141.
142. Луговий С. І., Сердюк М. М. Удосконалення автоматизованої системи ведення племінного обліку у свинарстві // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва : зб. наук. праць Подільського державного аграрно-технічного університету. Кам'янець-Подільський : ПДАТУ, 2013. Вип. 21. С. 175-177.
143. Луговой С. И. Оценки внутри- и межпородной генетической дифференциации некоторых локальных пород свиней Украины // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава : ТОВ «Фірма «Техсервіс», 2014. Вип. 65. С.161-168.
144. Луговой С. И. Характеристика генофонда локальных пород свиней Украины по локусам микросателлитов ДНК // Вестник Новосибирского ГАУ. Новосибирск, 2013. № 2 (27). С. 67-72.
145. Луговой С. И. Характеристика генофонда мясных пород свиней украинского происхождения по локусам микросателлитов ДНК // Вестник Казанского ГАУ. Казань, 2013. № 2 (28). С. 126-129.
146. Луговой С. И., Домашева Л. А. Анализ динамики воспроизводительных качеств свиноматок с использованием разных методов // Вестник КрасГАУ. Красноярск, 2013. Вып. 8. (83). С. 32-37.
147. Луговой С. И., Домашева Л. А. Полиморфизм гена *BF* (*BF_in1_C79T*) и его ассоциация с воспроизводительными качествами свиноматок // Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы : материалы Междунар. науч. конф. (к 100-летию со дня

- рождения академика Н. В. Турбина) (Минск, 8-11 октября 2012 г.) / редкол.: А. В. Кильчевский [и др.]. Минск : ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», 2012. С. 137.
148. Луговой С. И., Крамаренко С. С., Лихач В. Я. Особенности формирования генетической структуры по генам *ESR1* и *IGF2* у чистопородных и помесных свиней // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» Государственная академия ветеринарной медицины». 2017. Т. 53. Вып. 1. С. 238-241.
149. Луговой С., Крамаренко С., Лихач В. Внутрипородная изменчивость свиней крупной белой породы на основе полиморфизма микросателлитов ДНК // *Știința agricolă*. 2017. № 1. С. 94-98.
150. Максимов Г. В., Ленкова Н. В. Молекулярно-генетические маркеры в селекции свиней на стрессустойчивость и продуктивность // *Inter-Medical*. 2014. С. 89-91.
151. Максимов Г. В., Тупикин В. В. Влияние полиморфизма гена *ESR* на динамику живой массы подсвинков крупной белой породы // *Аграрный вестник Урала*. 2009. № 9 (63). С. 95-95.
152. Маслюк А. М. Удосконалення методів оцінки продуктивних якостей та збереження свиней української степової білої породи : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук : спец. 06.02.01 «Розведення та селекція тварин». Миколаїв, 2013. 19 с.
153. Медведев В. А. Харьковской заводской тип украинской мясной породы свиней // Шляхи підвищення виробництва та поліпшення якості свинини : тези доповідей міжнар. наук.-практ. конф. Харків, 1996. С. 3.
154. Медведев В. А., Файзуллин Р. А. Новые семейства в Донецком типе УКБ-2 // Нові методи селекції і відтворення високопродуктивних порід і типів тварин : матеріали наук.-виробн. конф. 29-30 травня 1996 р. К. : Асоціація «Україна», 1996. С. 227.
155. Медведев В. А., Хватов А. И., Тищенко А. И. Харьковской заводской тип украинской мясной породы свиней в Украине // *Современные*

проблемы интенсификации производства свинины : сб. науч. трудов по материалам XIV междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству (Ульяновск, 11-13 июля 2007 г.). Ульяновск : УГСХА, 2007. Т. 1. С. 258-265.

156. Медведєв В., Ткачов А., Хватов В. Харківський заводський тип свиней // Тваринництво України. 1996. № 10. С. 16-17.
157. Мельник О. В., Дзіцюк В. В., Спиридонов В. Г. Генетична характеристика коней гуцульської породи // Розведення і генетика тварин. 2015. Вип. 50. С. 258-261.
158. Метлицька О. І., Нор В. Ю. Популяційно-генетичне дослідження як обґрунтування шляхів збереження генофонду свиней миргородської породи // Розведення і генетика тварин. 2013. № 47. С. 61-73.
159. Методика определения экономической эффективности использования в сельском хозяйстве результатов научно-исследовательских работ, новой технологии, изобретений и рационализаторских предложений. М. : ВНИИПИ, 1986. 149 с.
160. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / Н. А. Зиновьева, А. Н. Попов, Л. К. Эрнст [и др.]. Дубровицы : ВИЖ, 1998. 47 с.
161. Микросателлитные профили как критерии определения чистопородности и оценки степени гетерогенности подборов родительских пар в свиноводстве / Н. А. Зиновьева [и др.]. Сельскохозяйственная биология, 2011. Вып. 6. С. 47-53.
162. Мировой генофонд свиней : моногр. / [В. И. Герасимов, Н. Д. Березовский, В. М. Нагаевич и др.]. Х. : Эспада, 2006. 520 с.
163. Михайлова М. Степная рябая на юге Украины // Свиноводство. 1991. № 5. С. 15-17.
164. Михайлова М. П. Українська степова ряба // Аграрний сектор України. Племінна база [електронний ресурс]. Режим доступу: <http://agroua.net/animals/catalog/ag-4/a-5/ab-171/>

165. Моделирование тест-системы анализа микросателлитов верблюдов / Е. А. Гладырь [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 10. С. 63-65.
166. Молекулярно-генетическая идентификация и паспортизация кемеровской породы свиней на основе STR-анализа / В. Р. Харзинова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2017. Вып. 31. № 6. С. 62-64.
167. Молекулярно-генетичний аналіз генів, асоційованих із господарсько-корисними ознаками свині свійської (*Sus scrofa*) / О. М. Коновал [та ін.] // Вісник українського товариства генетиків і селекціонерів. 2008. № 2. Т. 6. С. 240-245.
168. Молекулярные методы в диагностике генетических дефектов свиней / О. В. Костюнина [и др.] // Современные проблемы и научное обеспечение инновационного развития свиноводства : сборник научных статей по материалам XXIII Междунар. науч.-практ. конф., (21-23 июня 2016 г.). ФГБНУ ВНИИплем, Московская обл., п. Лесные Поляны, 2016. С. 50-54.
169. Мониторинг генетической устойчивости пород свиней, разводимых в Беларуси, к наследственным заболеваниям / Т. И. Епишко [и др.] // Генетика и биотехнология XXI века. Фундаментальные и прикладные аспекты : материалы Междунар. науч. конф., 3-6 дек. 2008 г., Минск / редкол.: Н.П. Максимова (отв. ред.) [и др.]. Минск : Изд. центр БГУ, 2008. С. 183-185.
170. Моніторинг великої білої породи за генами господарсько-корисних ознак / С. О. Костенко [та ін.] // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН. 2013. № 109. Ч. 1. С. 151-159.
171. М'ясні генотипи свиней південного регіону України / [В. С. Топіха, Р. О. Трибрат, С. І. Луговий та ін.]. Миколаїв : МДАУ, 2008. 350 с.
172. Нежлукченко Т. І., Лісна Т. М. Ефективність використання свиней англійської селекції компанії UPB в умовах півдня України // Аграрний

- вісник Причорномор'я. Одеса : ОДАУ, 2005. Вип. 31. С. 17-19.
173. Некоторые аспекты использования микросателлитов в свиноводстве / Н. А. Зиновьева [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2010. № 8. С. 38-41.
174. Новиков А. А., Семак М. С. Использование методов генетического мониторинга и экспертизы в селекции свиней в Российской Федерации // Современные проблемы и научное обеспечение инновационного развития свиноводства : сборник научных статей по материалам XXIII Междунар. науч.-практ. конф., 21-23 июня 2016, ФГБНУ ВНИИплем, Московская обл., п. Лесные Поляны, 2016. С. 92-97.
175. Онищенко А. О. Порівняльне вивчення відгодівельних та м'ясних якостей свиней різних генотипів // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2006. Вип. 3 (35). С. 103.
176. Особенности генетической изменчивости в популяциях свиней, разводимых в Украине, по локусам микросателлитов ДНК / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.] // Современные тенденции и технологические инновации в свиноводстве : материалы XIX Международной науч.-практ. конф. (Горки, 4-6 октября 2012 г.) / редкол.: И. П. Шейко [и др.]. Горки : БГСХА, 2012. С. 147-153.
177. Остапчук П. П. Породи свиней та їх використання. К. : Урожай, 1980. 186 с.
178. Оценка вклада различных популяций в генетическое разнообразие свиней корня крупной белой породы / Н. А. Зиновьева, В. Р. Харзинова, Е. И. Сизарева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2012. № 6. С. 35-42.
179. Оценка генетического разнообразия популяций свиней крупной белой породы разного происхождения / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.]. // Актуальные вопросы аграрной науки и образования : материалы Междунар. науч.-практ. конф., посвященной 65-летию Ульяновской ГСХА. Ульяновск : ГСХА, 2008. Т. 2. Ч. 1-2. С.

- 130-135.
180. Оценка изменчивости аллелофонда микросателлитов при создании специализированных линий медоносной пчелы среднерусской породы / Н. А. Зиновьева [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 10. С. 51-52.
181. Оценка уровня генетической дифференцированности популяций свиней крупной белой породы разного происхождения / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.]. // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Айлант, 2008. Вип. 58. Ч. 2. С. 74-78.
182. Оцінювання стану локальних порід свиней України та методи селекційно-плеємної роботи з ними / С.Л.Войтенко [та ін.] // Розведення і генетика тварин. 2015. № 49. С. 235-242.
183. Перетяцько Л. Г. Ареал разведения и перспективы сохранения полтавской мясной породы свиней // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства : материалы XV Междунар. науч.-практ. конф. Горки : БГСХА, 2012. С. 233-240.
184. Перетяцько Л. Г. Основные направления селекционно-племенной работы с полтавской мясной породой свиней // Интенсификация производства продукции животноводства : сб. науч. тр. Жодино. 2002. С. 60.
185. Перетяцько Л. Г. Продуктивні якості та імуногенетичні особливості свиней полтавської м'ясної породи // Проблеми виробництва екологічно чистої с.-г. продукції на межі 3-го тисячоліття. Житомир, 2000. С.125.
186. Перетяцько Л. Г. Селекционно-генетические приемы улучшения свиней полтавской мясной породы // Вісник науки Причорномор'я. 2002. Вип. 3 (17). С. 29-31.
187. Перетяцько Л. Г., Ревенко А. И. Иммуногенетические особенности новых заводских линий в полтавской мясной породе свиней //

Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства : материалы XV Междунар. науч.-практ. конф. Горки : БГСХА, 2012. С. 221-224.

188. Петренко М. О., Войтенко С. Л. Свині породи ландрас за чистопородного розведення та схрещування // Зб. наук. праць Подільського ДАТУ. Кам'янець-Подільський, 2013. Вип. 21. С. 212-213.
189. Племінна робота з породами свиней / За ред. М. І. Матійця. К. : Урожай, 1973. С. 14-15.
190. Повод М. Г., Церенюк О. М. Породи свиней України. Дніпропетровськ : ДДАУ, 2005. 40 с.
191. Полиморфизм гена рецептора *E. coli F18* свиней / Е. Н. Коновалова [и др.] // Доклады РАСХН. 2003. № 6. С. 25-27.
192. Полиморфизм гена *IGF2* свиней мясных пород в республике Беларусь и его влияние на откормочные и мясные качества / Н. А. Лобан [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2009. № 2. С. 27-30.
193. Полиморфизм гена *RYR1* в популяции белорусской мясной породы свиней и его ассоциация с процессами метаболизма и продуктивными качествами / Т. Е. Епишко [и др.] // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. 2004. № 5. С. 30-32.
194. Полиморфизм генов, ассоциированных с локусами количественных признаков у кабана (*Sus scrofa L.*, 1758), обитающего на территории России / Н. А. Зиновьева, О. В. Костюнина, А. В. Экономов [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2013. № 2. С. 77-82.
195. Полиморфизм локуса рецептора эстрогена в популяциях свиней разных генотипов и его ассоциация с репродуктивными признаками свиноматок / В. Н. Балацкий [и др.] // Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ : сб. науч. тр. XVII Международной научно-практической конференции по свиноводству, 7-10 июля 2010 г. Ульяновск, 2010. Т. 2. С. 42-47.

196. Поліморфізм пяти мікросателітних локусів ДНК при изучении серой української и серой болгарської порід крупного рогатого скота / Ю. В. Гузєєв [и др.] // Розведення і генетика тварин. 2016. Вип. 52. С. 202-211.
197. Поліморфізм *RYRI* генів и *ESR* и ефективність використання их генотипів в селекції свиней / Г. Н. Сердюк [и др.] // Сучасні проблеми и наукове забезпечення інноваційного розвитку свиноводства : збірник наукових статей по матеріалам ХХІІІ Міжнародн. науч.-практ. конф., 21-23 червня 2016, ФГБНУ ВНІІПлем, Московська обл., п. Лісніє Поляни, 2016. С. 111-117.
198. Поліморфізм основних генів QTL у нових заводських одиниць у породах ландрас та уельс / О. М. Церенюк [та ін.] // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН. 2011. № 105. С. 189-196.
199. Поліморфізм популяції українських річкових буйволів (*River Buffalo*) за мікросателітними локусами ДНК / Ю. В. Гузєєв [та ін.] // Розведення і генетика тварин. 2016. Вип. 51. С. 276-283.
200. Полозюк О. Н. Влияние гена рецептора эстрогена на воспроизводительные качества хряков и маток // Свиноводство. 2012. № 2. С. 12-13.
201. Порівняльний аналіз відтворювальних ознак та кластерний аналіз свиней різних порід / С. С. Крамаренко [та ін.] // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С.З. Гжицького, 2018, Т. 20, № 84. С. 21-26.
202. Породи свиней в Україні / [В. П. Рибалко, Ю. Ф. Мельник, В. М. Нагаєвич, В. І. Герасимов]. Х. : Еспада, 2001. 128 с.
203. Породи сільськогосподарських тварин України. Історія, стан, перспективи розвитку / М. В. Гладій [та ін.] // Розведення і генетика тварин. 2015. № 49. С. 44-57.
204. Проблема збереження біологічного різноманіття генетичних ресурсів сільськогосподарських тварин / Ю. П. Полупан [та ін.] // Розведення і генетика тварин. 2017. Вип. 54. С. 200-208.

