

НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
ІНСТИТУТ СВИНАРСТВА І АГРОПРОМИСЛОВОГО ВИРОБНИЦТВА

Кваліфікаційна наукова праця
на правах рукопису

МАТІЮК ВАЛЕРІЯ ВАЛЕРІЇВНА

УДК 636.4.082.22

**ВИКОРИСТАННЯ ГЕНЕТИЧНИХ МАРКЕРІВ ДЛЯ ПОКРАЩЕННЯ
ВІДТВОРЮВАЛЬНИХ ОЗНАК СВИНОМАТОК РІЗНИХ ПОРІД**

204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва»

20 Аграрні науки та продовольство

Подасться на здобуття наукового ступеня доктора філософії

Дисертація містить результати власних досліджень. Використання ідей,
результатів і текстів інших авторів мають посилання на відповідне

джерело



В.В. Матіюк

Науковий керівник – Сасенко Артем Михайлович, кандидат
сільськогосподарських наук, старший дослідник

АНОТАЦІЯ

Матіюк В.В. Використання генетичних маркерів для покращення відтворювальних ознак свиноматок різних порід. – Кваліфікаційна наукова праця на правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора філософії за спеціальністю 204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва». Інститут свинарства і агропромислового виробництва Національної академії аграрних наук. України, Полтава, 2025.

На основі використання молекулярно-генетичних маркерів розвивається маркер-асоційована селекція, яка дозволяє здійснювати більш точний відбір завдяки ідентифікації особин, що є носіями бажаних алелів, ще на ранніх стадіях розвитку. Цей підхід дозволяє виключити вплив факторів довкілля на оцінку тварин і значно скоротити час селекційного процесу у свинарстві. Зокрема, маркер-асоційована селекція є важливою для підвищення ефективності селекційних програм у свинарстві.

У дисертаційній роботі наведено та експериментально і науково обгрунтовано вирішення проблематики із підвищення відтворювальних ознак свиноматок миргородської, полтавської м'ясної та свиней породи уельс шляхом аналізу їх популяційно-генетичної структури за генами *ESR1*, *PRLR* та гаплотипами мтДНК, генетичних дистанцій та пошуку асоціативних зв'язків із окремими показниками відтворювальних ознак свиноматок. Науково обгрунтовано відбір свиноматок за бажаними генотипами за генами *ESR1* та *PRLR* в результаті якого отримуються тварини генетично більш цінні із покращеними відтворювальними якостями, що призводить до отримання суттєвого економічного ефекту від маркер-асоційованої селекції у свинарстві.

Дослідження за темою дисертаційної роботи були проведені у продовж 2022-2025 років та виконані на базі лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН, що має свідоцтво про відповідність

стану систем вимірювань ДСТУ ISO 10012:2005, № 039-22, від 03 червня 2022 року.

У дисертаційній роботі використовували наступні методи дослідження: молекулярно-генетичні, біометричні, зоотехнічні, економіко-математичні.

Експериментально і науково обґрунтовано питання вирішення проблематики із підвищення відтворювальних ознак свиноматок миргородської, полтавської м'ясної та свиней породи уельс. Вперше проведено комплексний аналіз мітохондріальних гаплотипів у трьох породах. Уперше проведено комплексний аналіз мітохондріальних гаплотипів миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід, що дозволив встановити популяційний склад порід, що складається із 20% інших гаплотипів в миргородській породі, 10% гаплотипів великої білої породи свиней у полтавській м'ясній породі. Визначено та проаналізовано генетичні відстані за *ESRI* та *PRLR* у групах досліджуваних порід, що дозволило чітко окреслити два кластери: (полтавська м'ясна + уельс) та миргородська порода, що вказує на можливість спрямованого схрещування.

Уперше показано можливість використання мітохондріальних гаплотипів як додаткових маркерів до *ESRI* для прогнозування відтворювальних показників, а також доведено, що *PRLR* може використовуватись незалежно від материнської лінії. У межах досліджуваних порід проведено розрахунок потенційного економічного ефекту від селекції за *ESRI* і *PRLR*, що дозволяє доводити не лише біологічні, а й господарські переваги генетичного відбору.

Отримано оцінку алельної структури та селекційного тиску за *ESRI* та *PRLR*, що суттєво розширюють базу даних щодо встановлених частот алелів та генотипів, визначено рівновагу за Гарді–Вайнбергом і виявлено ознаки селекційного тиску за *PRLR* у породи уельс. Отримані дані формують молекулярно-генетичний профіль кожної дослідженої породи.

Визначено інформативність маркерів *ESRI* і *PRLR*. Обґрунтовано, що рівень поліморфізму (PIC 0,31–0,37) цих локусів забезпечує достатню інформативність для їх використання в селекційній практиці, включно з маркерною селекцією за відтворювальними ознаками. Удосконалено методики ДНК-типуювання генів

ESR1 та *PRLR* в рамках досліджуваних порід, розроблено та верифіковано оптимізований протокол ПЛР-ампліфікації цільових локусів, що забезпечив високу специфічність та відтворюваність результатів типування.

В роботі встановлені статистично значущі відмінності за окремими репродуктивними ознаками при порівнянні свиней різних порід. В межах однієї породи виявлено статистично достовірні відмінності між генотипами лише за деякими досліджуваними ознаками. Це може означати, що репродуктивний потенціал є полігенною ознакою, сформованою взаємодією багатьох генів.

Свиноматки миргородської породи із гаплотипами мтДНК - В2 та С/В2 мали значно вищі значення маси приплоду при відлученні (78,25 кг та 73 кг відповідно) та маси одного поросяти при відлученні (8,46 кг та 8,31 кг), що також свідчить про сприятливий вплив цих гаплотипів на ріст молодняка. Найнижчі середні значення більшості показників, включно з кількістю живих поросят при народженні (9 гол.) та індексу СІВЯС (72,76), були зафіксовані у свиноматок з гаплотипом В1, який є найпоширенішим у вибірці. Незважаючи на відсутність статистичної значущості, зазначені тенденції вказують на можливий вплив мітохондріальних варіантів на реалізацію відтворювального потенціалу свиноматок.

Незважаючи на незначну варіативність між групами, статистично значущих відмінностей між тваринами з різними гаплотипами мітохондріальної ДНК не виявлено і у полтавської м'ясної породи. Проте результати дозволяють виявити деякі практично важливі тенденції: тварини з гаплотипом В1, який є найпоширенішим у вибірці, демонструють стабільно високі значення продуктивності майже за всіма показниками. Гаплотипи О і С виявили себе як потенційно продуктивні за рядом ознак (кількість поросят, маса поросят при народженні та відлученні).

Прогнозований економічний ефект від селекції досліджених порід за *ESR1* та *PRLR* генами на багатоплідність вказує, що від миргородської породи свиней за *ESR1*^{BB} та *PRLR*^{BB} можна отримати прибавку у порівнянні із свинями із іншими генотипами у розмірі 1049,58 та 871,37 грн., відповідно. Свині полтавської

м'ясної породи із генотипами *ESRI*^{BB} та *PRLR*^{AA} дадуть 1617,24 та 94,08грн. прибавку, відповідно. Суттєво більший ефект від відбору свиней за *ESRI*^{BB} та *PRLR*^{AA} встановлено у свиней породи уельс 1574,84 та 4935,23 грн., відповідно.

Отже, комплексне дослідження впливу мітохондріальних гаплотипів та ядерних маркерів у трьох досліджуваних породах відкриває перспективу оцінки подібних асоціацій у світовій практиці селекції. Зокрема, у породах велика біла, ландрас, мейшан, тощо зафіксовано статистично значущий вплив мітохондріальних варіантів на параметри приплоду та виживаність. Подібним чином отримані дані по *ESRI* і *PRLR* у полтавській м'ясній та уельській породах ($r \approx 0,3$; $p < 0,05$) підтверджують загальну тенденцію: ген *ESRI* позитивно впливає на продуктивність приплоду, тоді як *PRLR* може використовуватися як маркер незалежно від лінійного походження. У той же час, ці результати відрізняються від даних по порідному формуванню в Азії, де переважають інші алельні варіанти. Тому, надалі доцільно порівняти відтворювальну здатність популяцій із різними гаплогрупами для визначення універсальних і породоспецифічних маркерів, що додатково підсилить методи прецизійної селекції в Україні.

В результаті проведених досліджень надано пропозиції щодо використання генетичних маркерів для покращення відтворювальних ознак свиноматок різних порід, а саме: при проведенні селекційної роботи в межах чистопорідного розведення або при плануванні відтворювальних пар доцільно враховувати розподіл гаплотипів мітохондріальної ДНК та генотипів ядерних генів *ESRI* і *PRLR*, що асоційовані з відтворювальними ознаками. Це дозволить формувати високопродуктивне поголів'я з покращеними відтворювальними характеристиками, особливо за багатоплідністю і масою приплоду. Виявлені відмінності у розподілі генотипів між миргородською та полтавською м'ясною породами свідчать про доцільність використання міжпородного схрещування. Особливу увагу слід звертати на комбінації алелів *ESRI* та *PRLR*, що демонструють потенціал до покращення кількісних відтворювальних показників. Також, це може бути корисним у програмах збереження та

відновлення чисельності локальних популяцій. Для підвищення багатоплідності свиноматок порід миргородська, полтавська м'ясна та уельс доцільно здійснювати селекційний добір тварин із гомозиготними генотипами за генами рецепторів пролактину $PRLR^{AA}$ та естрогену 1 - $ESRI^{BB}$, які виявляють позитивні асоціації з кращими показниками відтворення (зокрема: багатоплідністю, масою гнізда поросят при відлученні, рівнем індексу СІВЯС тощо).

Ключові слова: свині, продуктивність, генотип, багатоплідність, генетичні маркери, SNP, поліморфізм, відтворювальні ознаки, розмір гнізда, свиноматки, породи, економічна ефективність, схрещування, індекс.

ABSTRACT

Matiuk V.V. *Use of Genetic Markers for the Improvement of Reproductive Traits in Sows of Different Breeds.* – Qualification scientific manuscript.

Dissertation submitted for the degree of Doctor of Philosophy in the specialty 204 "Technology of Production and Processing of Livestock Products." Institute of Pig Breeding and Agro-Industrial Production of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, Poltava, 2025.

The application of molecular genetic markers forms the basis of marker-assisted selection (MAS), which enables more accurate selection through early identification of individuals carrying favorable alleles. This approach minimizes the influence of environmental factors on animal evaluation and significantly shortens the breeding cycle in pig production. Marker-assisted selection is particularly important for enhancing the effectiveness of breeding programs in swine.

This dissertation presents a scientifically substantiated and experimentally validated approach to improving the reproductive traits of sows of the Myrhorod, Poltava Meat, and Welsh breeds through the analysis of their population-genetic structure using $ESRI$, $PRLR$ genes, mtDNA haplotypes, genetic distances, and the identification of associations with specific reproductive indicators. A rationale is

provided for the selection of sows with favorable genotypes at the *ESRI* and *PRLR* loci, which leads to genetically superior animals with improved reproductive performance and a significant economic benefit from MAS in pig breeding.

Research was conducted between 2022 and 2025 at the Genetics Laboratory of the Institute of Pig Breeding and Agro-Industrial Production of NAAS, certified for compliance with DSTU ISO 10012:2005, certificate No. 039-22, issued on June 3, 2022.

The study employed molecular-genetic, biometric, zootechnical, and economic-mathematical methods. The problem of improving sow reproductive traits in the Myrhorod, Poltava Meat, and Welsh breeds was addressed experimentally and scientifically. For the first time, a comprehensive analysis of mitochondrial haplotypes in these three breeds was conducted. It was found that the Myrhorod population includes 20% of other haplotypes, while the Poltava Meat breed includes 10% of Large White haplotypes. Genetic distances based on *ESRI* and *PRLR* loci were calculated, revealing two clusters: (Poltava Meat + Welsh) and Myrhorod, suggesting the potential for targeted crossbreeding.

The study demonstrated the potential use of mitochondrial haplotypes as supplementary markers to *ESRI* for predicting reproductive traits, and confirmed that *PRLR* can serve as an independent marker irrespective of maternal lineage. The economic effect of selection for *ESRI* and *PRLR* was evaluated, proving both biological and economic advantages of genetic selection.

Allelic structures and selection pressures at *ESRI* and *PRLR* were analyzed, revealing Hardy–Weinberg equilibrium and selection pressure at *PRLR* in the Welsh breed. These findings contribute to the molecular-genetic profiles of each studied breed.

The polymorphism information content (PIC) of *ESRI* and *PRLR* markers (0.31–0.37) confirms their informativeness for use in selection, particularly for reproductive traits. DNA-typing protocols for *ESRI* and *PRLR* were improved, and an optimized PCR protocol for these loci was developed and validated, ensuring high specificity and repeatability.

Statistically significant differences in certain reproductive traits were found between breeds. Within individual breeds, genotype-based differences were significant only for some traits, suggesting that reproductive potential is polygenic and influenced by multiple gene interactions.

Myrhorod sows with mtDNA haplotypes B2 and C/B2 showed higher litter weights at weaning (78.25 kg and 73 kg, respectively) and higher average piglet weight at weaning (8.46 kg and 8.31 kg), indicating a beneficial influence of these haplotypes on offspring growth. In contrast, sows with haplotype B1 had the lowest values for several reproductive traits, including the number of live-born piglets (9) and the SIRQS index (72.76), although these differences were not statistically significant.

No significant differences in reproductive traits were found among mitochondrial haplotype groups in the Poltava Meat breed, although certain productive trends were observed. Animals with haplotype B1 displayed consistently high performance, while haplotypes O and C also showed potential for favorable traits.

The estimated economic benefit from selection based on *ESR1* and *PRLR* for prolificacy indicated an increase in returns of UAH 1049.58 and 871.37 in Myrhorod sows with *ESR1*^{BB} and *PRLR*^{BB}, respectively. For Poltava Meat pigs with *ESR1*^{BB} and *PRLR*^{AA}, gains were UAH 1617.24 and 94.08, respectively. The highest gain was recorded in Welsh pigs: UAH 1574.84 for *ESR1*^{BB} and UAH 4935.23 for *PRLR*^{AA}.

Comprehensive analysis of mitochondrial and nuclear markers in these three breeds opens perspectives for similar studies in global breeding practices. For instance, statistically significant effects of mitochondrial variants on litter traits and piglet survival have been observed in Large White, Landrace, and Meishan breeds. The positive correlation of *ESR1* with reproductive performance and the utility of *PRLR* as a marker independent of maternal lineage ($r \approx 0.3$; $p < 0.05$) align with global findings, although differences in allele frequencies exist in Asian populations. Thus, comparing populations with various haplogroups could help identify universal and breed-specific markers, strengthening precision breeding in Ukraine.

Recommendations are provided for the use of genetic markers to enhance sow reproductive traits, particularly considering mtDNA haplotypes and *ESR1/PRLR*

genotypes when conducting within-breed selection or planning mating strategies. This approach will support the formation of highly productive herds with improved reproductive performance, especially in terms of litter size and weight. The identified genotypic differences between the Myrhorod and Poltava Meat breeds suggest that crossbreeding could be beneficial. Particular attention should be given to favorable *ESR1* and *PRLR* allele combinations that enhance quantitative reproductive traits. These findings also have potential applications in conservation and restoration programs for local pig populations.

To improve the prolificacy of Myrhorod, Poltava Meat, and Welsh sows, it is advisable to select animals with homozygous *PRLR*^{AA} and *ESR1*^{BB} genotypes, which are associated with superior reproductive performance, including prolificacy, weaning litter weight, and the SIRQS index.

Keywords: pigs, productivity, genotype, prolificacy, genetic markers, SNP, polymorphism, litter size, sows, breeds, economic efficiency, crossbreeding, index.

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Наукові праці, в яких опубліковані основні наукові результати дисертації:

Статті у виданнях, включених до міжнародних наукометричних баз Scopus та Web of science:

Matiuk, V. V., Saienko, A. M., Vashchenko P. A., Slyenko, V. H., Fesenko, O. G., Pecka, M. Y., & Tsereniuk O. M. (2025). Association of polymorphisms in estrogen and prolactin receptor genes with reproductive traits in sows of rare breeds. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 16 (1), P. 1–8. e25033. <https://doi.org/10.15421/0225033> (Matiuk, V. V. провела патентний пошук і опрацювала літературу за темою статті, виконала експериментальні дослідження, приймала участь у статистичній обробці та аналізі результатів. Saienko, A. M. та Vashchenko P. A. виконали частину статистичної обробки та аналізу результатів. Pecka, M. Y. виконав частину аналізу результатів та сумісно із здобувачкою підготував

висновки. Slynko, V. H., Fesenko, O. G., Tsereniuk O. M. виконали частину перекладу та оформлення статті до друку).

Статті в наукових фахових виданнях України

Матіюк В.В. (2025). Поліморфізм генів *ESR1* та *PRLR* у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах свиней. *Аграрний вісник Причорномор'я*, 114. С. 166–178. <https://doi.org/10.37000/abbsl.2025.114.15>

Матіюк В.В. (2025). Розподіл мітохондріальних гаплотипів у групах свиней миргородської і полтавської м'ясної порід. *Вісник аграрної науки* 103 (5). С. 84–88. DOI: <https://doi.org/10.31073/agrovisnyk202505-10>

Matiuk, V. (2022). Diseases caused by mitochondrial DNA mutations. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, (4), С. 86–92. <https://doi.org/10.31210/visnyk2022.04.10> .

Наукові праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації:

Матіюк В. В., Саєнко А. М., Пека М. Ю. Вплив поліморфізмів у генах естрогенового та пролактинового рецепторів на відтворювальні якості свиноматок миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід. Міжнародна науково-практична конференція присвячена 125-річчю від дня народження академіка Олексія Володимировича Квасницького «Актуальні питання фізіології продуктивності сільськогосподарських тварин»: міжнародної науково-практичної конференції, 24-25 лютого 2025 р. Полтава : ПДАУ, 2025. 140 с.

(Матіюк В. В. зробила доповідь на конференції, опрацювала літературу за темою публікації, виконала аналіз досліджень, сформулювала висновки. Саєнко А. М. провів статистичну обробку результатів досліджень. Пека М. Ю. оформив та підготував презентацію і текст друкованих тез).

Matiuk V. V., Oliinychenko Y. K., Saienko A. M. Use of selection and molecular genetic methods for the resynthesis of the myrhorod pig breed. International scientific and practical conference of young scientists and specialists. Consolidation for the future: scientific achievements of scientists for the victory and post-war

reconstruction of ukraine collection of abstracts of the international scientific practical and conference of young scientists and specialists (august 29, 2024, poltava, ukraine). doi 10.37143/conf-2-2024

(Matiiuk V. V. зробила доповідь на конференції, виконала літературний науковий пошук, підготувала розділ особистих даних та обговорення досліджень, оформила текст друкованих тез. Saienko A. M. підготував висновки та пропозиції до результатів досліджень. Oliinychenko Y. K., виконала переклад тексту доповіді, презентації і тексту тез).

Матіюк В. В. Роль геномної селекції в свинарстві. «Сучасні тенденції розвитку галузі тваринництва: світовий та національний виміри»: матеріали Міжнародної науково-практичної конференції, 7 грудня 2023 р., м. Полтава, Україна.

Матіюк В. В. Мітохондріально гаплоїдне різноманіття свиноматок великої білої породи племзаводу Державного Підприємства «Дослідне Господарство «Ім. 9 Січня». Розвиток галузі тваринництва в умовах євроінтеграції : матеріали Міжнародної наукової інтернет-конференції (м. Полтава, 4 листопада 2022 р.) / Інститут свинарства і АПВ НААН. Полтава, 2022. 146 с.

Матіюк В.В., Буслик Т.В., Олійниченко Є.К., Баньковська І.Б. Зв'язок мітохондріальної ДНК та її впливу на показники якості м'яса свиней. Матеріали науково-практичної конференції молодих учених та аспірантів «Проблеми розведення, генетики, відтворення та технології виробництва продукції у тваринництві» присвячену 85-річчю від дня народження і 67 років виробничої, наукової, педагогічної та громадської діяльності доктора сільськогосподарських наук, професора, академіка НААН України Рибалка Валентина Павловича. 26 жовтня 2021 рік 46 с.

(Матіюк В.В. зробила доповідь на конференції, виконала літературний науковий пошук, підготувала розділ власних досліджень, оформила текст друкованих тез. Буслик Т.В. підготувала та узгодила висновки до результатів досліджень. Олійниченко Є.К., та Баньковська І.Б., виконали частину аналізу матеріалів власних досліджень та оформили текст доповіді та презентації).

ЗМІСТ

ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, СИМВОЛІВ, ОДИНИЦЬ, СКОРОЧЕНЬ І ТЕРМІНІВ.....	14
ВСТУП.....	15
РОЗДІЛ 1. ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ ЗА ТЕМОЮ ТА ВИБІР НАПРЯМІВ ДОСЛІДЖЕНЬ	23
1.1. Селекційна робота із локальними породами свиней.....	23
1.2. Молекулярно-генетичні методи селекції у свинарстві.....	29
1.3. Застосування молекулярно-генетичних методів при збереженні малочисельних порід свиней.....	38
1.4. Перспективи та виклики впровадження молекулярно- генетичних методів у свинарстві.....	43
1.5. ДНК-маркери пов'язані із відтворювальною здатністю свиней.....	46
1.6. Обґрунтування вибору напрямів власних досліджень.....	51
РОЗДІЛ 2. МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ	53
2.1 Місце проведення і матеріал досліджень.....	53
2.2 Схема досліджень.....	53
2.3 Методи досліджень.....	53
2.3.1 Визначення відтворювальних ознак свиней.....	53
2.3.2 Відбір зразків біоматеріалу для проведення ДНК-типуювання	54
2.3.3 Виділення ДНК.....	55
2.3.4 ДНК-типуювання свиней за генами <i>ESR1</i> , <i>PRLR</i> та МтДНК	55
2.3.5 Популяційно-генетичні дослідження, статистичний аналіз популяційних параметрів.....	58
2.3.6 Статистичний аналіз зв'язку генотипів з ознаками продуктивності свиней.....	61
2.3.7 Математична обробка річного економічного ефекту.....	63
РОЗДІЛ 3. РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ.....	64

3.1. Визначення мітохондріальних гаплогруп у вибірках свиней полтавської м'ясної та миргородській порід.....	64
3.2. Визначення та аналіз отриманих генотипів за локусами рецепторів естрогену та пролактину у вибірках досліджуваних порід свиней.....	68
3.3. Генетико-популяційний аналіз досліджуваних порід свиней за генами рецептора естрогену1 та рецептора пролактину.....	71
3.4. Генетичні взаємовідносини між породами за 2 локусами кількісних ознак.....	79
3.5. Зв'язок між мітохондріальними гаплотипами та генотипами генів <i>ESR1</i> і <i>PRLR</i> у популяціях свиней різних порід.....	82
3.6. Асоціативний аналіз досліджуваних порід свиней за генетичними маркерами.....	86
3.6.1. Асоціативний аналіз досліджуваних порід свиней за мітохондріальними гаплотипами.....	87
3.6.2. Асоціативний аналіз досліджуваних порід свиней за генами рецептора естрогену 1 та рецептора пролактину.....	91
3.7. Економічна ефективність проведених досліджень.....	108
РОЗДІЛ 4. АНАЛІЗ І УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕНЬ	114
ВИСНОВКИ.....	130
ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ	136
СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ	137
ДОДАТКИ	163

**ПЕРЕЛІК УМОВНИХ ПОЗНАЧЕНЬ, СИМВОЛІВ, ОДИНИЦЬ,
СКОРОЧЕНЬ І ТЕРМІНІВ**

ДНК (DNA)	- дезоксирибонуклеїнова кислота;
п. н.	– пар нуклеотидів;
ПЛР (PCR)	– полімеразна ланцюгова реакція;
ПДРФ (RFLP)	– поліморфізм довжини рестриктних фрагментів;
QTL	– (від англ. quantitative trait loci) локуси кількісних ознак;
F	– критерій Фішера;
F _i	– індекс фіксації;
мкл.	– мікролітри
<i>PRLR</i>	– рецептор пролактину;
G, A, C, T	– позначення нуклеотидів
<i>ESR1</i>	– рецептор естрогену 1;
P	– рівень значущості;
PIС	– polymorphism information content(інформаційний вміст поліморфізму);
СІВЯС	– селекційний індекс відтворювальних якостей свиноматки;
SNP	– single nucleotide polimorphism (однонуклеотидний поліморфізм).
мтДНК	мітохондріальна ДНК
rRNA	рібосомна РНК
pH	Водневий показник
од.акт.	одиниць активності речовини
мкМ	мікромоль, “одиниця вимірювання кількості речовини”

ВСТУП

Обґрунтування вибору теми дослідження. Методи селекції, що ґрунтуються на оцінці тварин за їхньою власною продуктивністю та продуктивністю нащадків, не завжди забезпечують очікуваний рівень поліпшення продуктивності. Одним із ключових недоліків таких методів є значна тривалість селекційного процесу, необхідність очікування статевої зрілості тварин для оцінки їхніх господарсько-корисних ознак, а також вплив факторів зовнішнього середовища на фенотипові характеристики (Singh Thakur M., 2022; Войтенко С. та ін. 2019). у зв'язку з цим використання молекулярно-генетичних маркерів у селекції тварин становить перспективний напрям, що має низку переваг.

На основі використання молекулярно-генетичних маркерів розвивається маркер-асоційована селекція, яка дозволяє здійснювати більш точний відбір завдяки ідентифікації особин, що є носіями бажаних алелів, ще на ранніх стадіях розвитку. Цей підхід дозволяє виключити вплив факторів довкілля на оцінку тварин і значно скоротити час селекційного процесу (Williams J. L., 2005; Dekkers J. C., 2004; Voichard, D. et al., 2016). Зокрема, маркер-асоційована селекція є важливою для підвищення ефективності селекційних програм у свинарстві.

Широкий спектр асоціацій молекулярно-генетичних маркерів із господарсько-корисними ознаками дозволяє вдосконалювати селекційні критерії, зокрема проводити відбір за прискореним ростом, підвищеним виходом м'яса, покращеною якістю продукції та стійкістю до захворювань (V. N. Balatsky et al., 2015). Використання сучасних методів молекулярної генетики сприяє підвищенню продуктивності свиней, зниженню витрат на годівлю та ветеринарне обслуговування, що, у свою чергу, підвищує економічну ефективність господарств.

Під час маркер-асоційованої селекції свиней приділяють особливу увагу поліморфізму генів, що впливають на продуктивні та відтворювальні характеристики. Зокрема, мутація у гені ріанодинового рецептора 1 (*RYR1*)

асоційована зі стресостійкістю (Z. M. Cierpielewski et al., 2016), а мутація у гені меланокортинового рецептора 4 (*MC4R*) впливає на швидкість росту, споживання корму та структуру туші (K. Piórkowska et al., 2010). Крім того, гени рецепторів естрогену (*ESR1* та *ESR2*) та пролактину (*PRLR*) відіграють ключову роль у регуляції репродуктивної функції й активно вивчаються для вдосконалення селекційних програм (Short H.T. et al, 1997; Hong, S. T. et al, 2020; Distl O. 2007; Rothschild, M. F. et al., 2000; Muñoz, G. et at, 2004; Vincent A. L. et al., 1997).

Окрім продуктивних характеристик, значна увага приділяється генам, що впливають на резистентність свиней до захворювань. Наприклад, поліморфізм у гені *FUT1* пов'язаний зі стійкістю до колібактеріозу, що дозволяє відбирати особин, менш схильних до інфекційних захворювань, це, у свою чергу, сприяє зменшенню застосування антибіотиків у свинарстві та покращенню загального стану здоров'я поголів'я (Sukhno V. V. et al. 2022).

Особливий інтерес становлять дослідження, спрямовані на вдосконалення генетичного потенціалу локальних порід свиней, таких як полтавська м'ясна та миргородська. Ці породи характеризуються високою адаптацією до різних умов утримання та годівлі, що робить їх перспективними для промислового свинарства (Войтенко С. Л., 2012; 2024). Полтавська м'ясна порода має виражений м'ясний напрям продуктивності, тоді як миргородська порода має сальний напрям продуктивності. Важливими є також дослідження щодо уельської породи свиней, яка відома своєю високою м'ясною продуктивністю.

Разом із тим породи м'ясного напрямку часто мають знижену відтворювальну здатність, що обмежує їхню конкурентоспроможність у господарствах. Дослідження поліморфізму генів, відповідальних за відтворювальні показники, зокрема *ESR1* та *PRLR*, є актуальним напрямом для підвищення багатоплідності свиноматок та загальної ефективності відтворення у цих популяціях.

В Україні тривають дослідження щодо поліморфізму генів, пов'язаних з продуктивними та відтворювальними ознаками у різних порід свиней, проте

інформація щодо особливостей цих генетичних варіацій у популяціях полтавської м'ясної, миргородської та уельської порід залишається обмеженою. Відсутність таких даних ускладнює ефективне впровадження маркер-асоційованої селекції для покращення продуктивних характеристик локальних порід.

Таким чином, для збереження та вдосконалення полтавської м'ясної та миргородської порід необхідні цілеспрямовані селекційні заходи, спрямовані на покращення їхніх продуктивних характеристик та запобігання скороченню чисельності поголів'я. Особливо важливим є отримання популяційно-генетичних даних щодо маркерних генів, відповідальних за відтворювальні функції свиноматок. Це сприятиме підвищенню ефективності селекційного процесу й забезпечить довготривалу конкурентоспроможність цих порід у тваринництві України.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами. Дисертаційна робота була складовою частиною науково дослідних робіт Інституту свинарства і АПВ НААН – «Дослідити плейотропний ефект генів, SNPs яких використовують в маркер-асоційованій селекції свиней» (№ ДР 0121U109838) 2021-2025 рр. та «Дослідити можливості використання свиноматок полтавської м'ясної породи для відновлення популяції миргородської породи свиней» (№ ДР 0124U002235) 2024-2025 рр.

Мета і завдання досліджень. Мета: провести генетико-популяційний аналіз 3х порід свиней за локусами *ESR1 PRLR* та мітохондріальним геномом, встановити структурний розподіл частот алелей і генотипів у досліджуваних мікропопуляціях, міжпородну диференціацію, кореляційний зв'язок між досліджуваними генетичними маркерами, визначити зв'язок окремих генетичних маркерів з відтворювальними ознаками свиноматок.

Для досягнення мети були поставлені наступні завдання:

- Оптимізувати окремі умови техніки ПЛР відповідно до використовуваних реагентів за локусами *ESR1* та *PRLR*;

- Оптимізувати окремі умови техніки ПЛР відповідно до використовуваних реагентів за локусами *ESR1* та *PRLR*;
- Визначити мітохондріальні гаплогрупи у вибірках свиней полтавської м'ясної та миргородській порід;
- Визначити розподіл алелів і генотипів за локусами *ESR1* та *PRLR* у мікропопуляціях свиней порід полтавської м'ясної, миргородської та уельс;
- Визначити гаплотипову структуру у мікропопуляціях полтавської м'ясної та миргородської порід свиней за МтДНК;
- Визначити показники генетичної мінливості у мікропопуляціях свиней, що вивчаються, оцінити можливість проведення в них маркер асоційованої селекції;
- Визначити генетичні взаємовідносини між породами по 2 локусах кількісних ознак *ESR1* та *PRLR*;
- Встановити кореляційний зв'язок між досліджуваними генетичними маркерами;
- Встановити зв'язок мітохондріальних гаплотипів з відтворюваними ознаками свиней полтавської м'ясної та миргородської порід;
- Встановити зв'язок генів *ESR1* та *PRLR* з відтворюваними ознаками свиней порід полтавської м'ясної, миргородської та уельс;
- Визначити економічний ефект від впровадження маркер-асоційованої селекції за генами *ESR1* та *PRLR* у 3х порід свиней.

Об'єкт дослідження: поліморфізми *ESR1*, *PRLR* генів та МтДНК.

Предмет дослідження: генетико-популяційна структура досліджуваних порід свиней за локусами *ESR1* *PRLR* та МтДНК, зв'язок між ядерними та мітохондріальними молекулярними маркерами, зв'язок між генотипами свиноматок та рівнем їх окремих відтворювальних ознак.

Методи дослідження. Для виконання поставлених завдань були використані наступні методи дослідження: *молекулярно-генетичні* (екстракція нуклеїнових кислот, метод ПЛР-ПДРФ – поліморфізм довжин рестриктних

фрагментів, що включає: ампліфікацію фрагментів ДНК методом сайт-специфічної полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) з подальшим рестриктним аналізом), метод вертикального електрофорезу ДНК в поліакриламідному гелі), *біометричний* (визначення частот алелів і генотипів, індексу фіксації Райта, проведення однофакторного дисперсійного аналізу зв'язку поліморфних варіантів генів з відтворювальними ознаками свиноматок), *зоотехнічні* (комплексна оцінка тварин за племінними якостями, перевірка відтворювальної здатності свиноматок).

Наукова новизна одержаних результатів. На основі проведених досліджень вперше:

Уперше проведено комплексний аналіз мітохондріальних гаплотипів миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід, що дозволив встановити популяційний склад порід, що складається із 20 % гаплотипів, що притамані іншим породам у миргородській, 10 % «велика біла» у полтавській.

Визначено та проаналізовано генетичні відстані за *ESRI* та *PRLR* у групах досліджуваних порід, що дозволило чітко окреслити два кластери: (полтавська + уельс) та миргородська порода, що вказує на можливість спрямованого схрещування.

Показана можливість використання мітохондріальних гаплотипів, як додаткових маркерів до *ESRI* для прогнозування відтворювальних показників, а також доведено, що *PRLR* може використовуватись незалежно від материнської лінії.

В межах досліджуваних порід проведено розрахунок потенційного економічного ефекту від селекції за *ESRI* і *PRLR*, що дозволяє доводити не лише біологічні, а й господарські переваги генетичного відбору.

Отримано оцінку алельної структури та селекційного тиску за *ESRI* та *PRLR*, що суттєво розширюють базу даних що до встановлених частот алелів та генотипів, визначено рівновагу за Гарді–Вайнбергом і виявлено ознаки селекційного тиску за *PRLR* у породи уельс. Отримані дані формують молекулярно-генетичний профіль кожної дослідженої породи.

Визначено інформативність маркерів *ESR1* і *PRLR*. Обґрунтовано, що рівень поліморфізму (PIC 0,31–0,37) цих локусів забезпечує достатню інформативність для їх використання в селекційній практиці, включно з маркерною селекцією за відтворювальними ознаками.

Удосконалено методики ДНК-типування генів *ESR1* та *PRLR* в рамках досліджуваних порід, розроблено та верифіковано оптимізований протокол ПЛР-ампліфікації цільових локусів, що забезпечив високу специфічність та репродуктивну надійність результатів типування.

Практичне значення одержаних результатів. Комплексне дослідження впливу мітохондріальних гаплотипів та ядерних маркерів у трьох українських породах відкриває перспективу оцінки подібних асоціацій у світовій практиці селекції. Результати досліджень апробовано та впроваджено в умовах підприємств ПСП "ОРАЧ" (акт від 15.10.2024 р.) та ФГ "САМ-12" (акт від 12.11.2024 р.). Результати досліджень використовуються у навчальному процесі Полтавського державного аграрного університету (карта зворотного зв'язку № 01-11/66 від 20.05.2025 р.), Одеського державного аграрного університету (карта зворотного зв'язку від 04.06.2025 р.), Сумського національного аграрного університету (карта зворотного зв'язку від 21.05.2025 р.).

Особистий внесок здобувача. Здобувачка особисто здійснила патентний пошук і проаналізувала літературу за темою дослідження, сформулювала мету і основні завдання досліджень, провела весь обсяг аналітичних, експериментальних наукового-господарських та лабораторних досліджень; провела статистичну обробку отриманих результатів. Інтерпретацію одержаних результатів та формування висновків проведено під методичним керівництвом наукового керівника кандидата сільськогосподарських наук, старшого дослідника Саєнко А. М. Молекулярно-генетичні дослідження було виконано у співпраці зі співробітниками лабораторії генетики інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН, що знайшло відображення у спільних публікаціях. Зі спільних із співавторами експериментальних досліджень і публікацій дисертантом використано, за їх згодою, лише результати власних

досліджень. Особистий внесок у наукові праці, які опубліковані у співавторстві, зазначено у списку друкованих праць.

Апробація результатів дисертації. Основні результати дисертаційної роботи повідомлені на наукових конференціях різного рівня: міжнародна науково-практична конференція присвячена 125-річчю від дня народження академіка Олексія Володимировича Квасницького «Актуальні питання фізіології продуктивності сільськогосподарських тварин»: міжнародної науково-практичної конференції, 24-25 лютого 2025 р. Полтава, Україна.

Consolidation for the future: scientific achievements of scientists for the victory and post-war reconstruction of ukraine collection of abstracts of the international scientific practical and conference of young scientists and specialists (august 29, 2024, Poltava, Ukraine).

«Сучасні тенденції розвитку галузі тваринництва: світовий та національний виміри»: матеріали Міжнародної науково-практичної конференції, 7 грудня 2023 р., м. Полтава, Україна.

Розвиток галузі тваринництва в умовах євроінтеграції : матеріали Міжнародної наукової інтернет-конференції (м. Полтава, 4 листопада 2022 р.).

Матеріали науково-практичної конференції молодих учених та аспірантів «Проблеми розведення, генетики, відтворення та технології виробництва продукції у тваринництві» присвячену 85-річчю від дня народження і 67 років виробничої, наукової, педагогічної та громадської діяльності доктора сільськогосподарських наук, професора, академіка НААН України Рибалка Валентина Павловича. 26 жовтня 2021. Полтава, Україна.

Публікації. Основні положення дисертаційної роботи опубліковано в 4 наукових працях, з них одна – у виданнях, включених до міжнародних наукометричних баз scopus і web of science, три – у фахових наукових виданнях, категорії Б, п'ять – опубліковано у вигляді тез доповідей на конференціях різного рівня.

Структура та обсяг дисертації. Дисертація викладена на 177 сторінках комп'ютерного тексту та включає такі розділи: «Анотації», «Вступ», «Огляд

літератури за темою та вибір напрямів досліджень», «Матеріали і методи досліджень», «Результати досліджень», «Аналіз і узагальнення результатів досліджень», «Висновки», «Пропозиції виробництву», «Список використаних джерел», «Додатки». Робота ілюстрована 27 таблицями, 16 рисунками і 8 додатками. Список літератури налічує 222 джерело, серед них 177 – латиницею.

РОЗДІЛ 1

ОГЛЯД ЛІТЕРАТУРИ ЗА ТЕМОЮ ТА ВИБІР НАПРЯМІВ ДОСЛІДЖЕНЬ

1.1. Селекційна робота із локальними породами свиней

Свинарство залишається провідною галуззю агропромислового виробництва. Протягом останніх 10 років (2015–2025) світове поголів'я свиней зазнавало значних коливань, обумовлених різними факторами, такими як епідемії, економічні зміни та зміни в споживчих вподобаннях тощо. Значний вплив на стан свинарства у світі мала Африканська чума свиней (АЧС). Зокрема, Китай, як найбільший виробник свинини, зазнав значного скорочення поголів'я через спалахи АЧС, що призвело до зменшення світового виробництва свинини. Після спалахів АЧС багато країн інвестували значні кошти в відновлення свинарської галузі. За даними Всесвітнього реєстру найбільших виробників ще у 2021 році, компанії, що займаються розведенням свиней продемонстрували зростання поголів'я, що засвідчило поступове відновлення галузі (Ващенко, 2003; Березовський та ін., 2009; Волощук та ін., 2014; Vashchenko et al., 2019; Церенюк & Акімов, 2022).

Згідно з прогнозами Міністерства сільського господарства США (USDA), очікується, що до 2030 року світове споживання свинини зросте на 7,2%, досягнувши 131 млн тон, хоча при цьому прогнозуються різні рівні споживання в залежності від регіону. Наприклад, в ЄС спостерігається тенденція до зменшення споживання свинини. Прогнозується, що до 2030 року споживання свинини в ЄС зменшиться на 3,9%, з 18,4 млн тон у 2023 році до 17,7 млн тон у 2030 році. Тоді як, у Латинській Америці, навпаки, очікується, що споживання свинини зросте на 14,2% до 2030 року, досягнувши 10,7 млн тон. В цілому, це свідчить про позитивні перспективи для свинарської галузі в глобальному масштабі ("Pigua.info. Прогноз: до 2030 світове споживання свинини зросте на 7,2%", 2024).

Водночас, за останні роки кількість порід свиней, що розводять у світі

суттєво скорочується. Поширення промислових технологій у тваринництві призвело до зменшення генетичного розмаїття сільськогосподарських тварин, що є серйозною проблемою для галузі. У свинарстві світове поголів'я нині переважно представлено п'ятьма високопродуктивними породами – великою білою (йоркшир), ландрас, дюрок, п'етрен і гемпшир. Ці породи добре пристосовані до умов промислового виробництва, що пояснює їх широке поширення. Проте втрата локальних порід, які перебувають на межі зникнення, може мати негативні наслідки для світового генофонду. Локальні породи свиней відрізняються цінними характеристиками, які можуть стати незамінними у разі зміни господарсько-економічних умов. Вони мають високу адаптивність, стійкість до хвороб, міцну конституцію, невибагливість до кормів, а також відзначаються хорошими материнськими якостями та високою якістю продукції (Баньковська та ін., 2005; Vashchenko et al., 2019; Церенюк, 2024).

З точки зору збереження біорізноманіття та розширення селекційних можливостей важливим аспектом є вивчення локальних порід свиней, характерних для конкретних регіонів (Полупан та ін., 2017; Круга et al., 2021).

