

It was established that repair guinea pigs of the Poltava breed are the most sensitive to the level of feeding, where the digestibility of the nutrients of the feed was maximal relative to other breeds in 4 – 4.5 years under extensive feeding, and the minimum attaining a living weight of 125 kg. For the pigs of the Mirgorod breed the existence of the inverse regularity is established. It has been determined that the sexually mature pigs of Mirgorod breed under the conditions of extensive and intensive cultivation are characterized by the maximum level of physical and chemical parameters of meat (tenderness, pH, moisture retaining capacity, fat content, marble content). In conditions of optimum level of feeding of repair pigs of large white and Poltava beef, the cost of the obtained products is lower by 25% compared with animals of Mirgorod. The level of profitability in the intensive growth of the pigs is 10.8 ... 11.8%, while the pigs of analogues for extensive cultivation are unprofitable.

Key words: pigs, breeds, feeding, digestion, meat quality, pigs.

УДК 636.4:636.082:575.827

ДОСЛІДЖЕННЯ АЛЕЛОФОНДУ ОСНОВНОГО СТАДА СВИНЕЙ ТА РЕМОНТНОГО МОЛОДНЯКУ УНІВЕРСАЛЬНОГО НАПРЯМКУ ПРОДУКТИВНОСТІ ЗА ПОЛІМОРФІЗМОМ ГЕНУ MC4R

Буслик Т.В., кандидат біологічних наук

Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

м. Полтава, Шведська Могила, 1, 36013

tvbuslyk@rambler.ru

Халак В.І., кандидат сільськогосподарських наук

ДУ Інститут зернових культур НААН

м. Дніпро, вул. В. Вернадського, 14, 49027

v16kh91@gmail.com

Почерняєв К.Ф., доктор сільськогосподарських наук

k.f.pochernyaev@gmail.com

Волощук В.М., доктор сільськогосподарських наук

Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

м. Полтава, Шведська Могила, 1, 36013

pigbreedind@ukr.net

В статті наведено результати ПЛР-ПДРФ типування за поліморфізмом 1426G>A гену рецептора мелакортину-4 (MC4R) свиноматок та кнурів – плідників великої білої породи та породи ландрас, а також ремонтного молодняку великої білої породи (чистопородне розведення) та молодняку свиней, одержаного за схемою велика біла × ландрас (двохпородне промислове схрещування). ДНК – типування тварин зазначеного походження та статевовікових груп проводили у лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН України. Для цього використовували наступні зразки біоматеріалу: сперму кнурів-плідників, щетину свиноматок та вищипи з вушної раковини молодняку свиней. Виділення ДНК проводили за допомогою іонообмінної смоли Chelex 100 [Walsh P. S. at al., 1991]. Для ДНК-типування використовували метод ПЛР-ПДРФ [Kim K.S., at al., 2000].

У всіх досліджуваних вибірках MC4R виявився поліморфним, при цьому частота алелю А була децю вищою ніж частота алеля G, за винятком групи ремонтного молодняку поєднання «велика біла × ландрас», де частота алелю G становила 73,6 %. У вибірці свиноматок частота алелю А становила 55,8 %,

частота алелю G – 44,2 %. Також розрахований показник інформаційного змісту локусу, PIC (*Polymorphism Information Content*), за допомогою якого визначається необхідний для асоціативних досліджень рівень поліморфізму локусу для будь-якого генетичного маркера. Оптимальними показниками, для асоціативних досліджень, які забезпечують необхідне різноманіття генотипів для встановлення їх зв'язків з показниками продуктивності є 0,25-0,375 (для діалельних генетичних систем). Значення PIC у всіх досліджуваних групах знаходяться в зазначеному діапазоні.

Встановлено, що досліджувана популяція свиней (ТОВ «Дружба-Казначейка» Дніпропетровської області) знаходиться в стані наближеному до генетичної рівноваги, розрахованої за Формулою Харді-Вайнберга. Розподіл MC4R-алелів і генотипів свідчать про потенційну можливість проведення маркерної селекції за основними кількісними ознаками.

Ключові слова: свині, популяція, генотип, поліморфізм гену, закон Харді-Вайнберга.