205. Програма збереження генофонду локальних і зникаючих порід сільськогосподарських тварин в Україні на 2017 – 2025 роки / М. В. Гладій [та ін.]. Чубинське, 2017. 63 с.
206. Програма селекційно-племінної роботи з червоною білопоясою породою м'ясних свиней на 2008-2012 роки / В. П. Рибалко [та ін.]. Київ : Арістей, 2008. 78 с.
207. Програма селекції з м'ясними генотипами свиней в Україні на 2003-2012 роки / Д. М. Микитюк [та ін.]. К. : ДНВК Селекція, 2005. 88 с.
208. Продуктивність свиней французької селекції в умовах ТОВ «Агропрайм Холдинг» Одеської області / Є. М. Агапова, Р. Л. Сусол, В. О. Лимар [та ін.] // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2010. Вип. 1 (52), Т. 2. С. 53-57.
209. Продуктивные качества свиней в условиях ООО «Таврийские свиньи» / В. С. Топиха [и др.] // Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ : сб. науч. трудов по материалам XVII Междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству, (Ульяновск, 7-10 июля 2010 г.). Ульяновск : УГСХА, 2010. С. 169-174.
210. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации популяций северного оленя *Rangifer tarandus* / В. Р. Харзинова [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2015. Т. 50. № 6. С. 756-765.
211. Рибалко В. П. Прикладні і теоретичні основи створення популяції червоно-поясних м'ясних свиней // Вісник Сумського НАУ. Суми, 2002. Вип. 6. С. 187-191.
212. Рибалко В. П., Баньковський Б. В. Українська м'ясна порода // Повышение продуктивности свиней : сб. науч. тр. Харьков, 1995. С. 29-32.
213. Рибалко В. П., Флока Л. В. Вплив фенотипових факторів на продуктивні якості свиней червоно-білопоясої породи : монографія. Полтава : РВВ ПУЕТ, 2014. 160 с.

214. Роль ДНК-маркеров признаков продуктивности сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, О. В. Костюнина, Е. А. Гладырь [и др.] // Зоотехния. 2010. № 1. С. 8-10.
215. Романишко Е. Л., Михайлова М. Е., Киреева А. И. Технология HRM-анализа (High Resolution Melting) для определения полиморфизма *ESR1-PvuII* в гене эстрогенового рецептора у свиней (*Sus scrofa*) // Веснік МДПУ імя І.П. Шамякіна. 2014. С. 32-38.
216. Рыбалко В. П. Состояние свиноводства Украины и перспективы его развития // Научный фактор в стратегии инновационного развития свиноводства : сборник материалов XXII Междунар. науч.-практ. конф., (9-11 сентября 2015 г.). Гродно : ГГАУ, 2015. С. 17-21.
217. Рыбалко В. П., Фесенко О.Г. Племенная база свиней красной белопоясой породы и перспективы их дальнейшей селекции // Научный фактор в стратегии инновационного развития свиноводства : сборник материалов XXII Междунар. науч.-практ. конф., (9-11 сентября 2015 г.). Гродно : ГГАУ, 2015. С. 129-132.
218. Саєнко А. М., Балацький В. М. Поліморфізм QTL-генів в породах свиней різного напрямку продуктивності // Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. 2009. Вип. 138. С. 272-278.
219. Саєнко А. М., Мангура Л. П. ДНК-діагностика стрес-синдрому в групах свиней різних генотипів // Вісник Полтавської державної аграрної академії. 2008. № 2. С. 202-205.
220. Свиноводство і технологія виробництва свинини : навч. видання / В. І. Герасимов [та ін.]. К.: Урожай, 1996. 350 с.
221. Свиньи асканийской селекции / И. В. Соловьев [и др.] // Свиноводство. 1991. № 2. С. 22-23.
222. Світовий генофонд свиней: монографія / В. І. Герасимов [та ін.]; за ред. В. І. Герасимова, М. Д. Березовського та В. М. Нагаєвича. Харків: Еспада, 2006. 520 с.

223. Селекция на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы методом молекулярной генной диагностики / И. П. Шейко [и др.] // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі: Серыя аграрных навук. 2006. № 3. С. 77-81.
224. Селекційно-генетична диференціація порід і типів свиней асканійської селекції / Ю. І. Шульга [та ін.] // Науковий вісник «Асканія-Нова». Нова Каховка : Пиел, 2008. Вип. 1. С. 79-88.
225. Семенов В. В., Кононова Л. В., Лозовой В. И. Взаимосвязь гена *ESR* с воспроизводительными качествами свиней // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. 2014. № 7. Т. 3. С. 342-347.
226. Сидоренко О. В. Поліморфізм генів рецепторів естрогену (*ESR*) і меланокортину-4 (*MC4R*) у свиней : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук : спец. 03.00.15 «Генетика». Чубинське, 2011. 20 с.
227. Сидоренко О. В., Костенко С. О. Генетичний аналіз племінного ядра свиней за геном естроген-рецептору // Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія «Тваринництво» : науково-методичний журнал. 2010. № 7. С. 122-127.
228. Сизарева Е. И. Изучение продуктивных особенностей и характеристика аллелофонда свиней породы Боди по ДНК-маркерам : дисс. ... кандидата биол. наук : 03.02.07 / Сизарева Елена Ивановна. Дубровицы, 2010. 116 с.
229. Система генетического мониторинга племенных стад сельскохозяйственных животных / А. А. Новиков [и др.]. Московская обл., Лесные Поляны, ВНИИплем, 2011. 16 с.
230. Скрепець К. В., Кириченко В. А. Імуногенетична характеристика асканійського типу української м'ясної породи свиней // Науковий вісник «Асканія-Нова». 2017. Вип. 10. С. 279-291.
231. Смирнов Н. Н. Взаимосвязь генотипов по генам *RYR1* и *ESR* с

- естественной резистентностью и продуктивностью свиней : автореф. дис. на соискание уч. степени канд. с.-х. наук : спец. 06.02.07 «Разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных» п. Персиановский, 2013. 28 с.
232. Современные генетические методы в селекции свиней / Н. А. Зиновьева, А. В. Доцев, А. В. Шахин [и др.]. Под ред. Зиновьевой Н. А. Дубровицы : ГНУ ВИЖ Россельхозакадемии, 2011. 72 с.
233. Соколов Н. В. Ковалюк Н. В., Карманов Д. А. Влияние полиморфизма в гене рецептора эстрогена (*ESR*) на продуктивные качества свиней крупной белой породы // Сборник научных трудов Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства. 2012. Т. 1. № 1. С. 36-42.
234. Соловйов І. В. Новий асканійський тип української м'ясної породи свиней // Шляхи підвищення виробництва та поліпшення якості свинини : тези міжнар. наук.-практ. конф. Харків, 1995. С. 43-44.
235. Соловйов І. В. Створення асканійського типу української м'ясної породи : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук : спец. 06.02.01 «Розведення, селекція і відтворення с.-г. тварин». Харків, 1994. 48 с.
236. Соловьев И. Создание асканийского типа украинской мясной породы свиней // Свиноводство. 1999. № 1. С. 32.
237. Соловьев И. В. Потенциал репродуктивных качеств свиноматок асканийского типа // Зоотехния. 2000. № 4. С. 13-14.
238. Соловьев И. В., Жиркова Р. Н. Откормочные и мясные качества асканийского мясного типа // Свиноводство. К. : Урожай, 1989. С. 85-89.
239. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства ; пер. с англ. С. Н. Харитоновна, Т. Т. Глазко, О. В. Кузнецовой [и др.]. М. ; Рим : ФАО, 2010. 512 с.

240. Сохранение и рациональное использование генофонда животных / В. А. Багиров, Ш. Н. Насибов, П. М. Кленовицкий [и др.] // Доклады РАСХН. 2010. № 2. С. 37-40.
241. Сравнительный анализ информативности эритроцитарных антигенов и ДНК-микросателлитов в селекционно-племенной работе со свиньями канадской селекции / Н. В. Проскурина [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2007. Вып. 6. С. 41-47.
242. Столповский Ю. А. Концепция и принципы генетического мониторинга для сохранения *in situ* пород domestизированных животных // Сельскохозяйственная биология. 2010. № 6. С. 3-8.
243. Супрун І. О. Оцінка філогенетичних зв'язків у тваринництві // Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. Серія : Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва. 2014. Вип. 202. С. 31-38.
244. Сусол Р. Адаптація п'єтренив // Farmer. 2015. № 5 (65). С. 146-147.
245. Сусол Р. Л. Відтворювальна здатність свиней породи п'єтрени з урахуванням ДНК-технологій // Зб. наук. праць Подільського ДАТУ. Кам'янець-Подільський, 2013. Вип. 21. С. 265-267.
246. Сусол Р. Л. Науково-практичні методи використання свиней породи п'єтрени у системі «генотип × середовище» : моногр. Одеса, 2015. 178 с.
247. Сусол Р. Л. Повышение воспроизводительной способности свиней породы пьетрен // Современные проблемы и технологические инновации в производстве свинины в странах СНГ : сб. научн. трудов XX Междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству. Чебоксары, 2013. С. 363-367.
248. Сусол Р. Л. Продуктивні характеристики свиней великої білої породи одеської популяції залежно ід частки крові за зарубіжними генотипами // Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. Серія : Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва. 2014. Вип. 202. С. 212-217.

249. Сучасні аспекти розведення свиней порід ландрас та уельс в Україні / О. М. Церенюк [та ін.] // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН. 2016. № 115. С. 227-236.
250. Сучасні методики досліджень у свинарстві / [за ред. В. П. Рибалка, М. Д. Березовського, Г. А. Богданова та ін.]. Полтава, 2005. 228 с.
251. Теоретико-методологічні та науково-організаційні засади становлення банку генетичних ресурсів сільськогосподарських тварин Інституту розведення і генетики тварин імені М. В. Зубця НААН / М. І. Башенко [та ін.] // Розведення і генетика тварин. 2017. Вип. 53. С. 7-14.
252. Тихонов В. Н., Бобович В. Е. Мониторинг микроэволюции и пороодообразования свиней на основе молекулярно-иммуногенетического анализа // Сельскохозяйственная биология, 2004. № 3. С. 10-28.
253. Толоконцев А. Полиморфизм генов *RYR-1*, *ESR*, *PRLR* хряков породы ландрас // Животноводство России. 2011. № 8. С. 23-29.
254. Топиха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Анализ генетического разнообразия свиней крупной белой породы на основе мультилокусных генотипов микросателлитов // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2010. Вип. 1 (52). Т. 2. С. 3-11.
255. Топиха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценка неравновесия по сцеплению и эффекта «bottleneck» по локусам микросателлитов ДНК в разводимых в Украине популяциях свиней // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства та АПВ НААН. – Полтава, 2012. Вип. 61. С. 57-61.
256. Топиха В. С., Лихач В. Я. Ведение свиноводства в условиях ООО «Таврийские свиньи» // Инновационные технологии в животноводстве : сб. науч. трудов по материалам междунар. науч.-практ. конф., (Жодино, 7-8 октября 2010 г.). Жодино, 2010. Ч. 1. С. 160-163.
257. Топіха В. С. Нове селекційне досягнення – внутріпородний тип свиней породи дюрок «Степной» // Вісник аграрної науки Причорномор'я.

- Миколаїв : МДАУ, 2007. Вип. 1 (39). С. 149-154.
258. Топіха В. С., Волков А. А. Раціональне використання вітчизняного та зарубіжного генофонду свиней в сучасних племінних господарствах України // Таврійський науковий вісник. Херсон, 2008. Вип. 58. Ч. 2. С. 78-80.
259. Топіха В. С., Галімов С. М., Кислинська А. І. Характеристика імпортової популяції свиней великої білої породи угорської селекції // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2011. Вип. 2 (59). С. 157-162.
260. Топіха В. С., Григорьева С. В. Использование зарубежного генофонда свиней в условиях южного региона Украины // Науковий вісник «Асканія Нова». 2013. Вип. 6. С. 236-244.
261. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Вплив антропогенного навантаження на динаміку генофонду свиней за геном естрогенового рецептора (*ESR*) // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. Львів, 2011. Т. 13. № 4 (50). Ч. 4. С. 341-348.
262. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Дослідження поліморфізму одиничних нуклеотидів (SNP) селекційно-значимих ДНК-маркерів *Sus Scrofa* у основних заводських порід України // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (27-29 квітня 2011 р.). Миколаїв : Миколаївський ДАУ, 2011. С. 23-24.
263. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Мінливість гена інсуліноподібного фактора росту у свиней великої білої породи // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2011. Вип. 4 (61). Т. 1. С. 188-192.
264. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Оцінка генетичної диференціації різних генеалогічних ліній свиней великої білої породи // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної

- медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. 2008. Т. 10. № 2 (37).
Ч. 3. С. 185-190.
265. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Оцінка породних та географічних особливостей генетичного різноманіття свиней за локусами мікросателітів // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва : зб. наук. праць Подільського державного аграрно-технічного університету. Кам'янець-Подільський : ПДАТУ, 2012. Вип. 20. С. 274-277.
266. Топіха В. С., Лихач В. Я., Лихач А. В. Порода ландрас, її адаптаційні та продуктивні якості в умовах промислової технології // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН. 2014. № 112. С. 150-159.
267. Трибрат Р. О. Імуногенетична характеристика стада свиней породи дюрк ВАТ «Племзавод Степной» // Вісник Сумського НАУ. Суми : ВАТ Сумська обласна друкарня «Козацький вал», 2003. Вип. 7. С. 241-246.
268. Трибрат Р. О. Продуктивні якості та закономірності формування ліній та родин свиней породи дюрк української селекції : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук : спец. 06.02.01 «Розведення та селекція тварин». Херсон, 2005. 19 с.
269. Халафян А. А. Statistica 6. Статистический анализ данных : учебник. М. : Бинном, 2009. 522 с.
270. Характеристика аллелофонда новосибирской популяции свиней скороспелой мясной породы по микросателлитам / В. Р. Харзинова, Н. А. Зиновьева, Н. В. Батенева [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 10. С. 59-61.
271. Характеристика аллелофонда трех пород медоносной пчелы России с использованием микросателлитов / Н. И. Кривцов [и др.] // Проблемы биологии продуктивных животных. 2011. № 1. С. 41-45.
272. Харзинова В. Р., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Локальные породы свиней: сравнительная характеристика аллелофонда на основе анализа

