

*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.*



цією (1 і 6 статті) [1], що підкреслює значення збереження і регіонального використання генетичних ресурсів для сільського господарства і продовольчої безпеки усього світу. Пріоритетними об'єктами охорони в агробіоценозах повинні бути сорти культурних рослин і локальні породи одомашнених тварин. В якості основних науково-методичних засобів, що призначені вирішувати проблему збереження біологічного різноманіття в Україні визначено «...удосконалену систему моніторингу, включаючи інвентаризацію природних ресурсів, ведення кадастрів на основі створення банків даних та інформаційних систем» [2]. Очевидно, що головним завданням при розробці програм збереження зникаючих порід і видів тварин є визначення і розробка методів виявлення їх генетичного різноманіття. В цьому аспекті, найбільш перспективними молекулярно-генетичними маркерами в системі моніторингу малочисельних популяцій тварин можна вважати ті, що ґрунтуються на визначенні поліморфізму генів головного комплексу гістосумісності.

Головний комплекс гістосумісності свиней (МНС) містить гени SLA (лейкоцитарний антиген свині) кластеру I і II. Гени SLA є високо поліморфними, вони кодуєть серію глікопротеїнів, що функціонують на поверхні клітин Т-лімфоцитів і тому є важливими детермінантами імунної реакції свиней на інфекційні захворювання і вакцинацію [3]

Дослідження поліморфізму SLA – є важливим інструментом для дослідження імунних реакцій, стійкості до захворювань, (особливо до умовно-патогенних кишкових інфекцій, які є основною причиною загибелі молодняку на ранніх етапах онтогенетичного розвитку), проявом високого рівня репродуктивних [4] та відгодівельних ознак [5]. Актуальність розробки молекулярно-генетичних систем ранньої діагностики стійкості тварин до колібактеріозів, визначається можливістю підвищення у такий спосіб збереженості молодняку, а отже підвищення рентабельності галузі. Генетична система лейкоцитарного антигену свині також є цінною моделлю для проведення медико-біологічних досліджень, а саме трансплантації органів і тканин. Міжнародним комітетом генетиків і селекціонерів тварин (ISAG) створена систематична номенклатура алелів і генотипів класу I і класу II SLA [6]. Наявна інформація про алелі імунного поліморфізму є у відкритій базі даних (IPD-МНС) [7]. Таким чином, високополіморфна система SLA може бути надійним критерієм щодо оцінки особливостей генетичної структури зникаючих і малочисельних порід і додатковим структурним елементом їх генетичної паспортизації, ідентифікації та вирішення нагальних проблем збереження генофонду.

Аналіз публікацій вітчизняних і зарубіжних науковців за останні роки [8-13] підтверджує тезис про можливість впровадження в систему племінної справи у свинарстві України елементів маркер-асоційованої селекції, що ґрунтується на визначенні генотипів з високим потенціалом бажаних продуктивних ознак. В цьому контексті, ДНК-маркери SLA локусу можуть створити основу моніторингу і системи селекційного поліпшення порід і популяцій свиней, переважно зникаючих аборигенних. Відомо, що цінність місцевих порід свиней визначається їх високими адаптивними властивостями до місцевих умов розведення, насамперед стійкістю до збудників інфекційних захворювань. Таким чином, пошук унікальних генних комплексів алелів SLA місцевих порід складатиме вагомий підґрунтя доцільності їх збереження *in situ* та *ex situ*.

Виходячи з вищенаведених даних, метою нашої роботи було визначення особливостей генетичної структури локальних порід і популяцій свиней України за поліморфізмами SLA.