Пріоритетним напрямком в області свинарства слід вважати освоєння інтенсивних технологій виробництва свинини, що дозволить одержати конкурентноздатну та високоякісну продукцію. В основі таких технологій повинно бути вдосконалення виробничих властивостей тварин, що базуються на використанні ДНК-досліджень. Впровадження даних технологій у вітчизняне виробництво свинини є актуальним завданням, рішення якого має важливе економічне та господарське значення.

Інтенсивний розвиток молекулярної біології та генетики сприяв появі методів, що дозволяють проводити дослідження з використанням молекулярно-генетичних маркерів (ДНК-маркерів) в генетичному моніторингу та управлінні селекційним процесом у тваринництві.

За останнє десятиліття ДНК-типування свиней за локусами генів, що контролюють господарсько-корисні ознаки, набуло широкого значення у селекційній роботі у тваринництві загалом та у свинарстві зокрема. Молекулярно-генетичні методи інтенсифікації селекційного процесу у вітчизняному свинарстві отримали розвиток у роботах Балацького В.М. [1,2], Саєнка А.М. [2], Корінного С.М. [1] та інших. Особливий інтерес вчених зосереджено на генах або генних комплексах, функції яких пов'язані зі збільшенням енергії росту молодняка свиней, зменшенням товщини шпиків у свиней, покращенням якості м'яса, зростанням кількості порослят у гнізді тощо.

В Україні на даний період лише починається використання молекулярно-генетичних методів при відборі тварин за основними кількісними ознаками. Але для того щоб впроваджувати маркерну селекцію у вітчизняному свинарстві потрібно проводити популяційний аналіз свиней за QTL-локусами (*англ. quantitative trait loci – локуси кількісних ознак*).

Маркерна селекція використовує інформацію про ДНК-маркери в селекційних програмах, щоб визначати тварин з найбільш сприятливими алельними комбінаціями. Вона вже використовується в селекції свійських тварин. Даний процес складається з чотирьох фаз:

1) фаза виявлення – під час якої проводиться кількісний аналіз певних локусів, визначається їх розмір, розташування в геномі та встановлюється наявність фенотипового прояву. За звичай, українські профільні установи не виконують подібні дослідження;

2) фаза оцінки – під час якої ДНК-маркери оцінюються в обраних стадах, аналізується алельні частоти необхідних для селекційної роботи маркерів (тобто встановлюється наявність поліморфізму за досліджуваними генами);

3) фаза пошуку кореляції – за якої встановлюють кореляцію ДНК-маркерів з фенотиповою та генеалогічною інформацією у конкретному стаді;

4) фаза реалізації – за якої ДНК-маркери для яких встановлена кореляція з розвитком певного фенотипу (ознак продуктивності) використовують для підбору плідників та свиноматок для отримання нащадків з передбаченими властивостями [3].

Серед різноманіття описаних сьогодні генів-кандидатів, що впливають на показники м'ясної продуктивності тварин, великий інтерес представляє ген рецептора меланокортина-4 (MC4R) [4]. Першими провели аналіз впливу гену MC4R на швидкість росту свиней та рівень відкладення жиру Kim K.S. зі співавторами у 2000 році [4]. Ген MC4R у свинях локалізується на хромосомі 1 (SSC1) q22-q27 та кодує другий тип нейронального меланокортинового рецептора 4, що є семидоменним трансмембранним рецептором, сполученим з G-білками, які локалізовані у гіпоталамусі [5]. Поліморфізм гена, обумовлений одонуклеотидною заміною нуклеотиду аденіну (A) на гуанідин (G), в свою чергу призводить до заміщення аспарагінової кислоти на аспарагін у положенні 298 поліпептидного ланцюга MC4-рецептора в районі висококонсервативної ділянки, що регулює характер взаємодії з лігандами. В результаті місенс-мутації в гені MC4R відбувається порушення проведення лептинового сигналу, який за допомогою зворотнього негативного зв'язку регулює секрецію лептину адипоцитами [6]. Даний процес призводить до порушень ліпідного обміну і безпосередньо впливає на процес формування ознак, що характеризують відгодівельні та м'ясні якості свиней.