- микросателлитов // Свиноводство. 2017. № 1. С. 5-7.
273. Харзинова В. Р., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Оценка биоразнообразия локальных пород свиней на основе анализа микросателлитов // Современные проблемы и научное обеспечение инновационного развития свиноводства : сборник научных статей по материалам XXIII Междунар. науч.-практ. конф., 21-23 июня 2016, ФГБНУ ВНИИплем, Московская обл., п. Лесные Поляны, 2016. С. 140-144.
274. Хлесткина Е. К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2013. Вып. 17 (4/2). С. 1044-1054.
275. Церенюк О. М. Перспективи вітчизняних ландрасів // Агробізнес сьогодні. 2000. № 24 (175). С. 28-29.
276. Церенюк О. М., Онищенко А. О. Напрямки подальшого удосконалення та раціонального використання української м'ясної породи свиней // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН. 2017. № 117. С. 233-196.
277. Шибаніна О. В., Крамаренко С. С., Ганганов В. М. Практикум з біометрії: Методи непараметричної статистики. Миколаїв : МДАУ, 2008. 166 с.
278. Шейко И. П., Лобан Н. А., Василюк О. Я. Разработка методов молекулярной генной диагностики и их использование в свиноводстве Белоруссии // Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі : Серыя аграрных навук. 2005. № 1. С. 62-66.
279. Шельов А. В. Поліморфізм мікросателітних локусів ДНК у різних видів сільськогосподарських тварин // Розведення і генетика тварин. 2015. Вип. 50. С. 183-189.
280. Шульга Ю., Луценко В. Селекційно-генетичний потенціал продуктивності асканійського типу української м'ясної породи свиней // Тваринництво України. 2006. № 1. С. 12-14.
281. Шульга Ю. І., Дудка О. І. Збереження зникаючих порід свиней шляхом

- створення нових стад // Науковий вісник НУБІП України. К. : НУБІП України, 2009. Вип. 138. С. 138-143.
282. Эрнст Л. К. Генетические основы селекции сельскохозяйственных животных. М. : РАСХН, ВГНИИ животноводства, 2004. 736 с.
283. A critical analysis of disease-associated DNA polymorphisms in the genes of cattle, goat, sheep, and pig / E. M. Ibeagha-Awemu [et al.] // *Mammalian Genome*. 2008. Vol. 19. P. 226-245.
284. A genetic study of four Belgian pig populations by means of seven microsatellite loci / A. Van Zeveren [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 1995. Vol. 112 (1-6). P. 191-204.
285. A linkage map with microsatellites isolated from swine flow-sorted Chromosome 11 / J. Riquet, D. Milan, N. Woloszyn [et al.] // *Mammalian Genome*. 1995. Vol. 6. P. 623-628.
286. A major gene for litter size in pigs / M. F. Rothschild [et al.] // *Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 7–12 August 1994, Vol. 21, University of Guelph, Ontario, P. 225-228.
287. A microsatellite linkage map of the porcine genome / G. A. Rohrer, L. J. Alexander, J. W. Keele [et al.] // *Genetics*. 1994. Vol. 136. P. 231-245.
288. A multi-farm assessment of Greek black pig genetic diversity using microsatellite molecular markers / S. Michailidou [et al.] // *Genetics and Molecular Research*. 2014. Vol. 13 (2). P. 2752-2765.
289. A *NciI* PCR-RFLP within intron 2 of the porcine insulin-like growth factor 2b (*IGF-2*) gene / A. Knoll [et al.] // *Animal Genetics*. 2000. Vol. 31. P. 150.
290. A novel porcine microsatellite panel for the identification of individuals and parentage control in the Czech Republic / L. Putnova [et al.] // *Czech Journal of Animal Science*. 2003. Vol. 48 (8). P. 307-314.
291. A primary linkage map of the porcine genome reveals a low rate of genetic recombination / H. Ellegren, B. Chowdhary, M. Johansson [et al.] // *Genetics*. 1994. Vol. 137. P. 1089-1100.

292. A regulatory mutation in *IGF2* causes a major QTL effect on muscle growth in the pig / A.-S. Van Laere, M. Nguyen, M. Braunschweig [et al.] // *Nature*. 2003. Vol. 425 (6960). P. 832-836.
293. A well-known mutation in *RYRI* alters distribution of adipose tissue in gilts / S. Sadkowski [et al.] // *Animal Science Papers and Reports*. 2015. Vol. 33. № 2. P. 147-154.
294. Amos W., Acevedo-Whitehouse K. W. A new test for genotype-fitness associations reveals a single microsatellite allele that strongly predicts the nature of tuberculosis infections in wild boar // *Molecular Ecology Resources*. 2009. Vol. 9. № 4. P. 1102-1111.
295. An empirical assessment of individual-based population genetic statistical techniques: application to British pig breeds / S. Wilkinson [et al.] // *Heredity*. 2011. Vol. 106 (2). P. 261-269.
296. An imprinted QTL with major effect on muscle mass and fat deposition maps to the *IGF2* locus in pigs / C. Nezer [et al.] // *Nature Genetics*. 1999. Vol. 21. P. 155-156.
297. Analysis of association between a microsatellite at intron 1 of the insulin-like growth factor 1 (*IGF1*) gene and fat deposition, meat production and quality traits in Italian Large White and Italian Duroc pigs / L. Fontanesi [et al.] // *Italian Journal of Animal Science*. 2013. Vol. 12 (3). e72.
298. Analysis of diversity and genetic relationships between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed / K. Li [et al.] // *Animal Genetics*. 2000. Vol. 31 (5). P. 322-325.
299. Analysis of genetic diversity and conservation priorities in Iberian pigs based on microsatellite markers / E. Fabuel [et al.] // *Heredity*. 2004. Vol. 93. P. 104-113.
300. Analysis of *PRLR* and *BF* genotypes associated with litter size in Beijing black pig population / X. P. Wang [et al.] // *Agricultural Sciences in China*. 2008. Vol. 7 (11). P. 1374-1378.
301. Analysis of prolificacy in sows of hyper prolific lines of Large White breed /

- V. Matoušek [et al.] // Czech Journal of Animal Science. 2005. Vol. 50 (4). P. 155-162.
302. Analysis of properdin (*BF*) genotypes associated with litter size in a commercial pig cross population / B. Buske [et al.] // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2005. Vol. 122. P. 259-263.
303. Analysis of *Pvu II* Polymorphisms on *ESR* gene in Tibet pigs / Z.-Q. Zhao [et al.] // Heilongjiang Journal of Animal Science and Veterinary Medicine. 2005. Vol. 5. P. 38-39.
304. Analysis of *Pvu II* polymorphisms on *ESR* locus in Tibet pigs / T.-A. Xiong [et al.] // Journal of Huazhong Agricultural University. 2005. Vol. 24 (5). P. 485-488.
305. Andersson L., Georges M. Domestic-animal genomics: deciphering the genetics of complex traits // Nature Reviews. Genetics. 2004. Vol. 5. P. 202-212.
306. Animal genetic resources of the USSR // Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome, 1989. P. 133-134.
307. Application of microsatellite markers as potential tools for traceability of Girgentana goat breed dairy products / M. T. Sardina [et al.] // Food Research International. 2015. Vol. 74. P. 115-122.
308. Archibald A. L. Mapping of the pig genome // Current Opinion in Genetics & Development. 1994. Vol. 4. P. 395.
309. Association analysis between microsatellite DNA markers and milk yield and its components in Egyptian buffaloes using a random regression model / W. Mekkawy [et al.] // Egyptian Journal of Animal Production. 2012. Vol. 49. № 1. P. 9-18.
310. Association between microsatellite genotypes and body weight at different ages in indigenous chicken ecotypes / B. H. Rudresh [et al.] // Veterinary Science Research Journal. 2016. Vol. 7. № 1. P. 1-8.
311. Association between microsatellite markers and milk production traits in Egyptian buffaloes / Hossam El-Din Rusydi [et al.] // Czech Journal of

- Animal Science. 2017. Vol. 62. № 9. P. 384-391.
312. Association of a microsatellite flanking *FSH β* gene with reproductive traits and reproductive tract components in pigs / F. E. Li [et al.] // Czech Journal of Animal Science. 2008. Vol 53. № 4. P. 139-144.
313. Association of *BF* gene polymorphism with litter size in a commercial pig cross population / A. Marantidis [et al.] // Animal Reproduction Science. 2013. Vol. 141. P. 75-79.
314. Association of microsatellite markers with production traits in Santa Inês and crossbred sheep / C. D. Petroli [et al.] // Archives of Veterinary Science. 2014. Vol. 19. № 1. P. 7-16.
315. Association of polymorphism for porcine *BF* gene with reproductive traits and placental efficiency in Large White / L. H. Chen [et al.] // Hereditas (Beijing). 2009. Vol. 31 (6). P. 615-619.
316. Association of *RYR1* and *MYOG* Genotype with Carcass and Meat Quality Traits in Grower-finisher Pigs / A. Rybarczyk [et al.] // Acta Vet. Brno. 2010. Vol. 79. P. 243-248.
317. Association of the estrogen receptor gene *Pvu II* restriction polymorphism with expected progeny differences for reproductive and performance traits in swine herds in Brazil / B. A. A. Santana [et al.] // Genetics and Molecular Biology. 2006. Vol. 29. № 2. P. 273-277.
318. Beuzen N. D., Stear M. J., Chang K. C. Molecular markers and their use in animal breeding // Veterinary Journal. 2000. Vol. 160. P. 42-52.
319. Biodiversity of pig breeds from China and Europe estimated from pooled DNA samples: differences in microsatellite variation between two areas of domestication / H. J. Megens [et al.] // Genetics Selection Evolution. 2008. Vol. 40 (1). P. 103-128.
320. Breed traceability of buffalo meat using microsatellite genotyping technique / B. H. Kannur [et al.] // Journal of Food Science Technology. 2017. Vol. 54 (2). P. 558-563.
321. Bruford M. W., Wayne R. K. Microsatellites and their application to

- population genetic studies // *Current Opinion in Genetics & Development*. 1993. Vol. 3. P. 939-943.
322. Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine / R. C. Linville [et al.] // *Journal of Animal Science*. 2001. Vol. 79. P. 60-67.
323. Candidate gene approach for identification of genetic loci controlling litter size in swine / N. Li [et al.] // *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Australia. January 11-16. 1998. Armidale, 1998. Vol. 26. P. 183-186.
324. Candidate gene markers for reproductive traits in polish 990 pig line / A. Korwin-Kossakowska [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2003. Vol. 120. P. 181-191.
325. Candidate gene markers for sperm quality and fertility of boar / C. L. Lin [et al.] // *Animal Reproduction Science*. 2006. Vol. 92. P. 349-363.
326. Chaiwatanasin W., Chantsavang S., Tabchareon S. Genetic diversity of four pig breeds in Thailand based on Microsatellite Analysis // *Kasetsart Journal*. 2002. Vol. 36. P. 248-252.
327. Characterization of porcine polymorphic microsatellite loci / W. Coppieters [et al.] // *Animal Genetics*. 1993. Vol. 24. P. 163-179.
328. Characterization of porcine simple sequence repeat variation on a population scale with genome resequencing data / C. Liu [et al.] // *Scientific reports*. 2017. Vol. 7 (1). P. 2376.
329. Chen Yu zhen, Liu Yu. Polymorphisms of *BF* Gene in Guizhou White Pigs // *China Animal Husbandry and Veterinary*. 2010. Vol. 37. P. 92-94.
330. Chvojková Z., Hraška Š. Changes in Reproductive Traits of Large White Pigs after Estrogen Receptor Gene-based Selection in Slovakia: Preliminary Results // *Asian-Australasian Journal of Animal Science*. 2008. Vol. 21 (3). P. 320-324.
331. Comparison of microsatellites and amplified fragment length polymorphism markers for parentage testing / S. S. Gerber [et al.] // *Molecular Ecology*.

