



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **161683** (13) **U**
(51) МПК

A01K 67/02 (2006.01)

C12Q 1/6888 (2018.01)

НАЦІОНАЛЬНИЙ ОРГАН
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ ВЛАСНОСТІ
ДЕРЖАВНА ОРГАНІЗАЦІЯ
"УКРАЇНСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ
ОФІС ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ
ВЛАСНОСТІ ТА ІННОВАЦІЙ"

(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА КОРИСНУ МОДЕЛЬ

(21) Номер заявки: u 2025 02457	(72) Винахідник(и): Крамаренко Олександр Сергійович (UA), Крамаренко Сергій Сергійович (UA), Луговий Сергій Іванович (UA), Каратєєва Олена Іванівна (UA)
(22) Дата подання заявки: 26.05.2025	
(24) Дата, з якої є чинними права інтелектуальної власності: 25.12.2025	
(46) Публікація відомостей про державну реєстрацію: 24.12.2025, Бюл.№ 52	(73) Володілець (володільці): МИКОЛАЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ, вул. Георгія Гонгадзе, 9, м. Миколаїв, 54008 (UA)
	(74) Представник: Кубінець Ольга Іванівна

(54) СПОСІБ РАННЬОГО ПРОГНОЗУВАННЯ БАГАТОПЛІДНОСТІ СВИНОМАТОК

(57) Реферат:

Спосіб раннього прогнозування багатоплідності свиноматок полягає у тому, що у ранньому віці від тварин відбирають біологічний матеріал, зокрема кров, тканини, волосяні фолікули, після чого здійснюють генотипування за локусами мікросателітів ДНК S0101, S0155, S0228, S0355, S0386, Sw24, Sw72, Sw240, Sw857, Sw936, Sw911 та Sw951. Для кожної особини розраховують індивідуальну оцінку мультилокусної гетерозиготності (MLH) як частку локусів, що перебувають у гетерозиготному стані.

UA 161683 U

UA 161683 U

Корисна модель належить до галузі сільського господарства, зокрема до свиначства, та стосується раннього прогнозування відтворювальних якостей свиноматок.

Відомий спосіб [2], що базується на використанні п'яти алелів (або інтервалів алелів) - SW951¹²⁸, S0228²⁷⁶, SW24¹¹³, SW240⁹⁹⁻¹⁰⁹ та S0101²⁰⁹⁻²¹³, наявність яких у генотипі свиноматок забезпечує вищі показники їх відтворювальних якостей, а також одного алеля (SW936¹¹⁷), що пов'язаний зі зниженням кількості порослят як при народженні, так і при відлученні.

Недоліком цього способу є те, що він не враховує гомо- або гетерозиготний стан мультилокусного генотипу тварини за локусами мікросателітів.

Відомий також спосіб [3], що базується на використанні оцінок індивідуальної гетерозиготності для 39 локусів мікросателітів ДНК, розташованих на різних хромосомах (SSC4, SSC6, SSC7, SSC8 та SSC13) у свиноматок порід йоркшир, мейшан та їх кросів.

Недоліком цього способу є те, що він придатний лише для прогнозування живої маси, її приростів та засвоюваності кормів, але не може бути використаний для прогнозування відтворювальних якостей свиноматок.

Найближчим аналогом є спосіб [1], що базується на використанні оцінок індивідуальної гетерозиготності за SNP-локусами свиноматок.

Недоліком найближчого аналога є те, що він не враховує взаємодію між алелями окремих SNP-локусів при формуванні мультилокусних оцінок гетерозиготності тварин.

В основу корисної моделі поставлено задачу удосконалити спосіб раннього прогнозування рівня багатоплідності свиноматок.

Поставлена задача вирішується тим, що спосіб раннього прогнозування багатоплідності свиноматок полягає в тому, що у ранньому віці від тварин відбирають біологічний матеріал, зокрема кров, тканини, волоссяні фолікули, після чого здійснюють генотипування за локусами мікросателітів ДНК S0101, S0155, S0228, S0355, S0386, Sw24, Sw72, Sw240, Sw857, Sw936, Sw911 та Sw951, і для кожної особини розраховують індивідуальну оцінку мультилокусної гетерозиготності (MLH) як частку локусів, що перебувають у гетерозиготному стані.

Згідно з корисною моделлю, майбутній рівень багатоплідності свиноматок прогнозують за таким критерієм: при значеннях MLH у межах від 0,550 до 0,700, прогнозують рівень багатоплідності, вищий за середнє значення по стаду; при значеннях MLH, менших за 0,550 або більших за 0,700, прогнозують рівень багатоплідності, нижчий за середнє значення по стаду.