**Матеріали та методи досліджень.** Весь обсяг проведених досліджень був здійснених на вибірках свиней миргородської породи з Державного підприємства «Дослідне господарство імені Декабристів» Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН (ДП «ДГ імені Декабристів Інституту свинарства і АПВ НААН», Полтавська область) (n=48), української степової рябої породи з Державного підприємства «Дослідне господарство Інституту тваринництва степових районів імені М.Ф. Іванова «Асканія-Нова» – Національного наукового селекційно-генетичного



центру з вівчарства» (ДП «ДГ ІТСП – ННСГЦВ», Херсонська область) (n=12), велика біла порода з племінного репродуктора ПСП «Дзвеняче» с. Дзвеняче, Тетіївського району, Київської області (n=17), українська степова біла (n=10) та в'єтнамський мейшан (n=10) – з банку ДНК лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН. Для проведення молекулярно-генетичних досліджень від піддослідних тварин були відібрані зразки біоматеріалу (венозна кров, щетина із волосяними цибулинами, вушні вищипи, сперма кнурів). Для виділення геномної ДНК зі зразків була застосована йоннообмінна смола Chelex-100 [14]. Для SLA генотипування використовували метод ПЛП-SSP (sequence specific primers) згідно методик авторів [15] з власними модифікаціями. В основі методу лежить полімеразна ланцюгова реакція з алель-специфічними праймерами, структура яких наведена у таблиці 1.

### 1. Структура праймерів для генотипування свиней за локусами SLA

№№ з/п	Назва локусу	Назва алеля (ISAG)	Структура праймерів	Розмір фрагменту
11	SLA-3	03cs01	Forward: 5'- GCTCTTCCTCCACGGGTACCA -3'	185 п.н
			Reverse: 5'- GGAGCCACTCCACACACGC -3'	
22	SLA-3	0602	Forward: 5'- GCGACGTCGGGCCAGACT -3'	154 п.н
			Reverse: 5'- GCATCGGCCGCCTCCCT -3'	
33	SLA-3	0101	Forward: 5'- TCGCGGGTACAGTCAGTTTGG -3'	217 п.н
			Reverse: 5'- TGCGTGCTGCAGCGTGTAT -3'	
44	SLA-3	0401	Forward: 5'- GGAAGCCCCGTTTCATCGAA -3'	209 п.н
			Reverse: 5'- CTGGTTGTAGTAGCCGCGCAGGTTT -3'	
55	α- Actin	«+» контроль	Forward: 5'- CGCCATGTGTGACGAAGACGAGACC -3'	516 п.н
			Reverse: 5'- CACGTACATGGCGGGCACGTTGAAG -3'	

Алель-специфічна ампліфікація проводилася за наступною схемою: в 0,5-мл пробірки типу Eppendorf вносили реакційну суміш (15 мкл) наступного складу: реакційний буфер (16,6 ммоль/мл (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>; 67,0 ммоль/мл Тріс-НCl (водневий показник – 8,8 одиниць рН за температури 25±0,30С); 0,01%-ий Tween-20; 2,0 ммоль/мл хлориду магнію; 2 ммоль/мл кожної dNTP) – 1,5 мкл;

- 100 пМ праймеру – (0,2-0,5) мкл;
- від 2 до 4 одиниць активності Таq-полімерази – (0,1-0,2) мкл;
- (1-2нг) ДНК-зразка – (1-3) мкл;
- вода дейонізована (в необхідній кількості до досягнення загального об'єму суміші 15 мкл).

Електрофоретичне розділення ампліфікованих ділянок ДНК в техніці ПЛП-SSP у форматі мультиплекс проводилось у 2 %-му агарозному гелі у тріс-боратному електрофорезному буфері (ТВЕ: 0,0879 М Тріс, 0,089 М борна кислота, 0,002 М ЕДТА рН 8,0), згідно методичних рекомендацій [16]. Для контролю за розмірами отриманих в результаті ампліфікації фрагментів використовувалися маркери молекулярної розміру: pUC19/MspI і O'GeneRuler™ 100 bp DNA Ladder виробництва «Fermentas» (Вільнюс, Латвія), що дозволяє проводити контроль за розмірами ДНК-фрагментів у діапазоні молекулярних розмірів від 50 до 1000 п.н.

Статистична обробка результатів досліджень проводилась методами математичної статистики, за використання комп'ютерної програми GenAlex 6.0. [17].