Важливим етапом у свинарстві є бонітування тварин, що дозволяє визначити їх продуктивний потенціал. Традиційні зоотехнічні методи оцінки продуктивності свиноматок часто не мають достатньої точності та повноти. Крім того, на оцінки, засновані виключно на фенотипічній оцінці, можуть впливати паратипові фактори, що ускладнює об'єктивне визначення племінної цінності тварини (Вашенко, 2007; Березовський та ін., 2008; Вашенко, 2010; Voitenko et al., 2019; Davoudi et al., 2022; Vashchenko et al., 2023).

Згідно з даними Державного реєстру суб'єктів племінної справи у тваринництві, в Україні станом на початок 2023 року розводили 7 порід свиней, а саме: велику білу, дюрок, ландрас, п'етрен, полтавську м'ясну, уельську та червону білопоясу. Серед них, останні 3 можна віднести до локальних та малочисельних порід (Zhukorskyi et al., 2022; Войтенко та ін., 2023; Voitenko, 2024).

Також, в Україні, наразі, проводиться активна робота з відновлення

миргородської породи, яка була практично втрачена після спалаху африканської чуми свиней у 2018 році (Voitenko, 2012; Tsybenko & Vashchenko, 2020; Shostya & Sarnavska, 2023; Ібатуллін та ін., 2023; Tsereniuk et al., 2023).

Незважаючи на малу чисельність локальних порід, через їх не досить високу популярність у виробників продукції свинарства, ці породи мають свої переваги, які полягають у тому, що вони добре пристосовані до місцевих умов вирощування та систем виробництва, крім того, вони демонструють кращу якість м'яса порівняно з широко використовуваними комерційними породами, такими як ландрас, велика біла та іншими універсальними або м'ясними породами свиней. Якщо миргородська та полтавська м'ясні породи демонструють задовільну м'ясну продуктивність, то найціннішою їх характеристикою є найкращі органолептичні властивості м'ясної продукції (Voitenko, 2012; Ruban et al., 2015; Щербань & Ващенко, 2015; Цибенко та ін., 2015; Voitenko, 2024).

Однак, істотним недоліком цих порід є їх відносно низька репродуктивна здатність. Це контрастує зі світовими тенденціями у свинарстві, які спрямовані на збільшення розміру гнізда з 10 до 20 живонароджених поросят за один опорос (Peltoniemi et al., 2021; Lee et al., 2024). За попередніми даними, миргородська порода має приплід 9,6–10,7 поросят, а полтавська м'ясна – 10,0 поросят за один опорос (Voitenko, 2024). Для порівняння, порода свиней уельс, хоча і класифікована як порода м'ясного типу, дає приблизно 11,93–13,64 поросят за опорос, залежно від генотипу за поліморфізмом *RYR1* (Zhukorskyi et al., 2022). Водночас, відтворювальні ознаки, зокрема розмір гнізда, є одними з найважливіших економічних ознак у розведенні свиней (Березовський та ін., 2021; Vargovic et al., 2022; Khalak et al., 2022; Bortolozzo et al., 2023).

Проте, найбільшою проблемою при селекційній роботі із малочисельними породами свиней найчастіше стає інбридинг. Він призводить до зниження генетичного розмаїття, що може викликати появу спадкових захворювань, зниження продуктивності, зменшення виживаності потомства та погіршення загального здоров'я тварин (Saura et al., 2015; Войтенко & Вишневський, 2017; Tsheten et al., 2023).

Одна з основних проблем інбридингу – накопичення летальних і сублетальних мутацій, які в нормальних умовах нейтралізуються завдяки значному генофонду. Однак у локальних закритих популяціях таких можливостей менше, що спричиняє експресію небажаних рецесивних генетичних особливостей. Наприклад, у деяких порід свиней, що зазнали тривалого інбридингу, можуть спостерігатися вроджені дефекти, зниження багатоплідності та низька стійкість до хвороб (Kim et al., 2019; Shi et al., 2021). Проблеми якості сперми, зниження приростів та погіршення м'ясних якостей у інбредних тварин спостерігали навіть у таких поширених породах як дюрок та п'єтрен (Takahashi et al., 1991; Tsheten et al., 2023)

Щоб мінімізувати вплив інбридингу, застосовують кілька методів (Kirkpatrick & Jarne, 2000; Zhao et al., 2021). Контрольована селекція передбачає ведення ретельного племінного обліку для уникнення схрещування тварин із спільними предками у найближчих поколіннях. Генетичний моніторинг популяції включає використання ДНК-тестування для ідентифікації генетично близьких особин і запобігання їхньому схрещуванню (Mendez et al., 1999; Ramos et al., 2009; Walsh et al., 2013; Waters & Shapter, 2014; Dai & Long, 2015; Sharma et al., 2017; Galindo-Murillo & Cheatham, 2021; Piórkowska & Ropka-Molik, 2021). Кросбридинг, або схрещування з генетично віддаленими лініями, застосовується у разі критичного скорочення генофонду, що допомагає відновити генетичне розмаїття без значної втрати специфічних властивостей породи (Ващенко, 2009; Березовський & Ващенко, 2010; Вовк та ін., 2012а; Вовк та ін., 2012b). Кріоконсервація генетичного матеріалу передбачає збереження сперми, ембріонів або ДНК локальних порід у спеціальних генетичних банках, що дає змогу зберегти генофонд навіть у разі його критичного скорочення (Zhang et al., 2023; Purdy et al., 2023; Engdawork et al., 2024). Також важливою є міжнародна співпраця, зокрема обмін генетичним матеріалом між країнами, що сприяє збільшенню варіативності порід; наприклад, у деяких європейських країнах діють програми збереження малочисельних порід через кооперацію між науковими установами та фермерами. Таким чином, контрольований підхід до

селекції дозволяє мінімізувати негативні наслідки інбридингу та зберегти здоров'я та продуктивність локальних порід свиней.

Збереження та розвиток локальних порід свиней стикається з низкою економічних труднощів, які значно ускладнюють селекційну роботу. Основні проблеми включають високу вартість підтримки генофонду, низьку рентабельність локальних порід та недостатню державну підтримку. По-перше, збереження генетичного різноманіття потребує значних інвестицій. Створення та підтримка племінних господарств, фінансування наукових досліджень, генетичного моніторингу та кріоконсервації генетичного матеріалу є дороговартісними заходами. Для малочисельних порід, які мають обмежений ринок збуту, повернення вкладених коштів може зайняти десятиліття. По-друге, низька продуктивність локальних порід знижує їхню комерційну привабливість. Вони часто мають нижчі показники багатоплідності, приросту ваги або конверсії корму порівняно з промисловими породами. Це робить їх менш конкурентоспроможними для фермерів, які працюють у комерційному секторі, де ефективність виробництва є головним фактором. По-третє, нестача державної підтримки у багатьох країнах, включаючи Україну, ускладнює утримання малочисельних порід. У деяких державах діють спеціальні дотації на утримання традиційних порід (наприклад, у ЄС діє фінансова підтримка фермерів, які зберігають автохтонні породи), проте в Україні такі програми ще не розвинені на належному рівні (Полупан та ін., 2017; Онищенко, 2021; Церенюк, 2024).

Для підвищення рентабельності розведення малочисельних порід можуть бути застосовані кілька рішень. Одним із них є створення нішевих ринків, що передбачає просування локальних порід як джерела якісної, органічної чи екологічно чистої продукції. Важливу роль відіграють субсидії та дотації, зокрема розширення державних програм фінансування племінних господарств, які займаються розведенням локальних порід. Також ефективним підходом є генетичне поліпшення, що передбачає селекційну роботу над підвищенням продуктивності цих порід без втрати їхніх цінних властивостей (Khmelnychyi & Pavlenko, 2021; Ruckli et al., 2021; Kasprzyk & Walenia, 2023).

Підвищення продуктивності локальних порід свиней без втрати їхніх унікальних характеристик можливе, але потребує комплексного підходу. Одним із ключових напрямів є генетична селекція, що передбачає використання сучасних методів геномного аналізу для відбору тварин із кращими продуктивними показниками. Завдяки цьому можна підвищити багатоплідність і приріст ваги, не впливаючи на органолептичні властивості м'яса. Важливу роль відіграє й оптимізація годівлі — вдосконалення раціону за допомогою ефективних кормових добавок, які сприяють підвищенню продуктивності без погіршення смакових якостей. Додатково перспективним напрямом є гібридизація всередині породи, що дозволяє створювати внутрішньопородні лінії з покращеними характеристиками (Ващенко, 2004a; Ващенко, 2004b; Sukhno et al., 2022; Ibatullin et al., 2024).

Окрім продуктивності, локальні породи можуть відіграти ключову роль у адаптації свинарської галузі до кліматичних змін. Вони мають природну стійкість до екстремальних температур, оскільки формувалися в специфічних умовах. Наприклад, миргородська порода демонструє кращу адаптацію до високих температур порівняно з європейськими високопродуктивними породами (Ібатулін та ін., 2023).

Ще однією перевагою локальних порід є їхня ефективна конверсія корму. Через зміни клімату деякі традиційні корми стають менш доступними, проте місцеві породи часто виявляються невибагливими та здатними ефективно використовувати менш якісні чи альтернативні кормові ресурси. Це підвищує економічну стійкість господарств та дозволяє оптимізувати витрати на годівлю (Zhukorskyi et al., 2023).

Крім того, локальні породи мають вищу стійкість до захворювань, що особливо важливо в умовах поширення нових патогенів через глобальне потепління. Вроджена резистентність до деяких інфекцій дозволяє зменшити використання антибіотиків та підвищити рівень виживаності тварин. Таким чином, розширення використання локальних порід може стати важливим інструментом у забезпеченні стійкості свинарської галузі в умовах кліматичних

викликів та змін ринку (Vashchenko et al., 2022).

Таким чином, хоч промислові породи є більш продуктивними, збереження локальних порід є стратегічно важливим завданням. Втрата їхнього унікального генофонду може обмежити можливості свинарства в майбутньому, особливо в умовах змін клімату або економічних викликів. Тому важливо розробляти програми підтримки та збереження генетичного розмаїття, щоб уникнути збіднення тваринницької галузі та забезпечити її стійкий розвиток.

1.2. Молекулярно-генетичні методи селекції у свинарстві

Сучасне свинарство перебуває на етапі активного технологічного розвитку, і селекція є ключовим фактором підвищення продуктивності галузі. Якщо традиційні зоотехнічні методи відбору тварин базувалися переважно на фенотипічних характеристиках та родоводах, то сьогодні все більшого значення набувають молекулярно-генетичні підходи, які дозволяють аналізувати спадковий матеріал на рівні ДНК. Використання таких методів відкриває нові можливості для підвищення ефективності селекції, збереження генетичного розмаїття та адаптації порід до змінних умов навколишнього середовища (Buske et al., 2006; Choudhuri, 2014; Liang et al., 2023).

Одним із головних завдань селекції у свинарстві є поліпшення продуктивних показників тварин – багатоплідності, середньодобових приростів, конверсії корму, стійкості до захворювань і якості м'яса. Традиційні методи оцінки та відбору не завжди є точними, оскільки вони залежать від низки факторів, таких як умови утримання, типи годівлі та вплив довкілля (Березовський та ін., 2006; Ващенко, 2008; Березовський та ін., 2008; Березовський та ін., 2016). До того ж, класичні підходи до племінної роботи часто потребують тривалого періоду часу для отримання значущих змін у популяції. Саме тому впровадження молекулярно-генетичних методів дозволяє значно прискорити селекційний процес, підвищити його ефективність і водночас зменшити ризики пов'язані з інбридингом, генетичними захворюваннями та

втратою цінних адаптивних властивостей (Distl, 2007; Ma & Zhou, 2021).

Для дослідження генотипів, аналізу генетичної структури популяцій та ведення селекційної роботи використовують широкий спектр молекулярно-генетичних маркерів. До них належать імунологічні, біохімічні, цитологічні та ДНК-маркери. Серед усіх типів, ДНК-маркери є найбільш інформативними, точними й універсальними, що пояснює їхнє широке впровадження у сучасні генетичні дослідження.

Імунологічні маркери базуються на вивченні специфічних антигенів крові, що визначаються генетично і є стабільними у спадкових лініях. Імуногенетика досліджує реакції антиген-антитіло, які лягли в основу методів ідентифікації за еритроцитарними антигенами. У тваринництві найбільше поширення отримали маркери, засновані на групах крові. У свиней добре описані 15 систем груп крові (A–O), що включають понад 80 антигенів. Кожна система контролюється відповідним локусом у геномі. Завдяки високій спадковій стабільності ці маркери широко використовуються для встановлення походження тварин, контролю лінійного розведення, диференціації порід та оцінки селекційних тенденцій. Окремі дослідження також вказують на потенційні асоціації між окремими антигенами (наприклад, Fa і Ma) та господарсько корисними ознаками. Водночас, результати подальших досліджень показали неоднозначність таких зв'язків, що обмежує застосування імунологічних маркерів у прогнозуванні продуктивних характеристик.

Біохімічні маркери охоплюють поліморфні білки, виявлені в крові, молоці та інших біологічних рідинах. Поліморфізм білків виникає внаслідок генетичних варіацій у структурних генах, що зумовлюють відмінності у первинній структурі білків. Такі білки можуть виступати як індикатори продуктивних якостей або адаптаційних властивостей організмів. Їхня особливість полягає у кодомінантному успадкуванні, що дозволяє виявляти гетерозиготність безпосередньо за фенотипом. Серед ключових методів виявлення таких маркерів є електрофорез, що забезпечує високу роздільну здатність при аналізі білкових ізоформ. Біохімічні маркери використовуються, зокрема, для досліджень

стресостійкості, метаболічної активності, оцінки м'ясної або молочної продуктивності.

Недоліком цих маркерів є те, що не всі мутації в генах призводять до зміни амінокислотного складу, а навіть за таких змін не завжди відбувається модифікація електричного заряду білка, необхідна для детекції електрофоретичними методами. Відтак, незважаючи на наявність цінної інформації, біохімічні маркери поступово поступаються місцем сучаснішим методам аналізу, зокрема ДНК-маркерам, які дозволяють безпосередньо досліджувати нуклеотидну послідовність і виявляти навіть нейтральні або синонімічні мутації.

Отже, як імунологічні, так і біохімічні маркери відіграють важливу роль в історії розвитку генетичних досліджень у тваринництві. Вони заклали основу для розуміння спадкових механізмів (Soltis, D. E., et al. 1990), але сьогодні здебільшого розглядаються як додаткові або допоміжні інструменти на фоні домінування молекулярно-генетичних технологій нового покоління.

ДНК-маркери: типи та визначення. ДНК-маркер — це специфічна ділянка геному з відомою послідовністю нуклеотидів, яка дозволяє виявляти генетичні відмінності між особинами або популяціями (Grodzicker T. et al., 1974). Вони є важливими інструментами в селекційній роботі, популяційній генетиці, філогенетичних дослідженнях і біомедичних науках. У залежності від принципу дії, технічного підходу та рівня точності ДНК-маркери поділяють на чотири покоління.

Маркери першого покоління (класичні маркери):

- RFLP (Поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів) — заснований на варіаціях у послідовностях ДНК, які розпізнаються рестриктазами. Метод дозволяє виявляти поліморфізм на рівні конкретних локусів шляхом обробки ДНК рестриктазами з подальшим електрофоретичним розділенням фрагментів;

- VNTR (Variable Number Tandem Repeats) — змінна кількість тандемних повторів, використовується для аналізу довжини повторюваних послідовностей ДНК, що варіюються між особинами;
- ДНК-фінгерпринтинг — метод, що дозволяє створювати генетичні "відбитки пальців" за допомогою аналізу поліморфізму в повторюваних ділянках ДНК. Запропонований А. Джефферісом у 1985 році.

Маркери другого покоління (ПЛР-асоційовані маркери):

- RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) — базується на ПЛР із використанням випадкових праймерів. Проста у виконанні методика, однак має низьку відтворюваність;
- AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) — поєднує рестрикційне розщеплення ДНК та ПЛР. Має високу точність і дозволяє досліджувати весь геном;
- ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) — ампліфікує ділянки ДНК між мікросателітами. Забезпечує високу варіативність та надійність результатів;
- IRAP (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism) — спрямований на виявлення поліморфізму в ділянках між ретротранспозонами, застосовується для вивчення еволюції геномів.

Маркери третього покоління (високоточні маркери):

- SSR (Simple Sequence Repeats або мікросателіти) — короткі повторювані послідовності (1–6 нуклеотидів), характеризуються високою гетерозиготністю та ко-домінантністю. Використовуються для картування геномів, ідентифікації популяцій і аналізу родоводів;
- SNP (Single Nucleotide Polymorphism) — поліморфізм одного нуклеотиду. Найбільш поширений тип поліморфізму у геномі. Підходить для геномної селекції та асоціативних досліджень (GWAS) ;
- ASAP (Allele-Specific Associated Primers) — використовуються для виявлення специфічних алельних варіантів генів;

- OP (Oligonucleotide Polymorphism) — заснований на використанні коротких олігонуклеотидів для виявлення точкових змін у ДНК.

Новітні та перспективні маркери:

- NGS-базовані маркери — такі як GBS (Genotyping-by-Sequencing), RAD-seq, ddRAD, що базуються на технологіях секвенування нового покоління (Next-Generation Sequencing). Забезпечують паралельний аналіз тисяч SNP, високий рівень автоматизації та точності;
- Секвенування третього покоління (PacBio, Oxford Nanopore) — дає можливість прямого визначення послідовностей ДНК та епігенетичних модифікацій, включаючи метилювання без попередньої обробки;
- CNV (Copy Number Variation) — відображає варіації у числі копій геномних ділянок. Важливий для вивчення адаптивних ознак;
- Indel (Insertion/Deletion Polymorphism) — включає короткі вставки або делеції, що призводять до змін послідовностей ДНК. Часто використовується у комбінації з SNP;
- Епігенетичні маркери — включають модифікації, як-от метилювання цитозину чи ацетилювання гістонів. Вони не змінюють послідовність ДНК, але мають спадкові ефекти;
- UBP (Unnatural Base Pairs) — штучно створені пари основ, які розширюють генетичний алфавіт і дозволяють створення організмів з новими властивостями. (Liu et al., 2021; Ros-Freixedes et al., 2022).

Тож сучасна класифікація ДНК-маркерів охоплює як класичні, так і інноваційні підходи до вивчення генетичної мінливості. Вони дозволяють не лише точно ідентифікувати особин, а й поглиблювати знання про структуру геному, його функціонування та взаємозв'язок з фенотиповими ознаками. Розвиток методів секвенування і біоінформатики відкриває нові горизонти для застосування ДНК-маркерів у сільському господарстві, ветеринарії та біомедицині.

Однак, основним та більш доступним залишається поліморфізм на основі однуклеотидних змін (SNPs) він є одним із важливих типів маркерів, що

дозволяє виявляти варіанти послідовностей ДНК в популяціях з частотою.

Молекулярно-генетичні методи не замінюють традиційної селекції, а доповнюють її, створюючи нові можливості для ефективнішого відбору тварин. Наприклад, якщо раніше для визначення племінної цінності свиней необхідно було чекати результатів їхнього потомства, то сьогодні геномна селекція дозволяє ще на ранніх етапах розвитку прогнозувати продуктивні якості тварини (Spötter et al., 2005; Вашенко, 2011; Qiu et al., 2021).

Молекулярно-генетичні підходи мають низку важливих переваг. Однією з них є можливість раннього визначення племінної цінності, оскільки генетичний аналіз дозволяє прогнозувати продуктивні характеристики поросяти ще до його народження. Крім того, такі методи зменшують вплив паратипових факторів, адже традиційна селекція спирається на фенотипічні показники, які можуть змінюватися під впливом зовнішніх умов, тоді як генетичні дослідження дають точнішу інформацію про спадковий потенціал. Важливим аспектом є й оптимізація племінної роботи, адже знання генетичної структури поголів'я допомагає знижувати ризик інбридингу, збільшувати генетичне різноманіття та підтримувати популяції малочисельних порід. Також значною перевагою є підвищення резистентності до захворювань, оскільки виявлення генів, відповідальних за імунну відповідь, сприяє створенню більш стійких порід, що особливо важливо в умовах поширення африканської чуми свиней та інших інфекцій (Mote & Rothschild, 2020; Margeta et al., 2025).

Традиційні методи селекції ґрунтуються на оцінці фенотипу, тобто зовнішніх та продуктивних характеристик тварин. Наприклад, відбір свиноматок здійснюється за кількістю поросят у гнізді, оцінка відгодівельних характеристик базується на швидкості росту та конверсії корму, а якість м'яса визначається за забійними показниками. Хоча цей підхід є ефективним, він має певні недоліки. По-перше, зміни відбуваються повільно, оскільки отримання достовірних селекційних даних вимагає кількох поколінь. По-друге, зовнішні фактори, такі як умови утримання, можуть спотворювати справжні генетичні особливості тварин. По-третє, відсутність точного генетичного контролю, при роботі з

малочисельною популяцією, підвищує ризик передачі небажаних рецесивних мутацій, що може призвести до виникнення генетичних дефектів (Balatsky et al., 2015; Samorè & Fontanesi, 2016; Mote & Rothschild, 2020).

Розробка підходів індексного відбору та моделі найкращого лінійного незміщеного прогнозу (BLUP) призвела до покращення результатів селекції, особливо для ознак з високою спадковістю. Однак для глибшого розуміння зв'язку між генотипом і фенотипом тварини, а також для покращення селекції за ознаками із низькою успадкованістю важливо використовувати генетичні маркери кількісних ознак (Boichard et al., 2016; Vashchenko et al., 2022^a; Saienko et al., 2023).

Напротивагу, молекулярно-генетичні методи забезпечують швидке отримання результатів, оскільки ДНК-аналіз можна проводити на будь-якому етапі життя тварини. Завдяки сучасним генетичним технологіям підвищується точність прогнозування, адже спадкові риси визначаються на основі науково обґрунтованих даних. До того ж, можливість цільового редагування геному за допомогою технології CRISPR/Cas9 дозволяє виправляти небажані мутації або навіть додавати корисні характеристики. Окрім покращення існуючих порід, генетичні підходи сприяють збереженню локальних порід, які часто витісняються комерційними лініями через нижчу продуктивність. Використання маркерної селекції допомагає підтримувати рідкісні породи та підвищувати їхню конкурентоспроможність у порівнянні з більш поширеними високопродуктивними аналогами (Гладій та ін., 2018; Tu et al., 2022; Djedovic et al., 2024).

Молекулярно-генетичні методи відкрили нові можливості для селекції у свинарстві, дозволяючи значно прискорити відбір бажаних характеристик і зменшити вплив випадкових факторів на селекційний процес. Замість орієнтації виключно на фенотипічні ознаки та родовідний аналіз, сучасні технології дають змогу працювати безпосередньо з генетичним матеріалом тварин. Завдяки цьому стало можливим більш точне прогнозування продуктивних показників ще на ранніх етапах розвитку, оптимізація племінного відбору та збереження

малочисельних порід (Roehe & Kalm, 2000; Chen et al., 2004b; Eneva & Apostolov, 2023).

Одним із найпотужніших інструментів, що використовуються сьогодні, є геномне секвенування. Ця технологія дозволяє повністю "прочитати" ДНК тварини, виявивши як корисні, так і потенційно небажані мутації. Аналізуючи генетичний матеріал, дослідники можуть визначати гени, що впливають на ріст, стійкість до захворювань, відтворювальні якості та інші важливі ознаки. Завдяки цьому стало можливим більш ефективно прогнозування продуктивності без необхідності довготривалих тестувань потомства. Наприклад, дослідження окремих мутацій у генах, що впливають на чутливість до PRRSV, дає змогу формувати популяції, менш вразливі до цих хвороб (Knetsch et al., 2014; Groenen, 2016; Knol et al., 2016; Forth et al., 2019).

Проте, геномне секвенування саме по собі не є селекційним методом – це радше інструмент, який дозволяє визначати корисні генетичні варіанти. Для практичного застосування у селекції широко використовується маркерна селекція (MAS). Вона базується на пошуку генетичних маркерів – коротких ділянок ДНК, які мають тісний зв'язок із певними продуктивними характеристиками. Наприклад, якщо у тварини наявний певний SNP (однонуклеотидний поліморфізм), який корелює з високою якістю м'яса, її можна використовувати для племінної роботи, навіть якщо сама особина ще не досягла віку забою. Завдяки цьому виробники можуть відбирати поросят із найкращими генетичними задатками на ранніх етапах їхнього розвитку (Dekkers, 2007; Wakchaure et al., 2015; Eneva & Apostolov, 2023).

Ще більш точний підхід забезпечує геномна селекція (GS), яка дозволяє одночасно аналізувати тисячі SNP-маркерів по всьому геному. Це дає змогу створювати точні математичні моделі для прогнозування племінної цінності тварин. Основною перевагою цього методу є те, що він дає змогу оцінювати племінну вартість особини ще до того, як вона проявить свої фенотипічні ознаки або передасть їх потомству. Геномна селекція особливо ефективна у випадках, коли досліджувані ознаки мають низьку спадковість, тобто залежать від великої

кількості генів і сильно варіюються під впливом середовища. Наприклад, багатоплідність свиноматок або конверсія корму є саме такими ознаками, і їхній традиційний відбір є досить складним. Геномна селекція допомагає значно прискорити цей процес, що особливо важливо у великих племінних господарствах (Liu et al., 2021; Ros-Freixedes et al., 2022; Wang et al., 2022).

Окрім вивчення ядерної ДНК, останнім часом значну увагу почали приділяти мітохондріальній ДНК (мтДНК). На відміну від ядерного геному, який передається від обох батьків, мітохондріальна ДНК успадковується виключно від матері. Вона відіграє важливу роль у процесах клітинного дихання та енергетичного обміну, а також впливає на такі показники, як стійкість до стресу, витривалість і адаптація до умов навколишнього середовища. Дослідження свідчать, що різні гаплотипи мтДНК можуть бути пов'язані з відмінностями у продуктивності порід. Наприклад, деякі локальні породи, що мають унікальні мітохондріальні гаплотипи, демонструють кращу адаптацію до екстремальних температур або ефективніше засвоюють корми з низьким вмістом білка (Tsai et al., 2016; Почерняев, 2017; Molinero et al., 2025).

У свинарстві використання мітохондріальної ДНК також має практичне значення у селекції, зокрема в контексті оптимізації відбору свиноматок. Відомо, що швидкість обміну речовин впливає на життєздатність та ріст поросят. Завдяки аналізу мтДНК можна прогнозувати, які свиноматки матимуть потомство з кращими темпами росту та високою виживаністю. Крім того, мітохондріальні маркери можуть використовуватися для збереження локальних порід, дозволяючи виявляти лінії, що мають унікальні адаптивні особливості (St. John & Tsai, 2018).

За даними (St. John & Tsai, 2018) встановлено, що гаплотипи мтДНК пов'язані з низкою важливих фенотипових ознак, що вказують на племінну цінність у свиней зі статево-специфічними відмінностями. Проте цими ж дослідниками було встановлено, що існують «компроміси», коли деякі гаплотипи мтДНК пов'язані із покращенням одного критерію відбору, наприклад збільшеною товщиною м'язових волокон, але одночасно вони ж пов'язані з

погіршенням іншого критерію, наприклад, кількість соків. А це вказує на те, що при селекції за гаплотипи мтДНК можна досягти покращення одних ознак і одночасно отримати погіршення за іншими.

Генетичні методи у селекції дозволяють формувати більш стійкі популяції свиней, що є особливо важливим в умовах зміни клімату та зростання глобальних викликів у тваринництві. Вже сьогодні використання молекулярно-генетичних підходів у поєднанні з традиційними методами селекції дає можливість створювати породи з покращеною продуктивністю, які водночас зберігають свої унікальні біологічні особливості. Це відкриває широкі перспективи для розвитку галузі, роблячи свинарство більш стійким і технологічно розвинутим (Rothschild et al., 2000; Horák et al., 2005; Margeta et al., 2025).

Проте, незважаючи на численні переваги, генетичні методи селекції залишаються дорогими, що поки що обмежує їх широкомасштабне застосування. У племінних господарствах великих виробників геномна селекція вже стала стандартом, проте менші фермерські господарства поки що не мають доступу до цих технологій через їхню високу вартість. У перспективі очікується здешевлення ДНК-аналізів, що зробить молекулярно-генетичні методи доступними для ширшого кола виробників (Gerrits et al., 2005; Chen et al., 2025).

1.3. Застосування молекулярно-генетичних методів при збереженні малочисельних порід свиней

Збереження локальних порід свиней є стратегічно важливим завданням для тваринництва, оскільки саме ці породи володіють унікальними характеристиками, які можуть бути корисними в умовах змін клімату, нових захворювань або нестачі кормових ресурсів. Проте більшість локальних порід мають нижчу продуктивність у порівнянні з високопродуктивними комерційними лініями, що ставить під загрозу їхнє існування. Саме тому молекулярно-генетичні методи можуть відіграти вирішальну роль у їхньому збереженні та покращенні, дозволяючи оптимізувати селекцію, мінімізувати

ризика інбридингу та підвищити конкурентоспроможність таких порід (Voitenko, 2012; Djedovic et al., 2024; Engdawork et al., 2024).

Одним із ключових напрямів використання молекулярних методів у розведенні локальних порід є аналіз генетичної різноманітності. Локальні породи зазвичай мають обмежену популяцію, що призводить до підвищеного ризику інбридингу та поступового збіднення генофонду. Завдяки секвенуванню ДНК та аналізу поліморфізму SNP (однонуклеотидних замін) можна оцінити рівень генетичної варіативності та уникати близькоспорідненого схрещування. Це дозволяє зберігати не лише адаптивний потенціал порід, а й запобігати накопиченню рецесивних мутацій, які можуть негативно впливати на здоров'я та продуктивність тварин (Muñoz et al., 2004; Socol et al., 2015; Margeta et al., 2025).

Окрім боротьби з інбридингом, молекулярно-генетичні методи дають змогу проводити цілеспрямовану селекцію на основі генетичних маркерів. Наприклад, якщо у тварин, що відносяться до малочисельної породи є природна резистентність до певних захворювань, завдяки методам маркерної селекції можна відбирати тварин із найкращими варіантами відповідних генів і масштабувати цю особливість, тим самим поширюючи ці властивості у наступних поколіннях. Це особливо важливо у випадках захворювань, що не мають ефективного лікування, наприклад, таких як PRRSV (Zhao, 2012; Reiner, 2016; Vashchenko et al., 2022).

Ще один важливий аспект застосування молекулярних технологій – дослідження та покращення продуктивних характеристик без втрати унікальних властивостей локальних порід. Часто локальні породи мають кращі органолептичні якості м'яса, але поступаються промисловим лініям у швидкості росту або конверсії корму. Завдяки генетичним дослідженням стало можливим ідентифікувати гени, що впливають на ці параметри, і поступово покращувати продуктивність без втручання у ключові адаптивні ознаки. Наприклад, у деяких локальних порід України, таких як миргородська або полтавська м'ясна, спостерігається високий вміст внутрішньом'язового жиру, що забезпечує чудові смакові характеристики м'яса. Використання геномної селекції дозволяє

відбирати особин, які демонструють кращий баланс між якістю м'яса та темпами росту, що може зробити локальні породи більш привабливими для комерційного розведення (Voitenko, 2012; Цибенко та ін., 2015; Vashchenko et al., 2022).

Окрім покращення продуктивних характеристик, молекулярно-генетичні методи можуть бути корисними у вивченні історії локальних порід та їхньої адаптації до різних екологічних умов. Дослідження мітохондріальної ДНК (мтДНК) допомагає визначити походження та еволюцію певних порід, а також дає змогу оцінити їхню здатність до адаптації у майбутньому (Alves et al., 2003; Почерняєв, & Гетя, 2007; Почерняєв, & Ломако, 2012).

Мітохондріальна ДНК (мтДНК) є важливим інструментом у дослідженнях генетичного різноманіття, філогенетичних зв'язків і родоводів у тваринництві. Її особливості, зокрема материнське успадкування, відсутність рекомбінації, високий рівень мутацій та велика кількість копій у клітині, роблять мтДНК цінним генетичним маркером для селекційної роботи зі свинями.

Мітохондрії відіграють ключову роль в енергетичному обміні клітин, а їхня ДНК містить гени, які кодують важливі компоненти дихального ланцюга. Генетичні варіації в мтДНК можуть мати прямий вплив на продуктивні якості тварин, зокрема на швидкість росту, конверсію корму та відтворювальні характеристики. Оскільки мтДНК передається лише по материнській лінії, вона є стабільним індикатором жіночої родової лінії, що дає змогу відслідковувати генеалогічні зв'язки та ідентифікувати популяції з високим генетичним потенціалом.

У свиначстві основну увагу приділяють аналізу таких ділянок мтДНК, як D-loop (контрольна зона), 12S rRNA, 16S rRNA, гени цитохромів (наприклад, cytochrome b, ND1, ND2, COI, COII). D-loop особливо важливий через високий рівень поліморфізму, який дозволяє ефективно виявляти генетичну варіативність серед порід і ліній. Послідовності цих ділянок використовують для побудови філогенетичних дерев, виявлення походження порід, оцінки генетичної дистанції та ідентифікації окремих гаплотипів.

У світі мтДНК широко використовується для вивчення походження

домашніх свиней, порівняння генетичної структури популяцій, збереження генетичного різноманіття та оптимізації селекційних програм. Наприклад, дослідження азійських і європейських гаплотипів свиней дозволило встановити дві основні лінії одомашнення. Використання мтДНК-маркерів також стало основою для програм збереження локальних порід та створення генетичних банків.

В Україні дослідження мтДНК застосовуються у вивченні генетичної структури місцевих і зникаючих порід, зокрема української степової білої, миргородської та великої білої породи. Аналіз контрольного регіону D-loop дає змогу виявляти гаплотипи, оцінювати рівень внутрішньопорідної варіації та розробляти стратегії збереження та раціонального використання генетичних ресурсів. Використання мтДНК сприяє точнішому добору маточного поголів'я, збереженню унікальних ліній і поліпшенню відтворювальних якостей порід.

Одним із практичних прикладів використання молекулярно-генетичних методів для збереження локальних порід є відновлення миргородської породи свиней в Україні. Після спалахів африканської чуми свиней у 2018 році чисельність цієї породи критично скоротилася, і вона опинилася на межі зникнення. Завдяки молекулярним методам було проведено ретельний аналіз залишкової популяції, визначено найбільш генетично цінних особин, і розпочато програму відновлення породи. Вчені використали методи геномного аналізу, щоб відібрати тварин із найбільшим збереженим генетичним різноманіттям, що дозволило поступово збільшити чисельність популяції, уникаючи надмірного інбридингу (Vashchenko et al., 2019; Ібатуллін та ін., 2023а; Ібатуллін та ін., 2023б).

Отже, мітохондріальні маркери становлять потужний інструмент у сучасній генетичній селекції свиней. Вони дозволяють не лише досліджувати походження та структуру популяцій, а й оптимізувати селекційні програми шляхом кращого розуміння материнських ліній. Подальший розвиток молекулярно-генетичних методів, включаючи повногеномне секвенування мтДНК, відкриває нові перспективи для селекційної роботи, зокрема у напрямі

підвищення адаптаційних і продуктивних якостей свиней.

Незважаючи на значні перспективи, застосування молекулярних методів у збереженні локальних порід залишається викликом через високу вартість технологій. У багатьох випадках невеликі фермерські господарства, які займаються розведенням таких порід, не мають достатнього фінансування для проведення ДНК-аналізів або використання методів геномної селекції. Саме тому державні програми підтримки можуть відіграти важливу роль у розширенні доступу до цих технологій. Ще одним потенційним рішенням є міжнародне співробітництво. Деякі країни вже реалізують програми збереження генофонду локальних порід у співпраці з генетичними лабораторіями інших держав. Наприклад, у Європейському Союзі діють проєкти, які підтримують дослідження автохтонних порід, фінансуючи аналіз ДНК та впровадження програм молекулярної селекції. Українські локальні породи також можуть отримати вигоду від таких ініціатив, що дозволить не лише зберегти їх, а й зробити їх привабливішими для сучасного фермерства (Sahoo et al., 2016; Rosa, 2018; Kasprzyk & Walenia, 2023).

Таким чином, молекулярно-генетичні методи відкривають нові можливості для збереження, покращення та ефективного використання локальних порід свиней. Завдяки цим технологіям можна уникнути інбридингу, посилити природну резистентність до захворювань, покращити продуктивні характеристики та зберегти унікальні адаптивні властивості цих порід. Хоча широке впровадження таких методів поки що обмежене через економічні фактори, їхня подальша інтеграція у традиційні селекційні програми є необхідною для майбутнього сталого розвитку галузі. Локальні породи можуть відігравати ключову роль у формуванні більш стійкого, екологічного та адаптивного свинарства, що буде відповідати сучасним викликам і забезпечувати продовольчу безпеку навіть в умовах глобальних змін.

1.4. Перспективи та виклики впровадження молекулярно-генетичних методів у свинарстві

Розвиток молекулярно-генетичних технологій у свинарстві відкриває нові горизонти для селекції, оптимізації виробництва та збереження рідкісних порід. Використання геномного аналізу, маркерної селекції, вивчення мітохондріальної ДНК та інших методів дає змогу значно покращити ефективність племінної роботи, підвищити продуктивність тварин і забезпечити стійкість до різних захворювань. Однак, попри всі ці можливості, широкомасштабне впровадження таких технологій стикається з низкою викликів. Основними з них є економічні витрати, потреба в наукових дослідженнях, складність інтеграції з традиційними методами та питання регулювання використання генетичних даних (Giles et al., 2017; Mote & Rothschild, 2020; Rodrigues et al., 2024).

Одним із найголовніших бар'єрів для широкого впровадження молекулярних методів у селекції свиней є значна вартість генетичних досліджень. Проведення повного геномного аналізу, навіть з урахуванням здешевлення технологій останніми роками, все ще залишається дорогим для середніх і малих господарств. Наприклад, ціна повного секвенування ДНК однієї особини може становити сотні доларів, що робить цей метод економічно виправданим лише для великих племінних господарств. Навіть дешевші методи, такі як аналіз SNP-маркерів або дослідження мтДНК, потребують значних фінансових вкладень, які не всі фермери можуть собі дозволити. В умовах жорсткої конкуренції та необхідності швидкого повернення інвестицій багато виробників обирають традиційні методи відбору, які хоча й менш точні, але є значно дешевшими. Щоб зробити молекулярні методи більш доступними, необхідно розробити державні програми підтримки племінних господарств, які займаються збереженням генетичного різноманіття. Крім того, можливе фінансування таких досліджень через гранти міжнародних організацій, що займаються збереженням біорізноманіття та продовольчої безпеки (Cleveland & Hickey, 2013; Tribout et al., 2013; Abell et al., 2014; Sharif-Islam et al., 2024).

Широке застосування генетичних методів неможливе без розвитку наукової бази та підготовки спеціалістів, які можуть працювати з молекулярно-генетичними даними. Сучасна селекція вимагає міждисциплінарного підходу, який поєднує знання у сфері генетики, зоотехнії, біоінформатики та навіть штучного інтелекту. На жаль, у багатьох країнах, включаючи Україну, поки що недостатньо освітніх програм, які готують спеціалістів із молекулярної селекції у тваринництві. Більшість наукових досліджень зосереджена у великих міжнародних лабораторіях, і технології часто впроваджуються із значним запізненням. Для того щоб інтегрувати новітні методи у селекційну практику, необхідно розширювати програми підготовки фахівців, створювати інноваційні центри та лабораторії, а також підтримувати співпрацю між академічною наукою та аграрним сектором (Metlytska et al., 2016; Kovtun, 2021).

Ще одним викликом є інтеграція молекулярних технологій у вже існуючі племінні програми. Традиційна селекція базується на фенотипічному відборі, що дозволяє досить точно оцінювати продуктивність тварин на основі їхньої зовнішності, приростів, багатоплідності та інших характеристик. Генетичний аналіз, хоча й надає більше інформації, не завжди є достатнім для прийняття рішень у племінній роботі. Оптимальним рішенням є поєднання обох методів, коли молекулярні дані доповнюють традиційні методи оцінки. Наприклад, генетичні маркери можуть використовуватися для раннього відбору поросят із високим потенціалом росту, після чого ці тварини проходять стандартні зоотехнічні випробування для підтвердження своїх продуктивних якостей. Крім того, використання молекулярних методів може бути корисним для контролю генетичних захворювань, особливо у малочисельних породах, які мають обмежений генофонд. Регулярний моніторинг ДНК дозволяє уникати схрещування носіїв небажаних мутацій, що суттєво зменшує ризики спадкових патологій (Heuven et al., 2003; Березовський та ін., 2020; Turner et al., 2024).

Одним із найбільш дискусійних питань у застосуванні молекулярно-генетичних методів є етичні та правові обмеження. У деяких країнах існують суворі регуляторні норми, що стосуються використання геномної інформації та

селекції на основі ДНК-аналізу. Хоча методи маркерної та геномної селекції вже широко застосовуються, використання технологій генної модифікації та редагування ДНК (наприклад, CRISPR/Cas9) викликає багато суперечок. У більшості країн Європейського Союзу генетично модифіковані тварини не допускаються до комерційного виробництва, тоді як у США такі методи розглядаються як перспективні для майбутнього сільського господарства. Важливим питанням є також захист генетичних даних. Оскільки геномна інформація є унікальною для кожної тварини, існує ризик її використання у комерційних цілях без згоди виробників. Впровадження стандартів зберігання та використання таких даних є необхідним для забезпечення справедливості у селекційній роботі (Naab et al., 2021; Lubieniechi et al., 2025; Ijaz et al., 2025).