2000. Vol. 9. P. 1037-1048.
332. Conservation genomic analysis of domestic and wild pig populations from the Iberian Peninsula / J. M. Herrero-Medrano [et al.] // *BMC Genetics*. 2013. Vol. 14. № 1. P. 1-13.
333. Coppieters W., v. d. Weghe A. Characterization of porcine polymorphic microsatellite loci // *Animal Genetics*. 1993. Vol. 24. P. 163-170.
334. Cornuet J. M., Luikart G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data // *Genetics*. 1996. Vol. 144. P. 2001-2014.
335. Correlation between an oestrogen receptor gene and reproductive traits in purebred and crossbred pig populations / F. E. Li [et al.] // *South African Journal of Animal Science*. 2006. Vol. 36 (4). P. 243-247.
336. Dakin E. E., Avise J. C. Microsatellite null alleles in parentage analysis // *Heredity*. 2004. Vol. 93. P. 504-509.
337. Development of a microsatellite marker set for parentage testing in Japanese commercial three-way cross pigs / T. Yamaguchi [et al.] // *Animal Science Journal (Nihon Chikusan Gakkaiho, Japan)*. 2008. Vol. 79 (1). P. 19-27.
338. Dieringer D. Schlötterer C. MICROSATELLITE ANALYSER (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets // *Molecular Ecology Notes*. 2003. Vol. 3. P. 167-169.
339. DNA microsatellite analysis for parentage control in Austrian pigs / D. Nechtelberger [et al.] // *Animal Biotechnology*. 2001. Vol. 12(2). P. 141-144.
340. Drogemuller C., Hamann H., Distl O. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines // *Journal of Animal Science*. 2001. Vol. 79. P. 2565-2570.
341. Drogemuller C., Thieven U., Harlizius B. An *AvaI* and *MspII* polymorphism at the porcine estrogen receptor (*ESR*) gene // *Animal Genetics*. 1997. Vol. 28. P. 59.
342. Earl D. A., Holdt von B. M. Structure Harvester: A website and program for

- visualizing Structure output and implementing the Evanno method // *Conserv Genet Resour*, 2012. Vol. 4. P. 359-361.
343. Effect of estrogen receptor, follicle stimulating hormone and myogenin genes on the performance of Large White sows / P. Humpolicek [et al.] // *Czech Journal of Animal Science*. 2007. Vol. 52. P. 334-340.
344. Effect of *RYRI* and *ESR* genotypes on the fertility of sows of Large White breed in elite herds / V. Matousek [et al.] // *Czech Journal of Animal Science*. 2003. Vol. 48. P. 129-133.
345. Effect of the estrogen receptor (*ESR*) and ryanodine receptor (*RYRI*) genes on reproductive traits of Slovak Large White, White Meaty and Landrace pigs (short communication) / R. Omelka [et al.] // *Arch Tierz Dummerstorf*. 2006. Vol. 49. P. 357-362.
346. Effect of the oestrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines // T. H. Short [et al.] // *Journal of Animal Science*. 1997. Vol. 75. P. 3138-3142.
347. Effectiveness of microsatellite and single nucleotide polymorphism markers for parentage analysis in European domestic pigs / G. C. Yu [et al.] // *Genetics and Molecular Research*. 2015. Vol. 14 (1). P. 1362-1370.
348. Effects of *ESR1*, *FSH β* and *RBP4* genes on litter size in a Large White and a Landrace herd / X. Wang [et al.] // *Arch Tierz Dummerstorf*. 2006. Vol. 49. P. 64-70.
349. Empirical selection of informative microsatellite markers within co-ancestry pig populations is required for improving the individual assignment efficiency / Y. H. Li [et al.] // *Asian-Australasian journal of animal sciences*. 2014. Vol. 27 (5). P. 616-627.
350. Establishment of a microsatellite marker set for individual, pork brand and product origin identification in pigs / H. T. Lim [et al.] // *Journal of Animal Science and Technology*. 2009. Vol. 51 (3). P. 201-206.
351. Estimation of genetic parameters for economic traits in swine / C. S. Choi [et al.] // *Journal of Animal Science and Technology*. 2004. Vol. 46.

- P. 129-136.
352. Estimation of the genetic admixture composition of Iberian dry-cured ham samples using DNA multilocus genotypes / D. García [et al.] // *Meat Science*. 2006. Vol. 72 (3). P. 560-566.
 353. Estrogen receptor locus is a major gene for litter size in the pig / M. F. Rothschild [et al.] In: 46th Annual Meeting of the EAAP, Prague, 1995. paper G5.2.
 354. Estrogen receptor polymorphism in Landrace pigs and its association with litter size performance / J. L. Noguera [et al.] // *Livestock Production Science*. 2003. Vol. 82. P. 53-59.
 355. Evaluation of 24 microsatellite markers for parentage exclusion in three indigenous pig types of India / R. Behl [et al.] // *Indian Journal of Animal Sciences*. 2017. Vol. 87 (4). P. 443-446.
 356. Evaluation of the genetic relationship among ten Chinese indigenous pig breeds with twenty-six microsatellite markers / C. Li [et al.] // *Asian-Australasian journal of animal sciences*. 2004. Vol. 17 (4). P 441-444.
 357. Evaluation of the genetic variability of 13 microsatellite markers in native Indian pigs / R. Kaul [et al.] // *J. Genet*. 2001. Vol. 80. P. 149-153.
 358. Evanno G., Regnaut S., Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study // *Molecular Ecology*. 2005. Vol. 14. P. 2611-2620.
 359. Ewens W. J. The sampling theory of selectively neutral alleles // *Theoretical Population Biology*. 1972. Vol. 3. P. 87-112.
 360. Examination of the relationship between the estrogen receptor gene and reproductive traits in swine / B. J. Isler [et al.] // *Journal of Animal Science*. 2002. Vol. 80. P. 2334-2339.
 361. Expression and function of Ryanodine Receptors in Nonexcitable Cells / D. L. Bennet [et al.] // *The American Society for Biochemistry and Molecular Biology*. 1996. Vol. 271, № 11. P. 6356-6362.
 362. Farm-by-farm analysis of microsatellite, mtDNA and SNP genotype data

- reveals inbreeding and crossbreeding as threats to the survival of a native Spanish pig breed / J. M. Herrero-Medrano [et al.] // *Animal genetics*. 2013. Vol. 44 (3). P. 259-266.
363. Feral pig population structuring in the rangelands of eastern Australia: applications for designing adaptive management units / [B. D. Cowled [et al.] // *Cons. Genetics*. 2008. Vol. 9. P. 211-224.
364. Frequency of *ESR*, *FSH β* , *HAL*, *MYF-4* and *PRUM* genes by analysis of reproduction traits of White Meaty sows and their crosses / M. Vano [et al.] // *Biotechnology in Animal Husbandry*. 2005. Vol. 21 (5-6). P. 115-118.
365. *FSH β* gene mutation and its effect on litter size in pigs / S. J. Zhang [et al.] // *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2004. Vol. 17. P. 179-182.
366. *FSH β* subunit gene is associated with major gene controlling litter size in commercial pig breeds / Y. Zhao [et al.] // *Science in China (Series C)*. 1998. Vol. 41 (6). P. 664-668.
367. Garza J. C. Williamson E. G. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci // *Molecular Ecology*. 2001. Vol. 10. P. 305-318.
368. Genes specifying receptors for F18 fimbriated *Escherichia coli*, causing oedema disease and postweaning diarrhoea in pigs, map to chromosome 6 / P. Vögeli [et al.] // *Animal Genetics*. 1996. Vol. 27 (5). P. 321-328.
369. Genetic admixture in pig population observed by microsatellite markers / R. Židek [et al.] // *Archiv Tierzucht*. 2011. Vol. 54. P. 51-60.
370. Genetic analysis of Croatian autochthonous pig breeds based on microsatellite markers / P. Margeta [et al.] // *Archivos de Zootecnia. PROCEEDINGS IX Simposio Internacional sobre el Cerdo Mediterráneo*: 2018. P. 13-16.
371. Genetic analysis of the Chato Murciano pig and its relationships with the Iberian pig using microsatellites / A. M. Martínez [et al.] // *Book of abstracts of 27th International Conference on Animal Genetics*. Minneapolis. 2000.
372. Genetic analysis of 35 microsatellite loci in 5 linkages of Xishuangbanna

- miniature pig inbred lines / R. Niu [et al.] // *Yi Chuan Xue Bao*. 2001. Vol. 28. P. 518-526.
373. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power / D. Paetkau [et al.] // *Molecular Ecology*. 2004. Vol. 13. P. 55-65.
374. Genetic characterization of Andaman Desi pig, an indigenous pig germplasm of Andaman and Nicobar group of islands, India by microsatellite markers / A. Arun Kumar De [et al.] // *Veterinary World*. 2013. Vol. 6. № 10. P. 750-753.
375. Genetic characterization of Uruguayan Pampa Rocha pigs with microsatellite markers / M. Montenegro [et al.] // *Genetics and molecular biology*. 2015. Vol. 38 (1). P. 48-54.
376. Genetic differentiation between Cinta Senese and commercial pig breeds using microsatellite / M. Scali [et al.] // *Electronic Journal of Biotechnology*. 2012. Vol. 15. № 2. P. 1-11.
377. Genetic diversity analyses of seven Romanian pig populations based on 10 microsatellites / M. A. Manea [et al.] // *Romanian Biotechnological Letters*. 2009. Vol. 14 (6). P. 4827-4834.
378. Genetic diversity analysis of two commercial breeds of pigs using genomic and pedigree data / R. Zanella [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. 2016. Vol. 48: 24. P. 1-10.
379. Genetic diversity and bottleneck analysis of Nagpuri buffalo breed of India based on microsatellite data / R. S. Kataria [et al.] // *Genetika*. 2009. Vol. 45 (7). P. 941-948.
380. Genetic diversity in European pigs utilizing amplified fragment length polymorphism markers / M. G. San Cristobal [et al.] // *Animal Genetics*. 2006. Vol. 37. P. 232-238.
381. Genetic diversity in native and commercial breeds of pigs in Portugal assessed by microsatellites / A. A. Vicente [et al.] // *Journal of Animal Science*. 2008. Vol. 86. № 10. P. 2496-2507.

382. Genetic diversity of Brazilian pig breeds evidenced by microsatellite markers / B. P. Sollero [et al.] // *Livestock Science*. 2009. Vol. 123 (1). P. 8-15.
383. Genetic diversity of eleven European pig breeds / G. Laval [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. 2000. Vol. 32 (2). P. 187-203.
384. Genetic Diversity of Native Pig in Thailand Using Microsatellite Analysis / W. Chaiwatanasin [et al.] // *Kasetsart Journal Natural Science*. 2002. Vol. 36. P. 133-137.
385. Genetic diversity of some Ghanaian pigs based on microsatellite markers / R. A. Ayizanga [et al.] // *Livestock Resources. Rural Development*. 2016. Vol. 28. № 2.
386. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers / M. San Cristobal [et al.] // *Animal Genetics*. 2006. Vol. 37 (3). P. 189-198.
387. Genetic diversity, population structure and subdivision of local Balkan pig breeds in Austria, Croatia, Serbia and Bosnia-Herzegovina and its practical value in conservation programs / T. Druml [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. 2012. Vol. 44 (1). P. 5.
388. Genetic identity of two Indian pig types using microsatellite markers / R. Behl [et al.] // *Animal Genetics*. 2002. Vol. 33. P. 158-159.
389. Genetic Polymorphism of Six Genetic Loci and Their Correlation with Reproductive Traits / H. Yan [et al.] // *Journal of Agricultural Biotechnology*. 2009. Vol. 17 (2). P. 249-255.
390. Genetic relationships of five Indian horse breeds using microsatellite markers / R. Behla [et al.] // *Animal*. 2007. Vol. 1. № 4. P. 483-488.
391. Genetic structure in three breeds of pigs populations using microsatellite markers in the Czech Republic / I. Vrtková [et al.] // *Research in pig breeding*. 2012. Vol. 6 (2). P. 83-87.
392. Genetic structure of candidate genes for litter size in Italian Large White pigs / S. Dall'Olio [et al.] // *Veterinary Research Communications*. 2010.

- Vol. 34 (Suppl 1). P. 203-206.
393. Genetic structure of Iberian pig breed using microsatellites / A. M. Martínez [et al.] // *Animal Genetics*. 2000. Vol. 31. P. 295-301.
394. Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite loci analysis / T. H. Kim [et al.] // *Journal of Animal Science*. 2005. Vol. 83. P. 2255-2263.
395. Genetic traceability of black pig meats using microsatellite markers / J. D. Oh [et al.] // *Asian-Australasian journal of animal sciences*. 2014. Vol. 27 (7). P. 926-931.
396. Genetic uniqueness of Chinese village pig populations inferred from microsatellite markers / M. Fang [et al.] // *Journal of Animal Science*. 2009. Vol. 87. P. 3445-3450.
397. Genetic variability, structure and assignment of Spanish and French pig populations based on a large sampling / S. Boitard [et al.] // *Animal genetics*. 2010. Vol. 41 (6). P. 608-618.
398. Genetic variation and phylogenetics of Lanyu and exotic pig breeds in Taiwan analyzed by nineteen microsatellite markers / W. H. Chang [et al.] // *Journal of Animal Science*. 2009. Vol. 87. P. 1-8.
399. Genetic variation and relationships of eighteen Chinese indigenous pig breeds / S. L. Yang [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. 2003. Vol. 35 (7). P. 657-671.
400. Genetic variation at *RYR1*, *IGF2*, *FUT1*, *MUC13*, and *KPL2* mutations affecting production traits in Chinese commercial pig breeds / G. R. Ruan [et al.] // *Czech Journal of Animal Science*. 2013. Vol. 58 (2). P. 65-70.
401. Genotypes at the locus for halothane sensitivity and performance in an F₂ Pietrain × Large White / R. Hanset [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. 1995. Vol. 27 (1). P. 63-76.
402. Georgescu S. E., Mfnea A., Costache M. The genetic structure of indigenous Romanian Hucul horse breed inferred from microsatellite data // *Roumanian Biotechnological Letters*. 2008. Vol. 13. № 6. P. 4030-4036.