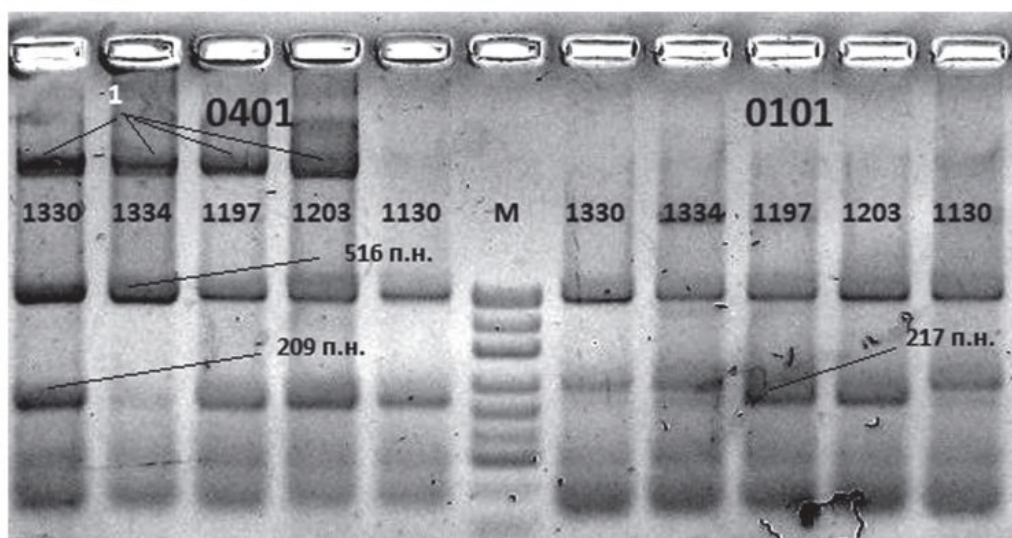
**Результати й обговорення.** Молекулярно-генетичний аналіз з визначення алелів головного комплексу гістосумісності свиней за чотирма поліморфізмами SLA-3 показав суттєву відмінність досліджених порід за обраними маркерами (таблиця 2).

## 2. Частоти розповсюдження алелів локусу SLA-3 у вибірках свиней різних порід

Породи свиней	Частота алеля SLA-3-0602	Частота алеля SLA-3-0401	Частота алеля SLA-3-0101	Частота алеля SLA-3-03cs01
В'єтнамський мейшан	0,00 <sup>a</sup>	1,00	1,00 <sup>a</sup>	0,20
Миргородська	0,21	0,77	0,44	0,00
Українська степова біла	0,30	1,00	0,10	0,40
Українська степова ряба	0,30	0,40	0,20	0,30
Велика біла	1,00*	1,00	0,00*	0,00