Мета роботи – провести популяційний аналіз основного стада свиней та ремонтно-молодняку універсального напрямку продуктивності за поліморфізмом гену MC4R, з метою впровадження маркерної селекції.

Матеріали та методи досліджень. Експериментальну частину досліджень проведено в умовах племінного репродуктора з розведення свиней великої білої породи ТОВ «Дружба-Казначейка» Дніпропетровської області.

Об'єктом дослідження були свиноматки (n=26) та кнури-плідники великої білої породи (n=3) та породи ландрас (n=2), а також ремонтний молодняк великої білої породи (чистопородне розведення, n=65) та молодняк свиней, одержаний за схемою велика біла × ландрас (двохпородне промислове схрещування, n=36).

ДНК-типування тварин зазначеного походження та статевікових груп проводили у лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН України. Для цього використовували наступні зразки біоматеріалу: сперму кнурів-плідників, щетину свиноматок та вищипи з вушної раковини молодняку свиней.

Виділення ДНК проводили за допомогою іонообмінної смоли Chelex 100 [6]. Для ДНК-типування використовували метод ПЛР-ПДРФ [5]. ПЛР проводили з використанням стандартної реакційної суміші для ампліфікації «Fermentas» (Литва) на ампліфікаторі «ТЕРЦИК-2» (ДНК-технологія, Росія).

Для ампліфікації використали олігонуклеотидні праймери наступного дизайну [4]: MC4R298F:5'-TACCCTGACCATCTTGATTG та MC4R298R:5'-ATAGCAACAGATGATCTCTTTG, синтезовані (Metabion International AG, Германия). Для рестриктного аналізу зразків за геном рецептора меланокортину-4 використано ендонуклеазу *TaqI*, (МВІ Fermentas, Литва), що робить розріз T↓CGA за температури рестрикції 65°C.

Аналіз рестриктних фрагментів здійснювали за допомогою електрофорезу в 2 % агарозному гелі.

Візуалізацію проводили шляхом фарбування агарозного гелю бромистим етидієм з подальшим переглядом в ультрафіолетовому світлі на транслюмінаторі. Фотодокументацію здійснювали цифровим фотоапаратом Canon.

Статистичну обробку результатів проводили за допомогою програми GenAlex 6.0. [7], частоту генотипів розраховували за законом Харді-Вайнберга:

$$p^2(AA) + 2pg(Aa) + g^2(aa) = 1,$$

де p , pg , g – частоти відповідних генотипів.

Показник інформаційного змісту локусу (PIC) розрахований за допомогою електронного ресурсу «PIC calculator» [8].

Результати й обговорення. У результаті рестрикції отримували фрагменти ДНК, які відповідають певним генотипам тварин: 226 п.н. – гомозигота за алелем $g.1426A$ (генотип AA), 156 п.н.+70 п.н. – гомозигота за алелем $g.1426G$ (генотип GG), 226 п.н.+156 п.н.+70 п.н. – гетерозигота генотип AG .

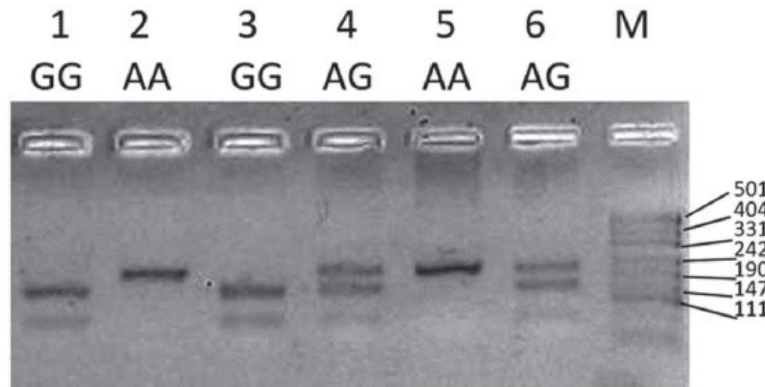


Рис. 1.