Молекулярно-генетичні методи займають провідне місце серед інноваційних технологій, що визначають вектор розвитку сучасного свинарства. Використання геномного секвенування, маркерної та геномної селекції, а також аналізу мітохондріальної ДНК дозволяє суттєво підвищити точність оцінки племінної цінності тварин, прискорити темпи генетичного прогресу та забезпечити збереження генетичного різноманіття. Перспективним напрямом є створення комплексних баз даних геномної інформації та впровадження штучного інтелекту для оптимізації процесів селекції, що вже продемонструвало високу ефективність у розвинених країнах. Окрему науково-практичну значущість має застосування молекулярних технологій для збереження малочисельних автохтонних порід, які володіють унікальними адаптивними властивостями і можуть слугувати джерелом цінних алелів в умовах глобальних екологічних змін. Проте широкомасштабне впровадження молекулярно-генетичних методів у практику племінної роботи стримується низкою факторів, серед яких визначальними є висока собівартість генетичних досліджень, недостатній рівень технічного забезпечення та брак фахівців відповідної кваліфікації. Очікується, що здешевлення генетичних технологій та подальша автоматизація біоінформаційних процесів сприятимуть розширенню їхнього застосування, що, у свою чергу, забезпечить створення високопродуктивних,

стійких до захворювань і адаптивних до змін навколишнього середовища популяцій свиней (Tu et al., 2022; Chafai et al., 2023).

Таким чином, впровадження молекулярно-генетичних методів у селекцію свиней є одним із ключових напрямків розвитку галузі. Геномне секвенування, маркерна та геномна селекція, а також дослідження мітохондріальної ДНК вже сьогодні дають змогу не лише підвищувати продуктивність, а й вирішувати низку важливих проблем, таких як стійкість до хвороб, оптимізація годівлі та збереження генетичного різноманіття. Завдяки цим технологіям можна досягти компромісу між високою продуктивністю та збереженням адаптивних властивостей порід, що є стратегічно важливим для майбутнього свиначарства.

1.5. ДНК-маркери пов'язані із відтворювальною здатністю свиней

Вивчення відтворювальних ознак свиней за допомогою генетичних методів є важливим етапом удосконалення селекційного процесу, оскільки ці ознаки мають низький коефіцієнт успадкування, що значно ускладнює їх покращення традиційними методами. Відтворювальні характеристики, такі як кількість поросят у гнізді, їхня збереженість тощо, є результатом взаємодії багатьох генетичних і середовищних факторів, що робить їх важкими для ефективного відбору за допомогою класичних методів селекції. Використання молекулярно-генетичних технологій дозволяє точно ідентифікувати генетичні маркери, що контролюють ці ознаки, що значно прискорює процес селекції та підвищує її ефективність. Завдяки цим методам можна значно знизити вплив середовищних факторів та об'єктивно оцінити спадкову компоненти відтворювальних характеристик, що є важливим для подальшого покращення відтворювальних результатів у свиначарстві (Vallet et al., 2005a; Balatsky et al., 2012; Бірта та ін., 2021; Zhukorskyi et al., 2023).

Досягнення в генетиці тварин полегшили ідентифікацію генетичних локусів, пов'язаних із розміром гнізда, і дали змогу визначити генотип тварин за допомогою молекулярно-генетичних маркерів. Згідно з Distl (2007), більше ніж

50 QTL були картографовані, і понад 12 генів-кандидатів продемонстрували асоціації з розміром гнізда. Генотипування цих локусів дозволяє передбачити репродуктивний потенціал, таким чином інформуючи про оптимальні селекційні рішення.

Прикладом маркерів, що впливають на відтворювальну здатність свиней, можуть бути гени фолікулостимулюючого гормону (*FSHR*), епідермального фактора росту (*EGF*) та гена лютеїнізуючого гормону (*LHR*) та інші. Ген *FSHR* (follicle-stimulating hormone receptor) відіграє ключову роль у регуляції росту фолікулів у свиноматок, що безпосередньо впливає на їхню багатоплідність. Дослідження показують, що поліморфізм у промоторній ділянці *FSHR* впливає на експресію гена, а відповідно й на гормональний баланс, що визначає рівень фертильності. Деякі варіанти цього гена (наприклад, поліморфізм -29G>A) були пов'язані з вищою кількістю овуляторних фолікулів і збільшеною кількістю живонароджених поросят (Mellink et al., 1995; Jiang et al., 2017; Kongsonthana, 2021).

Ще одним важливим геном, що контролює відтворювальні показники, є ген лютеїнізуючого гормону (*LHR*, або *LHCGR*). Його експресія в яєчниках регулює рівень статевих гормонів, необхідних для овуляції. Поліморфізм у цьому гені впливає на відповідь організму на лютеїнізуючий гормон, що визначає успішність запліднення та імплантації ембріона. Дослідження свідчать, що свиноматки з алелями, що забезпечують більш стабільний гормональний фон, мають кращі показники запліднення та більший розмір гнізда (Kempisty et al., 2014; An et al., 2017; Kongsonthana, 2021).

Ген *EGF* (epidermal growth factor) також є важливим маркером, оскільки цей фактор росту стимулює проліферацію клітин ендометрію, що покращує імплантацію ембріонів. Поліморфізми в гені *EGF* можуть впливати на якість та виживаність ембріонів на ранніх стадіях розвитку. Було показано, що свиноматки з певними алельними варіантами цього гена мали на 1,2–1,8 поросят більше в гнізді порівняно з носіями менш сприятливих генотипів (Swanchara et al., 1995; Lee et al., 2005).

Одним із ключових генів, пов'язаних із розміром гнізда у свиней, є ген рецептора естрогену 1 (*ESR1*) (Rothschild et al., 1996; Short, 1997; Rahman et al., 2021). У свиней *ESR1* локалізований на хромосомі 1 (*Sus scrofa* chromosome 1), містить 8 екзонів із типовим ядерним рецепторним доменом і ліганд-зв'язувальною ділянкою. Трансламінування рецептора до ядра відбувається після зв'язування 17β -естрадіолу. ER α (*ESR1*) — ліганд-залежний транскрипційний фактор, що регулює експресію генів, залучених до розвитку статевих органів, овуляції, імплантації та лактації. Експресується у яєчниках, матці, гіпофізі, молочних залозах та інших тканинах. Поліморфізм гену *ESR1* проявляється через *PvuII* – інтронну заміну у нуклеотиді і визначається методом ПЛР-ПДРФ. Розташовується: позиція в інтроні: 397 T>C, що створює рестрикційний сайт *PvuII* у інтроні 1 (віддаленість від екзону 1 \approx 46 пн до сайту XbaI). Генотипування: після ПЛР-ампліфікації фрагмента довжиною \approx 120 пн і обробки *PvuII* отримують різні поєднання фрагментів, що дозволяє виділити генотипи AA (відсутність сайту), AB та BB (наявність сайту), (Drogemüller et al., 1997; Kaminski et al., 2003). Кілька досліджень показали, що свиноматки з генотипом BB за поліморфною ділянкою *PvuII* перевершують свиноматок з генотипами AB і AA за розміром гнізда, з різницею в діапазоні від 0,6 (Isler, 2002) до 3,58 (Chen et al., 2000) додаткових поросят у гнізді. Однак сила цього зв'язку може відрізнятися залежно від порід свиней, генетичних ліній і популяцій (Gibson et al., 2002; Balatsky et al., 2012; Wu et al., 2023).

Ген рецептора естрогену (*ESR1*, estrogen receptor 1) є одним із найбільш досліджуваних генів у контексті репродуктивної продуктивності свиней. Він відповідає за регуляцію гормонального фону, що впливає на ріст і дозрівання фолікулів, імплантацію ембріонів і загальну фертильність свиноматок. Дослідження показують, що свиноматки з генотипом BB мають значно вищий розмір гнізда порівняно з особинами AA або AB. Різниця може становити від 0,6 до 3,58 поросят у гнізді (Short et al., 1997; Chen et al., 2000).

Однак, взаємозв'язок між генотипом *ESR1* та фертильністю може змінюватися залежно від породи. Наприклад, у китайських порід свиней

позитивний ефект генотипу ВВ є менш вираженим, тоді як у європейських ліній велика біла та ландрас ця закономірність спостерігається стабільніше (Gibson et al., 2002).

Ген рецептора пролактину (*PRLR*) також відіграє вирішальну роль у регуляції відтворювальних властивостей у свиней, зокрема розміру гнізда та продуктивності молока у свиноматок, а також якості сперми у кнурів (Putnová et al., 2002). Ген *PRLR* локалізований на зворотному (мінус-) ланцюзі хромосоми 16, займаючи регіон, що містить 9 кодуєчих екзонів (ексони 3–11) і 14 некодуєчих екзонів. Загальна довжина гена перевищує 80 кб, а його продукт—рецептор пролактину—відповідає за сприйняття та передачу сигналів гормону пролактину. Поліморфізм *AluI* в цьому гені пов'язаний із збільшенням розміру гнізда та кількості живонароджених поросят, лактації та загалом із формуванням та розвитком репродуктивних функцій. Алель А та генотип АА цього поліморфізму були визначені як бажані для покращення репродуктивної здатності (Vincent et al., 1997; Kmiec & Terman, 2006; Hong et al., 2020).

Рецептор пролактину експресується в багатьох тканинах: гіпоталамусі, гіпофізі, молочній залозі, яєчниках, матці та інших органах репродуктивної системи. Він модулює проліферацію і диференціацію клітин, впливає на продукування молока та збереження вагітності. Поліморфізм *AluI* (PCR–RFLP) -однонуклеотидна заміна С→G (або G→С) у ексоні 10 або прилеглому інтроні, що призводить до появи/зникнення розпізнавального сайту для рестриктази *AluI*.

Низка досліджень встановила (Kmiec & Terman, 2006), що генотип ВВ за *PRLR/AluI* асоціюється зі збільшенням числа живонароджених поросят на 0,8–4,7 голів залежно від породи. Особливо виражений ефект у породи Welsh: приріст до 4,7 поросят на опорос.

Ген *PRLR* (prolactin receptor) є ще одним із ключових маркерів у селекції свиней, оскільки він регулює відповідь організму на пролактин, гормон, що відіграє критичну роль у лактації, материнській поведінці та процесах відтворення. Поліморфізм *AluI* у гені *PRLR* виявлений як важливий фактор, що впливає на відтворювальні показники свиноматок. Аналізуючи вплив цього

поліморфізму, вчені виявили, що алель А цього гена пов'язаний зі збільшенням розміру гнізда та кількістю живонароджених поросят. Свиноматки з генотипом АА за поліморфізмом *AluI* мали в середньому на 0,5–1,8 поросят більше у гнізді порівняно з особинами з генотипами АВ або ВВ (Kmiec & Terman, 2006).

Окрім впливу на свиноматок, ген *PRLR* також відіграє роль у формуванні якісного сперматозоїдного пулу у кнурів. Пролактин бере участь у підтримці функції статевих залоз, а його рецепторні варіанти можуть впливати на якість та рухливість сперматозоїдів. Кнури з "позитивними" алелями цього гена мають вищу концентрацію та життєздатність сперматозоїдів, що безпосередньо впливає на фертильність (Hong et al., 2020).

На відміну від ядерних генів, мітохондріальна ДНК (мтДНК) передається виключно по материнській лінії. Це робить її особливо важливою у селекції свиней, оскільки саме материнська лінія визначає енергетичний потенціал та адаптивні можливості потомства. Дослідження вказують, що певні гаплотипи мітохондріальної ДНК мають значний вплив на відтворювальні характеристики свиноматок. Наприклад, у порід, які мають високу адаптивність до екстремальних умов, знайдено унікальні варіанти мтДНК, що забезпечують кращу енергетичну ефективність метаболізму, що в свою чергу позитивно впливає на виживаність ембріонів і лактацію (Yen et al., 2007; Liu et al., 2019).

Окрім відтворювальних показників, дослідження показують, що поросята, які походять від свиноматок із певними варіантами мтДНК, мають кращу конверсію корму та швидший темп росту. Це пояснюється ефективнішим функціонуванням мітохондрій, що забезпечують клітини енергією для активного росту та розвитку. Оскільки мтДНК є важливим фактором успадкування енергетичного потенціалу, її дослідження також використовуються для збереження малочисельних порід свиней. Аналіз мітохондріальних гаплотипів дозволяє ідентифікувати популяції, що мають унікальні адаптивні властивості, і розробляти стратегії їхнього розведення та відновлення (Liu et al., 2024; Molinero et al., 2025).

В цілому, типкування свиней за ДНК-маркерами, пов'язаними з

фертильністю, значно підвищує ефективність селекції. Такі гени як *FSHR*, *LHR*, *ESR1*, *PRLR*, *EGF* та мітохондріальна ДНК, відіграють ключову роль у збільшенні розміру гнізда, виживаності ембріонів та загальній відтворювальній здатності свиноматок.

1.6. Обґрунтування вибору напрямів власних досліджень

Підвищення продуктивності сільськогосподарських тварин є проблемою глобального значення, оскільки разом із підвищенням ефективності виробництва сприяє збереженню ресурсів та мінімізації негативного впливу тваринницької продукції на навколишнє середовище (Kyryliuk et al., 2021; Zhyvko et al., 2022; Hnatenko et al., 2024).

У сучасних умовах розвитку тваринництва однією з ключових задач є підвищення репродуктивної здатності сільськогосподарських тварин, що особливо актуально для малочисельних локальних порід. Серед генетичних чинників, що впливають на фертильність та відтворювальні характеристики свиноматок, значну увагу привертають гени *ESR1* та *PRLR*, які мають встановлений функціональний зв'язок із репродуктивною системою (Chen et al., 2000; Balatsky et al., 2012).

Ген *ESR1* кодує рецептор естрогенів, який бере участь у регуляції процесів дозрівання фолікулів, імплантації ембріонів, розвитку матки та функціонуванні гіпоталамо-гіпофізарно-яєчникової осі. Поліморфізм цього гена було неодноразово асоційовано зі змінами таких показників як кількість поросят у приплоді, частота овуляції та тривалість міжопоросного періоду (Rothschild et al., 2000; Gibson et al., 2002; Balatsky et al., 2012). Ген *PRLR*, у свою чергу, кодує рецептор до пролактину — гормону, який відіграє критичну роль у процесах лактації, підтримці вагітності та материнської поведінки. Поліморфізм *PRLR* виявлено асоційованим із варіаціями продуктивності у свиней, зокрема з кількістю живонароджених поросят та виживаністю молодняка (Putnová et al., 2002; Terman, 2005; Dai & Long, 2015).

Включення до дослідження мітохондріальної ДНК (мтДНК) надає ширший

функціональний контекст, зважаючи на її роль в енергетичному метаболізмі клітин, особливо в тканинах із високою енергозалежністю, таких як яйцеклітини та ембріональні структури. Оскільки мтДНК передається виключно по материнській лінії, її варіабельність має потенціал бути потужним інструментом відстеження ліній і селекційних програм з урахуванням материнського впливу на відтворення (Alves et al., 2003).

Поліморфізм за цими генами може слугувати генетичним маркером для відбору свиноматок з підвищеним репродуктивним потенціалом. Проведення асоціативного аналізу поліморфізму генів *ESR1* та *PRLR* у малочисельних порід свиней, враховуючи складності та нижчу ефективність традиційних методів селекції, обумовлені недостатньою кількістю ефективною чисельністю цих популяцій сприятиме поліпшенню відтворювальних якостей українських локальних порід свиней (миргородської та полтавської м'ясних) сприятиме розширенню їх популяції та підвищенню економічної привабливості для розведення та промислового використання. Крім того, моніторинг поліморфізму репродуктивних генів в уельській породі допоможе підтримувати високий рівень розміру гнізда та дозволить відібрати високоплідних особин для подальшого розведення.

РОЗДІЛ 2

МАТЕРІАЛ ТА МЕТОДИКА ДОСЛІДЖЕНЬ

2.1 Місце проведення і матеріал досліджень

Весь обсяг досліджень виконаний за темою дисертаційної роботи був проведений на базі лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН, що має свідоцтво про відповідність стану систем вимірювань ДСТУ ISO 10012:2005, № 039-22, від 03 червня 2022 року. Зразки біоматеріалу, (щетина) була відібрана від свиней, що належать підприємствам ПСП "ОРАЧ" та ФГ "САМ-12 "порід: полтавської м'ясної, миргородської та свиней породи уельс, відповідно по 20 голів за кожною породою.

Умови годівлі і утримання для всіх тварин були ідентичними. Відбір тварин у групи відбувався за принципом пар аналогів.

Дозвіл на використання тварин затверджено вченою радою Інституту свинарства і АПВ у відповідності з Європейською конвенцією із захисту хребтових тварин, які використовуються для експериментальних та інших наукових цілей (European Convention for the Protection of Vertebrate Animals used for Experimental and Other Scientific Purposes, Strasbourg, 18. III. 1986).

2.2 Схема досліджень

Роботу виконано згідно запланованої схеми досліджень, яка представлена на рис. 2.1.

2.3 Методи досліджень

2.3.1 Визначення відтворювальних ознак свиней

Для пошуку зв'язку між генотипами свиноматок та рівнем їх

відтворювальних ознак були отримані показники основних параметрів від свиноматок полтавської м'ясної, миргородської та свиней породи уельс.

Усі показники відтворювальних ознак свиноматок були отримані згідно рекомендацій (Міністерство аграрної політики України, 2002), що наведені у інструкції з бонітування свиней з картки племінної свиноматки форми 2-СВ. До показників відтворювальної здатності відносились: загальна кількість народжених поросят, багатоплідність, маса гнізда при відлученні, середня маса однієї поросяти. Показники відтворювальної здатності включали дані з першого по четвертий опороси.



Рис. 2.1 Схема досліджень

2.3.2 Відбір зразків біоматеріалу для проведення ДНК-типування

Відбір крові від свиней, проводили в ранкові години до годівлі в поліетиленові пробірки з антикоагулянтном. В якості антикоагулянту застосовували 3,8% цитрат натрію (Соколов Б.П. та ін. 1989).

2.3.3 Виділення ДНК

Враховуючи вид тканини з якої проводили виділення тотальної ДНК застосовували найбільш адаптований метод виділення.

Для виділення ДНК із щетини застосовувався метод екстракції за допомогою смоли "Chelex-100" (Walsh P.S. et al., 1991).

Виділення ДНК із щетини тварин за допомогою смоли "Chelex-100". Для запобігання зайвого стресування свиноматок було використано як біоматеріал - щетину. Для виділення ДНК, згідно рекомендацій (Корінний С.М. та ін. 2005), брали 3 щетини та відрізали волосяну цибулину з прикореневою частиною (приблизно 1 см). Відрізані частини поміщали в пластикові пробірки Eppendorf ємністю 1,5 мл., та додавали 200 мкл. 5% суспензії Chelex-100. Суміш інкубували протягом 10-14 годин при 56 °С періодично перемішуючи вміст на Vortex 5-10 сек. Далі пробірки поміщали у термостат на 8 хв при 100°С і знову перемішували на Vortex 5-10 с та центрифугували 2-3 хв при 10-15 тис. об/хв 10 мкл. супернатанту використовували для ампліфікації в ПЛР. Зберігали зразки ДНК при мінус 20°С. Перед використанням зразки перемішували та центрифугували 5 хв при швидкості 6000 об/хв.

Зберігали зразки при мінус 20 °С. Перед використанням зразки перемішували та центрифугували 5 хв при швидкості 6000 об/хв.

2.3.4 ДНК-типуння свиней за генами *ESR1*, *PRLR* та МтДНК

Проводили методом ПЛР-ПДРФ (Goddard, M. E., et al., 2009). Метод передбачає проведення локус специфічної ампліфікації ділянки гена, що аналізується та її рестриктний аналіз. ДНК-типуння за геном *ESR1* (Short H.T. et al., 1997), за геном *PRLR* (Kmieć M. et al., 2006).

Локус специфічна ампліфікація ДНК в полімеразній ланцюговій реакції. Локус специфічну ампліфікацію проводили за наступною загальною схемою: у пробірках Eppendorf ємністю 0,5-мл готували реакційну суміш в об'ємі 25 мкл у

мікроцентрифужних пробірках Eppendorf, 0,5 мл (Компанія Eppendorf, Німеччина) на термоциклері “ Biometra ” (Німеччина). (“New England Biolabs”, USA) ПЛР-ПДРФ проводили відповідно рекомендацій. Параметри програми ампліфікації зазначено у табл.2.1 (25 мкл.) наступного складу: 2,5 мкл універсального 10x PCR буфер, 0,5 мкл прямого F-праймеру (5 мкМ), 0,5мкл зворотного R (5мкМ), 0,125 мкл (5 од.акт.) Taq – ДНК-полімерази (*Thermus aquaticus*) (“New England Biolabs”, USA), 19,4 мкл деіонізованої води та 1мкл ДНК-матриці.

На реакційну суміш нашаровували 15 мкл. мінерального масла.

Програми ампліфікації та структура праймерів для локусів *ESR1*, *PRLR* та МтДНК наведені у таблиці 2.1.

Аналіз продуктів гідролізу ампліфікованих послідовностей генів. Аналіз продуктів гідролізу ампліфікованих послідовностей генів виконувався відповідно до рекомендацій (Green, M. R. at al., 2012) і включає наступні етапи:

1.Ампліфікованана послідовність гену піддавалась дії енндонуклеази рестрикції.

Таблиця 2.1

Структура праймерів та програми ампліфікації.

Ген	Програма ампліфікації	Структура праймерів
<i>ESR1</i>	95°C – 4 хв.; 31 цикл: 95°C – 60 сек.; 56°C – 60 сек.; 68°C – 60 сек., та 68°C – 7 хв.	F: 5'-CCTGTTTTTACAGTGACTTTTACA GAG-3'
		R:5'-CACTTCGAGGGTTCAGTCCAATTAG-3'
<i>PRLR</i>	95°C – 5 хв.; 35 цикл: 95°C – 40 сек.; 55°C – 40 сек.; 68°C – 40 сек., та 68°C – 5 хв.	F: 5'- CGTGGCTCCGTTTGAAGAACC -3'
		R: 5'- CTGAAAGGAGTGCATAAAGCC -3'
<i>MIT- PRO</i>	95°C – 5 хв.; 31 цикл: 94°C – 30 сек.; 65°C – 26 сек.; 68°C – 40 сек., та 68°C – 2 хв.	F: 5'-CATACAAATATGTGACCCCAAA-3'
		R: 5'- GTGAGCATGGGCTGATTAGTC-3'

2.Проводилось електрофоретичне розділення фрагментів у гелі.

3.Зпівставлення розмірів рестриктів з тими, котрі варто очікувати за результатами аналізу нуклеотидної послідовності гена.

Рестрикцію ампліфікованих послідовностей генів здійснювали за загальною схемою (Brém, G. at al., (1993). Реакційна суміш вміщувала: 10x рестрикційний буфер (оптимізований для даного ферменту) - 2,5 мкл, H₂O - 7,3 мкл, відповідна ендонуклеаза рестрикції - 0,2 мкл. (4-5 од. акт.) та 15 мкл PCR-продукту. Реакційну суміш інкубували у термостаті при 37 °С - 3 години. Ендонуклеази рестрикції специфічні для кожного локусу гена, що вивчається та отримувані фрагменти від гідролізу і відповідні їм генотипи наведено у таблиці 2.2. Для аналізу МтДНК використовували ендонуклеазу *Tas I*.

В залежності від молекулярної маси утворених рестриктів, та для кращого розділення: для фрагментів менших за 300 пар нуклеотидів (п.н.) використовувався 8% поліакриламідний гель.

Електрофорез продуктів рестрикції проводили у 8% поліакриламідному гелі у тріс-боратному електрофорезному буфері (ТВЕ: 0,0879 М тріс, 0,089 М борна кислота, 0,002 М ЕДТА рН 8,0, відповідно до методичних рекомендацій (Promega Corporation, 1996).

Таблиця 2.2

Ендонуклеази рестрикції для кожного локусу, отримувані фрагменти гідролізу і відповідні їм генотипи.

Ген/ендонуклеаза рестрикції	Фрагменти рестрикції в п.н. після рестрикції	
<i>ESR1/ Pvu II</i> New England Biolabs", USA	алель А: 120 п.н.;	алель В: 65 + 55 п.н.
<i>PRLR/ AluI</i> New England Biolabs", USA	алель А: 85+59+19 п.н.;	алель В: 104+59 п.н.

Для нанесення зразків на гель використовували буфер наступного складу: 0,25% бром феноловий синій, 0,25% ксиленціанол, 30% гліцерин. Електрофорез проводили 1,5 - 2 години при напрузі 2 вольт /см геля. Фарбування гелів здійснювали розчином бромистого етидію (0,5мкг/мл) протягом 10хв з наступною їх багаторазовою відмивкою у дистильованій воді. Візуалізацію фрагментів ДНК проводили в УФ світлі. Фотодокументацію здійснювали на

цифрову фотокамеру Canon Power Shot IS – S3.

Визначення генотипів. Аналіз одержаних електрофореграм за визначеними локусами проводили за розміром смуг. Для орієнтації в розмірах одержаних смуг використовували специфічний маркер молекулярної маси: *pBR322 DNA-MspI Digest* (New England Biolabs, USA, 2024), згідно рекомендацій фірми-виробника та рекомендацій.

2.3.5 Популяційно-генетичні дослідження, статистичний аналіз популяційних параметрів

Аналіз генетичної структури популяцій за молекулярно-генетичними маркерами передбачає оцінку наступних параметрів: частот алелей та генотипів, визначення генетичної рівноваги, оцінка генетичних відстаней (Nei M., 1972). Головні формули, що використовували для обчислення основних популяційно-генетичних характеристик наведено нижче.

1. Розподіл генотипів (очікувана кількість) відповідно до формули Харді – Вайнберга: $p^2 + 2pq + q^2 = 1$, де p – частота гомозигот за одним алелем; q – частота альтернативного алеля.

2. Розрахунок частот алелей у моногенних диалельних системах:

$$p(A) = \frac{2N(AA) + N(Aa)}{2N_{\text{заг.}}} \quad (2.1)$$

$$q(a) = \frac{2N(aa) + N(Aa)}{2N_{\text{заг.}}} \quad (2.2)$$

$$\text{або} \\ \underline{q(a) = 1 - p(A)} \quad (2.3)$$

Де $N_{\text{заг.}}$ – загальна чисельність особин з генотипами AA , Aa , aa .

Символом pA позначається відносна частота алеля A , символом qa – відносна частота алеля a

3. Достовірність різниці частот алелів серед різних популяцій тварин, що досліджуються розраховували за методом Фішера:

$$F_{\phi} = (\phi_1 - \phi_2)^2 \frac{n_1 n_2}{n_1 + n_2}, \quad (2.4)$$

де n_1 та n_2 об'єми груп, що порівнюються, а $\phi = 2 \frac{\pi}{180} \arcsin \sqrt{P}$, де P – частота алеля.

1. За допомогою критерію Пірсона розраховували достовірність відхилення очікуваних співвідношень розподілу генотипів від тих, які спостерігаються:

$$\chi^2 = \sum_i^m \frac{(F_i' - F_i)^2}{F_i'}, \quad (2.5)$$

де F_i' , F_i – очікуване і та, яка спостерігається кількість особин з i генотипом, m кількість генотипів.

2. При характеристиці рівня генетичної мінливості використовували показники фактичної гетерозиготності:

$$H_o = \frac{1}{n} \sum_j^n h_j, \quad (2.6)$$

де h_j – кількість гетерозигот на об'єм вибірки, осереднене за всіма дослідженими локусами (n);

очікуваної гетерозиготності:

$$H_E = \frac{1}{n} \sum_j^n \left(1 - \sum_i^k P_{ij}^2\right), \quad (2.7)$$

де n – кількість досліджених локусів, P_{ij} – частота i алеля в j локусі, k – кількість алелів в j локусі.

6. Генетичні дистанції розраховували за алгоритмом Нея (Nei M., 1975). В основі методу визначення (D_n) лежить розрахунок показника генетичної ідентичності (I), що визначається як:

$$I = J_{xy} / \sqrt{J_x J_y} = \frac{\sum \sum X_{ij} Y_{ij}}{\sqrt{\sum \sum X_{ij}^2 \sum \sum Y_{ij}^2}}, \quad (2.8)$$

де X_{ij} та Y_{ij} – частоти i -тих алелів j -того локуса в популяціях X та Y відповідно,

$$J_x = \sum_j \sum_i X_{ij}^2 / n; \quad J_y = \sum_j \sum_i Y_{ij}^2 / n; \quad J_{xy} = \sum_j \sum_i X_{ij} Y_{ij} / n, \quad (2.9)$$

де n – кількість досліджених локусів. Дистанція (D_n) – генетична відстань, що визначається як $D_n = -\ln I$.

7. Фіксаційний індекс розраховувався по наступній формулі:

$$F = \frac{H_e - H_o}{H_e} \quad (2.10)$$

де H_e - очікувана гетерозиготність, та H_o - фактична гетерозиготність (Wright, S., 1978; Guries, R.P. et al., 1978).

8. Показник поліморфного інформаційного індексу (PIC, Polymorphic Information Content):

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

де: n — кількість алелей гена, та p_i — частота i -го алеля.

(2.11)

9. Селекційний індекс відтворювальних якостей свиноматок:

$$\text{СІВЯС} = 6X_1 + 9,34(X_2/X_3) \quad (2.12)$$

де: СІВЯС - селекційний індекс відтворювальних якостей свиноматок, X_1 - багатоплідність, голів, X_2 - маса гнізда при відлученні, кг, X_3 - доба відлучення, днів (Zhukorskyi, O. M. et al., 2022).

Статистичну обробку результатів ДНК-типування проводили на персональному комп'ютері за допомогою відповідних програм. Для розрахунків основних популяційних характеристик (частоти алелів, генотипів, рівні очікуваної та фактичної гетерозиготності, що спостерігається та генетичні дистанції) використовували програму GENALEX 6.5 (Peakall R. et al., 2006). Отримані числові дані генетичних дистанцій аналізували програмами TREE (Kaps, M. at al., (2004) та MEGA-4 (Tamura K. et al., 2007) з наступною побудовою дендрограм. Показник PIC (Polimorphic Information Content), який характеризує варіабельність локусу і дозволяє визначити локуси, по яких доцільно проводити маркерну селекцію розраховували на «on-line калькуляторі» (Polimorphic Information Content calculator, 2008).

Окремі популяційно-генетичні характеристики (вірогідність, критерій χ^2 та критерій Фішера і асоціативний аналіз), обчислені за допомогою середовища Excel 2021.

Аналіз первинної послідовності гену виконували за допомогою комп'ютерної програми Primer3 (Untergasser, A., et al. 2012) для даної пари праймерів.

2.3.6 Статистичний аналіз зв'язку генотипів з ознаками продуктивності свиней

Статистичний аналіз зв'язку генотипів з ознаками продуктивності свиноматок виконано однофакторним дисперсійним аналізом (ANOVA) за допомогою надбудови Analysis ToolPak, активованої в Excel 2021.

Перевірка передумов проходила у наступному:

1. Нормальність розподілу залишків перевіряли окремо для кожної групи за допомогою тесту Шапіро–Уїлка.
2. Гомогенність дисперсій оцінювали через тест Левена (Levene's test) або Барлетта; у разі порушення цієї умови доцільно застосовували Welch's ANOVA.

Параметри аналізу

- Рівень значущості (p) встановлено на 0,05.
- F-статистика, df_1 й df_2 , а також p -value зазначені в таблиці ANOVA Excel.
- Розмір вибірки та середні значення по групах були вказані для прозорості.

Якщо за аналізом ANOVA виявлена значуща відмінність, для виявлення конкретних міжгрупових контрастів, за рекомендаціями застосували Tukey HSD або Bonferroni correction через вкладку Data Analysis, побудувавши інтервали довіри за відповідними формулами.

Оцінка ефекту

Для кількісної характеристики сили впливу фактора розраховували η^2 (eta-squared) або ω^2 (omega-squared) за формулами в Excel згідно з рекомендаціями Real Statistics (real-statistics.com, 2025).:

$$\eta^2 = \frac{SS_{Between}}{SS_{Total}}$$

$$\omega^2 = \frac{SS_{Between} - (df_{Between} \times MS_{Within})}{SS_{Total} + MS_{Within}} \quad (2.13)$$

3. Візуалізували результати за допомогою побудови стовпчикових діаграм із позначками середніх \pm стандартна похибка та супроводжувати їх діаграмами залишків для перевірки передумов гомоскедастичності й нормальності у досліджуваних групах.

2.3.7 Математична обробка річного економічного ефекту

Економічну ефективність обчислювали відповідно до методики визначення економічної ефективності використання у сільському господарстві науково-дослідних і дослідно-конструкторських робіт (Кузьменко, О. А., 2021) за формулою:

$$E = Ц \cdot \frac{С \cdot П}{100} \cdot Л \cdot К, \quad (2.14)$$

де: E - вартість додаткової основної продукції, грн.;

Ц – середня закупівельна ціна одиниці продукції за 2025 рік, грн.;

С - середня продуктивність тварин базового варіанту;

П - середня прибавка основної продукції, яка виражена у відсотках на одну голову, %;

Л - постійний коефіцієнт зменшення результату, який пов'язаний з додатковими витратами на прибуткову продукцію та дорівнює 0,75;

К - чисельність поголів'я сільськогосподарських тварин нового або поліпшеного варіантів, голів.

РОЗДІЛ 3

РЕЗУЛЬТАТИ ВЛАСНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

3.1 Визначення мітохондріальних гаплогруп у вибірках свиней полтавської м'ясної та миргородській порід

На даний час свині миргородської та полтавської м'ясної порід мають досить невелику кількість тварин у популяціях. До того ж популяція свиней миргородської породи знаходиться у стані відновлення популяції через різке її зниження у наслідок дії АЧС на популяцію результатом якої була загроза зникнення цієї породи. Процес відновлення та збільшення кількості у обох породах супроводжується схрещуванням із прилиттям у породу крові інших порід. Тому із ціллю дослідження груп свиней відповідних їх породі було проведено визначення мітохондріальних гаплогруп у відповідних вибірках порід свиней. Як референтний гаплотип було обрано гаплотип, що відповідає саме миргородській породі так як він присутній у обох порід.

Таблиця 3.1

Мітохондріальні гаплотипи у вибірці свиней полтавської м'ясної та миргородської порід (мікропопуляція у 2024 р.).

Миргородська порода		Полтавська м'ясна порода	
№ п\п	гаплотип	№ п\п	гаплотип
1	2	3	4
1*	С	1*	В1
2*	В1	2*	В1
3	L	3*	В1
4	L	4	Р

Продовження Таблиці 3.1

1	2	3	4
5	L	5*	B1
6*	B1	6*	B1
7*	B1	7*	B1
8*	B1	8*	C
9*	B1	9*	B1
10*	C/B2	10	A/B1
11	B2	11*	B1
12	B2	12*	B1
13	B2	13*	B1
14*	B1	14*	B1
15	B2	15*	B1
16	L	16	O
17*	B1	17*	B1
18*	B2/C	18	J1
19*	B2/C	19	O
20*	B2/C	20	J1

Крім того полтавська м'ясна порода може бути залучена у процесі відновлення миргородської породи свиней шляхом спрямованої інтродукції генів, що передбачає у майбутньому максимально повний аналіз наявного маточного поголів'я. Виявлення невеликої групи свинок з притаманними миргородській породі мітохондріальними гаплотипами, завдяки спрямованій інтродукції генів, допоможуть розширити генеалогічну структуру відновленої породи.

Генотипування зразків біоматеріалу миргородської та полтавської м'ясної породи з вибірки тварин наявної мікропопуляції у 2024 р. із експериментальної

бази Інституту свинарства та АПВ НААН виявило наступний розподіл мітохондріальних гаплотипів, який представлено у табл. 3.1, 3.2 та рис.3.1. миргородської породи.

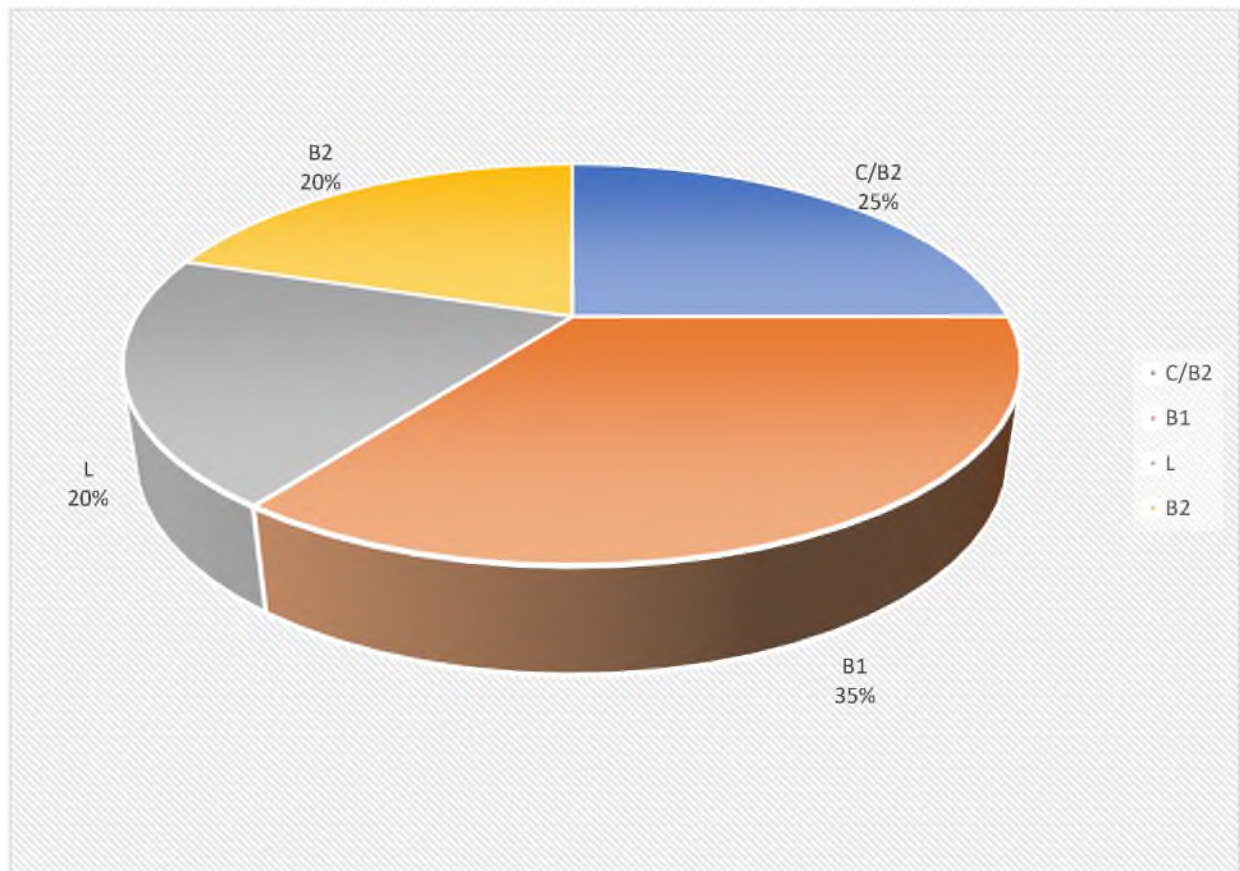


Рис.3.1 Частка мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней миргородської породи.

Загальна частка типових мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней за складає 80% (це гаплотипи B₁, C/B₂, L) для миргородської породи, а для вибірки полтавської м'ясної породи – 90% (B₁, J₁, O, C) та з них 10% приходить на гаплотип J₁, що притаманний великій білій породі.

Генотипування показало, що кількість тварин у вибірці свиней полтавської м'ясної породи із бажаними мітохондріальними гаплотипами знаходиться на достатньому рівні. Меншій відсоток (80%) мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней миргородської породи вказує на прилиття крові інших порід свиней (20%), які було застосовано на попередніх етапах відновлення популяції коли чисельність тварин була вкрай низькою.

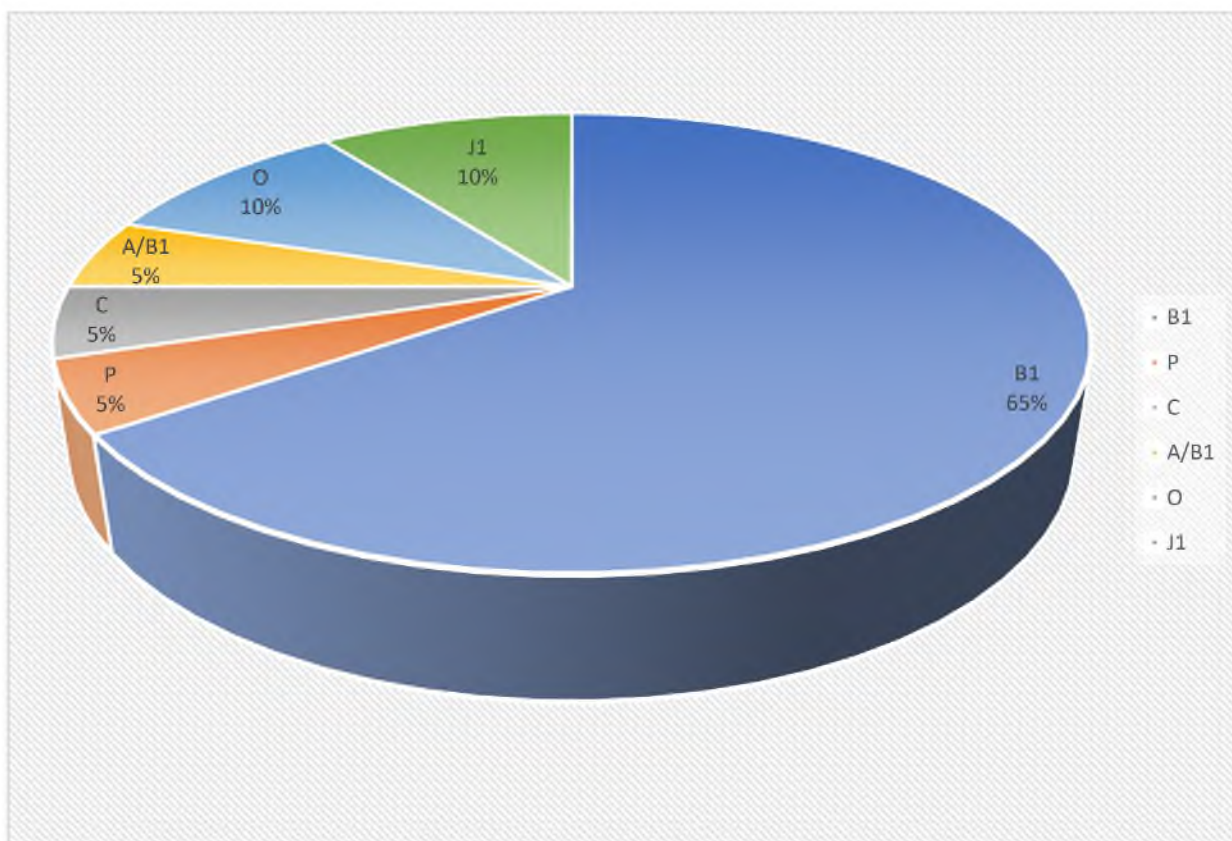


Рис.3.2 Частка мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней полтавської м'ясної породи.