Примітка: \* -  $p < 0,05$

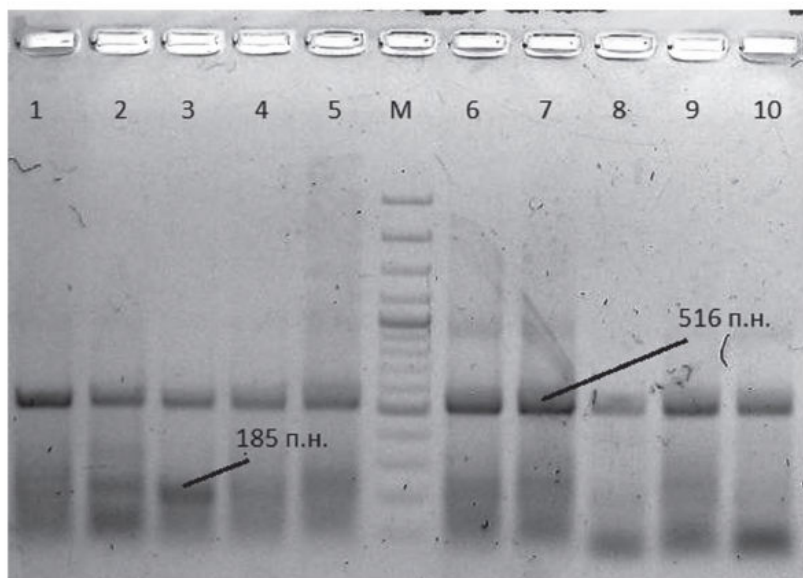
У дослідженій вибірці свиней миргородської породи виявили відсутність алеля SLA-3-03cs01, в той час як за маркерними системи SLA-3-0602, SLA-3-0401 та SLA-3-0101 досліджені тварини були поліморфними, з частотою носіїв відповідних алелів 21%, 77% та 44%. Також при визначенні алелів тварин за SLA-3-0401 внаслідок проведення ПЛР з алель-специфічними праймерами, на електрофореграмах виявлялися високомолекулярні неспецифічні продукти синтезу, що може бути наслідком низької чистоти, нативності та концентрації використаної геномної ДНК. Для усунення артефактів ПЛР необхідне емпіричне корегування умов перебігу ампліфікації, застосування в реакції ДНК від піддослідних тварин високої якості, підбір оптимального складу компонентів реакційної суміші та зміна температурного режиму синтезу, що є одним із завдань наступних досліджень (рисунок 1). За зазначеним поліморфним сайтом SLA-3-0401 тварини порід велика біла і мейшан характеризувались мономорфністю, проте у представників аборигенної малочисельної породи українська степова ряба частота цього алеля не перевищувала 40%. Відмітимо, що генетична структура тварин породи в'єтнамський мейшан суттєво відрізнялася від популяційних характеристик, отриманих для тварин місцевих українських порід за чотирма сайтами SLA. Найбільші статистично значущі відмінності зафіксовані нами для частот алелів SLA-3-0602 та SLA-3-0101: перший із названих алелів був відсутній у тварин породи мейшан за його 100% присутності у свиней великої білої породи, другий – зустрічався у всіх тварин породи мейшан і був відсутній у виборці свиней великої білої породи ( $p < 0,05$ ). Не виключно, що генетична структура свиней великої білої породи, обраних для дослідження в ПСП «Дзвеняче», практично не містить генних комплексів, властивих тваринам азійського походження, до яких відноситься в'єтнамський мейшан.



**Рисунок 1.** Електрофореграма розділення продуктів ампліфікації локусів SLA-3-0401 та SLA-3-0101 у 2%-у агарозному гелі. 1 – неспецифічні фрагменти ПЛР, 1330, 1334, 1197, 1203, 1130 – продукти ампліфікації SLA-3-0401 та SLA-3-0101, M – маркер молекулярного розміру pUC19/MspI.

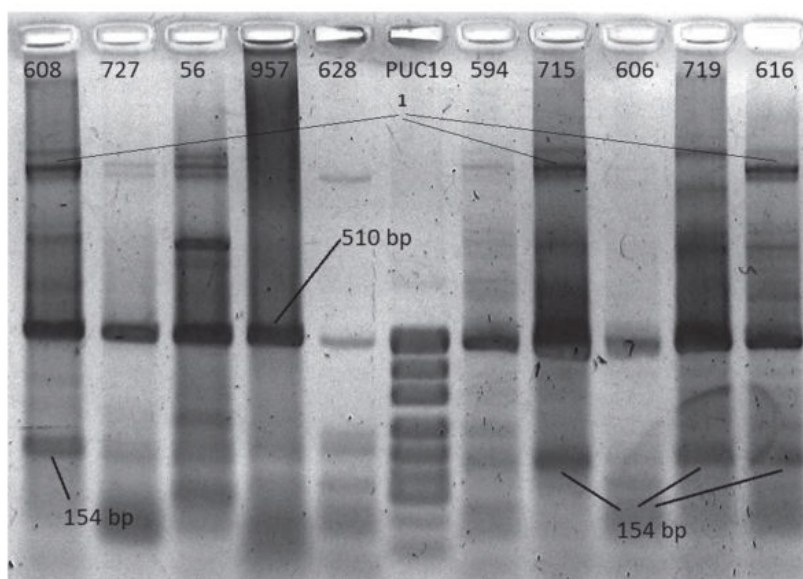


На відміну від вибірки свиней миргородської породи, мікропопуляція в'єтнамського мейшана виявилася мономорфною за SLA-3-0602, SLA-3-0401 та SLA-3-0101 (тварин-носіїв алеля 0602 виявлено не було, за 0401 та 0101 поліморфізмами 100% особин мали досліджувані алелі) і лише SLA-3-03cs01 був поліморфним з 20%-ю часткою свиней з цим алелем (рисунок 2).