Електрофорез у 2 % агарозному гелі продуктів *TagI* рестрикції фрагменту локусу *MC4R* ампліфікованих у ПЛР (*M*-маркер молекулярної маси, *pUC19/MspI*, 1-6 ДНК свиней:

1, 3 – генотип GG ,
2, 5 – генотип AA ,
4, 6 – генотип AG).

1. Розподіл *MC4R*-алелів і відповідних генотипів у вибірках свиней різних статевовікових груп

Статевовікова група свиней	n	Частоти алелів		Частоти генотипів фактичні/очікувані			χ^2
		A	G	AA	AG	GG	
Кнури-плідники	5	0,600	0,400	0,400/0,360	0,400/0,480	0,200/0,160	0,139
Свиноматки	26	0,558	0,442	0,308/0,311	0,500/0,493	0,192/0,196	0,005
Ремонтний молодняк (ВБ)	65	0,715	0,285	0,477/0,512	0,477/0,407	0,046/0,081	1,904
Ремонтний молодняк (ВБ×Л)	36	0,264	0,736	0/0,070	0,528/0,389	0,472/0,542	4,627*
Ремонтний молодняк	102	0,549	0,451	0,304/0,301	0,490/0,495	0,205/0,203	0,010
Загальна	133	0,553	0,447	0,308/0,305	0,489/0,494	0,203/0,200	0,018

Примітка: n – кількість тварин у вибірці, χ^2 – відхилення між емпіричними та теоретичними частотами генотипів відносно закону Харді-Вайнберга. * $P < 0,05$

З даних таблиці 1 видно, що у всіх досліджуваних вибірках *MC4R* виявився поліморфним, при цьому частота алелю A була дещо вищою ніж частота алелю G , за винятком групи ремонтного молодняку поєднання «велика біла × ландрас», де частота алелю G становила 73,6 %. У вибірці свиноматок частота алелю A становила 55,8 %, частота алелю G – 44,2 %. Потрібно зазначити, що такий розподіл алелів не є характерним для великої білої породи свиней, що розводяться в Україні. Так у роботах українських дослідників, що проведені 2010 року на вибірках популяції свиней великої білої породи у господарствах АФ «Оржицька» (Полтавської області), АФ «Україна» (Полтавської області), АФ «Степне» (Запорізької області) по частотам алелей спостерігався розподіл 3:1 між алелем A (~75%) та G (~25%) [9]. Отримані нами показники

частот алелей більш характерні для великої білої породи англійської селекції [2]. У породі велика біла чеської селекції значно переважає алель А (81%) [10]. Аналіз інформації що подана у вітчизняних та закордонних виданнях щодо розподілу алелей у популяціях інших порід вказує на породну специфічність розподілу алелей MC4R у малочисельних локальних породах. Так у польської породи Полявська частота мутантного алелю А становила 42,4 % [11], близьке значення має і румунська локальна порода Базна (45 %). Натомість у Мангалиці, ще одній локальній породі Румунії, частота алеля А у популяції склала лише 9 % [12]. Китайські свині породи Мейшан володіють лише однією формою алелю – MC4RA [13].

Цей маркер, таким чином, може пояснити деякі варіації апетиту, різницю у віці досягнення ваги 100 кг й у товщині шпигу різних порід свиней, та можна припустити, що селекційний добір є основним фактором генетичних коливань, які часто роблять популяцію гомозиготною за певним алелем.

Щодо розподілу генотипів, то для більшості досліджуваних груп не було виявлено достовірного відхилення від панміктичної рівноваги, розрахованої за формулою Харді-Вайнберга, що свідчить про те, що досліджувані популяції знаходяться в стані наближеному до генетичної рівноваги. Слід зазначити, що в субпопуляції ремонтного молодняку одержаного за схемою велика біла × ландрас було виявлено вірогідну різницю у розподілі фактичних та теоретично можливих частот генотипів розрахованого згідно закону Харді-Вайнберга, можна зробити висновок, про направлену селекцію, яка ведеться в господарстві на відбір тварин за певними фенотиповими ознаками, які в значній мірі асоційовані з поліморфізмом гена *mc4r*.