Виконане генотипування вибірок свиней полтавської м'ясної та миргородської порід, що належать експериментальній базі Інституту свинарства та АПВ НААН показує, що виявлений достатній відсоток свиней із мітохондріальними гаплотипами, що притаманні миргородській породі у полтавській м'ясній породі свиней та миргородської породи, для проведення подальшого дослідження на цих групах, які відповідають за походженням відповідній породі. Також отримані дані, можна використовувати досліджену групу свиноматок полтавської м'ясної породи для схрещування з кнурами миргородської породи породи для відновлення популяції миргородської свиней.

Матеріали даного підрозділу опубліковані у статті Matiiuk V.V. (2022), Матіюк В.В. (2025b).

3.2. Визначення та аналіз отриманих генотипів за локусами рецепторів естрогену та пролактину у вибірках досліджуваних порід свиней

Для дослідження свиноматок за відтворювальними ознаками обрано однонуклеотидні поліморфізми молекулярно-генетичних маркерів естрогенового та пролактинового рецептора.

Суттєвий зв'язок із відтворювальними ознаками проявляє так званий інтронний *ESR1 PvuII*-поліморфізм. Також достатній рівень асоціації із відтворювальними ознаками проявляє і *PRLR AluI*- поліморфізм.

Для точного визначення генотипів тварин зазвичай проводиться оптимізація техніки ДНК-типування. Так для локусу *ESR1 PvuII* була виконана методика (Short H.T. et al., 1997) однак для синтезу ампліфікатів використовувалася полімераза (neb.com, 2025), умови синтезу якої дещо відрізнялися від наведеного у рекомендаціях.

Також для локусу *PRLR AluI* було використано методику описану у (Hong, S. T., et al., 2020). Ця методика дозволяє отримувати короткі фрагменти ампліфікації, що є більш бажаним для виконання при використанні ПЛР-ПДРФ метода. Однак використання наявних приладів які дещо відрізняються від рекомендованих вимагають проведення оптимізації техніки генотипування за вище вказаними молекулярно-генетичними маркерами.

Так для локусу *ESR1 PvuII* було змінено температуру синтезу для відповідної полімерази із 72°C на 68°C, що дало можливість впевнено отримувати очікуваний фрагмент та у подальшому піддавати його дії ендонуклеази рестрикції. Типова електрофореграма для локусу *ESR1 PvuII* ілюструє поділ рестрикційних фрагментів у поліакриламідному гелі і дає можливість чітко ідентифікувати генотипи для *ESR1 PvuII*- поліморфізма, рис. 3.3.

Для локусу *PRLR AluI* було проведено підбір оптимальних температурних режимів ампліфікації, зокрема температури відпалювання праймерів, кількість циклів ампліфікації, час синтезу, концентрації окремих компонентів реакційної

суміші як для ПЛР так і для рестриктоного аналізу, та концентрацію гелю для електрофоретичного розділення фрагментів ДНК.

Для даної пари праймерів встановлено температуру їх випалювання у 50°C та підібрані інші умови ампліфікації (час синтезу у 40 с, та відпалу праймерів у 30 с), що в результаті дозволило отримувати ПЛР продукт, розмір якого становив 163 пари нуклеотидів. Розділення продуктів рестрикції проводилось при різній концентрації поліакриламідного гелю (від 6 – 12%), різній довжині гелю (6-12 см) та потужності електричного поля (7-10 Вт) під час розгонки фрагментів для забезпечення чіткості смуг на електрофореграмі.

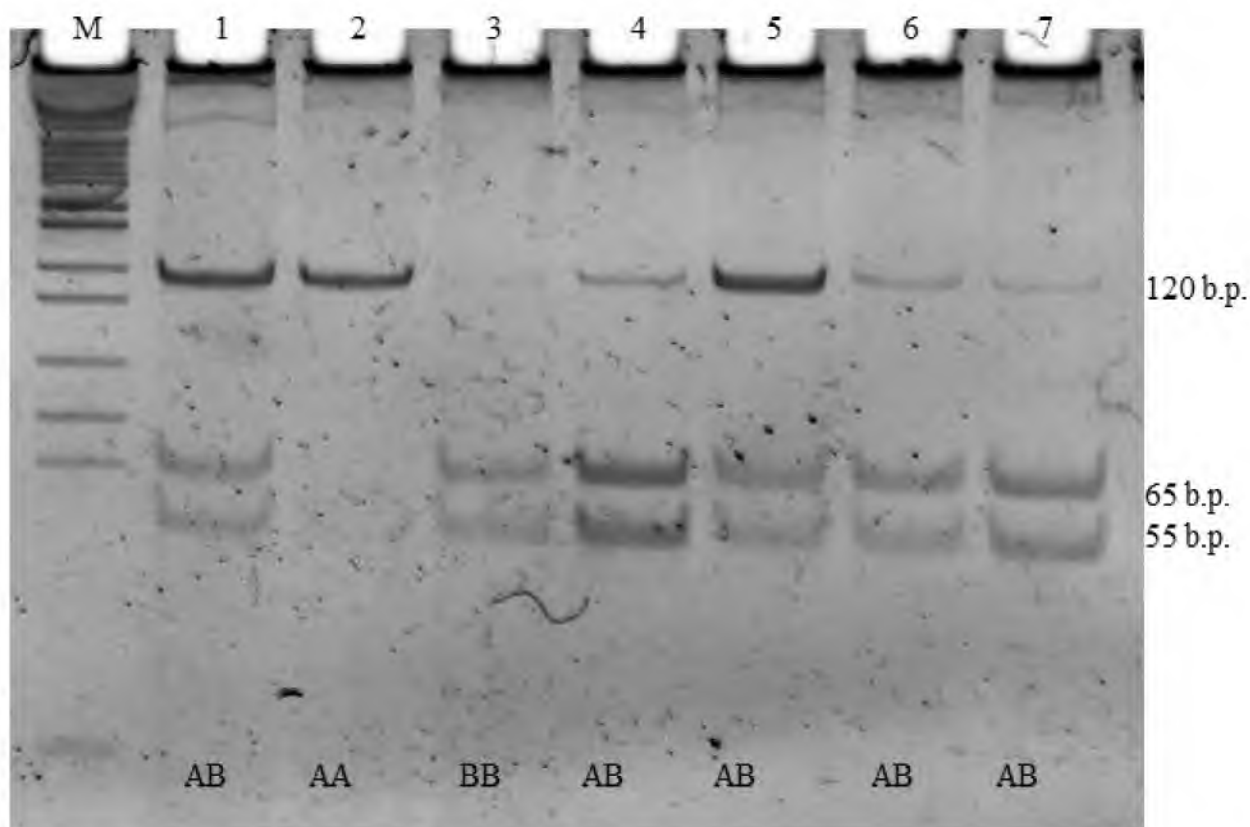


Рис. 3.3. Електрофореграма продуктів рестрикції за *PvuII*-поліморфізмом у гені рецептора естрогену 1 (*ESR1*)

Фрагменти рестрикції за *PvuII*-поліморфізмом у *ESR1* в 8% поліакриламідному гелі: 1, 4-7 – дослідні тварини з генотипом AB; 2 – з генотипом AA; 3 – з генотипом BB; М – маркер молекулярної маси *pBR322 DNA-MspI*.

Встановлено, що електрофорез у 8% поліакриламідному гелі дозволяє чітко їх розділити фрагменти та коректно визначити генотипи особин. Параметри електрофорезу становили: референтне значення потужності у 15W, при довжині геля у 10 см.

Типова електроферограма отриманих фрагментів рестрикції *PRLR AluI* поліморфізму представлено на рис 3.4

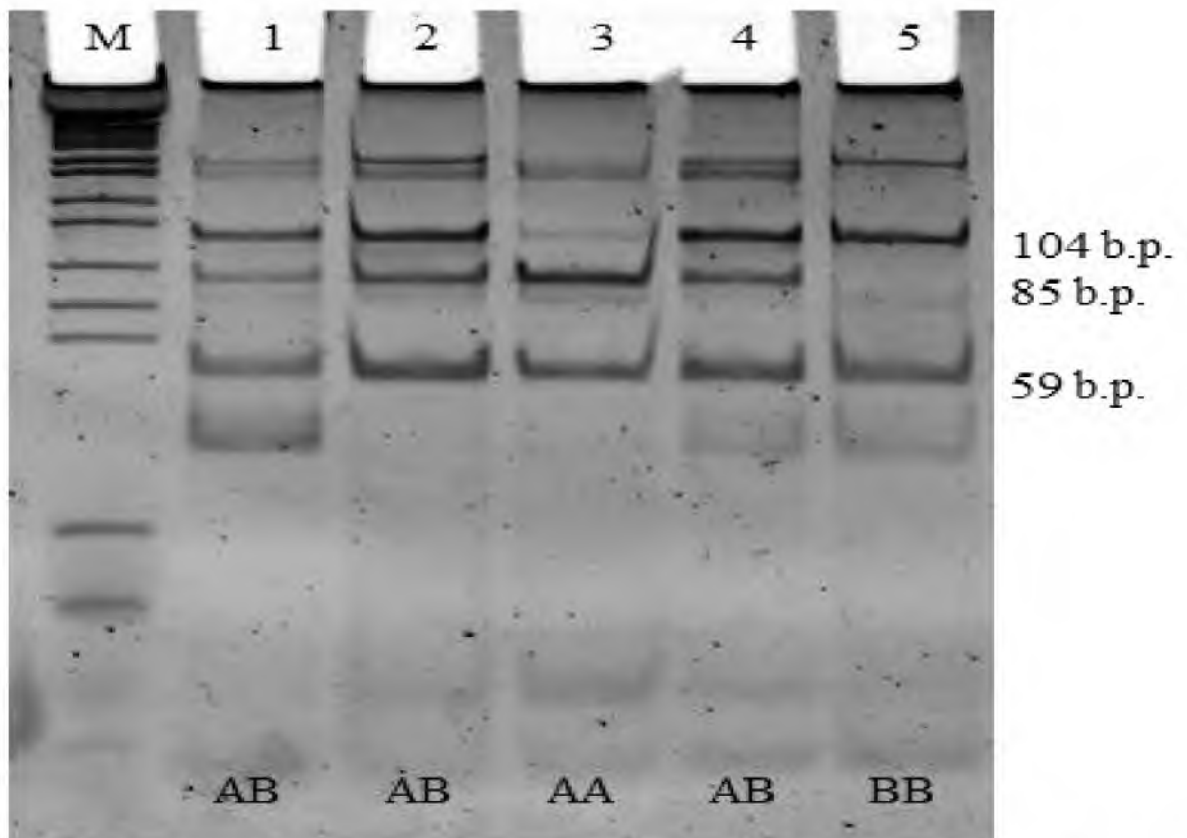


Рис. 3.4. Електрофореграма продуктів рестрикції за *AluI*-поліморфізмом у гені рецептора пролактину (*PRLR*)

Фрагменти рестрикції за *AluI*-поліморфізмом у *PRLR* в 8% поліакриламідному гелі: 1, 2, 4 – дослідні тварини з генотипом AB; 3 – з генотипом AA; 5 – з генотипом BB; М – маркер молекулярної маси pBR322 DNA-MspI.

Таким чином, підібрані умови ПЛР-ПДРФ для генів поліморфних локусів *ESR1 PvuII*- і *PRLR AluI*, дозволили чітко визначити генотип тварин і в

подальшому оптимізована техніка ДНК – типування використовувалась нами для популяційно-генетичних досліджень за відповідними локусами у популяціях порід полтавської м'ясної, миргородської та породи свиней уельс.

Матеріали даного підрозділу опубліковані у статті Matiiuk V.V. et al. (2025), Матіюк В.В. (2025а).

3.3. Генетико-популяційний аналіз досліджуваних порід свиней за генами рецептора естрогену1 та рецептора пролактину

Дані отримані від генотипування локусів *ESR1* і *PRLR* дозволяють проаналізувати розподіл алельних варіантів та генотипів у свиней миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід та провести статистичний аналіз для отримання основних популяційно-генетичних параметрів проводився із застосуванням надбудови GenAlex у програми Microsoft Office Excel 2021 (Peakall R. et al., 2006).

Розподіл отриманих частот алелей у вибірках досліджених порід представлено у табл. 3.2. та рис. 3.5.

За локусом *ESR1* у миргородської породи частота алеля А становила 0,65, що перевищує відповідний показник у полтавської м'ясної (0,58) та уельської (0,48) порід. Водночас уельські свині мали найвищу частоту алеля В (0,52), порівнюючи з полтавською м'ясною (0,42) та миргородською (0,35) породами.

Порівняння частот алелів за трьома породами виявив, що Миргородська порода статистично значущо відрізнялась за частотою алелів за локусом *PRLR* від полтавської м'ясної та уельської порід ($p \leq 0,05$). За локусом *ESR1* достовірної відмінності між досліджуваними породами не було виявлено, табл. 3.2.

За локусом *PRLR* найвища частота алеля А також була зафіксована у миргородських свиней (0,74), тоді як уельська порода мала значно нижчу частоту цього алеля (0,42).

Таблиця 3.2

Розподіл частот алелів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах свиней (n=20).

з/п	Локус	<i>ESR1</i>	<i>PRLR</i>
1	Миргородська порода ^A	A=0,65 B=0,35	A=0,74 ^{A-C*/ A-B*} B=0,26
2	Полтавська м'ясна порода ^B	A=0,58 B=0,42	A=0,51 ^{B-A*} B=0,49
3	Уельська порода ^C	A=0,48 B=0,52	A=0,42 ^{C-A*} B=0,58

Примітка: * – відмінності на рівні значущості $p \leq 0,05$ за F-критерієм Фішера.

На рис. 3.5. представлена діаграма попарно зпівставлених частот алелей для 3х порід.

Аналіз частот алелів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у досліджених популяціях миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід свиней показав наявність міжпородних відмінностей за локусом пролактинового рецептора.

Розподіл частот генотипів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у досліджених породах свиней представлено в таблицях 3.3-3.5

У полтавської м'ясної породи частоти алелів А та В буди майже рівні (0,51 та 0,49).

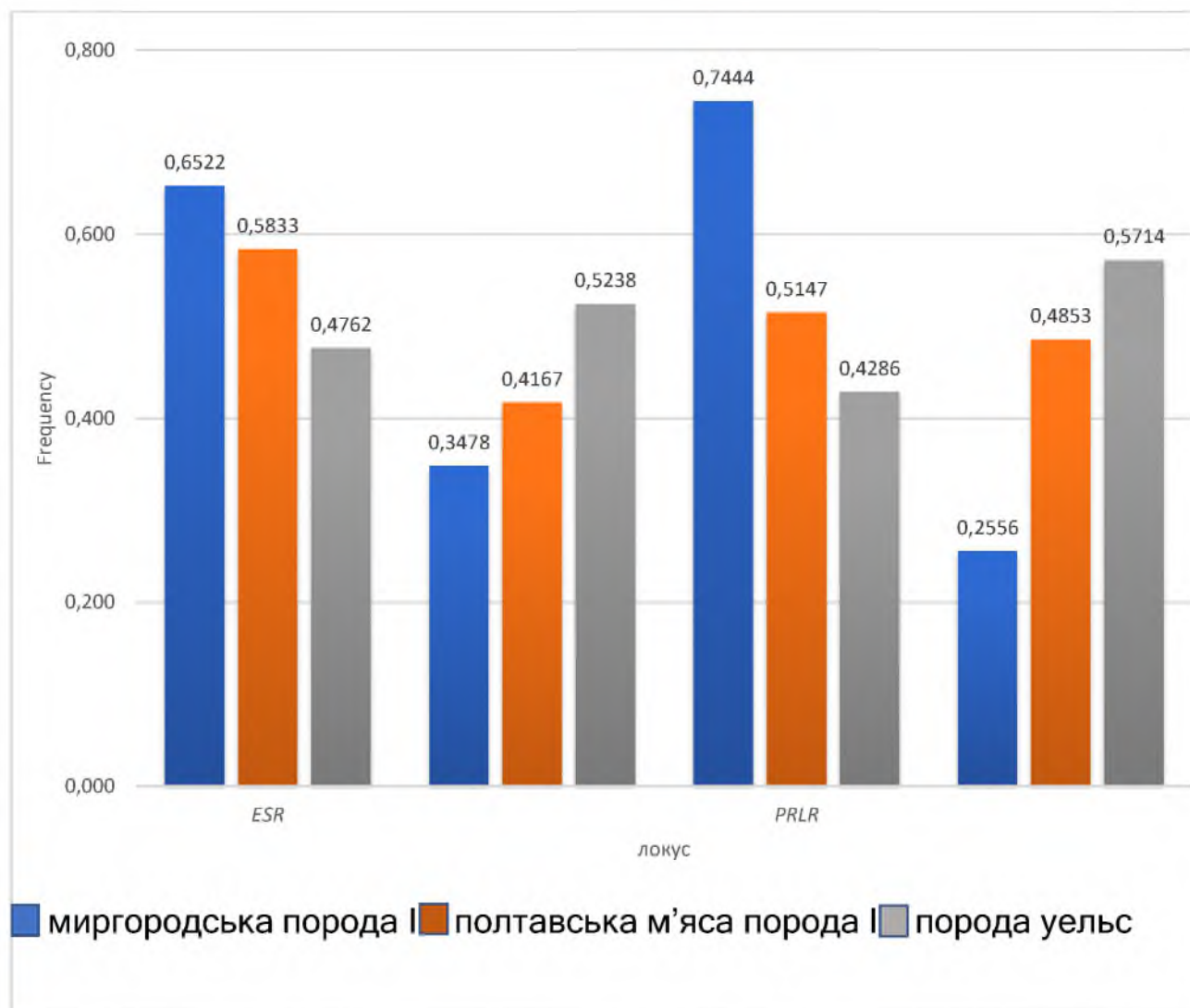


Рис. 3.5 Діаграма частотного розподілу алелей за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR*

За локусом *ESR1* найвища частота гомозиготного генотипу AA виявлена у миргородської породи (0,46), тоді як у полтавської м'ясної та уельської порід домінував гетерозиготний генотип з частотами AB 0,63 та 0,57, відповідно. Найменш представленим в усіх породах був гомозиготний генотип BB. При цьому найбільша частота генотипу BB була в уельської породи (0,24).

За локусом *PRLR* серед миргородської породи найпоширенішим був гомозиготний генотип AA (0,55), тоді як у полтавських м'ясних та уельських свиней частоти цього генотипу були значно нижчими (0,26 та 0,05, відповідно).

Таблиця 3.3

Розподіл частот генотипів за *ESR1* та *PRLR* генами у миргородській породі свиней (n=20).

з/п	Локус	Частоти генотипів			χ^2	F
		AA	AB	BB		
1	<i>ESR1</i>	0,46 (0,43)	0,39 (0,45)	0,15 (0,12)	0,870	0,138
2	<i>PRLR</i>	0,55 (0,55)	0,38 (0,38)	0,07 (0,07)	0,002	0,007

Примітка: * – відмінності на рівні значущості $p \leq 0,05$ за критерієм χ^2 -квадрат (χ^2). Для кожного генотипу спочатку наведено фактичну частоту, а у дужках – очікувану частоту.

Таблиця 3.4

Розподіл частот генотипів за *ESR1* та *PRLR* генами у полтавській м'ясній породі свиней (n=20).

з/п	Локус	Частоти генотипів			χ^2	F
		AA	AB	BB		
1	<i>ESR1</i>	0,27 (0,34)	0,63 (0,49)	0,10 (0,17)	2,752	-0,303
2	<i>PRLR</i>	0,26 (0,27)	0,50 (0,50)	0,24 (0,24)	0,000	-0,001

Примітки: * – відмінності на рівні значущості $p \leq 0,05$ за критерієм χ^2 -квадрат (χ^2). Для кожного генотипу спочатку наведено фактичну частоту, а у дужках – очікувану частоту.

У уельської породи переважав гетерозиготний генотип АВ (0,76), що істотно перевищувало відповідний показник у миргородської (0,38) та полтавської м'ясної (0,50) порід.

Таблиця 3.5

Розподіл частот генотипів за *ESR1* та *PRLR* генами у породі свиней уельс (n=20).

з/п	Локус	Частоти генотипів			χ^2	F
		AA	AB	BB		
1	<i>ESR1</i>	0,19 (0,23)	0,57 (0,50)	0,24 (0,27)	0,444	-0,145
2	<i>PRLR</i>	0,05 (0,18)	0,76 (0,49)	0,19 (0,33)	6,481*	-0,556

Примітки: * – відмінності на рівні значущості $p \leq 0,05$ за критерієм χ^2 -квадрат (χ^2). Для кожного генотипу спочатку наведено фактичну частоту, а у дужках – очікувану частоту.

Водночас частота гомозиготного генотипу BB у уельських свиней становила 0,19, тоді як у полтавської м'ясної та миргородської порід цей генотип зустрічався із частотами 0,24 та 0,07, відповідно.

За критерієм χ^2 -квадрат (χ^2) уельські свині демонстрували статистично значущі відмінності у розподілі генотипів за локусом *PRLR* від теоретично очікуваних ($\chi^2 = 6,481$, $p \leq 0,05$), що свідчить про відхилення розподілу від рівноваги Гарді-Вайнберга та в свою чергу проказує певний рівень селекційного тиску за цим локусом.

Фактична гетерозиготність досліджених порід варіювала залежно від локусу у досліджених породах свиней (табл. 3.6-3.8).

За локусом *ESR1* найвищий рівень фактичної гетерозиготності (H_o) був зафіксований у полтавських м'ясних свиней (0,633), що перевищувало відповідний показник в уельської (0,571) та миргородської (0,391) порід. Теоретично очікувана гетерозиготність (H_e) за цим локусом для всіх досліджених популяцій залишалася на близькому рівні (0,454 – 0,499).

Таблиця 3.6

Фактична та теоретично очікувана гетерозиготність та показник PIS у миргородській породі свиней (n=20).

Локус	Ho	He	PIS
<i>ESR1</i>	0,391	0,454	0,35
<i>PRLR</i>	0,378	0,380	0,31

Примітки: Ho – фактична гетерозиготність, He – теоретично очікувана гетерозиготність, PIS – індекс поліморфності.

Таблиця 3.7

Фактична та теоретично очікувана гетерозиготність та показник PIS у полтавській м'ясній породі свиней (n=20).

Локус	Ho	He	PIS
<i>ESR1</i>	0,633	0,486	0,37
<i>PRLR</i>	0,500	0,500	0,37

Примітки: Ho – фактична гетерозиготність, He – теоретично очікувана гетерозиготність, PIS – індекс поліморфності.

За локусом *PRLR* найвища фактична гетерозиготність була виявлена в уельської породи (0,762), тоді як у миргородських та полтавських м'ясних свиней цей показник був значно нижчим (0,378 та 0,500, відповідно). Водночас рівень теоретично очікуваної гетерозиготності був близьким для всіх трьох порід (0,380 – 0,500).

**Фактична та теоретично очікувана гетерозиготність та показник PIC
у породі свиней уельс свиней (n=20).**

Локус	Ho	He	PIC
<i>ESR1</i>	0,571	0,499	0,37
<i>PRLR</i>	0,762	0,490	0,37

Примітки: Ho – фактична гетерозиготність, He – теоретично очікувана гетерозиготність, PIC – індекс поліморфності.

Результати розрахунку частот алелей, генотипів та гетерозиготності вказують на наступне:

1. Диференціація алельних частот між породами:

По локусу *ESR1* миргородська порода вирізняється найвищою частотою алеля А (0,65), тоді як у порід полтавська м'ясна та уельс вона поступово знижується (0,58 і 0,48).

Алель В за *ESR1* найчастіше зустрічається в уельській породі (0,52), що підтверджує відмінності в материнських лініях та селекційних цілях трьох порід.

- Статистична значущість поліморфізму:

Відмінності у розподілі алелів за *PRLR* між миргородською та двома іншими породами виявилися статистично значущими ($p \leq 0,05$), тоді як за локусом *ESR1* жодна пара порід не демонструвала достовірної різниці.

- Генотиповий склад популяцій:

Миргородська популяція характеризується переважанням гомозиготного генотипу АА за обома локусами, що вказує на збереження материнської лінії й однорідності в малочисельній популяції.

Полтавська м'ясна і уельс-популяція мають високий відсоток гетерозигот АВ за *ESRI* (0,63 і 0,57 відповідно), що свідчить про більшу генетичну різноманітність цих комерційних ліній.

- Рівновага Гарді–Вайнберга та селекційний тиск
- За локусом *PRLR* у уельській породі спостерігається відхилення від рівноваги Гарді–Вайнберга ($\chi^2 = 6,481$; $p \leq 0,05$), що може відображати помірний селекційний тиск на цей локус у популяції.
- Рівні гетерозиготності та інформативність маркерів
 - Фактична гетерозиготність (H_o) за *ESRI* найвища у полтавської породи (0,633) і найнижча у миргородської (0,391); теоретично очікувана гетерозиготність (H_e) варіює в межах 0,454–0,499.
 - За *PRLR* максимальна фактична гетерозиготність спостерігається в уельських свиней (0,762), тоді як H_e близька у всіх трьох популяціях (0,380–0,500). Індекс поліморфізму (PIC) для обох локусів у всіх породах коливається в межах 0,31–0,37, що свідчить про середню інформативність маркерів для селекційних програм.

Отже, гени *ESRI* і *PRLR* слід розглядати як пріоритетні маркери для генетичного моніторингу й направленою відбору у всіх трьох породах.

Для миргородської породи доцільно підтримувати гомозиготну лінію АА за *PRLR* геном.

Врахування відхилення від рівноваги Гарді–Вайнберга у популяції свиней уельс свідчить про необхідність корекції племінного відбору, щоб запобігти втраті алелів та зростанню інбридингу.

Ці результати окреслюють основу для планування маркер-асоційованої селекції й подальшого генетико-популяційного моніторингу українських та зарубіжних порід свиней.

Матеріали даного підрозділу опубліковані у статті Матіюк В.В. (2025a).

3.4. Генетичні взаємовідносини між породами за 2 локусами кількісних ознак

Робота над породою включає заходи селекції в якій використовується схрещування і гібридизація між породами для отримання нащадків кращих за продуктивними показниками ніж попереднє покоління. Для виявлення бажаного ефекту від схрещування між породами та отримання ефекту гетерозису або із ціллю відновлення та збільшення кількості тварин у популяції потрібно враховувати генетичні відмінності між поєднуваними породами. Цю інформацію надає розрахунок генетичних відстаней між породами. Генетичні відстані розраховані для миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах по двох генах кількісних ознак представлені у табл. 3.9.

Максимальну генетичну віддаленість має порода уельс відносно миргородської породи свиней, генетична дистанція складає (0,125). Порода уельс на відміну від інших досліджуваних порід свиней характеризується кращими м'ясними якостями.

Мінімальне значення генетичної дистанції мають полтавська м'ясна та свині породи уельс (0,019). Вочевидь, така генетична подібність базується на схожих напрямках продуктивності, отже, полтавська м'ясна теж представляє виражений м'ясний напрямок продуктивності.

Таблиця 3.9

Генетичні дистанції Нея між дослідженими породами за п'ятьма локусами кількісних ознак.

з/п	Породи	1	2	3
1	Миргородська	****	0,052	0,125
2	Полтавська м'ясна	0,052	****	0,019
3	Уельс	0,125	0,019	****

Примітка: виділено курсивом максимальні та мінімальні значення генетичної дистанції за алгоритмом Нея.

Миргородська порода свиней за генетичною дистанцією є ближче (0,052)

до полтавської м'ясної породи. Така генетична подібність базується на спільному походженні між породами. Так, слід відмітити, що свині миргородської породи у свій час приймали участь у створенні полтавської м'ясної породи свиней, що і показує розрахована дендрограма генетичних відносин за цими породами.

З даних таблиці генетичних взаємовідносин побудована схематична дендрограма із розподілом у вигляді кластерів для досліджуваних порід, ці дані представлені на рис.3.6.

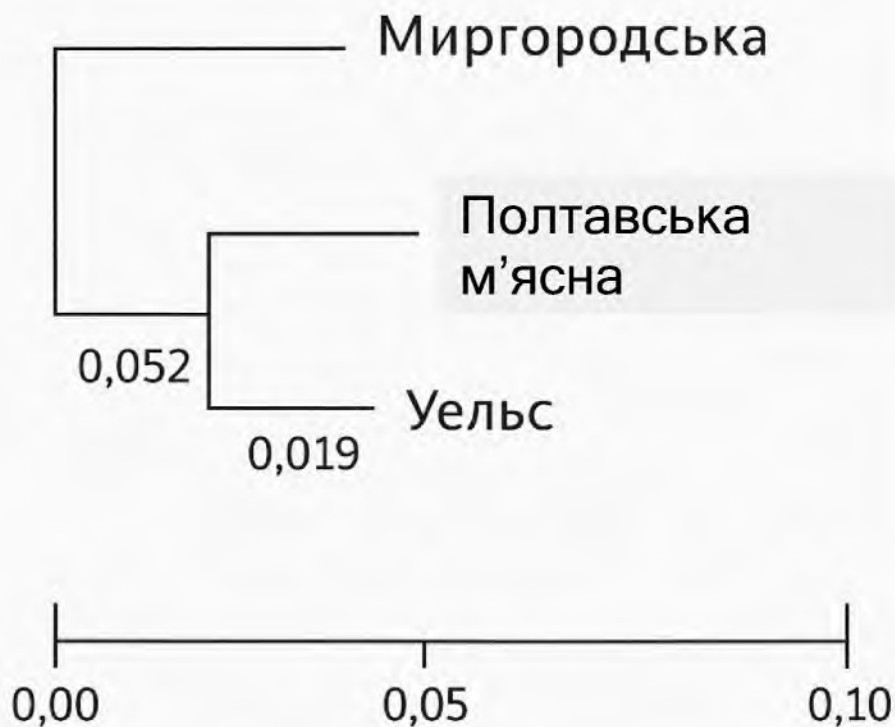


Рис. 3.6. Дендрограма генетичних взаємовідносин побудована на основі даних ДНК - типування генів *ESR1* та *PRLR* свиней трьох порід методом UPGMA в програмі MEGA 4.

Побудована схематична дендрограма має наступну ієрархію: найменша відстань- полтавська м'ясна — уельс (0,019) → вони найсхожіші, тому об'єднуються першими і утворюють перший кластер. Потім до цієї пари

приєднується миргородська (відстань до Полтавської — 0,052, до Уельсу — 0.125).

Отримана кластеризація демонструє:

1. Виражену порідну диференціацію:

Розраховані за алгоритмом Нея генетичні відстані чітко розділяють три популяції:

- Мінімальна дистанція (0,019) між полтавською м'ясною та уельс-породою вказує на їхню близькість за репродуктивними локусами і спільний «м'ясний» напрям селекції.

- Проміжне значення (0,052) між миргородською та полтавською м'ясною породами відображає їх історичний генетичний зв'язок (миргородська використовувалася при виведенні полтавської).

- Максимальна дистанція (0,125) між миргородською та уельс-породою підкреслює їхню віддаленість за відбірковими цілями та генетичними вузькими місцями.

2. Кластеризація популяцій:

UPGMA-дендрограма побудована на основі локусів *ESR1* і *PRLR* формує два чіткі кластери:

- Перший — полтавська м'ясна + уельс, що відповідає їхній схожості за м'ясним профілем і високій частоті гетерозиготності.

- Другий — приєднання миргородської породи, що демонструє її окрему генетичну лінію, але спадковий внесок у полтавську породу.

3. Практичну значущість:

- Для отримання ефекту гетерозису оптимальними будуть схрещування між далекими генетично породами (миргородська ↔ уельс), що дасть максимальне генетичне різноманіття у нащадків.

- Для відновлення чисельності та підтримки локального генофонду доцільними будуть схрещування між близькими генетичними лініями (миргородська ↔ полтавська м'ясна), що мінімізує ризик інбридингу.

4. У практиці селекційної роботи можна використати отримані дані наступним чином:

- Застосовувати генетичні дистанції при плануванні схрещувань для підвищення продуктивності та гетерозис-ефекту.
- Використовувати дані по *ESR1* та *PRLR* як швидкі маркери при виборі батьківських пар, особливо для популяцій з обмеженим генофондом.
- Планувати популяційно-генетичний моніторинг із регулярною перевіркою генетичних відстаней для вчасного коригування племінних програм.

Отримані результати не лише підтверджують генетичну унікальність кожної породи, але й дають чіткі практичні орієнтири для побудови ефективних схем схрещування та подальшого удосконалення свинарських популяцій.

Утворені два виражені кластери які характеризуються, як за генотиповою структурою так і підтверджуються генеалогічно і фенотипово.

Отже, отримані результати показують виражену міжпородну диференціацію, та виявлення генетичної унікальності порід. З урахуванням генетичного розподілу тварин ці дані можуть бути використані у подальшій селекційній роботі для підбору поєднань при схрещуванні для отримання високопродуктивного молодняка.

Матеріали даного підрозділу опубліковані у статті Матіюк В.В. (2025a).

3.5. Зв'язок між мітохондріальними гаплотипами та генотипами генів *ESR1* і *PRLR* у популяціях свиней різних порід.

Встановлення зв'язку між генами дозволяє визначити стійкі поєднання генів, які в певній мірі забезпечують прояв господарських ознак, характерних для окремої породи свиней. Між досліджуваними в нашій роботі фізично не зчепленими ядерними генами може виникати декілька варіантів поєднань та зв'язок із мітохондріальними гаплотипами. Як модель, були використані тварини

миргородської та полтавської м'ясної порід свиней. В таблицях 3.10 та 3.11 та на рис. 3.7, 3.8 представлені результати аналізу таких варіантів генних поєднань для миргородської та полтавської м'ясної порід свиней.

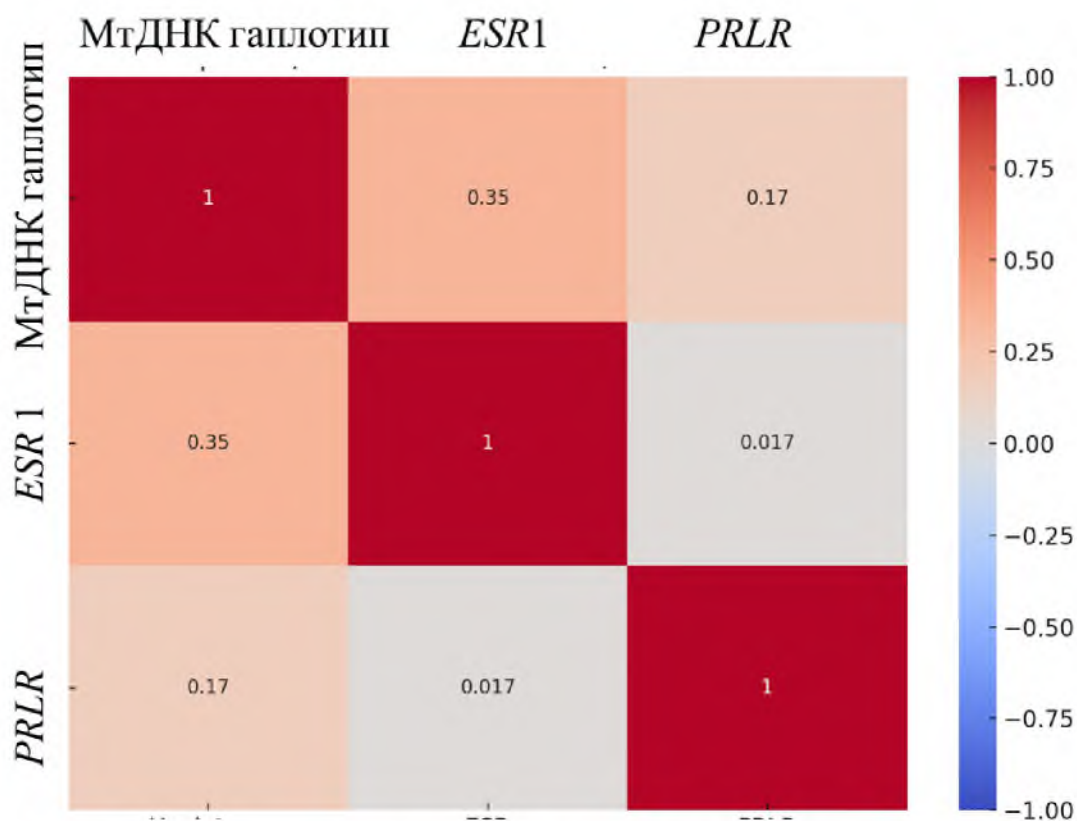


Рис. 3.7. Матриця рангової кореляції між генетичними маркерами у миргородській породі свиней за Спірменом.

Коефіцієнт кореляції Спірмена, відображає силу та напрямок зв'язку між мітохондріальними гаплотипами та генотипами ядерних генів *ESR1* (естрогеновий рецептор) і *PRLR* (рецептор пролактину).

Таблиця 3.10

Зв'язок між генетичними маркерами у миргородській породі свиней

Поєднання	Коефіцієнт кореляції Спірмена
МтДНК гаплотип – <i>ESR1</i>	0,35
МтДНК гаплотип – <i>PRLR</i>	0,17
<i>ESR1</i> – <i>PRLR</i>	0,02

Аналіз взаємозв'язку між генетичними маркерами у миргородській породі свиней показав, що поєднання мітохондріального гаплотипу з геном *ESR1* має помірну позитивну кореляцію ($r \approx 0,35$), що може свідчити про певний зв'язок із варіантами гена естрогенового рецептора.

Поєднання мітохондріальний гаплотип \leftrightarrow *PRLR*: слабка позитивна кореляція ($r \approx 0,17$), зв'язок менш виражений. А для пари *ESR1* \leftrightarrow *PRLR* майже відсутній зв'язок ($r \approx 0,02$), тобто алелі цих ядерних генів майже не пов'язані один з одним у вибірці.

У вибірці простежується певна асоціація між мітохондріальними гаплотипами та генотипами *ESR1*, а от зв'язок із *PRLR* — значно слабший. Це може свідчити про те, що рецептор естрогену *ESR1* має спільну еволюційну або селекційну історію з лініями, маркованими різними мітохондріальними гаплотипами.

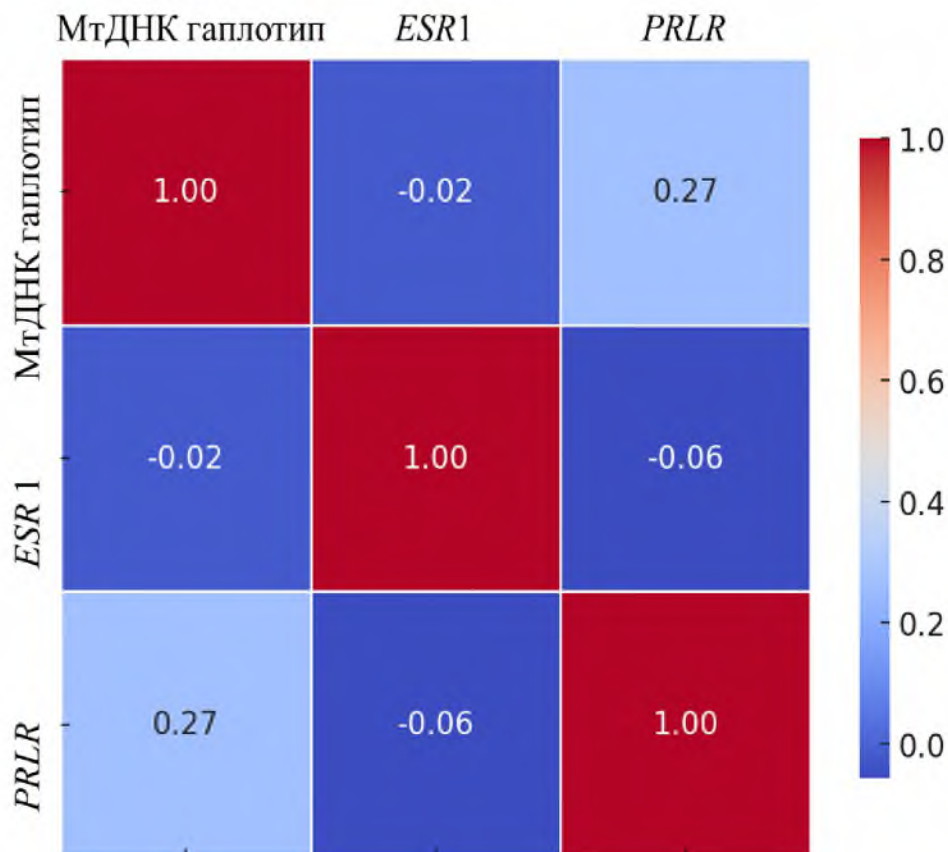


Рис. 3.8. Матриця рангової кореляції між генетичними маркерами у полтавській м'ясній породі свиней за Спірменом.