**Рисунок 2.**  
Електрофореграма розділення продуктів ампліфікації 03cs01у 2%-у агарозному гелі. 1 – 10 – продукти ампліфікації SLA-03cs01, М – маркер молекулярного розміру O'GeneRuler™ 100 bp DNA Ladder.

За результатом молекулярно-генетичного аналізу вибірки тварин української степової рябої породи було показано, що частота алеля SLA-3-0602 склала як і у тварин української степової білої породи 30%, а фрагмент SLA-3 локусу з розміром 209 п.н. (алель 0401) виявив ознаки генетичного поліморфізму у цих тварин і зустрічався з частотою 40%, в той час як мікропопуляція української степової білої породи виявилася мономорфною (0401 – 100%). Генотипування за локусом SLA-3-0602 також показало появу неспецифічних фрагментів ампліфікації за проведення реакції, згідно методичних вказівок авторів [15] (рисунок 3). Таким чином можна відзначити, що технологія SSP вимагає застосування в реакції ампліфікації ДНК високого ступеня чистоти і нативності, жорстких температурних умов ампліфікації у залежності від складу реакційної суміші. Не виключним є невдалий підбір авторами методики структури самих праймерів, що не забезпечують їх локус-специфічного випалювання в сайтах одноклеотидних замін. Це вимагає перегляду запропонованих конфігурацій праймерів за використання стандартного програмного забезпечення PRIMER-BLAST [18].



**Рисунок 3.**  
Електрофореграма розділення продуктів ампліфікації локусу SLA-3-0602 у 2%-у агарозному гелі. 1 – неспецифічні фрагменти ПЛР, 608,727,56,957,628,594,715,606,719,616 – продукти ампліфікації SLA-3-0602, М – маркер молекулярного розміру pUC19/MspI.



За поліморфізмами SLA-3-0101 та SLA-3-03cs01 свині порід українська степова ряба та українська степова біла виявилися генетично поліморфними з часткою тваринності в алелю 0101 20% і 10%, а алелю 03cs01 – 30% і 40% відповідно. Вважаємо за необхідне зазначити суттєві відмінності цих порід за частотою розповсюдження SLA-3-0401 алеля: він був визначений у всіх досліджених тварин української степової білої породи, тоді як його наявність характеризували лише 40% тварин української степової рябої породи. Отже, ми отримали іще одне генетичне підтвердження існування породної специфічності українських степових білих та українських степових рябих свиней, що поряд із отриманими профілями гаплотипів за мтДНК [19] є додатковим аргументом проти пропозицій деяких українських селекціонерів з приводу об'єднання цих зникаючих степових порід свиней в об'єднану популяцію.

Характер розподілу алелів за усіма обраними для дослідження поліморфізмами локусу лейкоцитарного антигену свині (SLA-3) показав моноформність вибірки тварин великої білої породи, з тією особливістю, що носіїв алелів SLA-3-0101 та SLA-3-03cs01 виявлено не було, а за SLA-3-0602 та SLA-3-0401 100% особин мали у своєму генотипі відповідні алелі. Цей факт очевидно пов'язаний з тим, що обрана для дослідження група свиней була високопродуктивною та відселекціонована за основними показниками продуктивності, що і підтверджується вихідними зоотехнічними даними з документів племінного обліку господарства. Також, ймовірно, що генетична гомогенність тварин великої білої породи племзаводу «Дзвеняче» є нащадками обмеженої кількості термінальних кнурів плідників імпортової селекції, завезених у господарство з метою покращення відгодівельних якостей тварин.