403. Goliassova E., Wolf J. Impact of the *ESR* gene on litter size and production traits in Czech Large White pigs // *Animal Genetics*. 2004. Vol. 35. P. 293-297.
404. Goudet J. FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics // *Journal of Heredity*. 1995. Vol. 86. P. 485-486.
405. Guo S. W., Thompson E. A. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles // *Biometrics*. 1992. Vol. 48. P. 361-372.
406. Hammer O. Harper D. A. T., Ryan P. D. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis // *Palaeontologia Electronica*. 2001. Vol. 4. P. 1-9.
407. Harcet M., Đikić M., Gamulin V. Low Genetic Diversity of the Turopolje Pig Breed // *Food Technology & Biotechnology*. 2006. Vol. 44 (1). P. 105-109.
408. Hardge T., Scholz A. The influence of *RYR1* genotype and breed on fattening performance carcass value and meet quality // 45 – th annual meeting of EAAP. Edinburg. 1994. P. 340.
409. Homology of DNA sequences encompassing malignant hyperthermia mutation site in the ovine (*Ovis aries*) and porcine (*Sus scrofa*) *ryr1* gene / P. Gronek [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 1999. Vol. 116. P. 263-267.
410. Hormonal regulation of complement factor B in human endometrium / L. A. Hasty [et al.] // *American Journal of Reproductive Immunology*. 1993. Vol. 30. P. 63-67.
411. Houde A., Pommier S. A., Roy R. (1993): Detection of the ryanodine receptor mutation associated with malignant hyperthermia in purebred swine populations // *Journal of Animal Science*. 1993. Vol. 71. P. 1414-1418.
412. Humpolicek P., Tvrđon Z., Urban T. Interaction of *ESR1* gene with the *FSH β* and *MYOG* genes: effect on the reproduction and growth in pigs // *Animal Science Papers and Reports*. 2009. Vol. 27. № 2. P. 105-113.
413. Humpolicek P., Urban T., Horak P. Influence of *ESR1* and *FSH β* genes on

- litter size in Czech Large White sows // Arch. Tierz., Dummerstorf. 2006. Vol. 49 (2). P. 152-157.
414. Identification and characterization of a new allele for the beta subunit of follicle-stimulating hormone in Chinese pig breeds / M. D. Li [et al.] // Animal Genetics. 2000. Vol. 31. P. 28-30.
415. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia / J. Fujii, K. Otsu, F. Zorzato, S. de Leon [et al.] // Science. 1991. Vol. 253. P. 448-451.
416. Interactions between genes involved in growth and muscularity in pigs: *IGF-2*, myostatin, ryanodine receptor 1, and melanocortin-4 receptor / A. Stinckens [et al.] // Domestic Animal Endocrinology. 2009. Vol. 37. P. 227-235.
417. Isolation and mapping of porcine chromosome- specific microsatellites / M. Nagel [et al.] // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2011. Vol. 113. P. 339-345.
418. Isolation of 28 new porcine microsatellites revealing polymorphism / A. Robic, M. Dalens, N. Woloszyn [et al.] // Mammalian Genome. 1994. Vol. 5. P. 580-583.
419. Jasek S., Filistowicz M., Korzeniowski W. The relationship between *RYR1* gene polymorphism and reproduction performance sows of breeds: Polish Landrace, Duroc, Hampshire and Pietrain // Acta fytotechnica et zootechnica. 2006. P. 26-28.
420. Jiang Z. H., Gibson J. P. Rapid communication: a PCR-RFLP marker at the porcine complement factor B gene locus shows between-population frequency variation // Journal of Animal Science. 1998. Vol. 76. P. 1716-1717.
421. Kadarmideen H. N. Biochemical, *ECF18R*, and *RYR1* Gene Polymorphisms and Their Associations with Osteochondral Diseases and Production Traits in Pigs // Biochemical Genetics. 2008. Vol. 46. P. 41-53.
422. Kalinowski S. T. HP-Rare: a computer program for performing rarefaction

- on measures of allelic diversity // *Molecular Ecology Notes*. 2005. Vol. 5. P. 187-189.
423. Kawasaki E. S. Sample preparation from blood, cells and other fluids // *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications* / Eds M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, T. J. White. San Diego, 1990. P. 146-152.
424. Kimura M., Ohta T. Distribution of allelic frequencies in a finite population under stepwise production of neutral alleles // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 1975. Vol. 72. P. 2761-2764.
425. Kmiec M., Dvořák J., Vrtková I. Study on a relation between estrogen receptor (*ESR*) gene polymorphism and some pig reproduction performance characters in Polish Landrace breed // *Czech Journal of Animal Science*. 2002. Vol. 47. № 5. P. 189-193.
426. Korwin-Kossakowska A., Sender G., Kuryl J. Associations between the microsatellite DNA sequence in the *IGF1* gene, polymorphism in the *ESR* gene and selected reproduction traits in F1 (Zlotnicka Spotted × Polish Large White) sows // *Animal Science Papers and Reports*. 2004. Vol. 22. № 2. P. 215-226.
427. Krupa E., Žáková E., Krupová Z. Evaluation of inbreeding and genetic variability of five pig breeds in Czech Republic // *Asian-Australasian Journal of Animal Science*. 2015. Vol. 28. P. 25-36.
428. Li M. D., Ford J. J. A comprehensive evolutionary analysis based on nucleotide and amino acid sequences of the α - and β -subunits of glycoprotein hormone gene family // *Journal of Endocrinology*. 1998. Vol. 156. P. 529-542.
429. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 1 / P. Beeckmann [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2003. Vol. 120. P. 1-10.
430. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 7 / G. Yue [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2003. Vol. 120. P. 56-65.
431. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 16 / M. Pierzchala [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2003. Vol. 120.

- P. 126-131.
432. Liu S.-F., Du L.-X., Yan Y.-C. Analysis on polymorphisms at *FSH β* subunit gene in Laiwu Pigs // Journal of Shandong Agricultural University. 2002. Vol. 33 (4). P. 403-408.
433. Liu W.-D., Wu C.-X., Tao L. Study on the polymorphisms and litter size effects of *FSH β* , *ESR* and *HAL* gene in Chinese Huai swine // Chinese Journal of Animal Science. 2006. Vol. 42 (15). P. 4-7.
434. Livestock variation of linked microsatellite markers in diverse Swine breeds / A. A. Paszek [et al.] // Animal Biotechnology. 1998. Vol. 9. P. 55-66.
435. Lugovoy S. I., Kramarenko S. S., Lykhach V. Ya. Genetic polymorphism of the Landrace pig based on microsatellite markers // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С.З. Гжицького, 2017, Т. 19, № 74. С. 63-66.
436. Lugovoy S., Kramarenko S., Galimov S. Genetic polymorphism of the Red White Belted breed pigs based on microsatellite markers // Вісник аграрної науки Причорномор'я. 2017. Вип. 1 (93). С.113-120.
437. Lugovoy S., Kramarenko S. Comparative analysis of methods for estimation effective population sizes of Large White pigs based on molecular genetic markers // Agricultural Sciences. Plovdiv : Academic Publishing House of the Agricultural University, 2013. Volume V. Issue 14. P. 59-63.
438. Lynch M., Walsh B. Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sinauer Associates, Inc. 1998. 980 pp.
439. Meléndez I. G., Pardo E. P., Cavadia T. M. Genetic characterization of the domestic pig (*Sus scrofa domestica*) in Cerete-Colombia, using microsatellite markers // Revista MVZ Cordoba. 2014. Vol. 19. № 2. P. 4150-4157.
440. Meng Q.-L., Liu T.-Z. Relationship between *Pvu II* polymorphisms at estrogen receptor gene and litter size in swine // Jiangsu Journal of Agricultural Sciences. 2005. Vol. 21 (1). P. 49-52.
441. Meuwissen T.H.E., Woolliams J.A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness // Theoretical and Applied Genetics. 1994.

- Vol. 89. № 7-8. P. 1019-1026.
442. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears / D. Paetkau [et al.] // *Molecular Ecology*. 1995. Vol. 4. Issue 3. P. 347-354.
443. Microsatellite analysis of the genetic diversity in the Black Slavonian pig / M. Bradić [et al.] // *Acta veterinaria*. 2007. Vol. 57 (2-3). P. 209-215.
444. Microsatellite and mitochondrial diversity analysis of native pigs of Indo-Burma Biodiversity Hotspot / Nihar Ranjan Sahoo [et al.] // *Animal Biotechnology*. 2016. Vol. 27:1. P. 52-59.
445. Microsatellite markers for identification and parentage analysis in the European wild boar (*Sus scrofa*) / V. Costa [et al.] // *BMC research notes*. 2012. Vol. 5 (1). P. 479.
446. Microsatellite variability and its relationship with growth, egg production, and immunocompetence traits in chickens / R. Chatterjee [et al.] // *Biochemical Genetics*. 2010. Vol. 48. № 1-2. P. 71-82.
447. Microsatellite-based characterization of Southern African domestic pigs (*Sus scrofa domestica*) / H. Swart [et al.] // *South African Journal of Animal Science*. 2010. Vol. 40 (2). P. 121-132.
448. Microsatellites variations in Romanian Mangalitsa and Large White swine populations / M. A. Manea [et al.] // *Archiva Zootechnica*. 2009. Vol. 12 (4). P. 102-107.
449. Molecular characterization and genetic structure of the Nero Siciliano pig breed / A. M. Guastella [et al.] // *Genetics and molecular biology*. 2010. Vol. 33 (4). P. 650-656.
450. Molecular characterization of Assam Local pig / G. Zaman [et al.] // *Indian Journal of Biotechnology*. 2015. Vol. 14. № 3. P. 416-419.
451. Molecular characterization of Doom pigs using microsatellite markers / G. Zaman [et al.] // *African Journal of Biotechnology*. 2014. Vol. 13. № 30. P. 3017-3022.
452. Molecular characterization of Ghungroo pig / G. Zaman [et al.] // *International Journal of Animal Biotechnology*. 2013. Vol. 3. № 1. P. 1-4.

453. Molecular characterization of Mizoram local pigs (Zovawk) using microsatellite markers / G. Zaman [et al.] // *BioTechnology: An Indian Journal (BTAIJ)*. 2014. Vol. 10. № 1. P. 24-28.
454. Molecular characterization of Votho pigs from Nagaland using microsatellite markers / G. Zaman [et al.] // *Indian Journal of Animal Science*. 2014. Vol. 84. № 10. P. 1137-1139.
455. Molecular genetic test identifies endangered populations / G. Luikart, F. W. Allendorf, S. Piry [et al.] // *Conservat. Biol.* 1998. Vol. 12. P. 228-237.
456. Multiple paternity in domestic pigs under equally probable natural matings – a case study in the endangered Gochu Asturcelta pig breed / J. Menéndez [et al.] // *Archiv fuer Tierzucht*. 2015. Vol. 58 (1). P. 217-220.
457. Mutations in *RYR1* in malignant hyperthermia and central core disease / R. Robinson [et al.] // *Human Mutation*. 2006. Vol. 10. P. 977-989.
458. NeEstimator V2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data / C. Do [et al.] // *Molecular Ecology Resources*. 2014. Vol. 14. P. 209-214.
459. Nei M. Genetic distance between populations // *American Naturalist*. 1972. Vol. 106. P. 283-392.
460. Nidup K., Moran C. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites : A mini review // *Genomics and Quantitative Genetics*. 2011. Vol. 2. P. 5-18.
461. No detectable association of the *ESR PvuII* mutation with sow productivity in a Meishan \times Large White F_2 population / J. P. Gibson [et al.] // *Animal Genetics*. 2002. Vol. 33 (6). P. 448-450.
462. Nynström P. E., Andersson K. Halotane gene effects on reproduction, production and organ weights in pigs // *Acta Agric. Scand.* 1993. Vol. 43. P. 201-206.
463. Oestrogen receptor genotypes and litter size in Hungarian Large White pigs / G. Horogh [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2005.

- Vol. 122. P. 56-61.
464. Ogawa Y. Dysregulation of the gain of CICR through ryanodine receptor1 (*RyR1*): the putative mechanism underlying malignant hyperthermia // *Advances in Experimental Medicine and Biology*. 2007. Vol. 592. P. 287-294.
465. Ogawa Y. Role of ryanodine receptors // *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology*. 1994. Vol. 29. P. 229-274.
466. OLA-DRB1 microsatellite variants are associated with ovine growth and reproduction traits / H. Geldermann [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. 2006. Vol. 38. №. 4. P. 431-444.
467. Ollivier L. European pig genetic diversity : a minireview // *Animal*. 2009. Vol. 3 (7). P. 915-924.
468. Paternity assessment in free-ranging wild boar (*Sus scrofa*) – Are littermates full-sibs? / R. Delgado [et al.] // *Mammalian Biology-Zeitschrift für Säugetierkunde*. 2008. Vol. 73 (3). P. 169-176.
469. Patterns of genetic diversity of local pig populations in the State of Pernambuco, Brazil / E. C. D.Silva [et al.] // *Revista Brasileira de Zootecnia*. 2011. Vol. 40 (8). P. 1691-1699.
470. PCR amplification and physical localization of the genes for pig *FSHB LHB* / C. Mellink [et al.] // *Cytogenetics and cell genetics*. 1995. Vol. 70. № 3-4. P. 224-227.
471. Peakall R., Smouse P. E. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update // *Bioinformatics*. 2012. Vol. 28. P. 2537-2539.
472. Pedigree analysis of Cinta Senese and Mora Romagnola breeds / A. Crovetto [et al.] // *Acta argiculturae Slovenica. Supplement*. 2013. Vol. 4. P. 41-44.
473. Pedigree and population viability analyses of a conservation herd of Moura pig / H. Carneiro [et al.] // *Animal Genetic Resources* 2014. Vol. 54. P. 127-134.
474. Pig ham genetic traceability / M. Blasi [et al.] // *Italian Journal of Animal*

- Science. 2003. Vol. (sup1). P. 82-84.
475. Piry S., Luikart G., Cornuet J. M. Bottleneck: a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data // *Journal of Heredity*. 1999. Vol. 90. P. 502-503.
476. Polymorphism in the first intron of follicle stimulating hormone beta gene in three Chinese pig breeds and two European pig breeds / J. J. Liu [et al.] // *Animal Reproduction Science*. 2009. Vol. 111. P. 369-375.
477. Polymorphism of *ESR* Gene and Its Relationship to Reproduction Performance in Three Western Commercial Pig Breeds Herds / L. Lan [et al.] // *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*. 2006. Vol. 28 (1). P. 115-118.
478. Polymorphism of *ESR*, *FSH β* , *RBP4*, *PRL*, *OPN* genes and their influence on morphometric traits of gilt reproductive tract before sexual maturity / W. Kapelański [et al.] // *Acta Veterinaria Brno*. 2013. Vol. 82 (4). P. 369-374.
479. Polymorphism of four microsatellites and their polymerisation effect on litter size in Boer goats / J. G. Wang [et al.] // *Electronic Journal of Biotechnology*. 2013. Vol. 16. № 4. P. 1-10.
480. Polymorphism of intronic microsatellites in the *A-FABP* and *LEPR* genes and its association with productive traits in the pig / A. Chmurzynska [et al.] // *Journal of Animal Feed Science*. 2004. Vol. 13. № 61. P. 615-624.
481. Polymorphism of swine *ESR* gene and its correlation with reproductive traits / Z. Zhu [et al.] // *Fujian Journal of Agricultural Sciences*. 2007. Vol. 22 (3). P. 227-230.
482. Polymorphisms of three major genes for reproductive traits in Tibet pigs / H. Hang [et al.] // *Hereditas (Beijing)*. 2007. Vol. 29 (8). P. 939-944.
483. Polymorphisms in candidate genes as markers for sperm quality and boar fertility / K. Wimmers [et al.] // *Animal Genetics*. 2005. Vol. 36. P. 152-155.
484. Population genetic variability and origin of Auckland Island feral pigs / B. Fan [et al.] // *Journal of the Royal Society of New Zealand*. 2005. Vol. 35