Таблиця 3.11

Зв'язок між генетичними маркерами у полтавській м'ясній породі свиней

Поєднання	Коефіцієнт кореляції Спірмена
МтДНК гаплотип – <i>ESR1</i>	-0,022
МтДНК гаплотип – <i>PRLR</i>	0,265
<i>ESR1</i> – <i>PRLR</i>	-0,057

Кореляційний аналіз Спірмена для полтавської м'ясної породи свиней показав, що зв'язок між мітохондріальним гаплотипом і генотипом *ESR1* виявився практично відсутнім ($r = -0,022$), що свідчить про відсутність будь-якої спрямованої асоціації. Між гаплотипом мітохондріальної ДНК та геном *PRLR* виявлено слабкий позитивний зв'язок ($r = 0,265$). Кореляція між генами *ESR1* і *PRLR* також є відсутньою ($r = -0,057$), що вказує на незалежність цих маркерів у межах вибірки.

Був проведений χ^2 -тест незалежності для виявлення статистичної значущості зв'язків між поєднаними генетичними маркерами для 2-х порід, результати якого наведені у таблиці 3.12 та 3.13.

Таблиця 3.12

Результати χ^2 -тесту незалежності для поєднань між генетичними маркерами у миргородській породі свиней

Поєднання	χ^2	Ступені свободи	p-значення
МтДНК гаплотип – <i>ESR1</i>	14,107	10	0,1682
МтДНК гаплотип – <i>PRLR</i>	9,884	10	0,4507
<i>ESR1</i> – <i>PRLR</i>	3,590	4	0,4644

У миргородській породі свиней жодна з перевірених пар змінних не має статистично значущого зв'язку ($p > 0,05$) згідно з χ^2 -тестом. Це означає, що за наявною вибіркою немає підстав стверджувати про залежність між:

- мітохондріальним гаплотипом і генотипами *ESR1* або *PRLR*,
- *ESR1* та *PRLR* між собою.

Однак, у парі мтДНК гаплотип ↔ *ESR1* р-значення найнижче (0.1682), що може вказувати на потенційну тенденцію, яку варто досліджувати на більшій вибірці.

Таблиця 3.13

Результати χ^2 -тесту незалежності для поєднань між генетичними маркерами у полтавській м'ясній породі свиней

Поєднання	χ^2	Ступені свободи	р-значення
МтДНК гаплотип – <i>ESR1</i>	4,26	10	0,9348
МтДНК гаплотип – <i>PRLR</i>	13,47	10	0,1988
<i>ESR1</i> – <i>PRLR</i>	0,75	4	0,9445

У межах цієї вибірки не виявлено статистично значущих зв'язків між жодною парою змінних (усі $p > 0,05$). Найнижче р-значення спостерігається у парі МтДНК гаплотип × *PRLR* ($p = 0,1988$), що може свідчити про наявність слабкої тенденції до зв'язку, яка потребує додаткового підтвердження на більшій вибірці.

3.6. Асоціативний аналіз досліджуваних порід свиней за генетичними маркерами

Перед використанням у селекційній роботі генетичні маркери *ESR1* та *PRLR* на підвищення відтворювальних ознак у породах необхідно оцінити зв'язок цих маркерів у досліджуваних мікропопуляціях.

Для таких цілей використовується дисперсійний аналіз оцінки молекулярної варіабельності (ANOVA) – статистичний метод, призначений для дослідження причинного зв'язку між мінливою залежною та однією або

декількома незалежними мінливими факторами (ознаками). Такий аналіз дозволяє встановлювати можливий зв'язок між поліморфізмом і певною ознакою об'єктів (тобто дозволяє встановлення можливого зв'язку між генетичним маркером та бажаною селекціонованою ознакою).

3.6.1 Асоціативний аналіз досліджуваних порід свиней за мітохондріальними гаплотипами

З метою з'ясування можливого впливу варіантів мітохондріальної ДНК на прояв відтворювальних ознак у свиноматок миргородської та полтавської м'ясної породи було здійснено порівняльний аналіз основних відтворювальних показників залежно від приналежності тварин до певних гаплотипних груп. До дослідження увійшли свиноматки миргородської породи із гаплотипами С (n=1), В1 (n=7), L (n=4), C/B2 (n=4) та В2 (n=4).

У таблиці 3.14 наведено середні значення кількісних відтворювальних ознак у кожній з гаплогруп, а також відповідні стандартні відхилення та р-значення за результатами оцінки міжгрупових відмінностей.

Таблиця 3.14

Зв'язок гаплотипів мітохондріальної ДНК із відтворювальними ознаками миргородської породи свиней

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	Гаплотипи мітохондріальної ДНК					P
	C (n=1)	B1 (n=7)	L (n=4)	C/B2 (n=4)	B2 (n=4)	
	\bar{x}	$\bar{x} \pm SD$	$\bar{x} \pm SD$	$\bar{x} \pm SD$	$\bar{x} \pm SD$	
1	2	3	4	5	6	7
Загальна кількість поросят, гол	11,00	10,28±0,42	11,00±0,41	10,75±1,31	10,75±0,75	0,953
Багатоплідність, гол	10,00	9,00±0,48	10,75±0,47	10,50±1,19	10,25±0,48	0,349

Продовження табл. 3.14

1	2	3	4	5	6	7
Великоплідність, кг	0,80	1,01± 0,070	0,85± 0,075	1,02± 0,025	0,92± 0,103	0,496
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	8,00	8,42 ±037	10,00± 0,00	8,75± 0,75	9,25± 0,25	0,118
Маса гнізда при відлученні, кг	60,00	70,28 ±3,47	79,50± 1,19	73,00± 7,61	78,25± 1,54	0,260
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	7,50	8,34 ±0,222	7,95± 0,119	8,31± 0,263	8,46± 0,185	0,319
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	76,00	72,76±3 ,78	85,71± 2,91	82,48± 9,16	82,38± 3,27	0,380

Встановлено, що жоден із досліджених показників не мав статистично достовірної залежності від гаплотипу мітохондріальної ДНК (усі $p > 0,05$). Проте, простежено окремі тенденції, які можуть свідчити про селекційну релевантність певних варіантів:

- Найвищі середні значення загальної кількості поросят (11,00), живонароджених поросят (10,75), поросят при відлученні (10,00), а також СІВЯС (85,71) спостерігались у тварин із гаплотипом L, що може вказувати на потенційний зв'язок між цим гаплотипом і підвищеною репродуктивною ефективністю.
- У свиноматок із гаплотипами B2 та C/B2 відзначено вищі значення маси приплоду при відлученні (78,25 кг та 73,00 кг відповідно) та маси одного поросяти при відлученні (8,46 кг та 8,31 кг), що також свідчить про сприятливий вплив цих гаплотипів на ріст молодняка.

- Найнижчі середні значення більшості показників, включно з кількістю живонароджених поросят (9,00) та СІВЯС (72,76), були зафіксовані у свиноматок з гаплотипом В1, що є найпоширенішим у вибірці.

Незважаючи на відсутність статистичної значущості, зазначені тенденції вказують на можливий вплив мітохондріальних варіантів на реалізацію відтворювального потенціалу свиноматок. Ці результати доцільно розглядати як підґрунтя для подальших досліджень, що передбачають розширення вибірки та включення багатофакторного аналізу із залученням ядерних маркерів та умов утримання.

У вибірці полтавської м'ясної породи були представлені особини з гаплотипами: В1 (n = 13), Н/В1, С, А/В1 (по 1), а також О та J1 (по 2 особини в кожній групі). Порівняльний аналіз середніх значень основних відтворювальних показників залежно від приналежності тварин до певного гаплотипу мітохондріальної ДНК для цієї вибірки наведено у таблиці 3.15.

Таблиця 3.15

Зв'язок гаплотипів мітохондріальної ДНК із відтворювальними ознаками полтавської м'ясної породи свиней

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	Гаплотипи мітохондріальної ДНК						P
	B1 (n=13)	H/B1 (n=1)	C (n=1)	A/B1 (n=1)	O n=2)	J1 n=2)	
	$\bar{x} \pm SD$	\bar{x}	\bar{x}	\bar{x}	$\bar{x} \pm SD$	$\bar{x} \pm SD$	
1	2	3	4	5	6	7	8
Загальна кількість поросят, гол	12,15± 0,517	13,00	11,00	10,00	13,00± 1,00	11,00± 1,00	0,678
Багатоплідність, гол	11,23± 0,440	12,00	11,00	10,00	11,00± 1,00	11,00± 1,00	0,964
Великоплідність, кг	1,053± 0,037	0,80	1,10	1,00	1,05± 0,150	1,00± 0,001	0,604

Продовження табл. 3.15

1	2	3	4	5	6	7	8
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	10,38±0,311	11,00	10,00	9,00	10,50±0,50	10,50±0,50	0,819
Маса гнізда при відлученні, кг	77,30±2,251	71,00	72,00	64,00	72,50±4,50	76,50±4,50	0,612
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	7,47±0,184	6,45	7,2	7,11	6,90±0,100	7,28±0,081	0,584
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	88,14±3,02	90,95	85,21	77,07	85,34±7,20	86,41±7,20	0,940

Для полтавської м'ясної породи виявлено, що загальна кількість поросят ($p = 0,678$) коливалася від 10,0 (A/B1) до 13,0 (O). Найвищі середні значення — у гаплотипів B1 ($12,15 \pm 0,52$) та O (13,0), проте різниця не є статистично значущою. Кількість живонароджених поросят ($p = 0,964$) виявилась стабільною між усіма гаплогрупами (11–12 поросят). Група B1 мала середнє значення $11,23 \pm 0,44$. Маса новонароджених поросят ($p = 0,604$) найвища у гаплотипа C (1,1 кг), найнижча — H/B1 (0,8 кг). Основна група B1 мала середню масу $1,053 \pm 0,037$ кг. Кількість поросят при відлученні ($p = 0,819$) у більшості груп становила 10–11, середнє по групі B1 — $10,38 \pm 0,31$ голів. Маса приплоду при відлученні ($p = 0,612$) варіювалася в межах 64,0–77,3 кг. Найвищу масу мав гаплотип B1 — $77,30 \pm 2,25$ кг. Маса одного поросяти при відлученні ($p = 0,584$) коливалася від 6,45 (H/B1) до 7,47 (B1). В інших групах показник був подібним — близько 7,2 кг. СІВЯС ($p = 0,940$) практично не відрізнявся між гаплотипами: найвище значення — 90,95 (H/B1), найнижче — 77,07 (A/B1), середнє по групі B1 — $88,14 \pm 3,02$.

Незважаючи на незначну варіативність між групами, статистично значущих відмінностей між тваринами з різними гаплотипами мітохондріальної ДНК не виявлено (усі $p > 0,05$). Проте результати дозволяють виявити деякі

практично важливі тенденції:

- Тварини з гаплотипом В1, який є найпоширенішим у вибірці, демонструють стабільно високі значення продуктивності майже за всіма показниками.

- Гаплотипи О і С виявили себе як потенційно продуктивні за рядом ознак (кількість поросят, маса поросят при народженні та відлученні).

- Показники тварин з рідкісними гаплотипами (Н/В1, А/В1, J1) демонструють дещо нижчі або нестабільні значення, проте через малу чисельність ці групи не дозволяють зробити достовірні висновки.

Таким чином, отримані дані свідчать про можливу селекційну перевагу гаплотипу В1 у межах Полтавської м'ясної породи, що потребує подальшого підтвердження в розширеній вибірці та за участі багатофакторного аналізу із врахуванням умов утримання і годівлі.

3.6.2 Асоціативний аналіз досліджуваних порід свиней за генами рецептора естрогену 1 та рецептора пролактину

За генами рецептора естрогену 1 та рецептора пролактину оцінювали відмінності між трьома породами свиней (миргородська, полтавська м'ясна та уельс). Отримані результати, представлені у табл. 3.16 свідчать про статистично значущі відмінності між трьома породами, при цьому всі показники — крім маси одного новонародженого поросяти, досягають рівня значущості $p < 0,001$. Такі суттєві відмінності в аналізі трьох порід можна пояснити тим, що уельська порода характеризується більшою кількістю живонароджених поросят і, відповідно, більшою кількістю поросят при відлученні, більшою масою гнізда та вищим індексом СІВЯС, ніж миргородська та полтавська м'ясна породи.

Полтавська м'ясна порода демонструє при опоросах дещо більшу кількість поросят, народжених живими, ніж миргородська порода, хоча ця різниця не є статистично значущою. На противагу, порода свиней уельс має статистично значно більшу кількість поросят, народжених живими (табл. 3.16, рис. 3.9).

Таблиця 3.16

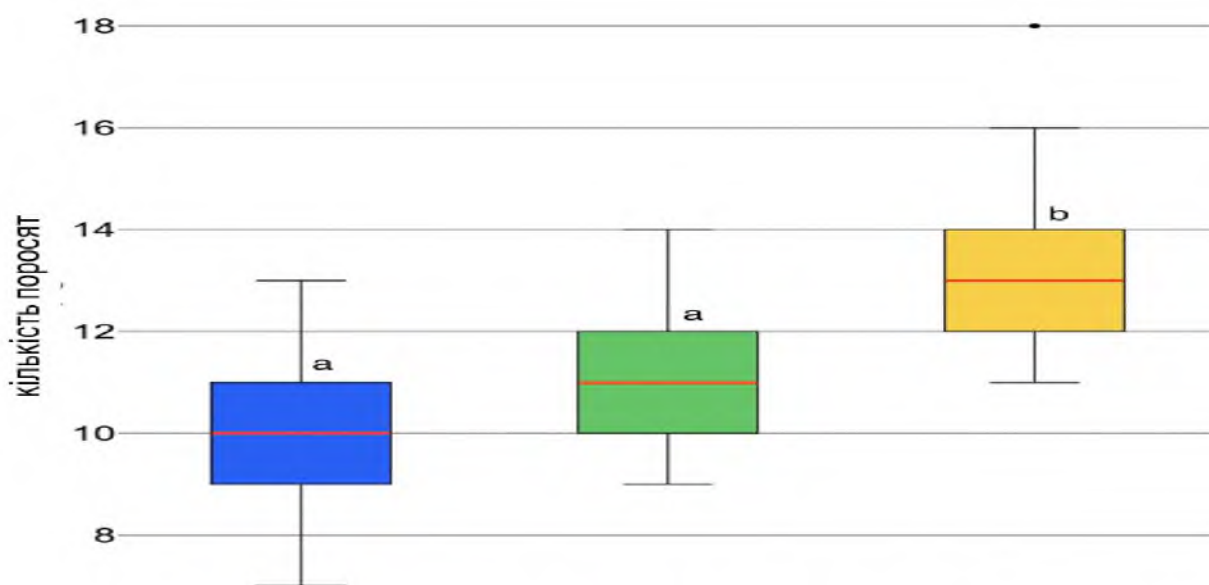
**Відмінності відтворних показників свиноматок миргородської,
полтавської м'ясної та уельської порід.**

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	миргородська порода (n=20)		полтавська м'ясна порода (n=20)		порода уельс (n=21)		p
	$\bar{x} \pm SD$	В середньому (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	В середньому (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	В середньому (IQR)	
1	2	3	4	5	6	7	8
Загальна кількість поросят, гол	10,65± 1,42 ^a	11,00 (9,5–12)	12,00± 1,72 ^a	11,50 (11,00–13,50)	14,71± 2,67 ^b	14,00 (12,50–16,00)	1,26* 10 ⁻⁶
Багатоплідність, гол	9,95± 1,50 ^a	10,00 (9,00–11,00)	11,15± 1,39 ^a	11,00 (10,00–12,00)	13,57± 1,94 ^b	13,00 (12,00–14,00)	2,28* 10 ⁻⁷
Великоплідність, кг	0,96± 0,16 ^{ab}	1,00 (0,80–1,00)	1,04± 0,13 ^a	1,00 (1,00–1,10)	0,91± 0,09 ^b	0,90 (0,80–1,00)	0,013 2
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	8,95± 1,05 ^a	9,00 (8,00–10,00)	10,35± 0,99 ^b	10,00 (10,00–11,00)	12,52± 1,33 ^c	12,00 (11,50–13,50)	5,58• 10 ⁻¹⁰
Маса гнізда при відлученні, кг	73,75± 9,56 ^a	75,50 (66,00–81,00)	75,50± 7,61 ^a	73,50 (70,50–81,50)	93,38± 7,92 ^b	91,00 (88,00–99,50)	1,89• 10 ⁻⁸

Продовження таблиці 3.16

1	2	3	4	5	6	7	8
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	8,243± 0,497 ^a	8,260 (7,950– 8,585)	7,315± 0,598 ^b	7,185 (7,000– 7,710)	7,482± 0,431 ^b	7,540 (7,205– 7,795)	5,76* 10 ⁻⁶
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	79,38± 11,22 ^a	80,25 (71,60– 87,45)	87,05± 9,64 ^a	86,15 (80,40– 92,10)	106,35 ±13,20 ^b	104,20 (96,15– 111,50)	4,75* 10 ⁻⁸

При цьому маса окремого поросяти при народженні полтавської м'ясної породи більша порівняно з уельською, а миргородська за цим показником займає проміжне місце.



миргородська порода | полтавська м'ясна порода | порода уельська

Рис. 3.9 Діаграма розмаху кількості поросят, народжених живими. У вигляді «коробки» показаний міжквартильний розмах (IQR). У вигляді «вусів» показані значення, які знаходяться в межах 1,5IQR. Медіана позначена червоною лінією. Викиди показані окремими крапками. Різні літери верхнього індексу (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами, а групи, які мають одну літеру, не відрізняються значущо одна від одної.

Примітно також, що миргородська порода характеризується найменшою кількістю поросят при відлученні. Однак, маса окремого поросяти миргородської породи при відлученні статистично більша, ніж у поросят полтавської м'ясної породи та породи свиней уельс, як показано на рис. 3.11.

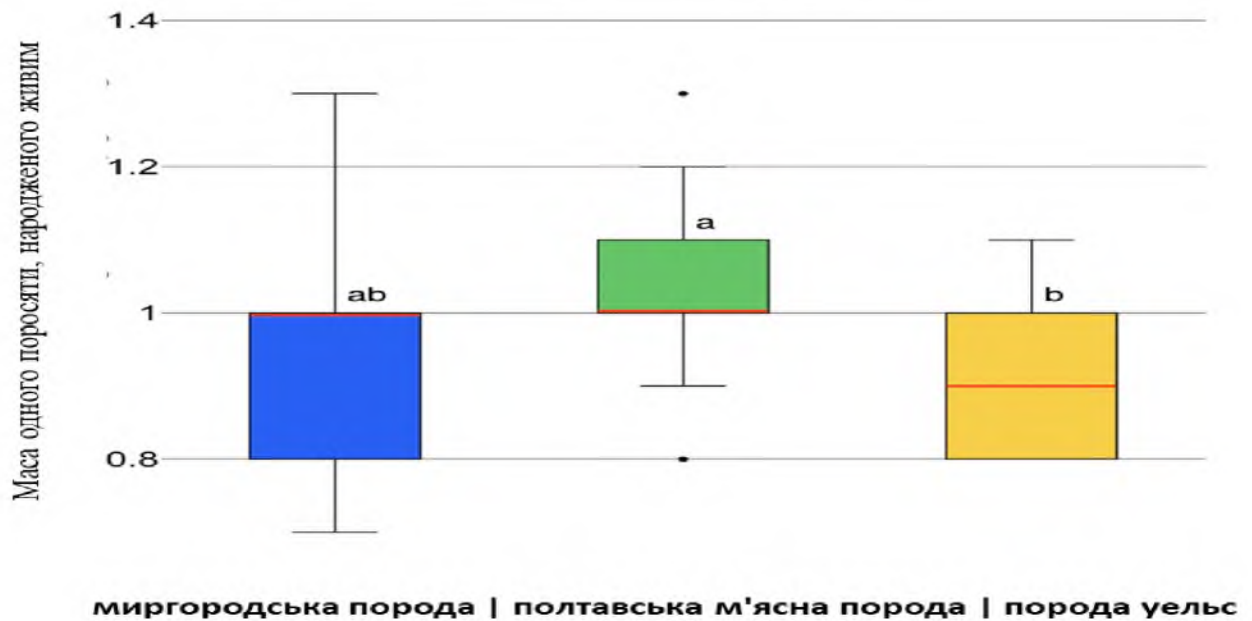


Рис. 3.10 Діаграма розмаху маси одного поросяти, народженого живим. У вигляді «коробки» показаний міжквартильний розмах (IQR). У вигляді «вусів» показані значення, які знаходяться в межах $1,5IQR$. Медіана позначена червоною лінією. Викиди показані окремими крапками. Різні літери верхнього індексу (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами, а групи, які мають одну літеру, не відрізняються значущо одна від одної.

Таким чином, збільшення кількості поросят у уельської породи відбувається одночасно з незначним зменшенням маси при народженні окремих поросят (табл. 3.16, рис. 3.10).

При відлученні, кількість поросят була статистично значущою для всіх трьох порід, що може свідчити про відмінності в розвитку та виживання поросят різних порід (рис. 3.11).

Далі оцінювали відмінності між свинями різних генотипів у межах досліджуваних порід. Відтворювальна продуктивність свиноматок з

гомозиготним (AA або BB) і гетерозиготним (AB) генотипами за поліморфним сайтом *PvuII* гена *ESR1* і поліморфним сайтом *AluI* гена *PRLR* представлена в таблицях 3.17- 3.22.

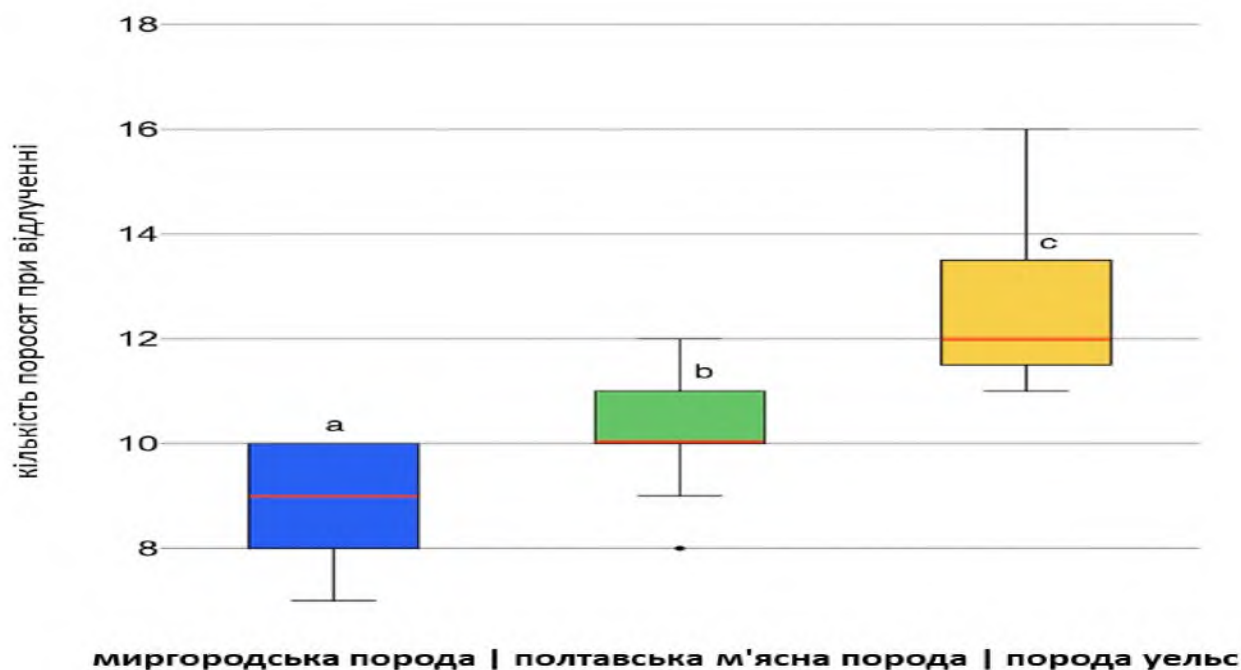


Рис. 3.11 Діаграма розмаху кількості поросят при відлученні. У вигляді «коробки» показаний міжквартильний розмах (IQR). У вигляді «вусів» показані значення, які знаходяться в межах 1,5IQR. Медіана позначена червоною лінією. Викиди показані окремими крапками. Різні літери верхнього індексу (a, b, c) вказують на статистично значущі відмінності між групами, а групи, які мають одну літеру, не відрізняються значущо одна від одної.

У миргородської породи виявлено статистично значущу різницю значень індексу СІВЯС ($p = 0,032$) між тваринами з генотипами АВ та ВВ за поліморфізмом *ESR1* та за кількістю поросят при відлученні ($p = 0,054$). Також виявлено тенденції до достовірно значущих значень за кількістю живонароджених поросят (табл. 3.16- 3.17).

У вибірці свиней миргородської породи виявлено лише статистично значущу різницю за середньою масою одного новонародженого поросяти ($p = 0,050$).

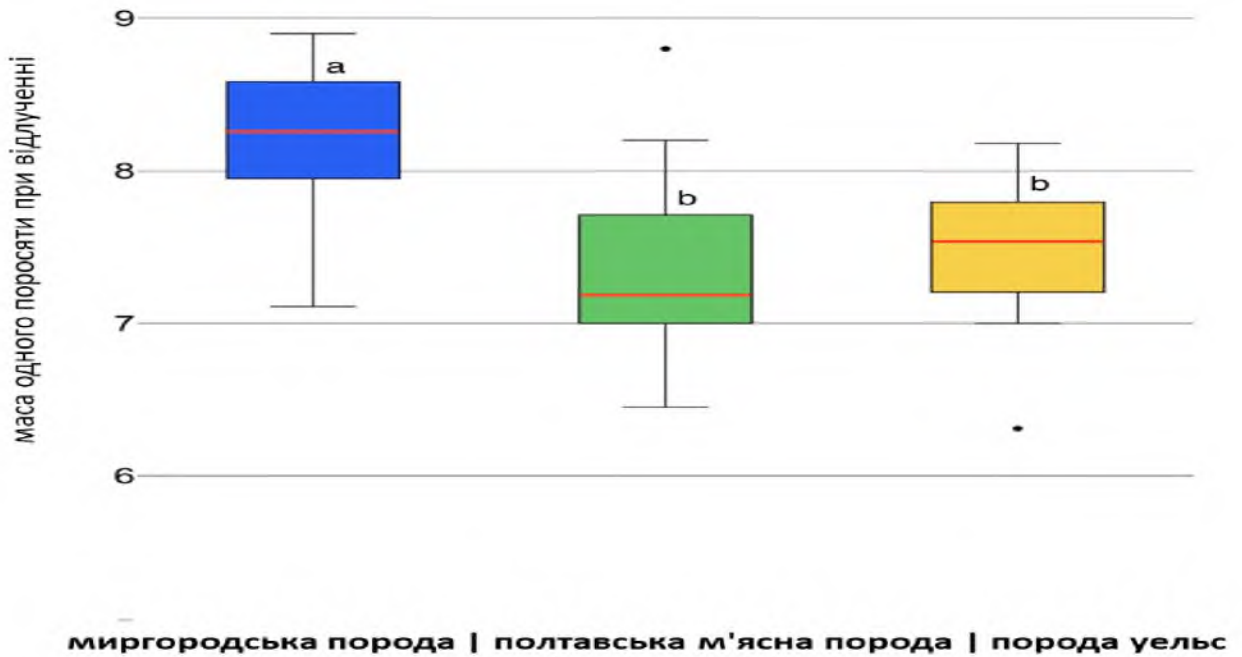


Рис. 3.12 Діаграма розмаху маси одного поросяти при відлученні. У вигляді «коробки» показаний міжквартильний розмах (IQR). У вигляді «вусів» показані значення, які знаходяться в межах $1,5IQR$. Медіана позначена червоною лінією. Викиди показані окремими крапками. Різні літери верхнього індексу (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами, а групи, які мають одну літеру, не відрізняються значущо одна від одної.

Інших значущих асоціацій між за поліморфізмом *PRLR* гена та відтворювальними ознаками у свиней миргородської породи не виявлено (табл. 3.18).

У полтавській м'ясної породи виявлено статистично значущі зв'язки між поліморфізмом *ESR1* та загальною кількістю поросят ($p = 0,011$), кількістю живонароджених поросят ($p = 0,003$), кількістю поросят при відлученні ($p = 0,047$), масою одного поросяти при відлученні ($p = 0,016$) та індексом СІВЯС ($p = 0,005$).

Свиноматки з гомозиготним генотипом AA мали найменшу кількість живонароджених поросят і поросят при відлученні, але статистично значно переважали гетерозиготних (AB) тварин за масою одного поросяти при відлученні.

Таблиця 3.17

Зв'язок генотипів за геном *ESR1* з відтворювальними ознаками свиней миргородської породи (n=20)

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	<i>ESR1</i> ^{AA} (n=12)		<i>ESR1</i> ^{AB} (n=6)		<i>ESR1</i> ^{BB} (n=2)	<i>p</i>
	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	\bar{x}	
1	2	3	4	5	6	7
Загальна кількість поросят, гол	10,17± 1,40	10,00 (9,00– 11,00)	11,33± 1,37	11,50 (11,00– 12,00)	11,50	0,153
Багатоплідність, гол	9,42± 1,56	9,00 (8,50– 10,00)	10,50± 1,05	10,50 (10,00– 11,00)	11,50	0,066
Великоплідність, кг	0,99± 0,18	1,00 (0,80– 1,15)	0,93± 0,12	1,00 (0,90– 1,00)	0,85	0,563
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	8,50± 1,09	8,00 (8,00– 9,50)	9,50± 0,55	9,50 (9,00– 10,00)	10,00	0,054*
Маса гнізда при відлученні, кг	71,42± 10,94	69,50 (60,50– 80,00)	76,67± 6,92	79,00 (74,00– 81,00)	79,00	0,415

Продовження таблиці 3.17

1	2	3	4	5	6	7
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	8,387± 0,448	8,465 (8,210– 8,735)	8,070± 0,590	8,160 (7,800– 8,300)	7,900	0,195
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	75,56± 11,84	73,30 (68,20– 81,35) ^{ab}	83,46± 8,01	84,05 (79,70– 87,60) ^a	44,73	0,032*

Примітка. Статистичну значущість визначали між тваринами з генотипами AA та AB, визначеними за допомогою U-критерію Манна-Уїтні. Різні літери верхнього індексу (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами на основі U-критерію Манна-Уїтні. Групи, що мають одну літеру, не відрізняються суттєво одна від одного.

Вказує на значущість при* $p \leq 0,05$, ** при $p \leq 0,01$ і *** при $p \leq 0,001$.

Загалом свиноматки із генотипом BB були кращими за відповідними показниками на протипагу від свиней із генотипами AB та AA за *ESR1* геном.

Таблиця 3.18

Зв'язок генотипів за геном *PRLR* з відтворювальними ознаками свиней миргородської породи (n=20)

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	<i>PRLR</i> ^{AA} (n=13)		<i>PRLR</i> ^{AB} (n=6)		<i>PRLR</i> ^{BB} (n=1)	p
	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	x	
1	2	3	4	5	6	7
Загальна кількість поросят, гол	10,46± 1,20	11,00 (9,00– 11,50)	10,83± 1,94	10,50 (10,00– 13,00)	12,00	0,502

Продовження таблиці 3.18

1	2	3	4	5	6	7
Багатоплідність, гол	9,77± 1,30	10,00 (9–11)	10,17± 2,04	10,00 (8,00– 12,00)	11,00	0,636
Великоплідність, кг	0,91± 0,17 ^a	0,90 (0,80– 1,00)	1,08±0 ,10 ^b	1,05 (1,00– 1,20)	0,90	0,050*
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	8,85± 0,99	9,00 (8,00– 10,00)	9,00± 1,26	9,50 (8,00– 10,00)	10,00	0,501
Маса гнізда при відлученні, кг	72,23± 9,35	74,00 (62,50– 80,50)	75,83± 10,76	78,00 (68,00– 83,00)	81,00	0,497
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	8,167± 0,554	8,220 (7,665– 8,65)	8,433± 0,373	8,465 (8,3– 8,67)	8,100	0,368
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	77,89± 9,81	76,00 (71,6– 86,9)	81,24± 14,98	80,80 (66,1– 94,1)	87,60	0,565

Примітка. Статистичну значущість визначали між тваринами з генотипами АА та АВ, визначеними за допомогою U-критерію Манна-Уїтні. Різні літери верхнього індексу (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами на основі U-критерію Манна-Уїтні. Групи, що мають одну літеру, не відрізняються суттєво одна від одно. Вказує на значущість при $p \leq 0,05$, ** при $p \leq 0,01$ і *** при $p \leq 0,001$.

Що стосується поліморфізму *PRLR*, то свиноматки полтавської м'ясної породи із гомозиготним генотипом ВВ мали статистично більшу масу новонародженого поросяти, ніж гомозиготні свині із генотипом АА ($p = 0,030$), (табл. 3.20).

У миргородській породі визначено, що поліморфізм *ESR1* (*PvuII*) суттєво

впливає на індекс репродуктивної цінності (СІВЯС) та, з тенденцією, на кількість поросят при відлученні (табл. 3.18).

Таблиця 3.19

Зв'язок генотипів за геном *ESR1* з відтворювальними ознаками свиней полтавської м'ясної породи (n=20)

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	<i>ESR1</i> ^{AA} (n=5)		<i>ESR1</i> ^{AB} (n=13)		<i>ESR1</i> ^{BB} (n=2)	<i>p</i>
	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	\bar{x}	
1	2	3	4	5	6	7
Загальна кількість поросят, гол	10,40±0,55 ^a	10,00 (10,00–11,00)	12,31±1,65 ^b	12,00 (11,00–13,50)	14,00	0,011*
Багатоплідність, гол	9,60±0,55 ^a	10,00 (9,00–10,00)	11,46±1,05 ^b	11,00 (11,00–12,00)	13,00	0,003**
Великоплідність, кг	1,12±0,13	1,10 (1,00–1,25)	1,00±0,13	1,00 (0,90–1,10)	1,05	0,258
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	9,40±0,89 ^a	10,00 (8,50–10,00)	10,62±0,77 ^b	11,00 (10,00–11,00)	11,00	0,047*
Маса гнізда при відлученні, кг	73,20±8,41	72,00 (65,50–81,50)	74,62±6,54	73,00 (70,70–79,50)	87,00	0,094
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	7,783±0,397 ^a	7,750 (7,435–8,150)	7,032±0,388 ^b	7,00 (6,765–7,25)	7,983	0,016*

Продовження таблиці 3.19

1	2	3	4	5	6	7
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	77,13±5,31 ^a	79,2 0 (71,45–87,75)	88,68±7,42 ^b	89,20 (84,95–92,10)	101,22	0,005**

Примітка. Статистичну значущість визначали між тваринами з генотипами AA та AB, визначеними за допомогою U-критерію Манна-Уїтні. Різні літери верхнього індексу (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами на основі U-критерію Манна-Уїтні. Групи, що мають одну літеру, не відрізняються суттєво одна від одної.

Вказує на значущість при $p \leq 0,05$, ** при $p \leq 0,01$ і *** при $p \leq 0,001$.

Генотип BB асоціюється з вищим СІВЯС ($p = 0,032$) і більшою кількістю приплоду при відлученні ($p = 0,054$), а також демонструє кращі середні показники за кількістю живонароджених поросят. Поліморфізм *PRLR* (*AluI*) у цій породі найпомітніше корелює з масою новонародженого поросяти ($p = 0,050$), тоді як інші параметри залишаються незмінними між генотипами (табл. 3.19).

Таблиця 3.20

Зв'язок генотипів за геном *PRLR* з відтворювальними ознаками свиней полтавської м'ясної породи (n=20)

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	<i>PRLR</i> ^{AA} (n=7)		<i>PRLR</i> ^{AB} (n=10)		<i>PRLR</i> ^{BB} (n=3)		P
	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	Median (min-max) ¹	
1	2	3	4	5	6	7	8
Загальна кількість поросят, гол	12,57±2,30	13,00 (10,00–14,00)	11,90±1,45	12,00 (11,00–13,00)	11,00±0,00	11,00 (11,00–11,00)	0,571
Багатоплідність, гол	11,29±1,70	12,00 (10,00–12,00)	11,20±1,40	11,00 (10,00–12,00)	10,67±0,58	11,00 (10,00–11,00)	0,772

Продовження таблиці 3.20

1	2	3	4	5	6	7	8
Великоплідність, кг	0,96± 0,14 ^a	1,00 (0,80– 1,00)	1,04± 0,08 ^{ab}	1,00 (1,00– 1,10)	1,20± 0,10 ^b	1,02 (1,10– 1,30)	0,030 *
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	10,14± 1,35	10,00 (9,00– 11,00)	10,50± 0,85	10,50 (10,00– 11,00)	10,33± 0,58	10,00 (10,00– 11,00)	0,852
Маса гнізда при відлученні, кг	75,00± 10,05	74,00 (64,00– 84,00)	74,5± 5,84	72,50 (70,00– 78,00)	80± 7,55	81,00 (72,00– 87,00)	0,504
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	7,435± 0,847	7,110 (6,730– 8,20)	7,104± 0,329	7,130 (7,000– 7,300)	7,736± 0,474	7,910 (7,200– 8,100)	0,235
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	87,73± 12,10	90,900 (77,10– 95,50)	87,08± 9,70	86,15 (79,20– 92,50)	85,35± 3,80	85,20 (81,60– 89,20)	0,888

Примітка. Статистичну значущість визначали між тваринами з генотипами АА, АВ і ВВ за допомогою тесту Крускала-Уолліса з наступним тестом Данна з поправкою Бонферроні. Різні нарядкові букви (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами на основі критерію Данна. Групи, що мають одну літеру, не відрізняються суттєво одна від одної. Для тварин із генотипом ВВ наводяться мінімальні та максимальні значення показника замість IQR через малий розмір групи. Вказує на значущість при $p \leq 0,05$, ** при $p \leq 0,01$ і *** при $p \leq 0,001$.

У полтавській м'ясній породі *ESR1*^{ВВ} значно підвищує всі ключові відтворювальні показники — загальну кількість поросят ($p = 0,011$), живонароджених ($p = 0,003$), кількість при відлученні ($p = 0,047$), масу поросяти при відлученні ($p = 0,016$) та СІВЯС ($p = 0,005$). За *PRLR* (табл. 3.20) гомозиготи ВВ демонструють вищу масу новонародженого ($p = 0,030$).

Як і у полтавській м'ясній породі, у свиней уельс з генотипом AA було суттєво менше поросят у опоросі у порівнянні із тваринами з генотипом BB. Ці ж гомозиготні тварини також мали найнижчі показники СІВЯС, табл. 3.21.

Таблиця 3.21

Зв'язок генотипів за геном *ESR1* з відтворювальними ознаками свиней породи уельс (n=20)

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	<i>ESR1</i> ^{AA} (n=4)		<i>ESR1</i> ^{AB} (n=12)		<i>ESR1</i> ^{BB} (n=5)		P
	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	\bar{x}	Media n (IQR)	
1	2	3	4	5	6	7	8
Загальна кількість поросят, гол	11,80±0,50 ^a	12,00 (11,50–12,00)	14,40±1,51 ^{ab}	14,00 (13,50–16,00)	17,80±2,86 ^b	18,00 (15,0–20,50)	0,002**
Багатоплідність, гол	11,50±0,58 ^a	11,50 (11,00–12,00)	13,50±1,09 ^{ab}	13,50 (13,00–14,00)	15,4±2,61 ^b	15,00 (13,0–18,00)	0,008**
Великоплідність, кг	0,93±0,05	0,95 (0,85–1,00)	0,92±0,09	0,90 (0,85–1,00)	0,90±0,10	0,90 (0,80–1,00)	0,913
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	11,25±0,50 ^a	11,00 (11,00–11,50)	12,50±1,00 ^{ab}	12,50 (12,00–13,00)	13,60±1,67 ^b	14,00 (12,0–15,00)	0,027*
Маса гнізда при відлученні, кг	87,00±3,74	87,50 (84,50–89,50)	93,25±7,48	91,50 (89,00–97,00)	98,80±8,47	101,00 (90,0–106,5)	0,066
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	7,737±0,260	7,745 (7,515–7,955)	7,471±0,404	7,430 (7,080–7,795)	7,305±0,570	7,570 (6,82–7,655)	0,375

Продовження таблиці 3.21

1	2	3	4	5	6	7	8
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	92,22±3,45 ^a	91,70 (89,35–95,10)	105,88 ±7,84 ^b	105,85 (101,20–109,10)	118,77 ±17,32 ^b	118,30 (102,05–135,80)	0,007 **

Примітка. Статистичну значущість визначали між тваринами з генотипами AA, AB і BB за допомогою тесту Крускала-Уолліса з наступним тестом Данна з поправкою Бонферроні. Різні нарядкові букви (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами на основі критерію Данна. Групи, що мають одну літеру, не відрізняються суттєво одна від одної.

Вказує на значущість при $p \leq 0,05$, ** при $p \leq 0,01$ і *** при $p \leq 0,001$

У мікропопуляції уельських свиней виявлено декілька асоціативних зв'язків. Спостерігались статистично значущі зв'язки гена *ESRI* з загальною кількістю поросят, народжених живими та при відлученні та селекційним індексом СІВЯС ($p = 0,002, 0,008, 0,027$ та $0,007$, відповідно).