2. Показники гетерозиготності та фіксаційний індекс за локусом *g. 1426 G>A MC4R* у вибірках свиней різних статевовікових груп

Статевовікова група свиней	n	Гетерозиготність		F_{is}	PIC
		H_o	H_e		
Кнури – плідники	5	0,400	0,480	0,167	0,365
Свиноматки	26	0,500	0,493	- 0,013	0,372
Ремонтний молодняк (ВБ)	36	0,477	0,407	-0,171	0,325
Ремонтний молодняк (ВБ×Л)	65	0,528	0,389	-0,358	0,313
Ремонтний молодняк	102	0,490	0,495	0,010	0,373
Загальна	133	0,489	0,494	0,012	0,372

Примітка: n – кількість тварин у вибірці, H_o – фактична гетерозиготність, H_e – очікувана гетерозиготність, F_{is} – індекс фіксації Райта, PIC – показник інформаційного змісту локусу

За результатами ДНК-типуння були обраховані гетерозиготність та фіксаційний індекс Райта (таблиця 2). Увагу привертає високий показник індексу фіксації (F_{is} -0,358) у субпопуляції ремонтного молодняку одержаного за схемою велика біла × ландрас, який мав від’ємне значення, що свідчить про надлишок гетерозигот і спостерігається при негативному асортативному схрещуванні між невідповідно підібраними партнерами, або при селекції на гетерозис. У решти вибірок різниця між фактичною та очікуваною гетерозиготністю була не суттєва. Для вибірок груп свиноматок та ремонтного молодняку великої білої породи значення фактичної гетерозиготності дещо переважало значення очікуваної, що обумовлює незначне від’ємне значення індексу фіксації.

Також розрахований показник інформаційного змісту локусу, PIC (Polymorphism Information Content), за допомогою якого визначається необхідний для асоціативних

досліджень рівень поліморфізму локусу для будь-якого генетичного маркера. Оптимальними показниками, для асоціативних досліджень, які забезпечують необхідне різноманіття генотипів для встановлення їх зв'язків з показниками продуктивності є 0,25-0,375 (для діалельних генетичних систем). Значення PIC у всіх досліджуваних групах знаходяться в зазначеному діапазоні.

Висновки. У проаналізованій вибірці основного стада свиней та ремонтного молодняку універсального напрямку продуктивності за геном MC4R виявився поліморфним, при цьому частота алелю А була дещо вищою ніж частота алеля G, за винятком групи ремонтного молодняку (ВБ×Л), де частота алелю G становила 73,6%. У вибірці свиноматок частота алелю А становила 55,8%, частота алелю G – 44,2%. Результати аналізу розподілу MC4R-алелів і генотипів свідчать про потенційну можливість проведення маркерної селекції у популяції свиней ТОВ «Дружба-Казначейка» Дніпропетровської області.

БІБЛІОГРАФІЯ (REFERENCES)