**Висновки.** Одержано фрагментарні попередні дані стосовно особливостей розповсюдження алелів SLA у представників аборигенних порід України. Власне модифікована лабораторна методика визначення алелів SLA-3 в мультиплексній технології SSP потребує подальшого вдосконалення для усунення неспецифічних продуктів ПЛР ампліфікації з обраними праймерами. Виявлення ДНК-поліморфізму і породної специфічності SLA алелофонду тварин місцевих локальних порід створює перспективи щодо використання створеної методики алельної ідентифікації в якості додаткового інструменту генетичної паспортизації аборигенних і зникаючих порід свиней України в програмах із збереження їх генофонду.

## БІБЛІОГРАФІЯ

1. United Nations Treaty Collection. 1992. "Convention on biological diversity. Rio de Janeiro". Accessed June 5.  
[https://treaties.un.org/doc/Treaties/1992/06/19920605%200844%20PM/Ch\\_XXVII\\_08p.pdf](https://treaties.un.org/doc/Treaties/1992/06/19920605%200844%20PM/Ch_XXVII_08p.pdf)
2. Кабінет міністрів України. 2011. Про концепцію збереження біологічного різноманіття України. Постанова від 12.05.1997., №439, із змінами і доповненнями від 12.10.2011., №1048.
3. Ando, A., H. Kawata, A. Shigenari, T. Anzai, M. Ota, Y. Katsuyama, M. Sada, R. Goto, S. Takeshima, Y. Aida, T. Iwanaga, N. Fujimura, Y. Suzuki, T. Gojobori and H. Inoko. 2003. "Genetic polymorphism of the swine major histocompatibility complex (SLA) class I genes, SLA-1, -2 and -3." *Immunogenetics* 55: 583–93.
4. Renard, C. and M. Vaiman. 1989. "Possible relationships between SLA and porcine reproduction." *Reprod. Nutr. Dev.* 29: 569–76.
5. Gautschi, C. and C. Gaillard. 1999. "Influence of major histocompatibility complex on reproduction and production traits in swine." *Anim. Genet.* 21: 161–70.
6. Smith, D., J. Lunney, C. S. Ho, G. W. Martens, A. Ando, J. H. Lee, L. Schook, C. Renard and Chardon P. 2005. "Nomenclature for factors of the swine leukocyte antigen class II system." *Tissue Antigens* 66:623–39.



7. Ellis, S., R. E. Bontrop, D. F. Antczak, K. Ballingall, C. J. Davies, J. Kaufman, L. J. Kennedy, J. Robinson, D. M. Smith, M. J. Stear, R. J. Stet, M. J. Waller, L. Walter and S. G. Marsh. 2005. "ISAG/IUIS-VIC Comparative MHC Nomenclature Committee report." *Immunogenetics* 57: 953–58.
8. Рудоман, Г., В. Балацький та В. Нор. 2016. "Аналіз поліморфізму гена MUC4, асоційованого із стійкістю свиней вітчизняної і зарубіжної селекції до колібактеріозу." *Розведення і генетика тварин. Міжвідомчий науковий збірник* 51:200-05.
9. Vukoukalová, Z., A. Knoll, J. Dvorák and S. Cepica. 2006. "New SNPs in the IGF2 gene and backfat thickness and lean meat content in Large White pigs." *J. Anim. Breed. Genet.* 123:204-07.
10. Балацький, В. та К. Почерняєв. 2005. "Використання ДНК-типуювання в практиці селекційно-плеємінної роботи." *Вісник Полтавської державної аграрної академії* 3:25–6.
11. Лядський, І. та К. Почерняєв. 2009. "Поліморфізм гена hmgal в різних популяціях свиней великої білої породи України." *Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України* 138:269–72.
12. Dekkers, J. C. M. 2012. "Application of genomics tools to animal breeding." *Curr. Genomics* 13: 207-12.
13. Piyasatian, N., R. L. Fernando, and J. C. M. Dekkers. 2012. "QTL detection and marker-assisted composite line development." *Livestock Sci.* 143: 233-41.
14. 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* 10:506-09.
15. Ho, C. S., E. S. Rochelle, G. W. Martens, L. B. Schook and D. M. Smith. 2006. "Characterization of swine leukocyte antigen polymorphism by sequence-based and PCR-SSP methods in Meishan pigs." *Immunogenetics* 58:873–82.
16. Маниатис, Т., Э. Фрич и Дж. Сэмбрук. 1984. *Молекулярное клонирование*. Москва. Мир.
17. Peacall, R. and P. E. Smouse. 2006. "GENALEX 6: genetic analysis in Excel Population genetic software and research." *Molecular Ecology Notes*. 6:288-95.
18. Altschul, S. F., W. Gish, W. Miller, E. W. Myers and D. J. Lipman. 1990. "Basic local alignment search tool." *J. Mol. Biol.* 215:403–10.
19. Почерняєв, Костянтин. 2017. "Поліморфізм мітохондріальної та Y хромосомної ДНК свині" Автореферат д. с.-г. наук. Інститут розведення і генетики тварин імені М. В. Зубця НААН.