Не виявлено статистично значущих зв'язків між відтворювальними ознаками та генотипами поліморфізму *PRLR* у свиноматок уельської породи породи, хоча простежуються тенденції. (табл. 3.22).

Таблиця 3.22

Зв'язок генотипів за геном *PRLR* з відтворювальними ознаками свиней породи уельс (n=20)

Показники продуктивності (у сер. на свиноматку по 2-4 опоросах)	<i>PRLR</i> ^{AA} (n=1)	<i>PRLR</i> ^{AB} (n=16)		<i>PRLR</i> ^{BB} (n=4)		<i>p</i>
	<i>x</i>	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	$\bar{x} \pm SD$	Median (IQR)	
1	2	3	4	5	6	7
Загальна кількість поросят, гол	20,00	14,19±2,43	14,00 (12,5–15,0)	15,50±2,52	16,00 (14,00–17,00)	0,185

Продовження таблиці 3.22

1	2	3	4	5	6	7
Багатоплідність, гол	18,00	13,30± 1,82	13,00 (12,00– 14,00)	13,50± 1,29	13,50 (12,50– 14,50)	0,249
Великоплідність, кг	0,80	0,90± 0,08	0,90 (0,80– 1,00)	1,00± 0,08	1,00 (0,95– 1,05)	0,077
Кількість поросят при відлученні (в середньому на свиноматку), гол	16,00	12,13± 1,02	12,00 (11,00– 13,00)	13,25± 0,96	13,50 (12,50– 14,00)	0,053
Маса гнізда при відлученні, кг	101,00	90,94± 6,53 ^a	90,00 (87,50– 92,00)	101,25± 8,46 ^b	102,00 (94,50– 108,00)	0,061
Маса одного поросяти при відлученні (в середньому на свиноматку), кг	6,313	7,516± 0,380	7,475 (7,205– 7,820)	7,638± 0,148	7,575 (7,555– 7,720)	0,208
СІВЯС (в середньому на свиноматку)	134,95	104,14± 12,36	102,30 (95,35– 108,45)	108,02± 9,77	108,80 (100,25– 115,85)	0,224

Примітка. Статистичну значущість визначали між тваринами з генотипами АА та АВ, визначеними за допомогою U-критерію Манна-Уїтні. Різні літери верхнього індексу (a, b) вказують на статистично значущі відмінності між групами на основі U-критерію Манна-Уїтні. Групи, що мають одну літеру, не відрізняються суттєво одна від одної.

Однак слід відмітити тенденції у ознак, значення яких були дуже близькі до статистично достовірних: кількість поросят при відлученні та маса приплоду ($p = 0,053$ та $0,061$, відповідно).

Загалом відмічені тенденції, згідно з якими, наприклад: розподіл більшої кількості поросят за один опорос відповідає та узгоджується з виявленими генотипами. Також у миргородської породи генотип ВВ відповідає більшій

кількості поросят при народженні (11,50) за геном *ESR1*. За геном *PRLR* така ж тенденція спостерігається у миргородської породи, проте найкращим генотипом за великоплідністю був АВ (1,08 кг), а за кількістю живих поросят – генотип ВВ (11,00 гол.).

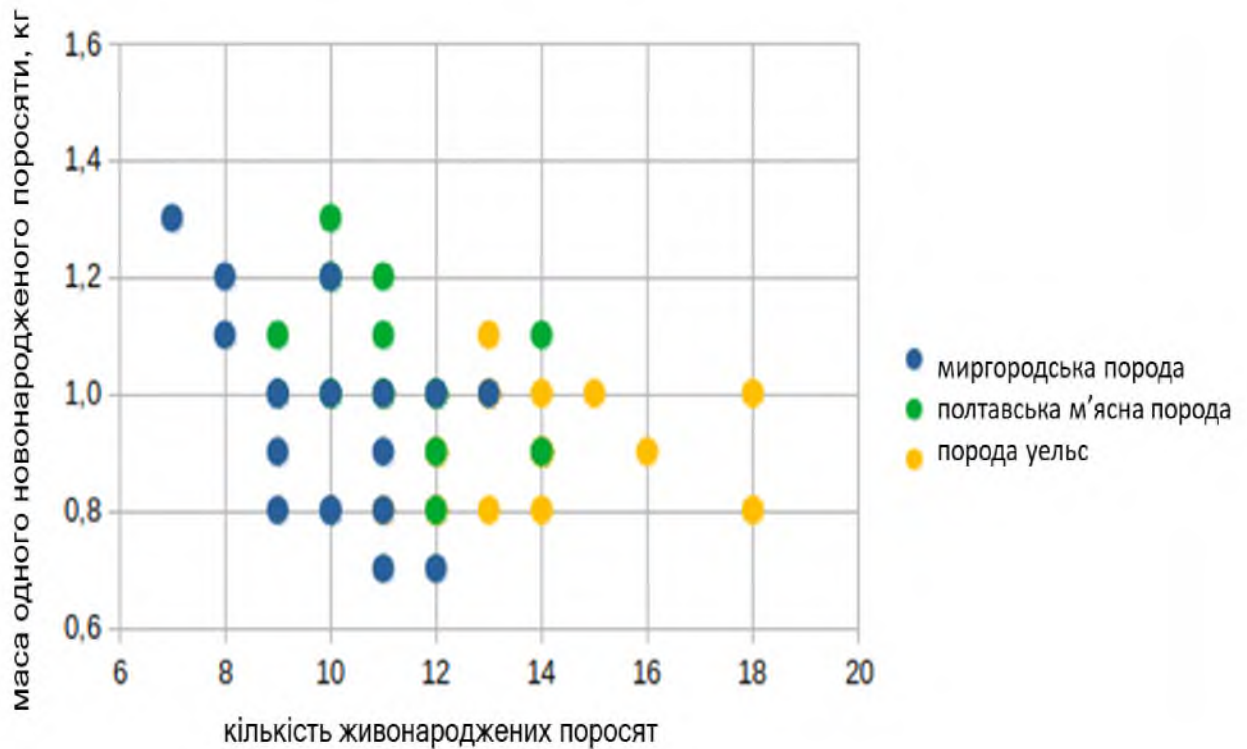


Рис. 3.13 Діаграма розсіювання, що показує розподіл маси одного поросяти в залежності від кількості поросят (розподіл при народженні).

Для всіх порід оцінювали кореляцію між кількістю поросят і масою одного поросяти як при народженні, так і при відлученні. Відповідні діаграми розсіювання показані на рис. 3.13 та 3.14.

Результати кореляційного аналізу Спірмена вказують на значний та помірний негативний зв'язок між кількістю живонароджених поросят і масою одного новонародженого поросяти ($R_s = -0,3452$, $p = 0,006437$). Крім того, спостерігався значний та сильний негативний зв'язок між кількістю поросят при відлученні та масою одного поросяти при відлученні ($R_s = -0,5106$, $p = 0,000026$).

Таким чином, із збільшенням розміру приплоду маса окремого живого поросяти зменшується, причому цей ефект більш виражений при відлученні, ніж при народженні.

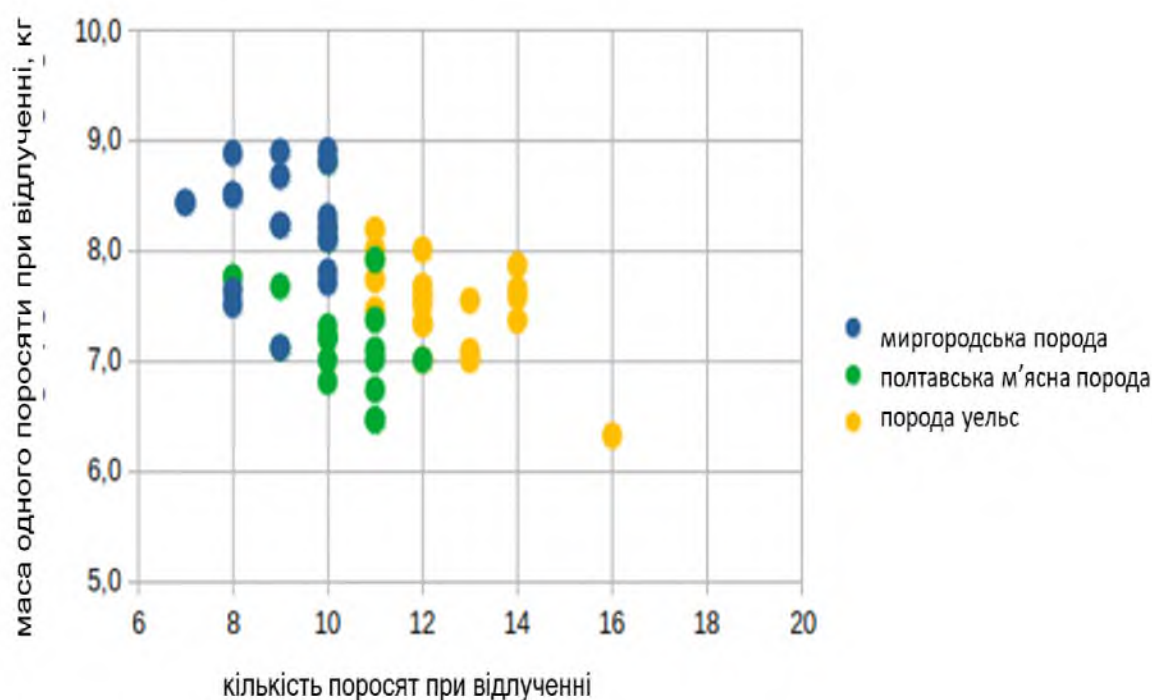


Рис. 3.14 Діаграма розсіювання, що показує розподіл маси одного поросяти в залежності від кількості поросят (розподіл при відлученні).

Виконаний асоціативний аналіз показав відмінності відтворювальних ознак свиноматок трьох порід м'ясної продуктивності: миргородської, полтавської м'ясної та свиней породи уельс. Перші дві з яких є малочисельними місцевими українськими породами. Отримані результати свідчать про те, що уельська порода суттєво переважає миргородську та полтавську м'ясну за кількістю народжених живими та відлученими поросятами, масою поросят при опоросі та при відлученні та селекційним індексом відтворювальних якостей свиноматок (СІВЯС).

Крім того, виявлені асоціативні зв'язки між генотипами досліджуваних

порід у поліморфних сайтах *PvuII* та *AluI* генів *ESR1* та *PRLR* відповідно до відтворювальних ознак у вибірках кожної породи. Виходячи з даних генотипування та асоціативного аналізу відбір свиноматок досліджуваних порід із сприятливими генотипами *ESR1* та *PRLR* може підвищити відтворювальні показники та загальну племінну цінність, що особливо важливо для збереження та генетичного вдосконалення миргородської та полтавської м'ясних порід.

Матеріали даного підрозділу опубліковані у статті Matiiuk V.V. (2025).

3.7 Економічна ефективність проведених досліджень

Для прогнозуванні економічної ефективності проведених досліджень були враховані показники відтворювальних ознак свиней миргородської, полтавської м'ясної та свиней породи уельс, що належать підприємствам ПСП "ОРАЧ" та ФГ "САМ-12.

Збільшення багатоплідності свиноматок миргородської, полтавської м'ясної та свиней породи уельс, шляхом впровадження маркер асоційованої селекції за генами рецепторів естрогену 1 та пролактину у виробництво буде мати відчутний економічний ефект. Дослідженнями встановлено, що за геном рецептора естрогену 1 для миргородської породи свиней спостерігається збільшення на 1,00 голови кількості живих поросят в середньому на свиноматку по 2-4 опоросах з генотипом *ESR1^{BB}* у порівнянні із свиноматками з генотипом *ESR1^{AB}* (рис. 3.15 та табл. 3.23, 3.24). Середня маса поросят при відлученні становила 7 кг. Тобто, на кожен опорос було додатково отримано 7,00 кг живої маси поросят при відлученні.

За геном рецептора пролактину для миргородської породи свиней також встановлено збільшення кількості живих поросят в середньому по 2-4 опоросах у свиноматок з генотипом *PRLR^{BB}* у порівнянні із свиноматками з генотипом *PRLR^{AB}* на 0,83 голови. Та на кожен опорос було додатково отримано 5,83 кг живої маси поросят при відлученні.

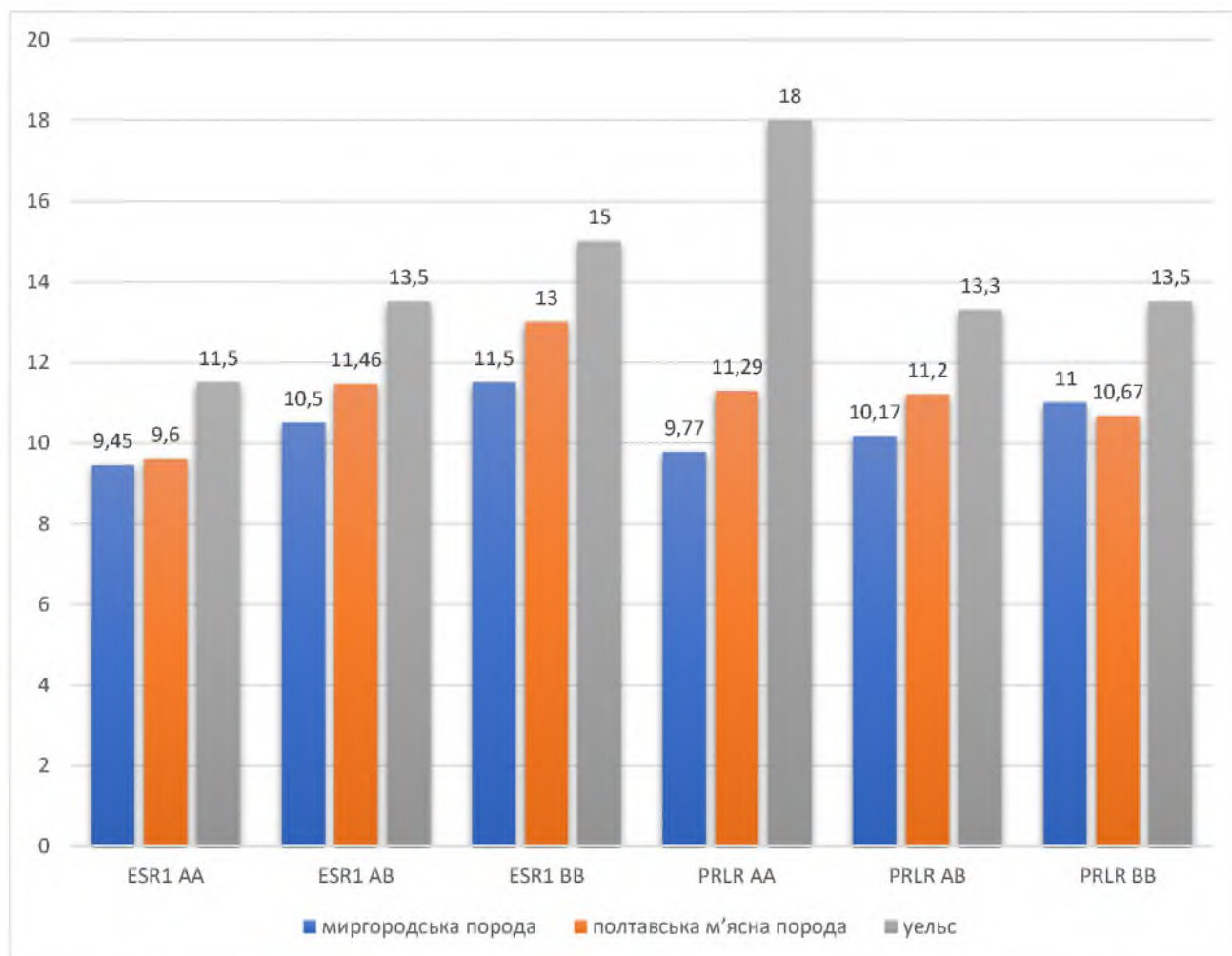


Рис. 3.15 Зв'язок генотипів за геном *ESR1* та *PRLR* з кількістю живонароджених поросят (у середньому на свиноматку по 2-4 опоросах) у свиноматок різних порід.

Для полтавської м'ясної породи, за геном рецептора естрогену 1 спостерігається більш відчутне збільшення на 1,54 голови кількості живих поросят в середньому на свиноматку по 2-4 опоросах з генотипом *ESR1^{BB}* у порівнянні із свиноматками з генотипом *ESR1^{AB}* (рис. 3.12). На кожен опорос було додатково отримано 10,87 кг живої маси поросят при відлученні.

За геном рецептора пролактину для полтавської м'ясної породи свиней також встановлено незначне збільшення кількості живих поросят в середньому по 2-4 опоросах але у свиноматок із генотипом *PRLR^{AA}* у порівнянні із свиноматками з генотипом *PRLR^{AB}* на 0,09 голови. Та на кожен опорос було додатково отримано 0,63 кг живої маси поросят при відлученні.

Для свиней породи уельс, за геном рецептора естрогену 1 спостерігається більш теж суттєве збільшення на 1,50 голови кількості живих поросят в середньому на свиноматку по 2-4 опоросах з генотипом $ESR1^{BB}$ у порівнянні із свиноматками з генотипом $ESR1^{AB}$ (рис. 3.13). На кожен опорос було додатково отримано 10,50 кг живої маси поросят при відлученні.

За геном рецептора пролактину для свиней породи уельс встановлено максимальне збільшення кількості живих поросят в середньому по 2-4 опоросах у свиноматок із генотипом $PRLR^{AA}$ у порівнянні із свиноматками з генотипом $PRLR^{AB}$ на 4,70 голови. Та на кожен опорос було додатково отримано 32,90 кг живої маси поросят при відлученні.

Таблиця 3.23

Різниця у кількості живих поросят в середньому по 2-4 опоросах у свиноматок за рецептором естрогену 1

Порода свиней	$ESR1^{AB}$	$ESR1^{BB}$	$\pm ESR1^{BB}$ до $ESR1^{AB}$	
			в одиницях виміру	в %
Миргородська	10,5	11,5	+1,00	9,52
Полтавська м'ясна	11,46	13	+1,54	13,44
Уельс	13,5	15	+1,50	11,11

Таблиця 3.24

Різниця у кількості живих поросят в середньому по 2-4 опоросах у свиноматок за рецептором пролактину

Порода свиней	$PRLR^{AB}$	$PRLR^{AA/BB^*}$	$\pm PRLR^{AA/BB^*}$ до $PRLR^{AB}$	
			в одиницях виміру	в %
Миргородська*	10,17	11	+0,83	8,16
Полтавська м'ясна	11,2	11,29	+0,09	0,8
Уельс	13,3	18	+4,70	35,34

У цілому річний економічний ефект, який може бути отриманий від використання свиноматок з генотипами $ESR1^{BB}$ та $PRLR^{AA}$ (докладно на прикладі свиноматок миргородської породи) складає на один опорос $E_1 = 1049,58$ та $E_2 = 871,37$ грн., відповідно.

$$E_1 = 1400 \text{ грн./голова} \times (10,50 \text{ голів} \times 9,52\%): 100\% \times 0,75 \times 1 = 1049,58 \text{ грн.},$$

$$E_2 = 1400 \text{ грн./голова} \times (10,17 \text{ голів} \times 8,16\%): 100\% \times 0,75 \times 1 = 871,37 \text{ грн.},$$

де: E_1 = річний економічний ефект при використанні свиноматок миргородської породи з генотипом $ESR1^{BB}$;

E_2 = річний економічний ефект при використанні свиноматок миргородської породи з генотипом $PRLR^{BB}$;

1400 грн. вартість одного поросяти масою 7 кг при ціні реалізації 200 грн. за 1 кг живої маси;

10,50 голів середня кількість поросят в гнізді у свиноматок з генотипом $ESR1^{AB}$;

9,52% - середня прибавка продуктивності у порівнянні з свиноматками генотипу $ESR1^{AB}$;

10,17 голів середня кількість поросят в гнізді у свиноматок з генотипом GH^{*} »;

8,16 - середня прибавка продуктивності у порівнянні з свиноматками генотипу $PRLR^{BB}$;

1 - в розрахунку на один опорос.

За вище наведеним розрахунком у таблиці 3.25 представлено зведені дані для 3х порід з генотипами $ESR1^{BB}$ та $PRLR^{AA}$.

Таблиця 3.25

Зведені дані річного економічного ефекту для 3х порід від впровадження маркерної селекції за генами естрогенового та пролактинового рецепторів.

Ген	Порода свиней		
	Миргородська*	Полтавська м'ясна	Уельс
$ESR1^{BB}$	1049,58 грн.	1617,24 грн.	1574,84 грн.
$PRLR^{AA/BB}$ *	871,37 грн.	94,08 грн.	4935,23 грн.

Отже, дані таблиці 3.19 свідчать, що за впровадження маркерної селекції за генами естрогенового та пролактинного рецепторів, як окремо так і разом за досліджуваними генами прослідковується у більшості випадків значний економічний ефект. Що дозволяє використовувати тварин із бажаними генотипами $ESRI^{BB}$ та $PRLR^{AA}$ і покращеними відтворювальними ознаками, як більш цінних тварин для племінного ядра та збільшення рентабельності їх використання у цілому.

В цілому розрахунок зв'язку генотипів генів рецепторів пролактину та естрогену із кількістю поросят на опорос виявив:

1. Стабільне підвищення багатоплідності

У трьох досліджуваних популяціях (миргородська, полтавська м'ясна, уельс) генотип $ESRI^{BB}$ асоціюється зі збільшенням середньої кількості живонароджених поросят на 1–1,54 голів порівняно з генотипом $ESRI^{AB}$. Генотип $PRLR^{AA/BB}$ забезпечує приріст ще до 4,7 поросят у породі уельс.

2. Додаткова жива маса поросят

Завдяки маркер-асоційованому відбору додатковий вихід живої маси при відлученні складає від 5,83 до 32,90 кг на опорос залежно від локусу і породи.

3. Розрахунковий економічний ефект

При вартості поросяти (7 кг) 1400 грн. економічний вигреш на один опорос для миргородської породи досягає 1049,58 грн ($ESRI^{BB}$) та 871,37 грн ($PRLR^{BB}$). Для полтавської м'ясної та уельс-порід аналогічні показники коливаються від 94,08 грн до 4935,23 грн відповідно (табл. 3.19).

4. Порівняльна оцінка між породами

Найбільший економічний ефект від селекції за $PRLR$ спостерігається у породи уельс, що узгоджується з даними інших дослідників про високу селекційну значущість $PRLR$ для поліпшення відтворювальних ознак у комерційних лініях свиней.

5. Потенціал маркер-асоційованої селекції в локальних популяціях

Для малочисельних українських порід (миргородська, полтавська м'ясна)

використання *ESRI* та *PRLR* — один із небагатьох механізмів прискореного поліпшення продуктивності без зниження генетичної різноманітності.

Результати демонструють, що інвестиції у впровадження маркер-асоційованої селекції за *ESRI* та *PRLR* є економічно виправданими та мають потенціал значно підвищити рентабельність свинарських господарств, особливо при роботі з локальними та рідкісними породами.

Матеріали даного підрозділу опубліковані у статті Matiiuk V.V. et al. (2025).

РОЗДІЛ 4

АНАЛІЗ І УЗАГАЛЬНЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕНЬ

Отримані результати ДНК-тушування та аналіз асоціацій QTL-генів у роботі вирішують окремі питання підвищення продуктивності сільськогосподарських тварин, що є проблемою глобального значення, оскільки разом із підвищенням ефективності виробництва сприяє збереженню ресурсів та мінімізації негативного впливу тваринництва на навколишнє середовище (Zoskior M., et al., 2021; Voitenko, S., et al., 2019). Слід відзначити, що першим важливим етапом у свинарстві є бонітування тварин, що дозволяє визначити їх продуктивний потенціал. Традиційні зоотехнічні методи оцінки продуктивності свиноматок часто не мають достатньої точності та повноти. Крім того, на оцінки, засновані виключно на фенотиповій оцінці, можуть впливати паратипові фактори, що ускладнює об'єктивне визначення племінної цінності тварини (Davoudi, P., et al., 2022; Voichard, D., et al., 2016). Розробка підходів індексного відбору та моделі найкращого лінійного неупередженого прогнозу (BLUP) призвела до покращення результатів селекції, особливо для ознак з високою спадковістю. Однак для глибшого розуміння зв'язку між генотипом і фенотипом тварини, а також для покращення селекції ознак із низькою успадкованістю важливо використовувати генетичні маркери як у локусах кількісних ознак, так і в усьому геномі, які складають основу селекції за допомогою маркерів і генома відповідно (Vashchenko, P., et al., 2022; Saienko, A., et al., 2023; Krupa, E., et al., 2021). Провідною галуззю агропромислового виробництва залишається свинарство. З точки зору збереження біорізноманіття та розширення можливостей розведення, важливим аспектом є вивчення місцевих порід свиней, характерних для конкретних регіонів (Saienko, A., et al., 2023; Shostya, A. M., et al., 2023). В Україні до порід свиней з невеликим поголів'ям належать миргородська та полтавська м'ясні породи (Voitenko, S., et al., 2024; Voitenko, S., et al., 2012). Ці породи добре пристосовані до місцевих умов вирощування та систем виробництва. Крім того, вони демонструють кращу якість м'яса

порівняно з широко використовуваними комерційними породами, такими як ландрас, велика біла та іншими універсальними або м'ясними породами свиней. У той час як миргородська та полтавська м'ясні породи демонструють задовільну м'ясну продуктивність, їхньою найціннішою характеристикою є найкращі органолептичні властивості м'ясних продуктів (Birta H. O., et al., 2011; Lee, J., et al., 2024). Однак істотним недоліком цих порід є їх відносно низька репродуктивна здатність. Це суперечить світовим тенденціям у розведенні свиней, які спрямовані на збільшення розміру гнізда з 10 до 20 живонароджених поросят за один опорос (Peltoniemi, O., et al., 2021; Tsereniuk, O. M., et al., 2013).

Для точного визначення генотипів тварин за генами *ESR1* і *PRLR* була проведена дооптимізація техніки ДНК-типування. Так, як деякі умови проведення ПЛР-ПДРФ відрізнялися від рекомендованих.

Так для локусу *ESR1 PvuII* було змінено температуру синтезу для відповідної полімерази із 72 С на 68 С, що дало можливість впевнено отримувати очікуваний фрагмент та у подальшому піддавати його дії ендонуклеази рестрикції. Для локусу *PRLR AluI* встановлено, що час синтезу повинен становити 40сек., та відпалу праймерів у 30 сек., що в результаті дозволило отримувати ПЛР продукт, розмір якого становив 163 пари нуклеотидів.

Встановлено, що електрофорез у 8% поліакриламідному гелі дозволяє чітко їх розділити фрагменти та коректно визначити генотипи особин. Параметри електрофорезу становили: референтне значення потужності у 15W, при довжині геля у 10 см.

Підібрані умови в процесі дооптимізації ПЛР-ПДРФ для генів поліморфних локусів *ESR1 PvuII*- і *PRLR AluI*, дозволили чітко визначити генотипи досліджуваних тварин і в подальшому оптимізована техніка ДНК – типування використовувалась нами для популяційно-генетичних досліджень за відповідними локусами у популяціях порід полтавської м'ясної, миргородської та породи свиней уельс.

Для генотипування місцевих малочисельних популяцій свиней миргородської та полтавської м'ясної порід було проведено тестування за

мітохондріальними гаплотипами. Особливо це було актуально для визначення породної приналежності миргородської породи у зв'язку із спалахом африканської чуми свиней. Зникло племінне стадо свиней миргородської породи. Незначна кількість поголів'я залишилась в окремих господарствах та у населення. Ця порода є національним надбанням України, тому її відновлення має велике значення для сільського господарства України. Генетично споріднена з миргородською є полтавська м'ясна порода свиней, яку створено методом складного відтворювального схрещування семи порід української і зарубіжної селекції. Як материнську форму при створенні полтавської м'ясної було використано велику білу та миргородську породи свиней (Ursing V.M., et al., 1998). Було досліджено припущення, що серед свиноматок полтавської м'ясної породи свиней збереглися комплекси генів притаманні миргородським свиням. Генетичним маркером носіїв притаманних миргородським свиням комплексів генів став саме мітохондріальний генотип, який успадковується за материнською лінією (Xu X., et al., 1994; Hiendleder S., et al., 1998; Gissi C., et al., 1998).

Через те, що яйцеклітина вносить в зиготу значно більше цитоплазми ніж сперматозоїд, а у деяких тварин спермій взагалі не вносить цитоплазму в зиготу, мітохондріальний генотип успадковується від матері. Останнім часом було отримано й інші докази материнського успадкування мітохондрій (Cummins J.M., 2001; Giles R.E., et al., 1980; Tessa A., et al., 2001; Gissi C., et al., 1998).

Також, як відомо з історії, під час створення полтавської м'ясної породи як материнські породи було використано миргородську та велику білу. Для чистопородних тварин великої білої породи притаманні три мітохондріальні гаплотипи: J1, L, N, а для миргородської породи – гаплотипи B1, C, L, O. Отже, встановлено, що під час створення полтавської м'ясної породи свиней було використано свиноматок миргородської породи з гаплотипами B1, C та великої білої з J1 (Xu X., et al., 1994; Rothschild, M., et al., 1996).

Генотипування досліджуваних вибірок показало, що загальна частка типових мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней закладає 80% (це гаплотипи B₁, C/B₂, L) для миргородської породи, а для вибірки полтавської

м'ясної породи – 90% (B₁, J₁, O, C) та з них 10% приходить на гаплотип J₁, що притаманний великій білій породі. Виявлена кількість тварин у вибірці свиней із бажаними мітохондріальними гаплотипами знаходиться на достатньому рівні. Встановлено, що менший відсоток (80%) мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней миргородської породи вказує на прилиття крові інших порід свиней (20%), які було застосовано на попередніх етапах відновлення популяції коли чисельність тварин була вкрай низькою.

З метою встановлення генетичних взаємовідносин між досліджуваними породами і встановлення відмінності між потенційно поєднуваними породами розраховано генетичні відстані.

Розрахунок виявив, що досліджувані породи формують декілька кластерів: полтавська м'ясна — уельс (0,019) → вони найподібніші, тому об'єднуються першими і утворюють перший кластер. Потім до цієї пари приєднується миргородська (відстань до Полтавської — 0,052, до Уельсу — 0,125).

Отримана кластеризація показує результат відповідного розподілу у їх популяціях алелей і генотипів за локусами *ESR1* та *PRLR*, і, відповідних генетичних дистанцій між ними.

Цей розподіл вказує на можливість схрещування між досліджуваними породами та отримання ефекту гетерозису або із ціллю відновлення та збільшення кількості тварин у популяції.

Генетико-популяційний аналіз локусів *ESR1* та *PRLR* продемонстрував, що частоти алеля *ESR1^B*, *PRLR^A* та бажаних генотипів відповідають м'ясному та сальному напрямку продуктивності досліджуваних порід. Так для таких напрямів продуктивності характерно суттєво знижена частота алеля B для *ESR1* та генотипів у миргородській, полтавській м'ясній та уельс (B =0,15, 0,10, 0,24, відповідно). За частотами алелів за геном *PRLR* відмічена достовірна відмінність між миргородською породою та полтавська м'ясна і породою уельс ($p \leq 0,05$).

Також за геном *PRLR* у породі свиней уельс відмічено достовірний зсув від рівноважного за Гарді—Вайнбергом ($p \leq 0,05$), що може вказувати на помірний селекційний тиск у цій мікропопуляції за цим геном.

Розраховані інформаційні рівні поліморфності локуса вказують на помірний рівень поліморфізму за обома локусами у досліджених популяціях. За поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у всіх трьох порід РІС коливався в межах 0,31–0,37, що вказує на середню інформативність маркерів для селекційної роботи.

Популяційно-генетичний аналіз вказує на наявність відмінностей у розподілі алелів та генотипів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* між двома породами м'ясного напрямку продуктивності – уельською, полтавською м'ясною та миргородською. Так полтавська м'ясна порода має високий рівень гетерозиготності за локусом *ESR1*. Уельська порода має високий рівень гетерозиготності за локусом *PRLR*, з розподілом генотипів, що статистично значущо відрізняється від теоретично очікуваного. Миргородська порода має середній рівень гетерозиготності та характеризується високою частотою алелю А за обома локусами.

У ході дослідження було проаналізовано взаємозв'язок між мітохондріальними гаплотипами та алельними варіантами двох ядерних генів, що мають селекційне значення в свинарстві — *ESR1* (естрогеновий рецептор) і *PRLR* (рецептор пролактину). Для цього застосовано рангову кореляцію Спірмена та χ^2 -тест незалежності.

За результатами аналізу встановлено, що для миргородської породи між мітохондріальним гаплотипом та генотипами *ESR1* спостерігається помірна позитивна кореляція ($r \approx 0,35$), що може свідчити про певну асоціацію між материнськими лініями та варіаціями в гені *ESR1*. Хоча за χ^2 -тестом ця залежність не досягла рівня статистичної значущості ($p = 0,1682$), отримані результати дозволяють припустити наявність селекційного впливу або спільної історії успадкування даного гена з певними материнськими гаплотипами. Це відкриває перспективу використання мітохондріального гаплотипування як маркера для попереднього прогнозування репродуктивного потенціалу тварин.

Щодо взаємозв'язку мітохондріального гаплотипу з генотипами гена *PRLR*, то кореляційний аналіз показав ($r \approx 0,17$), так і χ^2 -тест ($p = 0,4507$) що не було

виявленого статистично значущого зв'язку. Це свідчить про більшу незалежність *PRLR* від материнської лінії, що дозволяє застосовувати прямий геномний відбір цього гена незалежно від походження тварини.

Крім того, встановлено відсутність кореляції між генотипами *ESR1* і *PRLR* ($r \approx 0,02$; $p = 0,4644$), що підтверджує незалежне успадкування та різну біологічну роль цих генів у регуляції відтворювальних функцій. Враховуючи відмінності у зв'язку з мітохондріальними гаплотипами, *ESR1* доцільно розглядати як ген, тісніше пов'язаний із лінійними особливостями, у той час як *PRLR* може бути об'єктом міжлінійної селекції.

Також і для полтавської м'ясної породи результати кореляційного аналізу виявили відсутність статистично значущого зв'язку між мітохондріальними гаплотипами та генотипами *ESR1* ($r = -0,022$; $p = 0,927$) й *PRLR* ($r = 0,265$; $p = 0,258$), що свідчить про низьку силу та недостовірність виявлених асоціацій. Аналогічно, χ^2 -тест не виявив статистично значущої залежності між мітохондріальними гаплотипами і *ESR1* ($\chi^2 = 4,26$; $p = 0,935$) чи *PRLR* ($\chi^2 = 13,47$; $p = 0,199$).

Крім того, встановлено відсутність значущого взаємозв'язку між генами *ESR1* та *PRLR* ($r = -0,057$; $p = 0,811$), що вказує на їхню генетичну незалежність у межах дослідженої вибірки.

Таким чином, у тварин Полтавської м'ясної породи не виявлено статистично достовірних зв'язків між мітохондріальними та ядерними маркерами, що може свідчити про відносну стабільність структури генетичного профілю цієї породи або про вплив інших факторів, не врахованих у дослідженні. Отримані результати доцільно враховувати під час розробки селекційних стратегій, спрямованих на підвищення продуктивності шляхом використання маркерної інформації.

Отже, результати дослідження підкреслюють доцільність комплексного підходу до селекції свиней, який враховує як ядерні, так і мітохондріальні маркери. Особлива увага має приділятися материнським гаплотипам у поєднанні з генотипами *ESR1*, що може підвищити ефективність племінного відбору за

ознаками відтворювальної продуктивності.

Порівняльний аналіз зв'язку гаплотипів мітохондріальної ДНК із відтворювальними ознаками у свиней миргородської та полтавської м'ясної порід засвідчив відсутність статистично достовірного зв'язку між варіаціями гаплотипів мітохондріальної ДНК та основними показниками продуктивності (усі $p > 0,05$). Водночас у межах обох порід було виявлено певні біологічно значущі тенденції, які можуть бути селекційно корисними.

Для миргородської породи:

- Свиноматки з гаплотипом L мали найвищі значення за кількома ключовими репродуктивними показниками: кількість живонароджених поросят, маса приплоду, маса відлученого поросяти, СІВЯС.
- Гаплотипи C/B2 та B2 також демонстрували високі середні значення продуктивності.

Для полтавської м'ясної породи:

- Найбільш численна група з гаплотипом B1 виявила високу стабільність показників, зокрема загальної кількості поросят ($12,15 \pm 0,52$), живонароджених ($11,23 \pm 0,44$), маси одного поросяти при відлученні ($7,47 \pm 0,18$ кг) та СІВЯС ($88,14 \pm 3,02$).
- Інші гаплотипи (наприклад, C, O, J1) через малу чисельність у вибірці не дозволили зробити переконливі висновки, хоча окремі з них мали високі значення маси поросят.

Таким чином, можна припустити, що окремі гаплотипи мітохондріальної ДНК (зокрема, L і B1) можуть бути асоційовані з вищою репродуктивною ефективністю, але для отримання об'єктивного висновку необхідно збільшити вибірку, включити аналіз ядерних маркерів та використовувати багатофакторні статистичні моделі.

За даними численних досліджень, мітохондріальна ДНК має вплив на енергетичний метаболізм, стресостійкість і відтворювальні властивості у свиней різних порід. Наприклад:

- У породах велика біла і ландрас було виявлено асоціації гаплотипів з кількістю поросят у гнізді, тривалістю міжопоросного періоду та виживаністю приплоду (Campbell, et. al., 2016).
- В експериментах із корейською аборигенною породою (Korean Native Pig) окремі гаплотипи мітохондріальної ДНК асоціювались із підвищеною продуктивністю сперми у кнурів та кращими репродуктивними характеристиками свиноматок (Hilliar, E., et al. 2018).
- У китайських породах, зокрема мейшан, було зафіксовано чіткий зв'язок між певними гаплогрупами та кількістю живонароджених поросят (Wan, J., et al. (2020).

Незважаючи на відмінності у породному походженні та селекційних напрямках, усі ці результати вказують на те, що мітохондріальні маркери можуть використовуватись як індикатори репродуктивної ефективності, особливо у поєднанні з генотипуванням ядерних локусів, таких як *ESR1*, *PRLR*, *RBP4*, тощо.

Отже, результати, отримані для миргородської та полтавської м'ясної порід, відповідають загальним світовим тенденціям, підтверджуючи доцільність подальшого вивчення мітохондріальної генетики у свинарстві як одного з напрямів прецизійної селекції.

Генетична селекція на основі маркерів відтворювальних ознак може запропонувати рішення для покращення миргородської та полтавської м'ясних порід. Численні дослідження виявили поліморфізм генів, пов'язаних із розміром гнізда у свиней (Rahman, M., 2021), включаючи рецептор естрогену 1 (*ESR1*) (Short H.T., et al., 1997; Muñoz, G., et al., 2004), рецептор естрогену 2 (*ESR2*) (Fahrenkrug, S. C., 2000), рецептор еритропоєтину (EPOR) (Vallet, J. L., 2005; Chen, C. C., et al., 2004a), лептин (*LEP*) і рецептор лептину (*LEPR*) (Chen, C. C., et al., 2004b; Vincent, A. L., et al., 1997), рецептор пролактину (*PRLR*) (Mellink, C., 1995), фолікулостимулюючий гормон β (*FSHB*) (Buske, B., 2006), пропердин (*BF*), рецептор гонадотропін-рилізінг гормону (*GNRHR*), епідермальний фактор росту (*EGF*) (Mendez, E. A., 1999), простагландин-ендопероксидсинтаза 2 (*PTGS2*), секретований фолат-зв'язуючий білок (*sFBP*) (Vallet, J. L., et al., 2005),

ретинолзв'язуючий білок 4 (*RBP4*) (Rothschild, M. F., et al., 2000), фактор інгібітору лейкемії (*LIF*) (Spötter, A., et al., 2005), і фукозилтрансфераза 1 (*FUT1*) (Horák, P., et al., 2005).

Однак найбільший зв'язок мають поліморфізми *ESR1* і *PRLR* генів.

Аналіз поліморфних сайтів *PvuII* і *AluI* в цих генах виявив асоціації між конкретними локусами кількісних ознак і репродуктивними ознаками в трьох досліджуваних породах. Примітно, що свині з генотипом AA мали менші розмір гнізда.

Крім того, розрахований селекційний індекс відтворювальних якостей свиноматок (SIRQS) суттєво відрізнявся серед тварин з різними генотипами *ESR1* у всіх трьох породах, причому генотип BB асоціювався з найвищими значеннями SIRQS. Цей індекс забезпечує повну міру племінної цінності, полегшуючи її передачу потомству та уможливаючи поступове підвищення продуктивності відтворення в популяції. Попередні дослідження подібним чином продемонстрували зв'язок між генотипами *ESR1* і *PRLR* і репродуктивними ознаками, причому генотипи BB в *ESR1* (Short H.T., et al., 1997) і генотипи AA в *PRLR* (Hong, S. T., et al., 2020) пов'язані з вищою фертильністю та збільшенням кількості живонароджених поросят.