- (3). P. 279-285.
485. Population structure and genome characterization of local pig breeds in Russia, Belorussia, Kazakhstan and Ukraine / A. Traspov [et. al.] // Genetic Selection Evolution. 2016. 48:16.
486. Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*) / G. Luikart [et al.] // Animal Genetics. 1999. Vol. 30. P. 431-438.
487. Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data // Genetics. 2000. Vol. 155. P. 945-959.
488. *Pvu II* polymorphisms at the porcine oestrogen receptor locus (*ESR*) / M. F. Rothschild, R. G. Larson, C. Jacobson, P. Pearson // Animal Genetics. 1991. Vol. 22, Issue 5. P. 448.
489. Raymond M., Rousset F. GENEPOP Version 1.2: population genetics software for exact tests and ecumenicism // Journal of Heredity. 1995. Vol. 86. P. 248-249.
490. Rohrer G. A., Alexander L. J., Beattie C. W. Mapping the beta subunit of follicle stimulating hormone (*FSH β*) in the porcine genome // Mammalian Genome. 1994. Vol. 5. P. 315-317.
491. Role of genetic markers in the prediction of classification of Czech Large White gilts to a hyperprolific line / N. Kernerová [et al.] // Archiv Tierzucht. 2009. Vol. 52. P. 40-50.
492. Rothschild M. F., Hu Z., Jiang Z. Advances in QTL Mapping in Pigs // International Journal of Biological Sciences. 2007. № 3. C. 192-197.
493. Selection and use of microsatellite markers for individual identification and meat traceability of six swine breeds in the Chinese market / J. Zhao [et al.] // Food science and technology international. 2018. Vol. 24 (4). P. 292-300.
494. Škrlep M., Kavar T., Čandek-Potokar M. Comparison of *PRKAG3* and *RYR1* gene effect on carcass traits and meat quality in Slovenian commercial pigs // Czech Journal of Animal Science. 2010. Vol. 55. № 4. P. 149-159.
495. Stalder K. J. Effects of porcine stress syndrome genotype on maternal traits

- in swine. Retrospective Theses and Dissertations. 1995. 161 p.
496. Stoyanova S. Performance test traits in Danube White pigs with different *RYR*, *ESR* and *FUT1* genotypes // Agricultural Science and Technology. 2009. Vol. 1. № 4. P. 113-116.
 497. Studies on the relationships between polymorphisms of sows locus for *FSHβ* subunit and their litter size / M. Zhu [et al.] // Jiangsu agricultural research. 2001. Vol. 22 (2). P. 44-47.
 498. Study on four candidate genes of litter size in Min pig / J. Li [et al.] // Journal of Shanghai Jiaotong University (Agricultural Science). 2004. Vol. 22 (1). P. 74-77.
 499. Study on genetic characters of *BF* gene in the breeds of Guizhou local pigs / Yu-zhen Chen [et al.] // Animal Husbandry and Veterinary Medicine. 2011. Vol. 43. P. 5-8.
 500. Study on relationship between polymorphisms of *FSHβ* subunit gene and reproductive performance in Saba pigs / G.-Z. Li [et al.] // Swine Production. 2005. Vol. 2. P. 22-23.
 501. Study on relationship between *Pvu II* polymorphisms of estrogen receptor gene and litter size in Chinese local swine / M.-Z. Li [et al.] // Journal of Sichuan Agricultural University. 2003. Vol. 29 (3). P. 258-262.
 502. Šveistienė R., Razmaitė V. Animal genetic resources in Lithuania // Slovak Journal of Animal Science. 2013. Vol. 46. P. 131-136.
 503. Tautz D. Notes on the definition and nomenclature of tandemly repetitive DNA sequences // DNA fingerprinting: State of the science. Birkhäuser, Basel, 1993. P. 21-28.
 504. Tautz D., Renz M. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes // Nucl. Acids Res. 1984. Vol. 12. P. 4127-4138.
 505. Terman A., Kmiec M., Polasik D. Estrogen receptor gene (*ESR*) and semen characteristics of boars // Arch. Tierz., Dummerstorf. 2006. Vol. 49 (1). P. 71-76.
 506. The association between microsatellite Bm6438 and milk performance traits

- in Polish Holstein-Friesian cattle / T. Zabolewicz [et al.] // Czech Journal of Animal Science. 2011. Vol. 56. № 3. P. 107-113.
507. The combined genotypes effect of *ESR* and *FSH* beta genes on litter size traits in five different pig breeds / K. F. Chen [et al.] // Chinese Science Bulletin. 2001. Vol. 46. P. 140-143.
508. The genetic diversity of seven pig breeds in China evaluated by means of microsatellites / K. Li [et al.] // Asian-Australasian journal of animal sciences. 2000. Vol. 13. P. 100-102.
509. The genetic effect of estrogen receptor (*ESR*) on litter size traits in pig / K.-F. Chen // Acta Genetica Sinica. 2000. Vol. 27 (10). P. 853-857.
510. The genetic structure of five pig breeds maintained in Poland / T. Szmatoła [et al.] // Annals of Animal Science. 2016. Vol. 16 (4). P. 1019-1027.
511. The pig CART (cocaine- and amphetamine-regulated transcript) gene and association of its microsatellite polymorphism with production traits / M. Stachowiak [et al.] // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2009. Vol. 126 (1). P. 37-42.
512. The PiGMaP consortium linkage map of the pig (*Sus scrofa*) / A. L. Archibald // Mammalian Genome. 1995. Vol. 6. P. 157.
513. The porcine stress linkage group. II. The position of the Halothane locus and the accuracy of the Halothane test diagnosis in Belgian Landrace pigs / A. Van Zeveren [et al.] // Journal of Animal Breeding and Genetics. 1988. Vol. 105. P. 187-194.
514. The reproductive performance of sows with different malignant hyperthermia syndrome status / G. Reiner [et al.] // Dtsch. Tierärztl. Wochenschr. 1993. Vol. 4. P. 144-146.
515. The *RYR1* g.1843C > T mutation is associated with the effect of the *IGF2* intron3-g. 3072G >A mutation on muscle hypertrophy / A. Stinckens [et al.] // Animal Genetics. 2007. Vol. 38. P. 67-71.
516. Two alpha (1, 2) fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (S) and *Escherichia coli* F18

- receptor (*ECF18R*) loci / E. Meijerink [et al.] // *Mammalian Genome*. 1997. № 8. P. 736-741.
517. Urban T., Kuciel J. The effect of point mutation in *RYR1* gene on the semen quality traits in boars of Large White and Landrace breeds // *Czech Journal of Animal Science*. 2001. Vol. 46. 5 p.
518. Use of a DNA-based test for the mutation associated with porcine stress syndrome (malignant hyperthermia) in 10,000 breeding swine / P. J. O'Brien [et al.] // *Journal of the American Veterinary Medical Association*. 1993. Vol. 203. P. 824-851.
519. Use of microsatellite markers to detect quantitative trait loci in Yorkshire pigs / C. W. Kim [et al.] // *Journal of Reproduction and Development*. 2006. Vol. 52 (2). P. 229-237.
520. Validation of microsatellite markers for routine horse parentage testing / A. T. Bowling [et al.] // *Animal Genetics*. 1997. Vol. 28. P. 247-252.
521. Vrtková I., Vrtek Š., Falková L. Efficiency of Tetrameric Short Tandem Repeats in Prestice Black-Pied Pig for Traceability and Parentity Testing // *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis*. 2016. Vol. 64 (2). P. 557-565.
522. Weir B. S., Cockerham C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure // *Evolution*. 1984. Vol. 38. P. 1358-1370.
523. Wu Y., Chen Y.-Z., Liu R.-Y. Analysis of polymorphism for porcine properdin (*BF*) in Qianbei black pig population // *Guangdong Agricultural Sciences*. 2011. Vol. 4. P. 125-127.
524. Yeh F. C., Yang C., Boyle T. PopGene. Microsoft Windows based freeware for population genetic analysis // University of Alberta, 1999. 28 p.
525. Zaman G., Shekar M. C., Aziz A. Molecular characterization of Meghalaya local pigs (Niang Megha) using microsatellite markers // *Indian Journal of Science and Technology*. 2013. Vol. 6. № 10. P. 5302-5306.

ДОДАТОК А
СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

**Наукові праці, в яких опубліковані основні наукові результати
дисертації:**

Статті в зарубіжних наукових виданнях:

1. Анализ ассоциации между маркерами STR-локусов и воспроизводительными качествами свиноматок крупной белой породы / С. И. Луговой, С. С. Крамаренко, А. В. Лихач, А. С. Крамаренко // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины». 2017. Т. 53. Вып. 4. С. 130-134. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

2. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Использование энтропийно-информационного анализа для оценки воспроизводительных качеств свиноматок // Вестник Алтайского ГАУ. Барнаул, 2013. № 9. С. 58-62. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів та оформлено статтю).*

3. Крамаренко С. С., Луговой С. И., Лихач В. Я. Анализ генетико-демографических процессов у свиней крупной белой породы с использованием локусов микросателлитов // The scientific heritage. 2017. № 10 (10). Р. 3. С. 4-7. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

4. Луговой С. И. Домашева Л. А. Анализ динамики воспроизводительных качеств свиноматок с использованием разных методов // Вестник КрасГАУ. Красноярск, 2013. Вып. 8. (83). С. 32-37. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів та оформлено статтю).*

5. Луговой С. И. Крамаренко С. С., Лихач В. Я. Особенности формирования генетической структуры по генам *ESR1* и *IGF2* у

чистопородных и помесных свиней // Ученые записки учреждения образования «Витебская ордена «Знак Почета» Государственная академия ветеринарной медицины». 2017. Т. 53. Вып. 1. С. 238-241. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

6. Луговой С. И. Характеристика генофонда локальных пород свиней Украины по локусам микросателлитов ДНК // Вестник Новосибирского ГАУ. Новосибирск, 2013. № 2 (27). С. 67-72.

7. Луговой С. И. Характеристика генофонда мясных пород свиней украинского происхождения по локусам микросателлитов ДНК // Вестник Казанского ГАУ. Казань, 2013. № 2 (28). С. 126-129.

8. Луговой С., Крамаренко С., Лихач В. Внутрипородная изменчивость свиней крупной белой породы на основе полимофизма микросателлитов ДНК // *Știința agricolă*. 2017. № 1. С. 94-98. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

9. Оценка вклада различных популяций в генетическое разнообразие свиней корня крупной белой породы / Н. А. Зиновьева, В. Р. Харзинова, Е. И. Сизарева [и др.] // *Сельскохозяйственная биология*. 2012. № 6. С. 35-42. *(Дисертантом проведено частину лабораторних досліджень та узагальнено отримані результати)*

10. Характеристика аллелофонда новосибирской популяции свиней скороспелой мясной породы по микросателлитам / В. Р. Харзинова, Н. А. Зиновьева, Н. В. Батенева [и др.] // *Достижения науки и техники АПК*. 2011. № 10. С. 59-61. *(Дисертантом проведено частину лабораторних досліджень та узагальнено отримані результати).*

11. Lugovoy S., Kramarenko S. Comparative analysis of methods for estimation effective population sizes of Large White pigs based on molecular genetic markers // *Agricultural Sciences*. Plovdiv : Academic Publishing House of the Agricultural University, 2013. Volume V. Issue 14. P. 59-63. *(Дисертантом*

проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів та оформлено статтю).

12. Population structure and genome characterization of local pig breeds in Russia, Belorussia, Kazakhstan and Ukraine / A. Traspov [et. al.] // Genet. Sel. Evol. 2016. 48:16. *(Дисертантом проведено збір первинних даних та лабораторні дослідження стосовно локальних порід свиней України).*

Статті у фахових виданнях України, що включені до міжнародних науково-метричних баз:

13. Порівняльний аналіз відтворювальних ознак та кластерний аналіз свиней різних порід / С. С. Крамаренко [та ін.] // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С.З. Гжицького, 2018, Т. 20, № 84. С. 21-26. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

14. Lugovoy S. I., Kramarenko S. S., Lykhach V. Ya. Genetic polymorphism of the Landrace pig based on microsatellite markers // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С.З. Гжицького, 2017, Т. 19, № 74. С. 63-66. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

Статті у наукових фахових виданнях України:

15. Автоматизована інформаційна система «Акцент-племінний облік у свинарстві» в селекції тварин / С. І. Луговий, В. Я. Лихач, А. В. Лихач [та ін.] // Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава : ТОВ «Фірма «Техсервіс», 2015. Вип. 67. С. 90-95. *(Дисертантом запропоновано ідею, проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів, оформлення статті).*

16. Використання та удосконалення генофонду свиней в умовах ТОВ «Таврійські свині» / В. С. Топіха, В. Я. Лихач, С. І. Луговий [та ін.] // Науковий вісник «Асканія-Нова». Нова Каховка : Пиел, 2012. Вип. 5. Ч. II. С. 283-289. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення*

отриманих результатів).