## REFERENCES

1. United Nations Treaty Collection. 1992. Convention on biological diversity. Rio de Janeiro. Accessed June 5.  
[https://treaties.un.org/doc/Treaties/1992/06/19920605%200844%20PM/Ch\\_XXVII\\_08p.pdf](https://treaties.un.org/doc/Treaties/1992/06/19920605%200844%20PM/Ch_XXVII_08p.pdf)
2. Kabinet ministriv Ukrayiny. 2011. Pro kontseptsiyu zberezhennya biolohichnoho riznomanittya Ukrayiny. Postanova vid 12.05.1997., №439, iz zminamy i dopovnennyamy vid 12.10.2011., №1048. (in Ukrainian).
3. Ando, A., H. Kawata, A. Shigenari, T. Anzai, M. Ota, Y. Katsuyama, M. Sada, R. Goto, S. Takeshima, Y. Aida, T. Iwanaga, N. Fujimura, Y. Suzuki, T. Gojobori and H. Inoko. 2003. "Genetic polymorphism of the swine major histocompatibility complex (SLA) class I genes, SLA-1, -2 and -3." *Immunogenetics* 55: 583–93.
4. Renard, C. and M. Vaiman. 1989. Possible relationships between SLA and porcine reproduction. *Reprod. Nutr. Dev.* 29: 569–76.
5. Gautschi, C. and C. Gaillard. 1999. Influence of major histocompatibility complex on reproduction and production traits in swine. *Anim. Genet.* 21: 161–70.