В нашій роботі спостерігалися статистично значущі відмінності за всіма репродуктивними ознаками при порівнянні свиней різних порід. Проте в межах однієї породи виявлено статистично достовірні відмінності між генотипами лише за деякими досліджуваними ознаками. Це може означати, що репродуктивний потенціал є полігенною ознакою, сформованою взаємодією багатьох генів (Ma Y. et al., 2021). Як наслідок, внесок кожного окремого поліморфізму в репродуктивний потенціал є відносно невеликим, що ускладнює виділення його специфічного ефекту. Навпаки, різні породи демонструють варіації в кількох поліморфізмах одночасно, разом формуючи репродуктивний профіль породи. Це підкреслює важливість подальших досліджень із застосуванням сучасних методів аналізу цілого генома, таких як секвенування наступного покоління (Sharma, A., et al., 2017) або аналіз мікроматриць (Ramos,

A. M., et al., 2009; Piórkowska, K., et al., 2021), які дозволяють одночасно виявляти тисячі поліморфізмів та їхній комбінований вплив на фенотип.

Отримані дані у нашій роботі із виконаного асоціативного аналізу можна сгрупувати наступним чином:

1. Значущість трьох популяційних відмінностей. Однофакторний дисперсійний аналіз (ANOVA) виявив статистично достовірні відмінності між миргородською, полтавською м'ясною та уельською породами за усіма ключовими показниками репродуктивної продуктивності (загальна кількість поросят, кількість живонароджених, кількість при відлученні, маса приплоду та індекс СІВЯС), за виключенням лише маси окремого новонародженого поросяти ($p = 0,0132$) та окремої ваги приплоду ($p = 0,094$), що свідчить про реальні міжпородні різниці в спадковому потенціалі.

2. Переваги уельської породи. Уельська порода статистично значуще перевищує миргородську та полтавську м'ясну по кількості народжених живими ($p = 2,28 \cdot 10^{-7}$), кількості при відлученні ($p = 5,58 \cdot 10^{-10}$), масі приплоду ($p = 1,89 \cdot 10^{-8}$) та індексу СІВЯС ($p = 4,75 \cdot 10^{-8}$). Це пояснюється селекцією на багатоплідність і виживаність поросят у комерційних лініях.

3. Взаємозв'язок кількості та маси поросят. Кореляційний аналіз Спірмена показав помірно сильний негативний зв'язок між розміром приплоду і масою одного поросяти як при народженні ($R_s = -0,345$, $p = 0,0064$), так і при відлученні ($R_s = -0,511$, $p = 0,000026$). Це підкреслює типову біологічну компенсацію: більший приплід супроводжується меншим середнім потомством на голову.

- Генотипово-асоційовані ефекти. У миргородській породі генотип ВВ за *ESR1* асоціюється з вищим індексом СІВЯС ($p = 0,032$) і має тенденцію — з кількістю поросят при відлученні ($p = 0,054$). За *PRLR* найпомітніша різниця спостерігається в середній масі новонародженого поросяти ($p = 0,050$).

- У полтавській м'ясній породі генотип ВВ за *ESR1* демонструє значущі прирости у загальній кількості поросят ($p = 0,011$), кількості живонароджених ($p = 0,003$), при відлученні ($p = 0,047$), масі поросяти при відлученні ($p = 0,016$) та

індексі СІВЯС ($p = 0,005$). За *PRLR* у цій породі гомозиготи *BB* мали більшу масу новонародженого поросяти ($p = 0,030$).

- У породі уельс генотип *BB* за *ESRI* забезпечує найвищі показники за кількістю поросят у всіх трьох категоріях ($p = 0,002-0,027$) та індексу СІВЯС ($p = 0,007$). За *PRLR* статистично значущих асоціацій не виявлено, хоча існують тенденції ($p \leq 0,061$).

4. Практичне значення. Виявлені генотипово-асоційовані ефекти свідчать, що селекція тварин із сприятливими алельними комбінаціями *ESRI*^{BB} та *PRLR*^{BB} (у полтавській м'ясній та уельс-породах) або *PRLR*^{AA/BB} (у миргородській породі) може значно підвищити репродуктивну продуктивність. Особливо це стосується малочисельних локальних порід, де швидка селекційна віддача є критичною для збереження генофонду.

Якщо порівнювати отримані дані із матеріалами інших дослідників то маємо наступне: миргородська поро да має приплід 9,6 – 10,7 поросят, а полтавська м'ясна – 10,0 поросят за один опорос (Voitenko, S., et al., 2012). Для порівняння, уельська порода свиней, також класифікована як порода м'ясного типу, дає приблизно 11,93 – 13,64 поросят на опорос, залежно від генотипу ДНК-маркера *RYRI* (Vargovic, L., et al., 2022). Відтворювальні ознаки, зокрема розмір гнізда, є одними з найважливіших економічних ознак у розведенні свиней (Bortolozzo, F. P., et al., 2023; Khalak, V. I., et al., 2022; Distl O., et al., 2007). Досягнення в генетиці тварин полегшили ідентифікацію геномних локусів, пов'язаних із розміром гнізда, і дали змогу визначити генотип тварин за допомогою молекулярно-генетичних маркерів. Згідно з (Rahman, M., et al., 2021), більше ніж 50 QTL були картографовані, і понад 12 генів-кандидатів продемонстрували асоціації з розміром гнізда. Генотипування цих локусів дозволяє передбачити репродуктивний потенціал, таким чином інформуючи рішення про вибір. Одним із ключових генів, пов'язаних із розміром гнізда у свиней, є ген рецептора естрогену 1 (*ESRI*) (Short H.T. et al., 1997; Kamiński, S., et al., 2003). Цей ген має відомі алельні варіанти, що характеризуються однонуклеотидними поліморфізмами в сайтах рестрикції для ендонуклеаз *PvuII*, *AvaI* та *MspAII*

(Drögemüller C., et al., 1997; Chen, K. F., et al., 2000). Декілька досліджень показали, що свиноматки з генотипом BB на поліморфній ділянці *PvuII* перевершують свиноматок з генотипами AB і AA за розміром гнізда, з різницею в діапазоні від 0,6 (Isler, B. J., et al., 2002; Gibson, J. P., et al., 2002) додаткових поросят на гніздо. Однак сила цього зв'язку може відрізнятися залежно від порід свиней, генетичних ліній і популяцій (Balatsky, V. N., et al., 2012; Wu, S., et al., 2023; Putnová, L., et al., 2002). Ген рецептора пролактину (*PRLR*) також відіграє вирішальну роль у регулюванні репродуктивних властивостей у свиней, зокрема розміру гнізда та продуктивності молока у свиноматок, а також якості сперми у кнурів (Putnová, L., et al., 2002; Terman A., 2002). Ген *PRLR* розташований у хромосомі 16, і поліморфізм *AluI* в цьому гені пов'язаний із збільшенням розміру гнізда та кількості живонароджених поросят. Алель A та генотип AA цього поліморфізму були визначені як бажані для покращення репродуктивної продуктивності (Kmieć, M., et al., 2006; Hong, S. T., et al., 2020; Shoubridge E.A., et al., 2000).

Таким чином, генотипи генів *ESR1* і *PRLR* можуть слугувати генетичними маркерами для відбору свиноматок з підвищеним репродуктивним потенціалом.

Вище наведене надає можливість інтегрувати *ESR1* і *PRLR* генотипування у племінні програми для раннього відбору маток із високим репродуктивним потенціалом. Поєднувати маркер-асоційовану селекцію з класичними фенотипічними методами й геномною селекцією (SNP-чіпи) для максимального прискорення генетичного прогресу. Провести додаткові дослідження в більших вибірках і з урахуванням впливу середовища для уточнення генотип-фенотипних кореляцій.

Такий комплексний асоціативний аналіз дозволяє закласти надійну основу для ефективного використання маркерів *ESR1* та *PRLR* у селекційних програмах з підвищення відтворювальної продуктивності свиноматок.

Виявлені асоціативні зв'язки між генотипами *ESR1* та *PRLR* і миргородською, полтавською м'ясною та свинями породи уельс дозволили розрахувати прогнозовану економічну ефективність від відбору свиней за

бажаними генотипами. Проведений аналіз економічної ефективності впровадження маркерно-асоційованої селекції за генами рецепторів естрогену 1 (*ESR1*) та пролактину (*PRLR*) у свиноматок порід миргородська, полтавська м'ясна та уельс засвідчив доцільність її використання в умовах сучасного свинарства.

Найвищий економічний ефект спостерігався у свиноматок з генотипами *ESR1^{BB}* та *PRLR^{AA/BB}*, що супроводжувалося суттєвим збільшенням кількості живонароджених поросят та приростом їх живої маси при відлученні. Зокрема, для свиней породи уельс виявлено приріст на 1,50–4,70 поросяти за опорос, що забезпечило додаткову продукцію живої маси до 32,90 кг, а економічний ефект досягав 4935,23 грн на один опорос.

У миргородської породи спостерігалось підвищення багатоплідності на 1,00–0,83 голови та приріст живої маси поросят на 7,00–5,83 кг, відповідно до генотипів *ESR1^{BB}* і *PRLR^{BB}*. Розрахунковий річний економічний ефект для цієї породи становив 1049,58 грн та 871,37 грн відповідно.

Для полтавської м'ясної породи найбільший економічний ефект (1617,24 грн) отримано за наявності генотипу *ESR1^{BB}*, тоді як вплив *PRLR* був незначним (94,08 грн).

Отримані результати свідчать про високу селекційну значущість досліджуваних генів для поліпшення відтворювальних ознак, що дозволяє обґрунтовано рекомендувати використання генотипів *ESR1^{BB}* та *PRLR^{AA/BB}* при формуванні племінного ядра та в селекційній роботі з підвищення продуктивності маточного поголів'я.

Застосування маркерно-асоційованої селекції в межах окремих порід забезпечує не лише підвищення біологічного потенціалу тварин, але й сприяє суттєвому покращенню економічних показників господарств, підвищуючи загальну рентабельність галузі.

Отже у роботі проведено пошук зв'язків між генотипами за досліджуваними локусами *ESR1* та *PRLR* з відтворювальними показниками продуктивності свиноматок миргородською, полтавською м'ясною та свинями

породи уельс. Нами встановлений зв'язок між генотипами за локусом *ESR1* та відтворювальними ознаками свиноматок, бажаним генотипом є *ESR1*^{BB}. Також виявлені тенденцію до збільшення кількості народжених поросят та більшої живої маси у свиноматок з генотипом *PRLR*^{AA} у порівнянні із свиноматками з іншими генотипами цього локусу. Виявлено тенденцію до збільшення середньої маси одного поросяти у свиноматок з генотипом *PRLR*^{AA} у порівнянні з генотипами *PRLR*^{AB} та *PRLR*^{BB}, що погоджується з даними отриманими в роботах (С.О. Костенко та ін., 2013; Distl O., et al., 2001; D. Milan, et al., 2000; Southwood O.I., et al., 1995; Chen K.F., et al., 2000; Horogh G., et al., 1995).

Таким чином, проведено аналіз генетико-популяційної структури свиноматок миргородської сального напрямку продуктивності, полтавської м'ясної та свинями породи уельс - м'ясного напрямку продуктивності за локусами *ESR1* та *PRLR*. Встановлено генетичні взаємовідносини між породами і зв'язок досліджених локусів з відтворювальними ознаками свиноматок досліджуваних порід. Розраховано і представлено суттєвий економічний ефект від селекції свиноматок на покращення відтворювальних ознак за генами *ESR1* та *PRLR*. Результати роботи можуть бути застосовані для оцінки генотипів, при плануванні поєднань тварин різних генотипів і для впровадження маркерасоційованої селекції на покращення відтворювальних ознак свиноматок.

Проведене дослідження підтверджує важливість інтеграції молекулярно-генетичних методів у сучасну селекційну практику, особливо при роботі з локальними і малочисельними породами свиней. В умовах обмеженої чисельності племінного поголів'я та необхідності збереження генетичного різноманіття, зокрема у випадку миргородської породи, застосування ДНК-маркерів є доцільним як для підтримки генетичної ідентичності, так і для відбору тварин з підвищеним репродуктивним потенціалом.

Оптимізація техніки ПЛР-ПДРФ для поліморфних локусів генів *ESR1* (*PvuII*) та *PRLR* (*AluI*) дозволила достовірно ідентифікувати бажані генотипи в досліджуваних популяціях порід миргородської, полтавської м'ясної та уельської. Генотипи *ESR1*^{BB} та *PRLR*^{AA}, асоційовані з більшою кількістю

живонароджених поросят, можуть служити селекційними маркерами у програмах генетичного покращення продуктивних якостей. Аналіз розподілу алелів виявив міжпородні відмінності, що свідчить про наявність генетичної диференціації за відповідними локусами. Висока частота бажаних алелів та помірний рівень поліморфізму (PIC 0,31–0,37) засвідчують придатність обраних маркерів для селекційної роботи.

Значущим доповненням є використання мітохондріальних ДНК-маркерів, які дозволили ідентифікувати гаплотипи, притаманні материнським лініям, а також встановити ступінь збереження генетичного внеску миргородської породи в геном полтавської м'ясної. Отримані дані свідчать про успішне збереження частини генетичного комплексу миргородських свиней у популяції полтавської м'ясної породи, що є перспективним для відновлення цієї зникаючої породи.

Кластерний аналіз генетичних дистанцій продемонстрував тісні генетичні зв'язки між полтавською м'ясною та уельською породами, що відкриває можливості для їх селекційного поєднання з потенційним ефектом гетерозису. Водночас, збереження унікальних характеристик миргородської породи вимагає обережного підходу до відновлення поголів'я з урахуванням гаплотипів та генетичної структури популяції.

Загалом результати вказують на значний потенціал застосування молекулярно-генетичних методів як у збереженні генофонду автохтонних порід, так і в цілеспрямованому покращенні продуктивних ознак, зокрема відтворювальних, у рамках сталого розвитку вітчизняного свинарства. Отримані дані можуть бути використані як наукова основа для подальших селекційних програм, спрямованих на збереження біорізноманіття та підвищення ефективності галузі.

Практичне застосування результатів може проявлятися у наступному:

- Включити генотипування *ESR1* та *PRLR* у племінні програми для відбору маток перед першою оцінкою фенотипу.
- Використовувати дані гетерозиготності та частот алелів для оптимального підбору генеральних середовищ.

- Поєднувати маркер-асоційовану селекцію з геномною селекцією (SNP-чіпи, GBS) для подальшого підвищення точності відбору.
- Економічне моделювання довгострокових ефектів комбінованої селекції.
- Вивчення взаємодії генотип–середовище для максимальної реалізації генетичного потенціалу.

ВИСНОВКИ

У дисертаційній роботі теоретично наведено та практично представлено вирішення проблеми щодо підвищення відтворювальних ознак свиноматок миргородської, полтавської м'ясної породи та уельс шляхом аналізу їх популяційно-генетичної структури, генетичних дистанцій, кореляційного зв'язку між ядерними та мітохондріальними генами і пошуку асоціативних зав'язків із окремими показниками відтворювальних ознак свиноматок.

1. Проведено підбір умов техніки ДНК-типування за генами *ESR1* і *PRLR*, що дозволило розробити оптимізований протокол ПЛР-ампліфікації цільових локусів, який забезпечив високу специфічність і відтворюваність результатів типування.

2. Тестування місцевих малочисельних популяцій свиней миргородської та полтавської м'ясної порід за мітохондріальними гаплотипами показало, що загальна частка типових мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней закладає 80% (це гаплотипи B_1 , C/B_2 , L) для миргородської породи, а для вибірки полтавської м'ясної породи – 90% (B_1 , J_1 , O , C) та з них 10% приходить на гаплотип J_1 , що притаманний великій білій породі. Виявлена кількість тварин у вибірці свиней із бажаними мітохондріальними гаплотипами знаходиться на достатньому рівні. Встановлено, що меншій відсоток (80%) мітохондріальних гаплотипів у вибірці свиней миргородської породи вказує на прилиття крові інших порід свиней (20%), які було застосовано на попередніх етапах відновлення популяції коли чисельність тварин була вкрай низькою. Також отримані дані, можна використовувати досліджену групу свиноматок полтавської м'ясної породи для схрещування з кнурами миргородської породи породи для збільшення популяції миргородської свиней.

3. Визначено алельну структуру порід за генами *ESR1* та *PRLR*, наведені особливості розподілу частот їх алелів та генотипів. Так частоти алелей *ESR1^B*, *PRLR^A* та бажаних генотипів відповідають м'ясному та сальному напрямку продуктивності досліджуваних порід. Так для цих напрямів продуктивності характерно суттєво знижена частота алеля B для *ESR1* та генотипів у

миргородській, полтавській м'ясній та уельс ($B = 0,15, 0,10, 0,24$, відповідно). За частотами алелів за геном *PRLR* відмічена достовірна відмінність між миргородською породою та полтавська м'ясна і породою уельс ($p \leq 0,05$). Також за геном *PRLR* у породі свиней уельс відмічено достовірний зсув від рівноважного за Гарді—Вайнбергом ($p \leq 0,05$), що може вказувати на помірний селекційний тиск у цій мікропопуляції за цим геном.

4. Інформаційні рівні поліморфності досліджуваних локусів вказують на помірний рівень поліморфізму за обома локусами у досліджених популяціях. За поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у всіх трьох порід індекс поліморфізму коливався в межах 0,31–0,37, що вказує на середню інформативність маркерів для селекційної роботи.

5. Встановлені генетичні взаємовідносини між досліджуваними та виявлені відмінності між потенційно поєднуваними породами за рахунок генетичних відстаней. Досліджувані породи формують декілька кластерів: полтавська м'ясна — уельс (0.019) → вони найсхожіші. Інший кластер утворюється коли до цієї пари приєднується миргородська (відстань до полтавської м'ясної — 0.052, до уельсу — 0.125). Отримана кластеризація показує результат відповідного розподілу у їх популяціях алелей і генотипів за локусами *ESR1* та *PRLR*, і, відповідних генетичних дистанцій між ними.

6. У межах проведеного дослідження здійснено аналіз взаємозв'язку між мітохондріальними гаплотипами та генотипами двох ядерних генів — *ESR1* (ген естрогенового рецептора) та *PRLR* (ген рецептора пролактину), які мають важливе значення в регуляції репродуктивних процесів у свиней для миргородської породи свиней. Виявлено помірний позитивний кореляційний зв'язок між мітохондріальними гаплотипами та генотипами гена *ESR1* (коефіцієнт Спірмена $r \approx 0,35$), що може вказувати на певну залежність алельного складу цього гена від материнської лінії. Хоча результати χ^2 -тесту не підтвердили статистичної значущості зв'язку ($p = 0,1682$), виявлена тенденція дозволяє розглядати мітохондріальні гаплотипи як потенційні маркери для опосередкованого прогнозування алельного складу за *ESR1*. Це має практичне

значення у контексті племінного відбору тварин за показниками відтворювальної здатності, зокрема багатоплідності та репродуктивної ефективності свиноматок. Аналіз зв'язку між мітохондріальними гаплотипами та генотипами гена *PRLR* не виявив статистично достовірних залежностей — як за результатами кореляційного аналізу ($r \approx 0,17$), так і за χ^2 -критерієм незалежності ($p = 0,4507$). Це свідчить про те, що *PRLR*, ймовірно, успадковується незалежно від материнської лінії, що дозволяє здійснювати селекційний відбір за даним маркером без урахування походження особин за материнською лінією.

7. Між генотипами *ESR1* і *PRLR* не виявлено статистично значущого зв'язку ($r \approx 0,02$; $p = 0,4644$), що підтверджує їх незалежне наслідування та різний вплив на фізіологічні процеси в організмі свиней. Таким чином, результати дослідження свідчать про доцільність комплексного використання молекулярно-генетичних маркерів у селекційній роботі зі свинями. Зокрема, урахування мітохондріального гаплотипу поряд із генотипуванням гена *ESR1* може підвищити точність прогнозування відтворювальних характеристик, тоді як ген *PRLR* може слугувати універсальним об'єктом для селекції незалежно від породного походження чи лінійної належності.

8. У тварин полтавської м'ясної породи також не виявлено статистично достовірних зв'язків між мітохондріальними та ядерними маркерами, що може свідчити про відносну стабільність структури генетичного профілю цієї породи або про вплив інших факторів, не врахованих у дослідженні. Результати кореляційного аналізу виявили відсутність статистично значущого зв'язку між мітохондріальними гаплотипами та генотипами *ESR1* ($r = -0,022$; $p = 0,927$) й *PRLR* ($r = 0,265$; $p = 0,258$), що свідчить про низьку силу та недостовірність виявлених асоціацій. Аналогічно, χ^2 -тест не виявив статистично значущої залежності між мітохондріальними гаплотипами і *ESR1* ($\chi^2 = 4,26$; $p = 0,935$) чи *PRLR* ($\chi^2 = 13,47$; $p = 0,199$). Крім того, встановлено відсутність значущого взаємозв'язку між генами *ESR1* та *PRLR* ($r = -0,057$; $p = 0,811$), що вказує на їхню генетичну незалежність у межах дослідженої вибірки. Отримані результати

доцільно враховувати під час розробки селекційних стратегій, спрямованих на підвищення продуктивності шляхом використання маркерної інформації.

9. Встановлено, що жоден із досліджених показників не мав статистично достовірної залежності від гаплотипу мітохондріальної ДНК ($p > 0,05$) у миргородської породи свиней. Проте, простежено окремі тенденції, які можуть свідчити про селекційну релевантність певних варіантів: Найвищі середні значення загальної кількості поросят (11,00), живонароджених поросят (10,75), поросят при відлученні (10,00), а також індексу СІВЯС (85,71) спостерігались у тварин із гаплотипом L, що може вказувати на потенційний зв'язок між цим гаплотипом і підвищеною репродуктивною ефективністю.

10. Свиноматки миргородської породи із гаплотипами B2 та C/B2 відзначено вищі значення маси приплоду при відлученні (78,25 кг та 73,00 кг відповідно) та маси одного поросяти при відлученні (8,46 кг та 8,31 кг), що також свідчить про сприятливий вплив цих гаплотипів на ріст молодняка. Найнижчі середні значення більшості показників, включно з кількістю живонароджених поросят (9,00) та СІВЯС (72,76), були зафіксовані у свиноматок з гаплотипом B1, що є найпоширенішим у вибірці. Незважаючи на відсутність статистичної значущості, зазначені тенденції вказують на можливий вплив мітохондріальних варіантів на реалізацію відтворювального потенціалу свиноматок.

11. Незважаючи на незначну варіативність між групами, статистично значущих відмінностей між тваринами з різними гаплотипами мітохондріальної ДНК не виявлено ($p > 0,05$) у полтавської м'ясної породи. Проте результати дозволяють виявити деякі практично важливі тенденції: Тварини з гаплотипом B1, який є найпоширенішим у вибірці, демонструють стабільно високі значення продуктивності майже за всіма показниками. Гаплотипи O і C виявили себе як потенційно продуктивні за рядом ознак (кількість поросят, маса поросят при народженні та відлученні).

12. Показники тварин з рідкісними гаплотипами (H/B1, A/B1, J1) демонструють дещо нижчі або нестабільні значення, проте через малу чисельність ці групи не дозволяють зробити достовірні висновки. Таким чином,

отримані дані свідчать про можливу селекційну перевагу гаплотипу В1 у межах Полтавської м'ясної породи, що потребує подальшого підтвердження в розширеній вибірці та за участі багатофакторного аналізу із врахуванням умов утримання і годівлі.

13. В роботі встановлені статистично значущі відмінності за окремими репродуктивними ознаками при порівнянні свиней різних порід. В межах однієї породи виявлено статистично достовірні відмінності між генотипами лише за деякими досліджуваними ознаками. Це може означати, що репродуктивний потенціал є полігенною ознакою, сформованою взаємодією багатьох генів.

14. У вибірці свиней миргородської породи виявлено лише статистично значущу різницю за середньою масою одного новонародженого поросяти ($p = 0,050$). Загалом відмічені тенденції, згідно з якими, наприклад: розподіл більшої кількості поросят за один опорос відповідає та узгоджується з виявленими генотипами. Також у миргородської породи генотип ВВ відповідає більшій кількості поросят при народженні (11,50) за геном *ESR1*. За геном *PRLR* така ж тенденція спостерігається у миргородської породи, проте найкращим генотипом за великоплідністю був АВ (1,08 кг), а за кількістю живих поросят – генотип ВВ (11,00 гол.).

15. У полтавської м'ясної породи виявлено статистично значущі зв'язки між поліморфізмом *ESR1* та загальною кількістю поросят ($p = 0,011$), кількістю живонароджених поросят ($p = 0,003$), кількістю поросят при відлученні ($p = 0,047$), масою одного поросяти при відлученні ($p = 0,016$) та індексом СІВЯС ($p = 0,005$). Свиноматки з гомозиготним генотипом АА мали найменшу кількість живонароджених поросят і поросят при відлученні, але статистично значно переважали гетерозиготних (АВ) тварин за вагою одного поросяти при відлученні. Загалом свиноматки із генотипом ВВ були кращими за відповідними показниками на противагу від свиней із генотипами АВ та АА за *ESR1* геном. Що стосується поліморфізму *PRLR*, то свиноматки полтавської м'ясної породи із гомозиготним генотипом ВВ мали статистично більшу вагу новонародженого поросяти, ніж гомозиготні свині із генотипом АА ($p = 0,030$)

16. У мікропопуляції уельських свиней виявлено декілька асоціативних зв'язків. Спостерігались статистично значущі зв'язки гена *ESR1* з загальною кількістю поросят, народжених живими та при відлученні та селекційним індексом СІВЯС ($p = 0,002, 0,008, 0,027$ та $0,007$, відповідно). Як і у полтавській м'ясній породі, у свиней уельс з генотипом AA було суттєво менше поросят у опоросі у порівнянні із тваринами з генотипом BB.

17. Результати кореляційного аналізу Спірмена вказують на значний та помірний негативний зв'язок між кількістю живонароджених поросят і масою одного новонародженого поросяти ($R_s = -0,3452, p = 0,006437$). Крім того, спостерігався значний та сильний негативний зв'язок між кількістю поросят при відлученні та масою одного поросяти при відлученні ($R_s = -0,5106, p = 0,000026$). Таким чином, із збільшенням розміру приплоду маса окремого живого поросяти зменшується, причому цей ефект більш виражений при відлученні, ніж при народженні.

18. Встановлено, що селекційний індекс відтворювальних якостей свиноматок (СІВЯС) суттєво відрізнявся серед тварин з різними генотипами *ESR1* у всіх трьох породах, причому генотип BB асоціювався з найвищими значеннями СІВЯС. Цей індекс забезпечує повну міру племінної цінності, полегшуючи її передачу потомству та уможливаючи поступове підвищення продуктивності відтворення в популяції.

19. Встановлено, що прогнозований економічний ефект від селекції досліджених порід за *ESR1* та *PRLR* генами на багатоплідність складе: для миргородській породі свиней за *ESR1^{BB}* та *PRLR^{BB}* можна отримати прибавку у порівнянні із свинями із іншими генотипами у розмірі 1049,58 та 871,37 грн., відповідно. Свині полтавської м'ясної породи із генотипами *ESR1^{BB}* та *PRLR^{AA}* дадуть 1617,24 та 94,08 грн. прибавку, відповідно. Суттєво більший ефект від відбору свиней за *ESR1^{BB}* та *PRLR^{AA}* встановлено у свиней породи уельс 1574,84 та 4935,23 грн., відповідно.

ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

1. При проведенні селекційної роботи з чистопорідним поголів'ям або при плануванні схрещування доцільно враховувати розподіл гаплотипів мітохондріальної ДНК та генотипів ядерних генів *ESR1* і *PRLR*, що асоційовані з відтворювальними ознаками. Це дозволить формувати високопродуктивне поголів'я з покращеними репродуктивними ознаками, особливо за кількістю живих поросят при народженні і масою гнізда поросят.
2. Виявлені відмінності у розподілі генотипів між миргородською та полтавською м'ясною породами свідчать про доцільність використання міжпородного схрещування. Особливу увагу слід звертати на комбінації алелів *ESR1* та *PRLR*, що демонструють потенціал покращення показників відтворювальної здатності. Також це може бути корисним у програмах збереження та відновлення чисельності локальних популяцій.
3. Для підвищення багатоплідності свиноматок порід миргородська, полтавська м'ясна та уельс доцільно здійснювати селекційний добір тварин із гомозиготними генотипами за генами рецепторів пролактину *PRLR^{AA}* та естрогену 1 - *ESR1^{BB}*, які виявляють позитивні асоціації з кращими показниками відтворення (зокрема: багатоплідністю, масою гнізда поросят при відлученні, рівнем індексу СІВЯС тощо).

СПИСОК ЛІТЕРАТУРНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Abell, C. E., Dekkers, J. C., Rothschild, M. F., Mabry, J. W., & Stalder, K. J. (2014). Total cost estimation for implementing genome-enabled selection in a multi-level swine production system. *Genetics Selection Evolution*, 46, 1-8.
2. Alves, E., Ovilo, C., Rodríguez, M. C., & Silió, L. (2003). Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Animal Genetics*, 34(5), 319-324.
3. An, S. M., Kim, S. S., Kim, J., Park, M. N., Lee, J. E., Cho, S. K., ... & An, B. S. (2017). Expression of reproductive hormone receptors and contraction-associated genes in porcine uterus during the estrous cycle. *Molecular Medicine Reports*, 15(6), 4176-4184.
4. Balatsky, V. N., Saenko, A. M. & Grishina, L. P. (2012). Polymorphism of the estrogen receptor 1 locus in populations of pigs of different genotypes and its association with reproductive traits of large white sows. *Cytology & Genetics*, 46(4), 233–237. <https://doi.org/10.3103/S0095452712040020>
5. Balatsky, V. N., Saienko, A. M., Pena, R. N., Buslyk, T. V., & Gibolenko, O. S. (2015). Genetic diversity of pig breeds on ten production quantitative traits loci. *Cytology and Genetics*, 49, 299-307.
6. Birta H. O., & Burhu Yu. H. (2011). Tovaroznavstvo m'iasa [Meat commodity science]. Tsentr uchbovoi literatury.
7. Boichard, D., Ducrocq, V., Croiseau, P., & Fritz, S. (2016). Genomic selection in domestic animals: Principles, applications and perspectives. *Comptes Rendus Biologies*, 339(7–8), 274–277. <https://doi.org/10.1016/j.crvi.2016.04.007>
8. Bortolozzo, F. P., Zanin, G. P., Ulguim, R. D. R., & Mellagi, A. P. G. (2023). Managing reproduction in hyperprolific sow herds. *Animals*, 13(11), 1842. <https://doi.org/10.3390/ani13111842>
9. [Brém, G., & Brenig, B. \(1993\). Use of molecular genetic diagnosis of malignant hyperthermic syndrome \(MHS\) in selection of pigs \[Article in Russian; English abstract\]. *Genetika*, 29\(6\), 1009–1013. PMID: 8370496](#)

10. Brockova, K.; Rossokha, V.; Chaban, V.; Zos-Kior, M.; Hnatenko, I.; Rubezhanska, V. Economic Mechanism of Optimizing the Innovation Investment Program of the Development of Agro-Industrial Production. *Management Theory and Studies for Rural Business and Infrastructure Development*, 2021, 43 (1), p. 129-136. Available at: <https://doi.org/10.15544/mts.2021.11> Access: June 25, 2021.
11. Buske, B., Sternstein, I., & Brockmann, G. (2006). QTL and candidate genes for fecundity in sows. *Animal Reproduction Science*, 95(3–4), 167–183. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2005.12.015>
12. Campbell, D. M., Evans, M. L., & Wells, D. N. (2016). The relationship between mitochondrial DNA haplotype and the reproductive capacity of domestic pigs (*Sus scrofa domesticus*). *BMC Genetics*, 17, 87. <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0375-4>
13. Chafai, N., Hayah, I., Houaga, I., & Badaoui, B. (2023). A review of machine learning models applied to genomic prediction in animal breeding. *Frontiers in genetics*, 14, 1150596.
14. Chen K.F. The genetic effect of estrogen receptor (ESR) on litter size traits in pigs. / K.F. Chen, L.S. Huang, N. Li, [et al.] // *Acta Genetica Sinica*. – 2000. – Vol. 27. – P. 853-857.
15. Chen, C. C., Chang, T., & Su, H. Y. (2004a). Characterization of porcine leptin receptor polymorphisms and their association with reproduction and production traits. *Animal Biotechnology*, 15(2), 89–102.
16. Chen, C. C., Chang, T., & Su, H. Y. (2004b). Genetic polymorphisms in porcine leptin gene and their association with reproduction and production traits. *Australian Journal of Agricultural Research*, 54(7), 699–704. <http://dx.doi.org/10.17582/journal.aavs/2019/7.1.17.23>
17. Chen, J., Wang, J., Zhao, H., Tan, X., Yan, S., Zhang, H., & Tang, X. (2025). Molecular breeding of pigs in the genome editing era. *Genetics Selection Evolution*, 57(1), 12.
18. Chen, K. F., Huang, L. S., Li, N., et al. (2000). The genetic effect of estrogen receptor (ESR) on litter size traits in pigs. *Acta Genetica Sinica*, 27, 853–857.

19. Choudhuri, S. (2014). Fundamentals of molecular evolution. In S. Choudhuri (Ed.), *Bioinformatics for beginners* (pp. 27–53). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-410471-6.00002-5>
20. Ciepielewski Z. M., 2016. The effects of ryanodine receptor (RYR1) mutation on natural killer cell cytotoxicity, plasma cytokines and stress hormones during acute intermittent exercise in pigs / Z. M. Ciepielewski et al. *Research in veterinary science*. 2016. Vol. 105. P. 77–86. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2016.01.012>
21. Cleveland, M. A., & Hickey, J. M. (2013). Practical implementation of cost-effective genomic selection in commercial pig breeding using imputation. *Journal of animal science*, 91(8), 3583-3592.
22. Cummins, J. M. (2001). Cytoplasmic inheritance and its implications for animal biotechnology. *Theriogenology*, 55, 1381–1399.
23. Dai, S., & Long, Y. (2015). Genotyping analysis using an RFLP assay. *Methods in Molecular Biology*, 1245, 91–99. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1966-6_7
24. Davoudi, P., Do, D. N., Colombo, S. M., Rathgeber, B., & Miar, Y. (2022). Application of genetic, genomic and biological pathways in improvement of swine feed efficiency. *Frontiers in Genetics*, 13, 903733. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.903733>
25. Dekkers J. C. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *Journal of animal science*. 2004. Vol. 82. E-Suppl. E313–E328.
26. Dekkers, J. C. (2004). Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, 82(E-Suppl), E313–E328.
27. Distl O. (2007). Mechanisms of regulation of litter size in pigs on the genome level. In D. Rath (Ed.), *Reproduction in Domestic Animals*, 42(s2), 10–16. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2007.00887.x>

28. Distl O. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines./ O. Distl, C. Drogemüller, H. Hamann // *Journal of Animal Science*. – 2001. – Vol. 79. – P. 2565-2570.
29. Djedovic, R., Radojkovic, D., Stanojevic, D., Savic, R., Vukasinovic, N., Popovac, M., & Mitrovic, I. (2024). Base Characteristics, Preservation Methods, and Assessment of the Genetic Diversity of Autochthonous Breeds of Cattle, Sheep and Pigs in Serbia: A Review. *Animals*, 14(13), 1894.
30. Drögemüller, C., Thieven, U., & Harlizius, B. (1997). An AvaI and a MspAII polymorphism at the porcine oestrogen receptor (ESR) gene. *Animal genetics*, 28(1), 59.
31. European Convention for the Protection of Vertebrate Animals used for Experimental and Other Scientific Purposes, Strasbourg, 18. III. 1986. Available from: <http://conventions.coe.int/treaty/en/treaties/html/123.htm>.
32. Eneva, K., & Apostolov, A. (2023). Effectiveness of applying different methods of molecular genetics in swine selection (A review). *Bulgarian Journal of Animal Husbandry/Životnov Dni Nauki*, 60(1).
33. Engdawork, A., Belayhun, T., & Aseged, T. (2024). The Role of Reproductive Technologies and Cryopreservation of Genetic Materials in the Conservation of Animal Genetic Resources, A Review. *Ecological Genetics and Genomics*, 100250.
34. Fahrenkrug, S. C., Campbell, E. M., Vallet, J. L., & Rohrer, G. A. (2000). Physical assignment of the porcine erythropoietin receptor gene to SSC2. *Animal genetics*, 31(1), 69–70. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2000.579-2.x>
35. Forth, J. H., Forth, L. F., King, J., Groza, O., Hübner, A., Olesen, A. S., & Beer, M. (2019). A deep-sequencing workflow for the fast and efficient generation of high-quality African swine fever virus whole-genome sequences. *Viruses*, 11(9), 846.
36. Galindo-Murillo, R., & Cheatham, T. E. (2021). Ethidium bromide interactions with DNA: an exploration of a classic DNA-ligand complex with unbiased molecular dynamics simulations. *Nucleic Acids Research*, 49(7), 3735–3747. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab143>

37. Gene Print™ STR Systems Technical Manual. (1996). Promega Corporation, 51 p.
38. Genetic diversity of pig breeds on ten production quantitative traits loci / V. N. Balatsky et al. *Cytology and Genetics*. 2015. Vol. 49. Iss. 5. P. 299–307. DOI: <https://doi.org/10.3103/S0095452715050023>
39. Gerrits, R. J., Lunney, J. K., Johnson, L. A., Pursel, V. G., Kraeling, R. R., Rohrer, G. A., & Dobrinsky, J. R. (2005). Perspectives for artificial insemination and genomics to improve global swine populations. *Theriogenology*, 63(2), 283-299.
40. Goddard, M. E., & Hayes, B. J. (2009). Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*, 10(6), 381–391. <https://doi.org/10.1038/nrg2575>
41. Gibson, J. P., Jiang, Z. H., Robinson, J. A., Archibald, A. L., & Haley, C. S. (2002). No detectable association of the ESR PvuII mutation with sow productivity in a Meishan x Large White F2 population. *Animal Genetics*, 33(6), 448–450. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2002.00889.x>
42. Giles, R. E., Blane, H., Cann, H. M., & Wallace, D. C. (1980). Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 77, 6715–6719.
43. Giles, T. A., Belkhir, A., Barrow, P. A., & Foster, N. (2017). Molecular approaches to the diagnosis and monitoring of production diseases in pigs. *Research in veterinary science*, 114, 266-272.
44. Gissi, C., Gullberg, A., & Arnason, U. (1998). The complete mitochondrial DNA sequence of the rabbit, *Oryctolagus cuniculus*. *Genomics*, 50, 161–169.
45. Grodzicker, T., Williams, J., Sharp, P., & Sambrook, J. (1974). Physical mapping of temperature-sensitive mutations of adenoviruses. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 39, 439–446.
46. Groenen, M. A. (2016). A decade of pig genome sequencing: a window on pig domestication and evolution. *Genetics Selection Evolution*, 48(1), 23.

47. Green, M. R., & Sambrook, J. (2012). *Molecular cloning: A laboratory manual* (4th ed.). Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
48. Guries, R. P., & Ledig, F. T. (1978). Inheritance of some polymorphic isoenzymes in pitch pine (*Pinus rigida* Mill.). *Heredity*, 40, 27–32.
49. Heuven, H. C. M., Van Wijk, H. J., & Van Arendonk, J. A. M. (2003). Combining traditional breeding and genomics to improve pork quality. *Outlook on AGRICULTURE*, 32(4), 235-239.
50. Hiendleder, S., Lewalski, H., Wassmuth, R., & Janke, A. (1998). The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (*Ovis aries*) and comparison with the other major ovine haplotype. *Journal of Molecular Evolution*, 47, 441–448.
51. Hilliar, E., et al. (2018). The association of mitochondrial DNA haplotypes and phenotypic traits indicative of breeding value in pigs. *BMC Genomic Data*, 19, 62. <https://doi.org/10.1186/s12863-018-0629-4>
52. Hnatenko, I., Bebko, S., Ievseitseva, O., Shikovets, K., Kvita, H., & Zos-Kior M. (2024). Market analysis of the renewable energy market of Ukraine in the context of changes in financial and economic processes. *Financial and Credit Activity Problems of Theory and Practice*, 5(58), 446–459. <https://doi.org/10.55643/fcaptp.5.58.2024.4576>
53. Hong, S. T., Thi, V. N., Duy, P. P., Duc, L. D., Kim, D. P., Phuong, G. N. T., Minh, T. N. N., & Hoang, T. N. (2020). Polymorphism of candidate genes related to the number of teats, vertebrae, and ribs in pigs. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*, 8(3), 229–233. <https://doi.org/10.17582/journal.aavs/2020/8.3.229.233>
54. Hong, S. T., Thi, V. N., Duy, P. P., Duc, L. D., Kim, D. P., Phuong, G. N. T., Minh, T. N. N., & Hoang, T. N. (2020). Polymorphism of candidate genes related to the number of teats, vertebrae, and ribs in pigs. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*, 8(3), 229–233. <https://doi.org/10.17582/journal.aavs/2020/8.3.229.233>
55. Horák, P., Urban, T., & Dvorák, J. (2005). The FUT1 and ESR genes – their variability and associations with reproduction in Prestice Black-Pied sows. *Journal of Animal Breeding and Genetics = Zeitschrift für Tierzucht und*

Zuchtungsbiologie, 122(3), 210–213. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00502.x>

56. Horogh G. Oestrogen receptor genotypes and litter size in Hungarian Large White pigs. / G. Horogh, A. Zsolnai, I. Komlosi, [et al.] // *J. Anim. Breed. Genet.* – 2005. – Vol. 122. – P. 56-61.

57. Ibatullin, I. I., Tsereniuk, O. M., Zinoviev, S. H., Pushkina, M. L., Slynko, V. H., Stadnytska, O. I., & Vashchenko, P. A. (2024). Biochemical indicators of pig blood when using a complex probiotic feed supplement. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 15(3), 416–422. <https://doi.org/10.15421/022458>

58. Ijaz, M., Mahmood, M., Yar, M. K., & Badar, I. H. (2025). Regulatory Aspects, Safety, and Ethical Issues of Genome Editing in Animals. In *CRISPR-Based Gene Editing* (pp. 327-344). Apple Academic Press.