17. Генетичний поліморфізм гена *BF* (*BF_in 1_C79T*) у свиней великої білої породи різного походження / Н. А. Зинов'єва, О. О. Гладирь, С. І. Луговий [та ін.] // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. Львів, 2011. Т. 13. № 4 (50). Ч. 2. С. 71-75. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

18. Забезпечення високої продуктивності свиней в умовах ТОВ «Таврійські свині» / В. Я. Лихач, С. І. Луговий, А. В. Черненко [та ін.] // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Айлант, 2009. С. 181-185. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

19. Крамаренко С. С. Луговой С. И. BLUP-оценки воспроизводительных качеств свиноматок украинской мясной породы разного происхождения // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Грінь Д.С., 2011. Вип. 76. Ч. 2. С. 105-110. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

20. Луговий С. І. Загайкан О. І. Нове племінне господарство з розведення асканійського типу свиней української м'ясної породи // Проблеми зооінженерії та ветеринарної медицини : зб. наук. пр. Харківської ДЗВА. Х. : Золоті сторінки, 2007. Вип. 15 (40). Т. 1. Ч. 1. С. 187-190. *(Дисертантом проведено дослідження, аналіз матеріалу та оформлення статті)*

21. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості свиней породи дюрок за локусами мікросателітів ДНК // Вісник Житомирського національного агроєкологічного університету. 2013. Вип. № 1. (35). Т. 2. С. 105-113.

22. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості української м'ясної породи свиней за локусами мікросателітів ДНК // Збірник наукових праць Вінницького НАУ. Серія: Сільськогосподарські науки. 2013. Вип. 2 (72). С. 109-114.

23. Луговий С. І., Кіш С. В. Оцінка генетичної структури різних родин свиней породи дюрок за локусами мікросателітів ДНК // Вісник аграрної науки Причорномор'я. 2015. Вип. 2. Т. 1. Ч. 2. С. 130-135. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, аналіз та узагальнення отриманих результатів).*

24. Луговий С. І., Леонт'єв В. В. Асканійський м'ясний тип свиней – проблеми та перспективи // Таврійський науковий вісник : зб. наук. пр. ХДАУ. Херсон : Айлант, 2007. Вип. 53. С.138-141. *(Дисертантом проведено дослідження, аналіз матеріалу та оформлення статті).*

25. Луговий С. І., Сердюк М. М. Удосконалення автоматизованої системи ведення племінного обліку у свинарстві // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва : зб. наук. праць Подільського державного аграрно-технічного університету. Кам'янець-Подільський : ПДАТУ, 2013. Вип. 21. С. 175-177. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів, оформлення статті).*

26. Луговой С. И. Оценки внутри- и межпородной генетической дифференциации некоторых локальных пород свиней Украины // Свиноводство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН. Полтава : ТОВ «Фірма «Техсервіс», 2014. Вип. 65. С.161-168.

27. Оценка уровня генетической дифференцированности популяций свиней крупной белой породы разного происхождения / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.]. // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. Херсон : Айлант, 2008. Вип. 58. Ч. 2. С. 74-78. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

28. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Анализ генетического разнообразия свиней крупной белой породы на основе мультилокусных генотипов микросателлитов // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2010. Вип. 1 (52). Т. 2. С. 3-11. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

29. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценка неравновесия по сцеплению и эффекта «bottleneck» по локусам микросателлитов ДНК в разводимых в Украине популяциях свиней // Свиноводство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свиноводства та АПВ НААН. – Полтава, 2012. Вип. 61. С. 57-61. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

30. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оцінка породних та географічних особливостей генетичного різноманіття свиней за локусами микросателітів // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва : зб. наук. праць Подільського державного аграрно-технічного університету. Кам'янець-Подільський : ПДАТУ, 2012. Вип. 20. С. 274-277. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

31. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Мінливість гена інсуліноподібного фактора росту у свиней великої білої породи // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Миколаїв : МДАУ, 2011. Вип. 4 (61). Т. 1. С. 188-192. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

32. Топіха В. С., Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оцінка генетичної диференціації різних генеалогічних ліній свиней великої білої породи // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. 2008. Т. 10. № 2 (37). Ч. 3. С. 185-190. *(Дисертантом проведено аналіз матеріалу та оформлення статті)*

33. Топіха В.С., Крамаренко С. С., Луговий С. І. Вплив антропогенного навантаження на динаміку генофонду свиней за геном естрогенового рецептора (*ESR*) // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С. З. Гжицького. – Львів, 2011. Т. 13. № 4 (50). Ч. 4. С. 341-348. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

34. Lugovoy S., Kramarenko S., Galimov S. Genetic polymorphism of the Red White Belted breed pigs based on microsatellite markers // Вісник аграрної науки Причорномор'я. 2017. Вип. 1 (93). С.113-120. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

Наукові праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації:

35. Інформаційні технології в племінному свинарстві України / М. М. Сердюк, С. І. Луговий, Ю. М. Сердюк [та ін.] // Математичні методи, моделі та інформаційні технології в економіці : матеріали III міжнар. науково-методичної конф., (Чернівці, 14-17 травня 2013 р.). Чернівці, 2013. С. 242-245. *(Дисертантом запропоновано ідею, проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

36. Крамаренко С. С. Луговой С. И. Характеристика генетической дифференциации разных генеалогических линий свиней крупной белой породы английской селекции // Современные проблемы интенсификации производства свинины : сб. научных трудов XIV междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству (11-13 июля 2007 г.). Ульяновск, 2007. т. 1. С. 233-240. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

37. Крамаренко С. С., Луговий С. І. Порівняльний аналіз оцінок ефективної чисельності свиней великої білої породи на основі молекулярно-генетичних маркерів // Зоотехнічна наука Поділля: історія, проблеми, перспективи : матеріали міжнар. наук.-практ. конф., присвяченої 90-річчю

заснування та 55-річчю відродження біотехнологічного факультету Подільського ДАТУ, 16-18 березня 2010 р. / за ред. професора М. Г. Повознікова / Подільський ДАТУ. Кам'янець-Подільський : видавець ПП Зволейко Д. Г., 2010. С. 133-135. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

38. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценивание эффективной численности популяции свиней крупной белой породы на основе молекулярно-генетических маркеров // Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ : сб. науч. трудов по материалам XVII междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству, (Ульяновск, 7-10 июля 2010 г.). Ульяновск : УГСХА, 2010. С. 210-216. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

39. Крамаренко С. С., Луговой С. И. Оценка генетического разнообразия свиней с использованием мультилокусных генотипов микросателлитов ДНК // Инновационные технологии в животноводстве : тезисы докладов Междунар. науч.-практ. конф. (7-8 октября 2010 г.) Жодино : РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству», 2010. Ч. 1. С. 67-69. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

40. Крамаренко С. С., Луговой С. И., Крамаренко А. С. Методы оценки потенциального генетического разнообразия популяций домашних свиней (*Sus scrofa*) на основе полиморфизма локусов микросателлитов // Биоразнообразие и устойчивое развитие : тезисы докладов II Международной науч.-практ. конф. (Симферополь, 12-16 сентября 2012 г.) Симферополь, 2012. С. 382-384. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

41. Луговой С. И. Відтворювальні якості свиноматок асканійського м'ясного типу української м'ясної породи в умовах ТОВ «Таврійські свині»

Херсонської області // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (11-13 квітня 2007 р.). Миколаїв : МДАУ, 2007. С. 5-7.

42. Луговий С. І. Внутрішньопородна мінливість свиней породи дюрок за локусами мікросателітів ДНК // Сучасні проблеми розведення і селекції сільськогосподарських тварин : матеріали міжнар. наук.-практ. конф., (Житомир, 22-23 травня 2013 р.). Житомир : Полісся, 2013. С. 19-20.

43. Луговий С. І. Оцінка ефективної чисельності свиней великої білої породи з використанням мікросателітів ДНК // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (13-15 квітня 2010 р.). Миколаїв : Миколаївський ДАУ, 2010. С. 22-23.

44. Луговий С. І. Характеристика алелофонду свиней української степової рябої породи за локусами мікросателітів ДНК // Зоотехнічна наука : історія, проблеми, перспективи : матеріали III міжнар. наук.-практ. конф., (Кам'янець-Подільський, 22-24 травня 2013 р.) / Подільський державний аграрно-технічний університет. Кам'янець-Подільський : видавець ПП Зволейко Д. Г., 2013. С. 193-194.

45. Луговой С. И., Домашева Л. А. Полиморфизм гена *BF* (*BF_in1_C79T*) и его ассоциация с воспроизводительными качествами свиноматок // Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы : материалы Междунар. науч. конф. (к 100-летию со дня рождения академика Н. В. Турбина) (Минск, 8-11 октября 2012 г.) / редкол.: А. В. Кильчевский [и др.]. Минск : ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», 2012. С. 137. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

46. Особенности генетической изменчивости в популяциях свиней, разводимых в Украине, по локусам микросателлитов ДНК / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.] // Современные тенденции и технологические инновации в свиноводстве : материалы XIX

Международной науч.-практ. конф. (Горки, 4-6 октября 2012 г.) / редкол.: И. П. Шейко [и др.]. Горки : БГСХА, 2012. С. 147-153. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

47. Оценка генетического разнообразия популяций свиней крупной белой породы разного происхождения / В. С. Топиха, С. С. Крамаренко, С. И. Луговой [и др.]. // Актуальные вопросы аграрной науки и образования : материалы Междунар. науч.-практ. конф., посвященной 65-летию Ульяновской ГСХА. Ульяновск : ГСХА, 2008. Т. 2. Ч. 1-2. С. 130-135. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, узагальнення отриманих результатів).*

48. Топіха В. С. Крамаренко С. С., Луговий С. І. Дослідження поліморфізму одиничних нуклеотидів (SNP) селекційно-значимих ДНК-маркерів *Sus Scrofa* у основних заводських порід України // Тези доповідей Причорноморської регіональної науково-практичної конференції професорсько-викладацького складу (27-29 квітня 2011 р.). Миколаїв : Миколаївський ДАУ, 2011. С. 23-24. *(Дисертантом проведено збір первинних даних, лабораторні дослідження, узагальнення отриманих результатів).*

ДОДАТОК Б**ВІДОМОСТІ ПРО АПРОБАЦІЮ РЕЗУЛЬТАТІВ ДИСЕРТАЦІЇ**

1. XIV Міжнародна науково-практична конференція зі свинарства «Современные проблемы интенсификации производства свинины», Росія, Ульяновськ, 11-13 липня 2007 р. (*заочна форма – публікація тез*);
2. Міжнародна науково-практична конференція «Актуальные вопросы аграрной науки и образования», Росія, Ульяновськ, 15-17 жовтня 2008 р. (*заочна форма – публікація тез*);
3. Міжнародна науково-практична конференція «Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи», Кам'янець-Подільський, 16-18 березня 2010 р. (*заочна форма – публікація тез*);
4. XVII Міжнародна науково-практична конференція зі свинарства «Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ», Росія, Ульяновськ, 7-10 липня 2010 р. (*очна форма – доповідь на секційному засіданні*);
5. Міжнародна науково-практична конференція «Инновационные технологии в животноводстве», Білорусь, Жодіно, 13-15 жовтня 2010 р. (*заочна форма – публікація тез*);
6. II Міжнародна науково-практична конференція «Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи», Кам'янець-Подільський, 14-16 березня 2012 р. (*заочна форма – публікація тез*);
7. Міжнародна науково-практична конференція, присвячену 140-річчю з дня народження М.Ф.Іванова «Тваринництво України: вчора, сьогодні, завтра», Асканія-Нова, 10-11 жовтня 2012 р. (*очна форма – доповідь на секційному засіданні*);
8. Міжнародна наукова молодіжна конференція-школа «Биотехнологии в сельском хозяйстве: современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных, BioТехЖ-2012», Росія,

Дубровиці, 17-19 травня 2012 р. (*заочна форма – публікація тез*);

9. II Міжнародна науково-практична конференція «Биоразнообразие и устойчивое развитие», Сімферополь, 12-16 вересня 2012 р. (*заочна форма – публікація тез*);

10. XIX Міжнародна науково-практична конференція «Современные тенденции и технологические инновации в свиноводстве», Білорусь, Горки, 4-6 жовтня 2012 р. (*заочна форма – публікація тез*);

11. Міжнародна наукова конференція «Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы» (к 100-летию со дня рождения академика Н. В. Турбина), Білорусь, Мінськ, 8-11 жовтня 2012 р. (*очна форма – доповідь на секційному засіданні*);

12. Друга міжнародна конференція «Состояние и перспективы развития генетических ресурсов животноводства», Болгарія, Хісаря, 12-14 грудня 2012 р. (*заочна форма – публікація тез*);

13. Міжнародна науково-практична конференція «Сучасні проблеми розведення і селекції сільськогосподарських тварин», Житомир, 22-23 травня 2013 р. (*заочна форма – публікація тез*);

14. III Міжнародна науково-практична конференція «Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи», Кам'янець-Подільський, 22-24 травня 2013 р. (*заочна форма – публікація тез*);

15. III Міжнародна науково-методична конференція «Математичні методи, моделі та інформаційні технології в економіці», Чернівці, 14-17 травня 2013 р. (*заочна форма – публікація тез*);

16. Міжнародна науково-практична конференція «Сучасні проблеми підвищення якості, безпеки, виробництва та переробки продукції тваринництва», Вінниця, 17-18 квітня 2013 р. (*заочна форма – публікація тез*);

17. Міжнародна науково-практична конференція «Селекційно-генетичні та технологічні засади підвищення ефективності галузі свинарства», Миколаїв, 16-18 квітня 2015 р. (*очна форма – доповідь на*

секційному засіданні);

18. XXII Міжнародна науково-практична конференція «Научный фактор в стратегии инновационного развития свиноводства», Білорусь, Гродно, 9-11 вересня 2015 р. *(заочна форма – публікація тез);*

19. Причорноморська регіональна науково-практична конференція професорсько-викладацького складу Миколаївського НАУ, Миколаїв, 2007-2017 рр. *(очна форма – доповідь на секційному засіданні).*

ДОДАТОК В



E-mail: step_adm@zp.ukrtel.net

Україна
 ПрАТ «Племзавод «Степной»
 71333 с.Заповітне, К-Дніпровський р.-н
 Запорізької області
 Код ЄДРПОУ 00849184
 р/рахунок 2600910169801
 ПАТ «МетаБанк»
 в м.Запоріжжя МФО 313582
 Індивідуальний податковий номер
 008491808096
 свідоцтво п.п.д.в № 200084196
 тел. (06138) 99-3-38
 факс 99-3-36

№ 123« 23 » січня 2018р

АКТ
впровадження у виробництво наукових розробок
Лугового Сергія Івановича

Акт складено про те, що протягом 2013-2015 рр. кандидатом с.-г. наук, доцентом кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговим Сергієм Івановичем було проведено впровадження результатів дисертаційних досліджень за темою: «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів».