6. Smith, D., J. Lunney, C. S. Ho, G. W. Martens, A. Ando, J. H. Lee, L. Schook, C. Renard and Chardon P. 2005. Nomenclature for factors of the swine leukocyte antigen class II system. *Tissue Antigens* 66:623–39.
7. Ellis, S., R. E. Bontrop, D. F. Antczak, K. Ballingall, C. J. Davies, J. Kaufman, L. J. Kennedy, J. Robinson, D. M. Smith, M. J. Stear, R. J. Stet, M. J. Waller, L. Walter and S. G. Marsh. 2005. ISAG/IUIS-VIC Comparative MHC Nomenclature Committee report. *Immunogenetics* 57: 953–58.
8. Rudoman, H. S., V. M. Balats'kyi ta V. Yu. Nor. 2016. Analiz polimorfizmu hena MUC4, asotsiyovanoho iz stiykistyvu svyney vitchyznyanoi i zarubizhnoyi selektsiyi do kolibakteriozu – Analysis of polymorphism in Mucin 4 gene associated with animal resistance to colibacillosis in pigs of domestic and foreign selections. *Rozvedennya i henetyka tvaryn. – Animal breeding and genetics*. 51:200-05. (in Ukrainian).
9. Vykoukalová, Z., A. Knoll, J. Dvůrák and S. Cepica. 2006. New SNPs in the IGF2 gene and backfat thickness and lean meat content in Large White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:204-07.
10. Balats'kyi, V. ta K. Pochernyayev. 2005. Vykorystannya DNK-typuvannya v praktytsi selektsiyno-pleminnoi roboty – The use of DNA typing in the practice of breeding and breeding work. *Visnyk Poltav's'koyi derzhavnoi ahrarnoyi akademiyi – Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*. 3:25–6 (in Ukrainian).
11. Lyads'kyi, I. ta K. Pochernyayev. 2009. Polimorfizm hena hmgal v riznykh populyatsiyakh svyney velykoyi biloyi porody Ukrayiny – Polymorphism of the hmgal gene in different populations of large white pigs in Ukraine. *Naukovyy visnyk Natsional'noho universytetu bioresursiv i pryrodokorystuvannya Ukrayiny – Scientific bulletin of National university of life and environmental sciences of Ukraine*. 138:269–72 (in Ukrainian).
12. Dekkers, J. C. M. 2012. Application of genomics tools to animal breeding. *Curr. Genomics* 13: 207-12.
13. Piyasatian, N., R. L. Fernando, and J. C. M. Dekkers. 2012. QTL detection and marker-assisted composite line development. *Livestock Sci.* 143: 233-41.
14. 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* 10:506-09.
15. Ho, C. S., E. S. Rochelle, G. W. Martens, L. B. Schook and D. M. Smith. 2006. Characterization of swine leukocyte antigen polymorphism by sequence-based and PCR-SSP methods in Meishan pigs. *Immunogenetics* 58:873–82.
16. Maniatis, T., E. Fritsch i J. Sambrook. 1984. *Molekulyarnoe klonirovanie*. Moskva. Mir, 480 (in Russian).
17. Peacall, R. and P. E. Smouse. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel Population genetic software and research. *Molecular Ecology Notes*. 6:288-95.
18. Altschul, S. F., W. Gish, W. Miller, E. W. Myers and D. J. Lipman. 1990. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215:403–10.
19. Pochernyayev, Kostyantyn. 2017. “Polimorfizm mitokhondrial'noyi ta Y khromosomnoyi DNK svyni” Avtoreferat d. s.-h. nauk. Instytut rozvedennya i henetyky tvaryn imeni M. V. Zubtsya NAAN (in Ukrainian).

**Нор В. Ю., Метлицкая Е. И., Огер А. С.** Особенности генетической структуры свиней украинских пород по полиморфизму SLA-3 локуса  
 Методом аллель-специфической ПЦР осуществлена оценка межпородного полиморфизма лейкоцитарного антигена свиньи (SLA-3). Исследованы особенности структуры аллелофонда свиней пород крупная белая, миргородская, украинская степная белая, украинская степная рябая и вьетнамский мэйшан по четырем полиморфным сайтам SLA-3-0602, SLA-3-0401, SLA-3-0101 и SLA-3-



*03cs01. Установлена пригодность использованных маркеров в определении специфичности пород. Показана необходимость методического усовершенствования существующих лабораторных подходов к определению аллелей SLA и перспективность применения полученных генетических характеристик в программах сохранения исчезающих пород и поддержки биологического разнообразия.*

*Ключевые слова: лейкоцитарный антиген свиньи (SLA), полиморфизм, аллель-специфическая полимеразная цепная реакция (SSP-ПЦР), свиньи.*

**Nor V.Yu., Metlytska O.I., Oger A.S.** Peculiarities of the genetic structure of pigs of Ukrainian breeds by polymorphism of SLA-3 locus

*By the allele-specific PCR method, the inter-breed polymorphism of porcine leukocyte antigen (SLA-3) was evaluated. The structural features of the allele fund of pigs of large white, Mirgorod, Ukrainian steppe white, Ukrainian steppe pockmarked and Vietnamese meishan on the four polymorphic sites SLA-3-0602, SLA-3-0401, SLA-3-0101 and SLA-3-03cs01 were studied. The suitability of the used markers in determining the specifics of the breeds was established. The need for methodological improvement of existing laboratory approaches for the determination of SLA alleles and the promise of applying the obtained genetic characteristics to programs for the conservation of endangered species and support of biological diversity are shown.*

*Key words: leukocyte pig antigen (SLA), polymorphism, allele-specific polymerase chain reaction (SSP-PCR), pigs.*