При організації селекційної роботи серед сільськогосподарських тварин значною проблемою є схрещування між близькими родичами, тобто організмами, які мають спільного предка і які отримали від обох батьків однакові алельні копії, ідентичні за походженням (identical by descent). У геномі нащадків від таких схрещувань збільшується кількість локусів, що мають два функціонально подібні алелі, і, таким чином, знижується рівень гетерозиготності. Наслідками цих процесів є інбредна депресія (inbreeding depression), що негативно впливає на компоненти загальної пристосованості організму (виживаність, репродуктивний успіх, ріст та розвиток тощо), а для сільськогосподарських тварин - ще й на рівень продуктивності.

З іншого боку, не меншу увагу слід приділяти аутбридингу, тобто схрещуванню між віддалено спорідненими особинами. У цьому випадку можна очікувати як підвищення загальної пристосованості внаслідок зростання рівня гетерозиготності (прояв "гібридної сили" - hybrid vigor), так і, навпаки, її зниження, що спричиняється аутбредною депресією (outbreeding depression).

Заявлений спосіб дозволяє усунути цей недолік найближчого аналога і забезпечує комплексну оцінку прогнозу рівня багатоплідності свиноматок.

Виконаний аналіз прогнозування рівня багатоплідності свиноматок, що передбачав пошук за патентними і науково-технічними джерелами, дозволив встановити, що не виявлено аналога, який містить відомості про методологію, аналогічну заявленому способу раннього прогнозування рівня багатоплідності свиноматок. Отже, корисна модель відповідає умові патентоспроможності "новизна".

Дослідження було проведено на поголів'ї свиноматок м'ясного напрямку продуктивності, які утримувалися в ТОВ "Таврійські свини" Скадовського району Херсонської області. Матеріалом для дослідження були біологічні проби тканини (вушні вищипи). Виділення ДНК проводили на колонках Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Germany) згідно з рекомендаціями фірм-виробників. Аналіз ампліфікованих фрагментів здійснювали за допомогою приладу для капілярного електрофорезу ABI 3130x1 (Applied Biosystems, США). Для ідентифікації алелів мікросателітних локусів використовували програму GeneMapper ID v. 3.2. Обробку даних капілярного електрофорезу проводили шляхом переведення довжин фрагментів у числовий вираз за допомогою порівняння їх рухливості зі стандартом молекулярної маси ДНК [4].

Для кожної свиноматки за 12 локусами мікросателітів ДНК (S0101, S0155, S0228, S0355, S0386, Sw24, Sw72, Sw240, Sw857, Sw936, Sw911 та Sw951) було розраховано індивідуальну оцінку мультилокусної гетерозиготності (MLH) як частку локусів мікросателітів, що перебувають у гетерозиготному стані.

У таблиці 1 наведено результати перевірки гіпотези щодо впливу індивідуальної оцінки мультилокусної гетерозиготності (MLH) за локусами мікросателітів ДНК на відтворювальні якості повновікових свиноматок. Для обох ознак (як загальної кількості поросят у гнізді при народженні, так і багатоплідності) відзначено поступове зростання розміру гнізда зі збільшенням кількості локусів мікросателітів ДНК, які перебували в гетерозиготному стані, з досягненням максимуму для 7-8 локусів із 12, що відповідало оцінкам індивідуальної мультилокусної гетерозиготності від 0,550 до 0,700. Із подальшим збільшенням кількості локусів, що перебували в гетерозиготному стані, обидві оцінки розміру гнізда знижувалися.

В цілому, встановлено вірогідний вплив індивідуальної оцінки MLH як на багатоплідність свиноматок (непараметричний критерій Краскела-Уолліса: $H_{K-W}(6; 40)=15,11$; $P=0,019$), так і на загальну кількість поросят у гнізді при народженні (непараметричний критерій Краскела-Уолліса: $H_{K-W}(6; 40)=13,03$; $P=0,043$).

Таблиця 1

Результати перевірки гіпотези щодо впливу індивідуальної оцінки мультилокусної гетерозиготності (MLH) на відтворювальні якості повновікових свиноматок ($M \pm SE$)

Кількість локусів у гетерозиготному стані	Оцінка MLH	n	Загальна кількість поросят у гнізді при народженні, гол.	Багатоплідність, гол.
5	0,417	3	10,3 $\pm$ 0,88	9,0 $\pm$ 0,58
6	0,500	3	10,7 $\pm$ 0,33	10,0 $\pm$ 0,58
7	0,583	15	11,9 $\pm$ 0,55	11,4 $\pm$ 0,55
8	0,667	4	12,8 $\pm$ 1,25	12,3 $\pm$ 0,85
9	0,750	12	10,2 $\pm$ 0,82	9,7 $\pm$ 0,84
10	0,833	8	9,1 $\pm$ 0,44	8,1 $\pm$ 0,55
11	0,917	2	10,5 $\pm$ 0,50	10,0 $\pm$ 1,00
$H_{K-W}(6; 40); P$	-	-	13,03; $P=0,043$	15,11; $P=0,019$

Примітка: H_{K-W} - непараметричний критерій Краскела-Уолліса.