1. Balatsky Viktor N., Konstantin F. Pochernyaev, Tatiana V. Buslyk, Olena S. Dykan, Sergii N. Korinnyi, Ramona N. Pena, Olena Doran. 2015. «Sequence variation in the cathepsin B (CTSB), L (CTSL), S (CTSS) and K (CTSK) genes in Ukrainian pig breeds». *Global J. Anim. Breed. Genet.* 3(3):117-24.
2. Balatsky V. N., A. M. Saienko, R. N. Pena, T. V. Buslyk, and O. S. Gibolenko. 2015. «Genetic Diversity of Pig Breeds on Ten Production Quantitative Traits Loci». *Cytology and Genetics.* 49(5):299-307. (in Ukrainian)
3. Davis G.P. and S.K. DeNise. 1998. «The Impact of Genetic Markers on Selection». *J. Anim. Sci.* 76:2331-39.
4. Kim K.S., N. Larsen, T. Short, G. Plastow and M. F. Rothschild. 2000. «A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits». *Mammalian Genome.* 11:131-35.
5. Barb C.R., A.S. Robertson, J.B. Barrett, R.R. Kraeling and K.L. Houseknecht. 2004. «The role of melanocortin-3 and -4 receptor in regulating appetite, energy homeostasis and neuroendocrine function in the pig». *Journal of Endocrinology.* 181:39-52.
6. Walsh P. S., D. A. Metzger and R. Higuchi. 1991. «Chelex-100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material». *BioTechniques.* 10:506.
7. Peakall R. and Smouse «GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research». 2006. *Molecular Ecology Notes.* 6(8):288-95.
8. PIC calculator. 2017. Access mode: <http://www.liv.ac.uk/~kempsj/pic.html>. Accessed October 30.
9. Lyadskiy I. K., A. A. Getya and K. F. Pochernyaev. 2011. «Association of the Asp298Asn polymorphism in the mc4rgene with back fat thickness in pigs of the large white breed». *Cytology and Genetics.* 45(2):106-109. (in Ukrainian)
10. Dvorakova V. R. Stupka, M. Sprysl, J. Citek, M. Okrouhla, E. Kluzakova, H. Kratochvilova. 2011. «Effect of the missense mutation Asp298Asn in MC4R on growth and fitness traits in commercial pig crosses in the Czech Republic». *Czech J. Anim. Sci.* 56(4):176-180. (in the Czech Republic).
11. Szyndler-Nędza M., M. Tyra, T. Blicharski and K. Piórkowska. 2010. «Effect of mutation in MC4R gene on carcass quality in Pulawska pig included in conservation breeding programme». *Animal Science Papers and Reports.* 28(1):37-45.
12. Ciobanu D. C., A. Day, A. Nagy, R. Wales, M. Rothschild and G. 2001. «Plastow Genetic variation in two conserved local Romanian pig breeds using type 1 DNA markers». *Genet. Sel. Evol.* 33:417-432.
13. Chen M., A. Wang, J. Fu and N. Li. 2004. «Different allele frequencies of MC4R gene variants in Chinese pig breeds». *Archiv fuer Tierzucht Dummerstorf.* 47(5):463-8.

Буслик Т.В., Халак В.И., Почерняев К.Ф., Волощук В.М. Исследование аллелофонда основного стада свиней и ремонтного молодняка универсального направления продуктивности за полиморфизмом гена MC4R

В статье приведены результаты ПЦР-ПДРФ типирования по полиморфизму 1426G> A гена рецептора меланокортина-4 (MC4R) свиноматок и хряков-производителей крупной белой породы и породы ландрас, а также ремонтного молодняка крупной белой породы (чистопородное разведение) и молодняка свиней, полученного по схеме крупная белая × ландрас (двохпородное промышленное скрещивание).

ДНК-типирование животных указанного происхождения и половозрастных групп проводили в лаборатории генетики Института свиноводства и агропромышленного производства НААН Украины. Для этого использовали следующие образцы биоматериала: сперму хряков-производителей, щетину свиноматок и выщипы из ушной раковины молодняка свиней. Выделение ДНК проводили с помощью ионообменной смолы Chelex 100 [Walsh P. S. et al., 1991]. Для ДНК-типирования использовали метод ПЦР-ПДРФ [Kim K.S., et al., 2000]. Во всех исследуемых выборках MC4R оказался полиморфным, при этом частота аллеля А была несколько выше, чем частота аллеля G, за исключением группы ремонтного молодняка, полученного по схеме «большая белая × ландрас», где частота аллеля G составила 73,6%. В выборке свиноматок частота аллеля А составляла 55,8%, частота аллеля G – 44,2%. Также рассчитан показатель информационного содержания локуса, PIC (Polymorphism Information Content), с помощью которого определяется необходимый для ассоциативных исследований уровень полиморфизма локуса для любого генетического маркера. Оптимальными показателями, для ассоциативных исследований, обеспечивающих необходимое разнообразие генотипов для установления их связей с показателями производительности является 0,25-0,375 (для диалельных генетических систем). Значение PIC во всех исследуемых группах находятся в указанном диапазоне.

Установлено, что исследуемая популяция свиней (ООО «Дружба-Казначеевка» Днепропетровской области) находится в состоянии близком к генетическому равновесию, рассчитанному по формуле Харди-Вайнберга. Распределение MC4R-аллелей и генотипов свидетельствуют о потенциальной возможности проведения маркерной селекции по основным количественным признакам.