В ході виконання роботи було проведено оцінку генетичної структури свиней порід велика біла (80 гол.), ландрас (50 гол.) та дюрк (50 гол.) за локусами мікросателітів, генами естрогенового рецептора (*ESR*), ріанодинового рецептора (*RYR1*) та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*).

В результаті досліджень встановлено, що частка тварин з нетиповим генотипом для своєї популяції становить для великої білої породи 11,5%, для породи дюрк 2,1%, для породи ландрас 8,7%. Таких тварин вилучено із селекційного процесу. Також доведено, що свиноматки великої білої породи з генотипом *ESR^{BB}* за багатоплідністю переважають своїх аналогів з генотипом *ESR^{AA}* на 1,03 гол.

Результатами генетичного дослідження доповнено інформацію про племінних тварин у базі даних комп'ютерної програми «Акцент-племінний облік у свинарстві». Дані генетичного паспорту тварин використовуються при складанні плану підбору.

Внаслідок впровадження результатів наукових досліджень вартість додатково отриманої продукції у розрахунку на один опорос становить 213,8 грн.

Генеральний директор ПрАТ «Племзавод «Степной»
 кандидат с.-г. наук,

Заслужений працівник с.-г. України

А.А. Волков

ДОДАТОК Д

СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИЙ ВИРОБНИЧИЙ КООПЕРАТИВ
«АГРОФІРМА «МИГ-СЕРВІС-АГРО»

тел./факс (05167) 2-81-07, тел. (05167) 2-81-46, 56640, Миколаївська обл.,
Новоодеський р-н, с. Сухий Єланець, вул. Каганова, 37
АТ "Райффайзен Банк Аваль" в м. Києві, Р/р № 2600264483, МФО 380805,
Св. № 200103728, ІПН. 319093114251, ОКПО 31909319
e-mail: ms_agro@ukr.net

Від 15.03.2017 № 34

АКТ

впровадження у виробництво наукових розробок
Лугового Сергія Івановича

Акт складено про те, що протягом 2014-2017 рр. кандидатом с.-г. наук, доцентом кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговим Сергієм Івановичем було впроваджено результати дисертаційних досліджень за темою: «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів».

В ході виконання роботи в умовах СВК «Миг-Сервіс-Агро» було проведено коригування структури стад свиней порід дюрок, ландрас та велика біла відповідно до встановленого ступеня внутрішньопородної диференціації на підставі поліморфізму локусів мікросателітів ДНК.

Запроваджено елементи маркер-залежної селекції, спрямованої на підвищення показників відтворювальних ознак та м'ясної продуктивності – розроблено план підбору, спрямований на збільшення в стадах свиней частки особин з бажаними генотипами за генами естрогенового рецептора (*ESR*) та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*).

Результатами генетичного дослідження доповнено інформацію про племінних тварин у базі даних комп'ютерної програми «Акцент-племінний облік у свинарстві».

Внаслідок впровадження результатів наукових досліджень вартість додатково отриманої продукції у розрахунку на один опорос становить 145,6 грн.

Директор



С. С. Іванов

ДОДАТОК Е

ТОВАРИСТВО З ОБМЕЖЕНОЮ ВІДПОВІДАЛЬНІСТЮ „ТАВРІЙСЬКІ СВИНІ”
75700, Херсонська обл., м. Скадовськ, вул. Мендуса, 46
код 34323246, р/р 26004436292 в ПАТ Райффайзен Банк Аваль, м. Херсон МФО 380805
тел. (05537) 5-44-55, факс (05537) 5-24-10

Від 15.09.2016 № 78

АКТ
впровадження у виробництво наукових розробок
Лугового Сергія Івановича

Акт складено про те, що протягом 2010-2016 рр. кандидатом с.-г. наук, доцентом кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговим Сергієм Івановичем було проведено впровадження результатів дисертаційних досліджень за темою: «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів».

В ході виконання роботи було проведено оцінку генетичної структури свиней порід велика біла (70 гол.) та українська м'ясна (80 гол.) за 12 локусами мікросателітів, генами естрогенового рецептора (*ESR*), ріанодинового рецептора (*RYR1*), β -субодиниці фолікулостимулюючого гормону (*FSH β*), пропердину (*BF*) та інсуліноподібного фактора росту (*IGF2*).

В результаті досліджень встановлено, що частка тварин з нетиповим генотипом для своєї популяції становить для великої білої породи 8,6%, для української м'ясної породи – 3,1%. Таких тварин вилучено із селекційного процесу.

Також доведено, що свиноматки великої білої породи з генотипом *ESR^{BB}* за багатоплідністю переважають своїх аналогів з генотипом *ESR^{AA}* на 0,86 гол.

Результатами генетичного дослідження доповнено інформацію про племінних тварин у базі даних комп'ютерної програми «Акцент-племінний облік у свинарстві».

Дані генетичного паспорту тварин використовуються при складанні плану підбору.

Внаслідок впровадження результатів наукових досліджень вартість додатково отриманої продукції у розрахунку на один опорос становить 198,4 грн.

Директор

М. В. Мотринець

ДОДАТОК Ж

СХЧП «Техмет-Юг»

Николаевская обл., Октябрьский р-н., пгт Воскресенское, ул. Центральная, 1
р/с 26000001626001 в НФ АО «Укринбанк», МФО 326580, ОКПО 32720193, ИНН
327201914025

№ св.100093503, тел.44-14-61

Вих. № 28
«17» 11 2016 з.

АКТ

впровадження у виробництво наукових розробок

Лугового Сергія Івановича

Акт складено про те, що протягом 2014-2016 рр. було проведено впровадження у виробництво результатів наукових досліджень кандидата с.-г. наук, доцента кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Лугового Сергія Івановича за темою: «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів».

В ході виконання роботи було проведено оцінку генетичної структури свиней великої білої та червоної білопоясої порід (100 гол.) за локусами мікросателітів ДНК та генами естрогенового (*ESR*) та ріанодинового рецептора (*RYR1*).

Результатами генетичного дослідження доповнено інформацію про племінних тварин у базі даних комп'ютерної програми «Акцент-племінний облік у свинарстві». Дані генетичного паспорту тварин використовуються при складанні плану підбору.

В результаті досліджень виявлено тварин-носіїв рецесивного алеля гена *RYR1*, яких в подальшому було вилучено із селекційного процесу.

В результаті впровадження маркер-залежної селекції за геном естрогенового рецептора (*ESR*) – відбору тварин з генотипом *ESR^{BB}* багатоплідність свиноматок підвищилася на 0,89 гол. на опорос.

Внаслідок впровадження результатів наукових досліджень вартість додатково отриманої продукції у розрахунку на один опорос становить 163,4 грн.

Директор



М. С. Косой

ДОДАТОК 3



ДЕПАРТАМЕНТ АГРОПРОМИСЛОВОГО РОЗВИТКУ
МИКОЛАЇВСЬКОЇ ОБЛАСНОЇ ДЕРЖАВНОЇ АДМІНІСТРАЦІЇ

вул. Спаська, 1, м.Миколаїв, 54030, тел. (0512) 37-78-02, тел./факс 37-78-40
E-mail: reform@mk.gov.ua, код згідно з ЄДРПОУ 36384583

№ 444/05/08-29/15
від 15.09.2015
на № _____
від _____

ДОВІДКА

про впровадження результатів дисертаційних досліджень
Лугового Сергія Івановича

Департамент агропромислового розвитку Миколаївської облдержадміністрації підтверджує, що результати дисертаційних досліджень кандидата сільськогосподарських наук, доцента кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Лугового Сергія Івановича за темою дисертації «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів» на здобуття наукового ступеня доктора сільськогосподарських наук використано при розробці Плану заходів з реалізації у 2015-2017 роках «Стратегії розвитку Миколаївської області на період до 2020 року», затвердженої рішенням Миколаївської обласної ради протокол № 9 від 16 квітня 2015 року.

Одержані результати наукових досліджень використовуються при створенні нових та модернізації існуючих підприємств реального сектору економіки, що включає зокрема розвиток високотехнологічного конкурентоспроможного виробництва продукції свинарства та забезпечення Миколаївської області високоякісним племінним матеріалом та екологічно чистою м'ясною сировиною.

Пропозиції виробництву, сформовані на основі проведених досліджень та викладені в дисертаційній роботі Лугового С. І., є матеріалом для підвищення кваліфікації головних спеціалістів галузі тваринництва.

Довідка видана для подання у спеціалізовану вчену раду за місцем захисту дисертації на здобуття наукового ступеня доктора сільськогосподарських наук.

Директор



О. ПІСКУН

ДОДАТОК И



МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
МИКОЛАЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
 (МНАУ)



вул. Георгія Гонгадзе, 9, м. Миколаїв, 54020,
 тел. (0512) 34-10-82, тел./факс: (0512) 34-34-46
 E-mail: rector@mnau.edu.ua, код ЄДРПОУ 00497213



Від 26.03.2018 № 01-18/409
 На № _____ від _____

ДОВІДКА

Видана доценту кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговому С. І. про те, що результати його наукових досліджень за темою «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів», використовуються у навчальному процесі під час підготовки:

- здобувачів вищої освіти ступеня «Бакалавр» освітньої спеціальності 204 – «ТВППТ» при викладанні дисциплін «Розведення тварин», «Зоотехнічний облік та автоматизовані системи управління у тваринництві»;

- здобувачів вищої освіти ступеня «Бакалавр» освітньої спеціальності 162 – «Біотехнології та біоінженерія» при викладанні дисциплін «Основи біотехнології тварин», «Генетичні ресурси сільськогосподарських тварин»;

- здобувачів вищої освіти ступеня доктора філософії зі спеціальності 204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» при викладанні дисциплін «Розведення та селекція тварин» та «Спеціальні інформаційні системи і технології»

Перший проректор



Д. В. Бабенко

Виконавець:
 Трибрат Р.О.
 тел. (0512) 34-30-57

ДОДАТОК К**Затверджую:**Перший проректор-проректор
з навчальної роботи Дніпровського
державного аграрно-економічного
університету, професор

Д.М. Онопрієнко

Вих. № 35 від 30.01.2018р.**ДОВІДКА**

Видана доценту кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговому С. І. про те, що результати його наукових досліджень за темою «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів», використовуються у навчальному процесі Дніпровського державного аграрно-економічного університету під час підготовки здобувачів ступеня вищої освіти «Бакалавр» освітньої спеціальності 204 – «ТВППТ» при викладанні дисциплін «Розведення сільськогосподарських тварин» та «Ембріоінженерна біотехнологія».

Декан біотехнологічного
факультету ДДАЕУ, професор



С. Г. Піщан

Завідувач кафедри технології
годовлі і розведення тварин ДДАЕУ,
професор



В.В. Микитюк

ДОДАТОК Л

Вих. № 234/1 від 12.12.2017р

ДОВІДКА

Видана доценту кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговому С. І. про те, що результати його наукових досліджень за темою «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів», використовуються у навчальному процесі Харківської державної зооветеринарної академії під час підготовки здобувачів ступеня вищої освіти «Бакалавр» освітньої спеціальності 204 – «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» при викладанні дисциплін «Геномна селекція та ембріональна технологія» та «Розведення сільськогосподарських тварин».

Завідувач кафедри генетики, розведення та селекційних технологій, доктор с.-г. наук, професор, академік УАН



А.М. Хохлов

Підписи Хохлова А.М. завіряю:



Т.в.о. начальника відділу кадрів



Л.В. Єфімова

ДОДАТОК М

Вих. № 126 від 09.11.2017р.

ДОВІДКА

про впровадження у науково-дослідну роботу та навчальний процес результатів дисертаційної роботи здобувача наукового ступеня доктора с.-г. наук *Лугового Сергія Івановича* на тему: «**Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів**»

Видана доценту кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговому С. І. про те, що результати його наукових досліджень за темою «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів» використовуються у навчальному процесі Сумського національного аграрного університету під час підготовки здобувачів ступеня вищої освіти «Бакалавр» освітньої спеціальності 204 – «ТВПШТ» при викладанні дисциплін «Розведення сільськогосподарських тварин», «Зоотехнічний облік та автоматизовані системи управління у тваринництві».

Довідка видана для подання до спеціалізованої вченої ради за місцем захисту дисертації на здобуття наукового ступеня доктора сільськогосподарських наук.

Проректор з науково-педагогічної та навчальної роботи, професор



В.М. Жмайлов
В.М. Жмайлов

Декан біолого-технологічного факультету, доцент

В.О. Опара
В.О. Опара



ДОДАТОК Н**У К Р А Ї Н А****МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ****ОДЕСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ**65012, м. Одеса, вул. Пантелеймонівська, 13 Тел. (048)784-57-20 Факс (0482)37-19-27E-mail: ogsi@te.net.ua

“12” квітня 2018 р.

№01-16/30-520/1

КАРТКА ЗВОРТНЬОГО ЗВ'ЯЗКУ

Видана доценту кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології Миколаївського національного аграрного університету Луговому С. І. про те, що результати його наукових досліджень за темою «Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів» використовуються у навчальному процесі Одеського ДАУ під час підготовки здобувачів наукового ступеня доктора філософії зі спеціальності 204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» при викладанні дисциплін «Генетичні основи селекції сільськогосподарських тварин» та «Управління селекційними процесами у тваринництві».

Перший проректор, доцент



О. С. Малащук

Виконавець:
Сусол Р.Л.
тел. (067-919-84-82)