У випадку, коли оцінки індивідуальної мультилокусної гетерозиготності за 12 локусами мікросателітів було подано в інтервальному вигляді - від 0,550 до 0,700 (група 1) та менше 0,550 або більше 0,700 (група 2), рівень вірогідності відмінностей як для загальної кількості поросят у гнізді при народженні, так і для багатоплідності повновікових свиноматок суттєво зріс і становив $P=0,0007-0,0013$ (табл. 2).

Таблиця 2

Результати перевірки гіпотези щодо впливу індивідуальної оцінки мультилокусної гетерозиготності (MLH) в інтервальному вигляді на відтворювальні якості повновікових свиноматок ($M \pm SE$)

Інтервальна оцінка MLH	n	Загальна кількість поросят у гнізді при народженні, гол.	Багатоплідність, гол.
Від 0,550 до 0,700 (група 1)	19	12,1 $\pm$ 0,50	11,6 $\pm$ 0,47
Менше 0,550 або більше 0,700 (група 2)	28	10,0 $\pm$ 0,39	9,2 $\pm$ 0,42
$H_{K-W}(1; 47); P$	-	10,30; $P=0,0013$	11,47; $P=0,0007$

Примітка: H_{K-W} - непараметричний критерій Краскела-Уолліса.

Перевірка запропонованої корисної моделі раннього прогнозування продемонструвала її високий прогностичний рівень. Так, тварини, які потрапляли до групи 1 (тобто, для яких індивідуальні оцінки мультилокусної гетерозиготності за 12 локусами мікросателітів ДНК знаходилися в межах від 0,550 до 0,700), мали у 5,80 раза вищі шанси ($P=0,010$), що їх загальна кількість порослят у гнізді при народженні перевищуватиме середнє значення по стаду, та у 13,14 раза вищі шанси ($P=0,002$), що їх багатоплідність перевищуватиме середній рівень по стаду порівняно з тваринами, які мали вищі чи нижчі індивідуальні оцінки мультилокусної гетерозиготності.

Отже, запропонована модель демонструє достатньо високий прогностичний рівень для оцінки майбутнього рівня багатоплідності свиноматок.

Переваги способу, що заявлений як корисна модель, полягають у тому, що використання мікросателітів ДНК та інших генетичних маркерів, які перебувають у стані нерівноваги за зчепленням, дає змогу реалізувати схеми розведення для поліпшення відтворювальних якостей свиней. Крім цього, процедура маркер-залежної селекції дозволяє уникнути потенційно дорогого фенотипового тестування, яке проводиться відповідно до традиційних схем селекційної роботи.

Заявлений спосіб може застосовуватися в господарствах різних організаційно-правових форм власності для прогнозування відтворювальних якостей свиноматок.

Джерела інформації:

1. Iversen M. W., Nordbø Ø., Gjerlaug-Enger E., Grindflek E., Lopes M. S., Meuwissen T. Effects of heterozygosity on performance of purebred and crossbred pigs. *Genetics Selection Evolution*, 2019. - Vol. 51. - P. 1-13.

2. Спосіб раннього відбору свиноматок української м'ясної породи за відтворювальними якостями; пат № 128538 Україна: G01N 33/50 (2006.01), A01K 67/02 (2006.01). № u201802909; заявл. 22.03.2018; опубл. 25.09.2018, Бюл. № 18, 2 с.

3. Zhang J. H., Xiong Y. Z., Deng C. Y. Correlations of genie heterozygosity and variances with heterosis in a pig population revealed by microsatellite DNA marker. *Asian-australasian journal of animal sciences*, 2005. - Vol. 18(5). - P. 620-625.

4. Луговий С.І. Методологія аналізу генофонду чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів: дис. ... доктора сільськогосподарських наук: спец. спец. 06.02.01 - розведення та селекція тварин. Миколаїв: МНАУ, 2018. - 354 с.

ФОРМУЛА КОРИСНОЇ МОДЕЛІ

1. Спосіб раннього прогнозування багатоплідності свиноматок, який **відрізняється** тим, що у ранньому віці від тварин відбирають біологічний матеріал, зокрема кров, тканини, волоссяні фолікули, після чого здійснюють генотипування за локусами мікросателітів ДНК S0101, S0155, S0228, S0355, S0386, Sw24, Sw72, Sw240, Sw857, Sw936, Sw911 та Sw951, і для кожної особини розраховують індивідуальну оцінку мультилокусної гетерозиготності (MLH) як частку локусів, що перебувають у гетерозиготному стані.

2. Спосіб за п. 1, який **відрізняється** тим, що майбутній рівень багатоплідності свиноматок прогнозують за таким критерієм: при значеннях MLH у межах від 0,550 до 0,700, прогнозують рівень багатоплідності, вищий за середнє значення по стаду; при значеннях MLH, менших за 0,550 або більших за 0,700, прогнозують рівень багатоплідності, нижчий за середнє значення по стаду.