Ключевые слова: свиньи, популяция, генотип, полиморфизм гена, закон Харди-Вайнберга.

Buslyk T.V., Khalak V.I., Pochernyaev K.F., Voloshchuk V.M. Investigating the allele fund of the main herd of pigs and young animals of the universal direction of productivity for the polymorphism of the gene MC4R

The results of PCR-PDRF typing on 1426G> A melocortin-4 (MC4R) receptor gene of sows and boars of the Large White and Landrace breeds, as well as young pigs of the Large White breed (pure breeding received after the scheme the Large White × Landrace (two-breeds industrial crossing).

DNA-typing of animals of the specified origin and sex-age groups was conducted at the Genetics Laboratory of Institute of Pig Production and Agro-Industrial Production of the National Academy of Sciences of Ukraine. For this purpose, the following samples of the biomaterial were used: semen of peduncles, bristles of sows, and pigs from the auricle.

DNA isolation was carried out using Chelex 100 ion exchange resin (Walsh P. S., 1991). For DNA typing, the PCR-PDRF method was used (Kim K. S., 2006).

In all the samples studied, MC4R was polymorphic, with the allele A frequency slightly higher than the allele G, except for the young breeder group (WB × L), where

the allele G frequency was 73.6%. In the sow sample, the allele A frequency was 55.8%, the allele G frequency was 44.2%.

Also calculated is the indicator of the information content of the locus, PIC (Polymorphism Information Content), which determines the level of polymorphism of the locus for any genetic marker necessary for associative research. The best indicators for associative studies that provide the necessary variety of genotypes to establish their links with performance indicators are 0.25 – 0.375 (for dialectical genetic systems). The PIC values in all of the study groups are within the specified range.

It was established that the studied pig population (LLC “Druzhba-Kaznacheyivka” of the Dnipropetrovsk region) is in a state of genetic equilibrium, and the distribution of MC4R alleles and genotypes testifies to the potential for marker breeding to be based on the main quantitative traits.

Key words: pig, population, genotype, gene polymorphism, Hardy-Weinberg law.

УДК 636.4:636.082:575.827

ОСОБЛИВОСТІ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ СВИНЕЙ УКРАЇНСЬКИХ ПОРІД ЗА ПОЛІМОРФІЗМОМ SLA-3 ЛОКУСУ

Нор В.Ю., кандидат сільськогосподарських наук
Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН
36013, м. Полтава, вул. Шведська могила, 1
pigbreeding@ukr.net

Метлицька О.І., доктор сільськогосподарських наук
Огер А.С., аспірант*

Інститут розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця
Київська обл., Бориспільський р-н, с. Чубинське
maestropoltava@rambler.ru

Методом алель-специфічної ПЛП здійснена оцінка міжпородного поліморфізму лейкоцитарного антигену свині (SLA-3). Досліджено особливості структури алелофонду свиней порід велика біла, миргородська, українська степова біла, українська степова ряба та в'стнамський мейшан за чотирма поліморфними сайтами SLA-3-0602, SLA-3-0401, SLA-3-0101 та SLA-3-03cs01. Визначена придатність використаних маркерів у визначенні специфіки порід. Показана необхідність методичного удосконалення існуючих лабораторних підходів щодо визначення алелів SLA та перспективність застосування отриманих генетичних характеристик у програмах збереження зникаючих порід і підтримки біологічного різноманіття

Ключові слова: лейкоцитарний антиген свині (SLA), поліморфізм, алель-специфічна полімеразна ланцюгова реакція (SSP-ПЛП), свині.

Проблема збереження генетичних ресурсів місцевих порід сільськогосподарських тварин, як визначається у звітах міжнародних організацій FAO і SLOW FOOD 2007-2016 років викликана необхідністю збереження культурних традицій, продовольчою безпекою, сталим розвитком сільського господарства а також якістю життя людей у цілому. Важливість збереження біорізноманіття підтверджена Міжнародною конвен-

**Науковий керівник – доктор сільськогосподарських наук Метлицька О.І.*