59. Isler, B. J., Irvin, K. M., Neal, S. M., Moeller, S. J., & Davis, M. E. (2002). Examination of the relationship between the estrogen receptor gene and reproductive traits in swine. *Journal of Animal Science*, 80(9), 2334–2339. <https://doi.org/10.2527/2002.8092334x>

60. Jiang, K., Xu, P., Li, W., Yang, Q., Li, L., Qiao, C., & Ren, J. (2017). The increased expression of follicle-stimulating hormone leads to a decrease of fecundity in transgenic Large White female pigs. *Transgenic Research*, 26, 515-527.

61. Kamiński, S., Ruśc, A., & Brym, P. (2003). Relation between Ava I polymorphism within the estrogen receptor gene (ESR) and meatiness in Polish Large White boars. *Journal of Applied Genetics*, 44(4), 521–524.

62. Kasprzyk, A., & Walenia, A. (2023). Native pig breeds as a source of biodiversity—breeding and economic aspects. *Agriculture*, 13(8), 1528.

63. Kaps, M., & Lamberson, W. R. (2004). *Biostatistics for Animal Science* (2nd ed.). Wallingford, UK: CABI.

64. Kempisty, B., Ziółkowska, A., Ciesiółka, S., Piotrowska, H., Antosik, P., Bukowska, D., & Zabel, M. (2014). Association between the expression of LHR, FSHR and CYP19 genes, cellular distribution of encoded proteins and proliferation of porcine granulosa cells in real-time. *J Biol Regul Homeost Agents*, 28(3), 419-31.

65. Khalak, V. I., Gutyj, B. V., & Bordun, O. M. (2022). Innovative methods of evaluation of sows by indicators of reproductive qualities and criteria for their selection by some multicomponent mathematical models. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies. Series: Agricultural Sciences*, 24(96), 70–77. <https://doi.org/10.32718/nvlvet-a9609>
66. Khmelnychi, L. M., & Pavlenko, Y. M. (2021). Генетичні маркери в селекції та збереженні генофонду бурої худоби Сумського регіону. *Bulletin of Sumy National Agrarian University. The series: Livestock*, 3 (46), 3-6.
67. Kim, Y. S., Cho, K. H., Lee, M. J., Kim, J. A., Cho, E. S., & Hong, J. K. (2019). Effects of inbreeding depression on litter size of Korean native pig. *Journal of the Korea Academia-Industrial cooperation Society*, 20(6), 514-520.
68. Kirkpatrick, M., & Jarne, P. (2000). The effects of a bottleneck on inbreeding depression and the genetic load. *The American Naturalist*, 155(2), 154–167. <https://doi.org/10.1086/303312>
69. Kmieć, M., & Terman, A. (2006). Associations between the prolactin receptor gene polymorphism and reproductive traits of boars. *Journal of Applied Genetics*, 47(2), 139–141. <https://doi.org/10.1007/BF03194613>
70. Knetsch, C. W., Connor, T. R., Mutreja, A., Van Dorp, S. M., Sanders, I. M., Browne, H. P., & Lawley, T. D. (2014). Whole genome sequencing reveals potential spread of *Clostridium difficile* between humans and farm animals in the Netherlands, 2002 to 2011. *Euro surveillance: bulletin Europeen sur les maladies transmissibles= European communicable disease bulletin*, 19(45), 20954.
71. Knol, E. F., Nielsen, B., & Knap, P. W. (2016). Genomic selection in commercial pig breeding. *Animal Frontiers*, 6(1), 15-22.
72. Kongsonthana, K. (2021). Expression of follicle stimulating hormone and luteinizing hormone receptors in porcine testes with immunocastration using digital assessment. *Board of Reviewing Editors*, 51, 265-267.
73. Kovtun, S. I. (2021). Актуальні дослідження з проблем розведення, генетики та біотехнології у тваринництві. *Visnik ukrains' kogo tovaristva genetikiv i selekcioneriv*, 19(1-2), 79-92.

74. Krupa, E., Moravčiková, N., Krupová, Z., & Žáková, E. (2021). Assessment of the genetic diversity of a local pig breed using pedigree and SNP data. *Genes*, 12(12), 1972. <https://doi.org/10.3390/genes12121972>
75. Kyryliuk, I., Kyryliuk, Y., Proshchalykina, A., Zos-Kior, M., & Dovbush, V. (2021). Organizational and economic drivers for safety provision and quality upgrading of core livestock products in Ukraine. *Journal of Hygienic Engineering and Design*, 36, 49–66.
76. Lee, G. S., Kim, H. S., Hyun, S. H., Jeon, H. Y., Nam, D. H., Jeong, Y. W., & Hwang, W. S. (2005). Effect of epidermal growth factor in preimplantation development of porcine cloned embryos. *Molecular Reproduction and Development: Incorporating Gamete Research*, 71(1), 45-51.
77. Lee, J., Shin, H., Kim, J., Lee, G., & Yun, J. (2024). Large litters have a detrimental impact on litter performance and postpartum maternal behaviour in primiparous sows. *Porcine Health Management*, 10(1), 9. <https://doi.org/10.1186/s40813-024-00360-2>
78. Liang, A., Zhou, Y., Riaz, H., & Davis, J. S. (2023). Editorial: Genetic analysis of reproductive traits in livestock. *Frontiers in Genetics*, 13, 1116038. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.1116038>
79. Liu, H., Shi, W., Wang, D., & Zhao, X. (2019). Association analysis of mitochondrial DNA polymorphisms with oocyte number in pigs. *Reproduction, Fertility and Development*, 31(4), 805-809.
80. Liu, H., Song, H., Jiang, Y., Jiang, Y., Zhang, F., Liu, Y., & Wang, C. (2021). A single-step genome wide association study on body size traits using imputation-based whole-genome sequence data in Yorkshire pigs. *Frontiers in Genetics*, 12, 629049.
81. Liu, H., Zhang, X., Hu, Y., & Zhao, X. (2024). Association analysis of mitochondrial genome polymorphisms with backfat thickness in pigs. *Animal Biotechnology*, 35(1), 2272172.

82. Lubieniechi, S. A., Van Eenennaam, A. L., & Smyth, S. J. (2025). Regulation of animal and plant agricultural biotechnology. *Trends in Biotechnology*, 43(3), 511-521.
83. Ma, Y., & Zhou, X. (2021). Genetic prediction of complex traits with polygenic scores: a statistical review. *Trends in Genetics : TIG*, 37(11), 995–1011. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2021.06.004>
84. Matiuk, V. V., Saienko, A. M., Vashchenko P. A., Slynko, V. H., Fesenko, O. G., Peka, M. Y., & Tsereniuk O. M. (2025). Association of polymorphisms in estrogen and prolactin receptor genes with reproductive traits in sows of rare breeds. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 16(1), e25033. <https://doi.org/10.15421/0225033>
85. Matiuk, V. (2022). Diseases caused by mitochondrial DNA mutations. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, (4), 86–92. doi: 10.31210/visnyk2022.04.10
86. Margeta, V., Škorput, D., Djurkin Kušec, I., Kralik, Z., Kušec, G., & Gvozdanović, K. (2025). A Comprehensive Review: Molecular and Genealogical Methods for Preserving the Genetic Diversity of Pigs. *Applied Sciences*, 15(6), 3394.
87. Mellink, C., Lahbib-Mansais, Y., Yerle, M., & Gellin, J. (1995). PCR amplification and physical localization of the genes for pig FSHB and LHB. *Cytogenetics and Cell Genetics*, 70(3–4), 224–227. <https://doi.org/10.1159/000134039>
88. Mendez, E. A., Messer, L. A., Larsen, N. J., Robic, A., & Rothschild, M. F. (1999). Epidermal growth factor maps to pig chromosome 8. *Journal of animal science*, 77(2), 494–495. <https://doi.org/10.2527/1999.772494x>
89. Metlytska, O. I., Kopylov, K. V., & Berezovsky, A. V. (2016). Modern molecular-genetic approach to increase efficiency of selection process in animal breeding of Ukraine. *Animal Breeding and Genetics*, 51, 193-200. <http://dx.doi.org/10.31073/abg.51.26>
90. Milan, D., Jeon, J. T., Looft, G., et al. (2000). A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science*, 288(5469), 1248–1251.

91. Molinero, E., Pena, R. N., Estany, J., & Ros-Freixedes, R. (2025). Association between mitochondrial DNA copy number and production traits in pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, *142*(2), 170-183.
92. Mote, B. E., & Rothschild, M. F. (2020). Modern genetic and genomic improvement of the pig. In *Animal Agriculture* (pp. 249-262). Academic Press.
93. Muñoz, G., Ovilo, C., Amills, M., & Rodríguez, C. (2004). Mapping of the porcine oestrogen receptor 2 gene and association study with litter size in Iberian pigs. *Animal Genetics*, *35*(3), 242–244. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01141.x>
94. Naab, F. Z., Coles, D., Goddard, E., & Frewer, L. J. (2021). Public perceptions regarding genomic technologies applied to breeding farm animals: A qualitative study. *BioTech*, *10*(4), 28.
95. Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, *106*, 283–292.
96. Nei, M. (1975). *Molecular population genetics and evolution*. Amsterdam: North-Holland Publishing Company.
97. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2006). GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, *6*, 288–295.
98. Peltoniemi, O., Yun, J., Björkman, S., & Han, T. (2021). Coping with large litters: the management of neonatal piglets and sow reproduction. *Journal of Animal Science and Technology*, *63*(1), 1–15. <https://doi.org/10.5187/jast.2021.e3>
99. PIC calculator. (2008). Polymorphic Information Content calculator. University of Pannonia Georgikon Faculty. Retrieved from <http://w3.georgikon.hu/pic/english/kezi.aspx>
100. Pigua.info. (2024). Прогноз: до 2030 світове споживання свинини зросте на 7,2%. *Pigua.info*. <https://www.pigua.info/uk/post/news-of-ukraine-and-world/prognoz-do-2030-svitove-spozivanna-svinini-zroste-na-72>
101. Piórkowska, K., & Ropka-Molik, K. (2021). Pig genomics and genetics. *Genes*, *12*(11), 1692. <https://doi.org/10.3390/genes12111692>

102. Piórkowska, K., et al. (2010). Association of the melanocortin-4 receptor (MC4R) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Science*, 85(2), 297–301. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.01.017>
103. Primer3. A Portal to Free Molecular Biology and Bioinformatics Tools. Retrieved from <http://www.simgene.com/Primer3>
104. Purdy, P., Blesbois, E., Bailey, J., & Woelders, H. (2023). Innovations in cryoconservation of animal genetic resources: SECTION 3 Choice of biological material to be preserved. In *Innovations in cryoconservation of animal genetic resources* (pp. 41-67). FAO.
105. Putnová, L., Knoll, A., Dvořák, J., & Čepica, S. (2002). A new HpaII PCR-RFLP within the porcine prolactin receptor (PRLR) gene and study of its effect on litter size and number of teats. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 119(1), 57–63. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2002.00316.x>
106. Qiu, Y., Ding, R., Zhuang, Z., Wu, J., Yang, M., Zhou, S., & Yang, J. (2021). Genome-wide detection of CNV regions and their potential association with growth and fatness traits in Duroc pigs. *BMC genomics*, 22(1), 332.
107. Rahman, M., Phookan, A., Zaman, G. U., Das, A., Akhtar, F., Tamuly, S., Choudhury, H., & Sarma, L. M. (2021). Allelic variability of estrogen receptor (ESR) gene and its effect on litter traits of Doom pigs. *Tropical Animal Health and Production*, 53(2), 316. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02756-6>
108. Ramos, A. M., Crooijmans, R. P., Affara, N. A., Amaral, A. J., Archibald, A. L., Beever, J. E., Bendixen, C., Churcher, C., Clark, R., Dehais, P., Hansen, M. S., Hedegaard, J., Hu, Z. L., Kerstens, H. H., Law, A. S., Megens, H. J., Milan, D., Nonneman, D. J., Rohrer, G. A., Rothschild, M. F., ... Groenen, M. A. (2009). Design of a high density SNP genotyping assay in the pig using SNPs identified and characterized by next generation sequencing technology. *PloS one*, 4(8), e6524. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006524>
109. Real-statistics. 2025. Retrieved from https://real-statistics.com/multiple-regression/other-measures-effect-size-anova/?utm_source=chatgpt.com

110. Reiner, G. (2016). Genetic resistance-an alternative for controlling PRRS?. *Porcine Health Management*, 2, 1-11.
111. Rodrigues, G. P., Kiefer, C., Ullmann, L. S., da Rocha, G. H., Andrade, G. L., & Teixeira, S. A. (2024). Molecular markers and their importance for pig production and breeding: an overview. *Caderno Pedagógico*, 21(9), e8232-e8232.
112. Roehe, R., & Kalm, E. (2000). Estimation of genetic and environmental risk factors associated with pre-weaning mortality in piglets using generalized linear mixed models. *Animal science*, 70(2), 227-240.
113. Rosa, C. A. (2018). Wild pigs in an irreplaceable area for biodiversity conservation: Current situation and importance of the local community in the population control. *Modern Management Forum*, 2(1), 1–7.
114. Ros-Freixedes, R., Johnsson, M., Whalen, A., Chen, C. Y., Valente, B. D., Herring, W. O., & Hickey, J. M. (2022). Genomic prediction with whole-genome sequence data in intensely selected pig lines. *Genetics Selection Evolution*, 54(1), 65.
115. Rothschild, M. F., Messer, L., Day, A., Wales, R., Short, T., Southwood, O., & Plastow, G. (2000). Investigation of the retinol-binding protein 4 (RBP4) gene as a candidate gene for increased litter size in pigs. *Mammalian Genome : Official Journal of the International Mammalian Genome Society*, 11(1), 75–77. <https://doi.org/10.1007/s003350010015>
116. Rothschild, M., Jacobson, C., Vaske, D., Tuggle, C., Wang, L., Short, T., Eckardt, G., Sasaki, S., Vincent, A., McLaren, D., Southwood, O., van der Steen, H., Mileham, A., & Plastow, G. (1996). The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 93(1), 201–205. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.1.201>
117. Ruban, S. Y., Prijma, S. V., Fedota, O. M., & Lysenko, N. G. (2015). Animal genetic resources of Ukraine: Current status and perspectives. *Journal for Veterinary Medicine, Biotechnology and Biosafety*, 1(1), 23-31.
118. Ruckli, A. K., Dippel, S., Durec, N., Gebaska, M., Guy, J., Helmerichs, J., & Hörtenhuber, S. (2021). Environmental sustainability assessment of pig farms in

selected European countries: combining LCA and key performance indicators for biodiversity assessment. *Sustainability*, 13(20), 11230.

119. Sahoo, N. R., Nesa, N., Naskar, S., Banik, S., Pankaj, P. K., & Sahoo, M. (2016). Microsatellite and mitochondrial diversity analysis of native pigs of Indo-Burma biodiversity hotspot. *Animal biotechnology*, 27(1), 52-59.

120. Saienko, A., Peka, M., Tsereniuk, O., Babicz, M., Kropiwiiec-Domańska, K., Onyshchenko, A., Vashchenko, P., Balatsky, V. (2023). Analysis of polymorphism and development of a molecular-genetic system for genotyping by the telomerase reverse transcriptase (TERT) gene. *Biosystems Diversity*, 31(4), 436–443. <https://doi.org/10.15421/012352>

121. Samorè, A. B., & Fontanesi, L. (2016). Genomic selection in pigs: state of the art and perspectives. *Italian Journal of Animal Science*, 15(2), 211-232.

122. Saura, M., Fernández, A., Varona, L., Fernández, A. I., de Cara, M. Á. R., Barragán, C., & Villanueva, B. (2015). Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genome-wide data. *Genetics Selection Evolution*, 47, 1-9.

123. Sharif-Islam, M., Van Der Werf, J. H., Wood, B. J., & Hermes, S. (2024). The predicted benefits of genomic selection on pig breeding objectives. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 141(6), 685-701. <https://doi.org/10.1111/jbg.12873>

124. Sharma, A., Park, J.-E., Chai, H.-H., Jang, G.-W., Lee, S.-H., & Lim, D. (2017). Next generation sequencing in livestock species – A Review. *Journal of Animal Breeding and Genomics*, 1(1), 23–30. <https://doi.org/10.12972/jabng.20170003>

125. Shi, L. Y., Wang, L. G., Zhang, P. F., Mo, J. Y., Li, Y., Wang, L. X., & Zhao, F. P. (2021). Evaluation of inbreeding depression on the total numbers of piglets born in different groups of Large White pigs.

126. Short, T. H., Rothschild, M. F., Southwood, O. I., McLaren, D. G., de Vries, A., van der Steen, H., Eckardt, G. R., Tuggle, C. K., Helm, J., Vaske, D. A., Mileham, A. J., & Plastow, G. S. (1997). Effect of the estrogen receptor locus on

reproduction and production traits in four commercial pig lines. *Journal of Animal Science*, 75(12), 3138–3142. <https://doi.org/10.2527/1997.75123138x>

127. Shostya, A. M., & Sarnavska, I. V. (2023). Features of reproductive capacity and state of prooxidant-antioxidant homeo-stasis in breeding boars of different breeds. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies. Series: Agricultural sciences*, 25(99), 55–61. <https://doi.org/10.32718/nvlvet-a9909>

128. Shoubridge E.A. Mitochondrial DNA segregation in the developing embryo / E.A. Shoubridge // *Hum. Reprod.* – 2000. – V. 15. – P. 229–234.

129. Singh Thakur M. *Basic Animal Breeding Methods. Animal Husbandry / Ed. by S. Kukovics. IntechOpen, 2022. DOI: <https://doi.org/10.5772/intechopen.104136>*

130. Soltis, D. E., & Soltis, P. S. (1990). *Isozymes in plant biology*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-94-009-2095-7>

131. Socol, C. T., Iacob, L., Mihalca, I., & Criste, F. L. (2015). Molecular and population genetics tools for farm animal genetic resources conservation: Brief overview. *Scientific Papers Animal Science and Biotechnologies*, 48(1), 95-95.

132. Southwood, O. I., et al. (1995). Evaluation of the oestrogen receptor (ESR) gene in Meishan synthetic and Large White pigs. *Proceedings of the 46th International Congress EAAP, Prague, Czech Republic*, 53 (Abstract).

133. Spötter, A., Drögemüller, C., Hamann, H., & Distl, O. (2005). Evidence of a new leukemia inhibitory factor-associated genetic marker for litter size in a synthetic pig line. *Journal of animal science*, 83(10), 2264–2270. <https://doi.org/10.2527/2005.83102264x>

134. St. John, J. C., & Tsai, T. S. (2018). The association of mitochondrial DNA haplotypes and phenotypic traits in pigs. *BMC genetics*, 19, 1-12.

135. Sukhno, V. V., et al. (2022). Association of Fut1 and Slc11a1 gene polymorphisms with productivity traits of Large White pigs. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 13(3), 225–230. <https://doi.org/10.15421/022229>

136. Sukhno, V. V., Vashchenko, P. A., Saenko, A. M., Zhukorskyi, O. M., Tserenyuk, O. M., & Kryhina, N. V. (2022). Association of Fut1 and Slc11a1 gene

polymorphisms with productivity traits of Large White pigs. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 13(3), 225–230. <https://doi.org/10.15421/022229>

137. Swanchara, K. W., Henricks, D. M., Birrenkott, G. P., Bodine, A. B., & Richardson, M. E. (1995). Expression of epidermal growth factor (EGF) and the EGF receptor in the porcine oviduct. *Biology of reproduction*, 53(4), 911-922.

138. Takahashi, H., Christian, L. L., Rothschild, M. F., Harville, D. A., & Sugimoto, T. (1991). Estimates of inbreeding depression of growth and backfat of Duroc pigs. *Animal Science and Technology*, 62, 323-329.

139. Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., & Kumar, S. (2007). MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24, 1596–1599.

140. Terman A. (2005). Effect of the polymorphism of prolactin receptor (PRLR) and leptin (LEP) genes on litter size in Polish pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics = Zeitschrift für Tierzucht und Zuchtungsbiologie*, 122(6), 400–404. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00547.x>

141. Tessa, A., Giannotti, A., Tieri, L., Vilarinho, L., Marotta, G., & Santorelli, P. M. (2001). Maternally inherited deafness associated with a T1095C mutation in the mtDNA. *European Journal of Human Genetics*, 9, 147–149.

142. Tribout, T., Larzul, C. & Phocas, F. (2013). Economic aspects of implementing genomic evaluations in a pig sire line breeding scheme. *Genet Sel Evol*, 45, 40. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-45-40>

143. Tsai, T. S., Rajasekar, S., & St. John, J. C. (2016). The relationship between mitochondrial DNA haplotype and the reproductive capacity of domestic pigs (*Sus scrofa domestica*). *BMC genetics*, 17, 1-17.

144. Tsereniuk, O. M. (2013). Retrospektyvnyi analiz produktyvnosti svynei uelskoi porody vitchyznianoï selektsii [Retrospective analysis of the productivity of domestically bred Welsh pigs]. Scientific and technical bulletin of Livestock farming institute of NAAS = Naukovo-tekhnichnyi biuletyn Instytutu tvarynnytstva NAAN, 110, 189–195.

145. Tsereniuk, O. M., Vashchenko, P. A., Khokhlov, A. M., Tsybenko, V. H., Shostia, G. M., Saenko, A. M., Peka, M. Y., & Zhukorskyi, O. M. (2023). Comparative characteristics of polymorphisms of melanocortin 4 and ryanodine 1 receptor genes of Myrhorod pigs before and after the African swine fever outbreak. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 14(4), 601–608. <https://doi.org/10.15421/022387>
146. Tsheten, G., Fuerst-Waltl, B., Pfeiffer, C., Sölkner, J., Bovenhuis, H., & Mészáros, G. (2023). Inbreeding depression and its effect on sperm quality traits in Pietrain pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 140(6), 653-662.
147. Tsybenko, V. H., & Vashchenko, P. A. (2020). Genealogical analysis of the Mirgorod pig breed before and after outbreak of African swine fever. *Veterinary Science, Technologies of Animal Husbandry and Nature Management*, 5, 216–221. <https://doi.org/10.31890/vttp.2020.05.38>
148. Tu, C. F., Chuang, C. K., & Yang, T. S. (2022). The application of new breeding technology based on gene editing in pig industry—A review. *Animal bioscience*, 35(6), 791.
149. Turner, S. P., Camerlink, I., Baxter, E. M., D'Eath, R. B., Desire, S., & Roehe, R. (2024). Breeding for pig welfare: Opportunities and challenges. *Advances in pig welfare*, 429-447.
150. Untergasser, A., Cutcutache, I., Koressaar, T., Ye, J., Faircloth, B. C., Remm, M., & Rozen, S. G. (2012). Primer3—new capabilities and interfaces. *Nucleic Acids Research*, 40(15), e115. <https://doi.org/10.1093/nar/gks596>
151. Ursing, B. M., & Arnason, U. (1998). The complete mitochondrial DNA sequence of the pig. *Journal of Molecular Evolution*, 47, 302–306.
152. Vallet, J. L., Freking, B. A., Leymaster, K. A., & Christenson, R. K. (2005a). Allelic variation in the erythropoietin receptor gene is associated with uterine capacity and litter size in swine. *Animal Genetics*, 36(2), 97–103. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2005.01233.x>
153. Vargovic, L., Harper, J. A., & Bunter, K. L. (2022). Traits defining sow lifetime maternal performance. *Animals*, 12(18), 2451. <https://doi.org/10.3390/ani12182451>

154. Vashchenko, P. A., Balatsky, V. M., Pocherniaev, K. F., Voloshchuk, V. M., Tsybenko, V. H., Saenko, A. M., Oliynychenko, Ye. K., Buslyk, T. V., & Rudoman, H. S. (2019). Genetic characterization of the mirgorod pig breed, obtained by analysis of single nucleotide polymorphisms of genes. *Agricultural Science and Practice*, 6, 2, 47–57. <https://doi.org/10.15407/agrisp6.02.047>
155. Vashchenko, P. A., Zhukorskyi, O. M., Saenko, A. M., Khokhlov, A. M., Usenko, S. O., Kryhina, N. V., Sukhno, T. V., & Tsereniuk, O. M. (2023). The influence of feeding level on the growth of pigs depending on their genotype. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 14(1), 112–117. <https://doi.org/10.15421/022317>
156. Vashchenko, P., Saienko, A., Sukhno, V., Tsereniuk, O., Babicz, M., Shkavro, N., Smołucha, G., Łuszczewska-Sierakowska, I. (2022). Association of NRAMP1 gene polymorphism with the productive traits of the Ukrainian Large White pig. *Medycyna Weterynaryjna*, 78 (11), 563–566. DOI: <http://dx.doi.org/10.21521/mw.6698>
157. Vincent, A. L., Wang, L., Tuggle, C. K., Robic, A., & Rothschild, M. F. (1997). Prolactin receptor maps to pig chromosome 16. *Mammalian Genome : Official Journal of the International Mammalian Genome Society*, 8(10), 793–794. <https://doi.org/10.1007/s003359900576>
158. Voitenko, S. L. (2012). Henezys Myrhorodskoi porody svynei [Genesis of Mirgorod breed pigs]. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, 2, 94–99. (in Ukrainian) <https://doi.org/10.31210/visnyk2012.02.19>
159. Voitenko, S. L. (2024). Pigs of meat breeds in Ukraine and the need for the revival of pig breeding. *Animal Breeding and Genetics*, 67, 29–45. DOI: <https://doi.org/10.31073/abg.67.04>
160. Voitenko, S., Karunna, T., Shaferivsky, B., & Zheliznyak, I. (2019). Vplyv henotypovykh ta paratypovykh faktoriv na realizatsiiu molochnoi produktyvnosti koriv [Influence of genotypic and paratype factors on realization of dairy productivity of cows]. *Bulletin of Sumy National Agrarian University*. The

Series: Livestock, 1–2(36–37), 21–26. (in Ukrainian)
<https://doi.org/10.32845/bsnau.lvst.2019.1-2.3>

161. Wakchaure, R., Ganguly, S., Praveen, P. K., Kumar, A., Sharma, S., & Mahajan, T. J. J. D. M. T. (2015). Marker assisted selection (MAS) in animal breeding: A review. *Journal of Drug Metabolism & Toxicology*, 6(5), e127.

162. Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (2013). Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*, 54(3), 134–139. <https://doi.org/10.2144/000114018>

163. Wang, X., Wang, L., Shi, L., Zhang, P., Li, Y., Li, M., & Zhao, F. (2022). GWAS of reproductive traits in large white pigs on chip and imputed whole-genome sequencing data. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(21), 13338.

164. Wan, J., et al. (2020). Cybrid model supports mitochondrial genetic effect on pig litter size. *Frontiers in Genetics*, 11, 579382. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.579382>

165. Waters, D. L., & Shapter, F. M. (2014). The polymerase chain reaction (PCR): general methods. *Methods in molecular biology* (Clifton, N.J.), 1099, 65–75. https://doi.org/10.1007/978-1-62703-715-0_7

166. Williams, J. L. (2005). The use of marker-assisted selection in animal breeding and biotechnology. *Revue Scientifique et Technique* (International Office of Epizootics), 24(1), 379–391.

167. Wright, S. (1978). *Evolution and the genetics of populations. Volume 4: Variability within and among natural populations.* University of Chicago Press.

168. Wu, S., Xie, J., Zhong, T., Shen, L., Zhao, Y., Chen, L., Gan, M., Zhang, S., Zhu, L., & Niu, L. (2023). Genetic polymorphisms in ESR and FSH β genes and their association with litter traits in Large White pigs. *Animal Biotechnology*, 34(9), 4713–4720. <https://doi.org/10.1080/10495398.2023.2187405>

169. Xu, X., & Arnason, U. (1994). The complete mitochondrial DNA sequence of the horse, *Equus caballus*: Extensive heteroplasmy of the control region. *Gene*, 148, 375–362.

170. Yen, N. T., Lin, C. S., Ju, C. C., Wang, S. C., & Huang, M. C. (2007). Mitochondrial DNA polymorphism and determination of effects on reproductive trait in pigs. *Reproduction in Domestic Animals*, 42(4), 387-392.
171. Zhang, X., Liu, X., Liu, X. L., Wu, D. Y., Zhou, K., Yu, Z. S., & Miao, Y. L. (2023). Preserving Porcine Genetics: A Simple and Effective Method for On-Site Cryopreservation of Ear Tissue Using Direct Cover Vitrification. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(8), 7469.
172. Zhao, Q., Liu, H., Qadri, Q. R., Wang, Q., Pan, Y., & Su, G. (2021). Long-term impact of conventional and optimal contribution conservation methods on genetic diversity and genetic gain in local pig breeds. *Heredity*, 127(6), 546–553.
173. Zhao, S., Zhu, M., & Chen, H. (2012). Immunogenomics for identification of disease resistance genes in pigs: a review focusing on Gram-negative bacilli. *Journal of animal science and biotechnology*, 3, 1-13.
174. Zhukorskyi, O. M., Tsereniuk, O. M., Sukhno, T. V., Saienko, A. M., Polishchuk, A. A., Chereuta, Y. V., Shaferivskyi, B. S., & Vashchenko, P. A. (2023). The influence of genotype and feeding level of gilts on their further reproductive performance. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 14(2), 312–318. <https://doi.org/10.15421/022346>
175. Zhukorskyi, O. M., Tsereniuk, O. M., Vashchenko, P. A., Khokhlov, A. M., Chereuta, Y. V., Akimov, O. V., & Kryhina, N. V. (2022). The effect of the ryanodine receptor gene on the reproductive traits of Welsh sows. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 13(4), 367–372. <https://doi.org/10.15421/022248>
176. Zhyvko, Z., Nikolashyn, A., Semenets, I., Karpenko, Y., Zos-Kior, M., Hnatenko, I., Klymenchukova, N., Krakhmalova, N. (2022). Secure aspects of digitalization in management accounting and finances of the subject of the national economy in the context of globalization. *Journal of Hygienic Engineering and Design*, 39, 259–269.
177. ZOS-KIOR, M.; SHKURUPII, O.; HNATENKO, I.; FEDIRETS, O.; SHULZHENKO, I.; RUBEZHANSKA, V. Modeling of the Investment Program Formation Process of Ecological Management of the Agrarian Cluster. *European*

Journal of Sustainable Development, 2021, 10 (1), p. 571-583. Available at: <https://doi.org/10.14207/ejsd.2021.v10n1p571> Access: June 30, 2021

178. Баньковська, І. Б., Троцький, М. Я., & Ващенко, П. А. (2005). Якість м'яса свиней при вдосконаленні великої білої породи української селекції. *Проблеми зооінженерії та ветеринарної медицини*, 12(37), Ч.3, 118–122.

179. Березовський, М. Д., Ващенко, П. А. (2010). Комбінаційна здатність ліній свиней. *Вісник аграрної науки*, (3), 40–43.

180. Березовський, М. Д., Ващенко, П. А., & Манько, О. А. (2008). Новий метод визначення препотентності кнурів-плідників. *Вісник аграрної науки*, (4), 43–45.

181. Березовський, М. Д., Ващенко, П. А., & Троцький, М. Я. (2006). Гематологічні показники свиней великої білої породи вітчизняної і зарубіжної селекції. *Вісник Полтавської державної аграрної академії*, (4), 171–173.

182. Березовський, М. Д., Гетья, А. А., Ващенко, П. А., Корабельников, К. Г., & Мороз, О. Г. (2008). Автоматизоване моделювання селекційних індексів для оцінки свиней. *Вісник Полтавської державної аграрної академії*, (4), 92–94.

183. Березовський, М. Д., Гришина, Л. П., Гетья, А. А., Манько, О. А., & Ващенко, П. А. (2009). Створення внутріпородних заводських типів свиней у великій білій породі з покращеними м'ясними якостями. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник*, (57), 15–24.

184. Березовський, М. Д., Нарижна, О. Л., & Ващенко, П. А. (2020). Відтворювальні якості чистопородних і помісних свиноматок у поєднанні з термінальними кнурами власного відтворення та іншими батьківськими формами. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН*, (74), 30–37.

185. Березовський, М. Д., Нарижна, О. Л., Ващенко, П. А., Шостя, А. М., Усенко, С. О., Кузьменко, Л. М., & Слинько, В. Г. (2021). Термінальні кнури та інші батьківські форми в системі гібридизації. *Вісник Полтавської державної аграрної академії*, (3), 135-141. <https://doi.org/10.31210/visnyk2021.03.16>

186. Березовський, М. Д., Онищенко, А. О., & Ващенко, П. А. (2016). Оцінка відгодівельних і м'ясних якостей свиней великої білої породи заводського типу „Багачанський”. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свинарства і АПВ НААН, (68), 40–47.*
187. Бірта, Г. О., Бургу, Ю. Г., Флока, Л. В., Горячова, О. О., Рачинська, З. П., & Гнітій, Н. В. (2021). *Свинарство. Монографія. Ред.: Волощук В.М., Шостя А.М. Полтава, Вищий навчальний заклад Укоопспілки Полтавський університет економіки і торгівлі, 168 с.*
188. Ващенко, П. А. (2003). Репродуктивні якості свиней великої білої породи при поєднанні генотипів вітчизняної і зарубіжної селекції. *Вісник Полтавської державної аграрної академії, (1-2), 165–166.*
189. Ващенко, П. А. (2004а). Відгодівельні якості, ріст та розвиток свиней великої білої породи при поєднанні генотипів вітчизняної та зарубіжної селекції. *Тваринництво України, (3), 18–19.*
190. Ващенко, П. А. (2004б). Вивчення м'ясо-сальних якостей свиней великої білої породи при поєднанні генотипів вітчизняної та зарубіжної селекції. *Вісник Полтавської державної аграрної академії, (1), 86–88.*
191. Ващенко, П. А. (2007). Прогнозування ефекту селекції. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник, (55), 29–37.*
192. Ващенко, П. А. (2008). Селекційні індекси в свинарстві. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник, (56), 15–19.*
193. Ващенко, П. А. (2009). Комбінаційна здатність заводських ліній свиней великої білої породи. *Вісник Полтавської державної аграрної академії, (3), 71–73.*
194. Ващенко, П. А. (2010). Визначення племінної цінності свиней різними методами. *Вісник аграрної науки Причорномор'я, 1(52), Т.2, 76–79.*
195. Ващенко, П. А. (2011). Племінна цінність свиней. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник, (59), 28–32.*
196. Вовк, В. О., Ващенко, П. А., & Скрипка, С. М. (2012а). Вплив комбінаційної здатності на репродуктивні якості свиней при чистопородному

розведенні та схрещуванні. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник*, (60), 46–49.

197. Вовк, В. О., Ващенко, П. А., & Скрипка, С. М. (2012b). Комбінаційна поєднуваність свиней різних генотипів. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник*, (61), 28–32.

198. Войтенко С. Л. Генезис миргородської породи свиней. Вісник Полтавської державної аграрної академії. 2012. №. 2. С. 94–99. DOI: <https://doi.org/10.31210/visnyk2012.02.19>

199. Войтенко С. Л. Свині м'ясних порід в Україні та необхідність відродження племінного свинарства. *Розведення і генетика тварин*. Т. 67. С. 29–45. DOI: <https://doi.org/10.31073/abg.67.04>

200. Войтенко, С. Л., & Вишневецький, Л. В. (2017). Інбридинг в миргородській породі свиней. *Розведення і генетика тварин*, (54), 208-215.

201. Войтенко, С. Л., Петренко, М. О., Шаферівський, Б. С., & Карунна, Т. І. (2023). Племінне свинарство України: виклики часу. *Scientific Progress & Innovations*, 26(3), 81–86. <https://doi.org/10.31210/spi2023.26.03.15>

202. Волощук, В. М., Рибалко, В. П., Березовський, М. Д., Костенко, О. І., Іванов, В. О., Іванова, Л. О., Подобєд, Л. І., Л. П., Нагаєвич, В. М., Ксьонз, І. М., Замикула, В. В., Шостя, А. М., Почерняєв, К. Ф., Ващенко, П. А., Баньковська, І. Б., Повод, М. Г., & Сагло, О. Ф. (2014). *Свинарство: монографія* (В. М. Волощук, ред.). Аграрна наука.

203. Гладій, М. В., Полупан, Ю. П., Ковтун, С. І., Кузєбний, С. В., Вишневецький, Л. В., Копилов, К. В., & Щербак, О. В. (2018). Наукові та організаційні аспекти розведення, генетики, біотехнології та збереження генофонду у тваринництві. *Розведення і генетика тварин*, (56), 5-14.

204. Ібатуллін, І. І., Костенко, О. І., Церенюк, О. М., Жукорський, О. М., Ващенко, П. А., Цибенко, В. Г., Войтенко, С. Л., Волощук, В. М., Акімов, О. В., Вовк, В. О., Зінов'єв, С. Г., Черевта, Ю. В., Кунець, В. В., Шабля, В. П., Воловик, М. Є., & Задорожня, І. Ю. (2023a). Програма відновлення миргородської породи

свиней в Україні на 2023-2025 роки. Полтава, Інститут свинарства і АПВ НААН, 92 с.

205. Ібатуллін, І. І., Костенко, О. І., Церенюк, О. М., Жукорський, О. М., Ващенко, П. А., Балацький, В. М., Цибенко, В. Г., Войтенко, С. Л., Волощук, В. М., Смилов, С. Ю., Саєнко, А. М., Онищенко, А.О., Акімов, О. В., Вовк, В. О., Зінов'єв, С. Г., Череута, Ю. В., Кунець, В. В., Шабля, В. П., Лобченко, С.Ф., Воловик, М. Є., Задорожна, І. Ю. Конкс, Т.М. (2023b). Миргородська порода свиней в Україні. Ретроспектива, сучасність та перспектива: монографія. Полтава, Інститут свинарства і АПВ НААН. 200 с.

206. Корінний С.М. Шерсть тварин, як зручний об'єкт виділення ДНК для аналізу за допомогою ПЛР / С.М. Корінний, К.Ф. Почерняєв, В.М. Балацький // Ветеринарна біотехнологія. – Київ, 2005. – №7. – С. 80-83.

207. Кузьменко, О. А. (2021). *Методичні підходи до визначення економічної ефективності виробництва в сільському господарстві*. Ужгородський національний університет. <https://dspace.uzhnu.edu.ua/jspui/handle/lib/66608>https://www.neb.com/en/products/m0273-taq-dna-polymerase-with-standard-taq-buffer?srsId=AfmBOopTmCoQfL-hXUCmTUtLlarwi_m6D8X2uWiOCeBP76PPaXyf-Z9v

208. Костенко С.О. Особливості поліморфізму генів ESR, NCOA1, PRLR, FSHR у свиней різних порід / Костенко С. О., Драгулян М. В., Сидоренко О. В.// Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва . – 2013. – Вип. 9. – С. 23-29.

209. Матіюк В.В. (2025a). Поліморфізм генів *ESR1* та *PRLR* у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах свиней. *Аграрний вісник Причорномор'я*, 114, DOI 10.37000/abbsl.2025.114.15

210. Матіюк В.В. (2025b). Розподіл мітохондріальних гаплотипів у групах свиней миргородської і полтавської м'ясної порід. *Вісник аграрної науки* 103 (5), DOI: <https://doi.org/10.31073/agrovisnyk202505-10>

211. Міністерство аграрної політики України. (2002). *Інструкція з бонітування свиней: Наказ № 396 від 17 грудня 2002 року*. Зареєстровано в

Міністерстві юстиції України 29 грудня 2002 р. за № 1027/7315.
<https://zakon.rada.gov.ua/go/z1027-02>

212. Онищенко, А. О. (2021). СУЧАСНІ МЕТОДИ ЗБЕРЕЖЕННЯ УКРАЇНСЬКОЇ М'ЯСНОЇ ПОРОДИ СВИНЕЙ. *М'ясні генотипи свиней: сьогодення та перспективи.: матеріали Міжнародної науково-практичної конференції науково-педагогічних працівників та молодих науковців (Одеса, 2 вересня 2021 р.)*/Одеський, 18.

213. Полупан, Ю. П., Басовський, Д. М., Резникова, Н. Л., & Резнікова, Ю. М. (2017). Проблема збереження біологічного різноманіття генетичних ресурсів сільськогосподарських тварин. *Розведення і генетика тварин*, (54), 200-208.

214. Почерняев, К. Ф. (2017). Нові можливості багатосайтового способу визначення мітохондріальних гаплотипів свиней. *Свинарство*, (69), 100-108.

215. Почерняев, К. Ф., & Гетья, А. А. (2007). Установлення породності свиней з використанням поліморфізму мітохондріального геному. *Розведення і генетика тварин*, (41), 233-239.

216. Почерняев, К. Ф., & Ломако, Д. В. (2012). Генетичне різноманіття мітохондріальних геномів свиней великої чорної породи. *Свинарство*, (61), 46-51.

217. С. Войтенко, 2019. Вплив генотипових та паротипових факторів на реаізацію молочної продуктивності корів / С. Войтенко та ін. Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія: Тваринництво. 2019. № 1–2(36–37). С. 21–26. DOI: <https://doi.org/10.32845/bsnau.lvst.2019.1-2.3>

218. Соколов Б.П. Виділення високомолекулярної еукариотичної ДНК із використанням ацетата калія / Б.П. Соколов, В.В. Джемелинський // Молекулярна генетика, мікробіологія та вірусологія. – 1989. – №6. – С. 45-46.

219. Церенюк, О. М. (2024). ПЕРСПЕКТИВНА РОБОТА З МИРГОРОДСЬКОЮ ПОРОДОЮ СВИНЕЙ В УКРАЇНІ. *Сучасні виклики та шляхи покращення технології виробництва продукції тваринництва: матеріали III Міжнародної науково-практичної конференції НПП та молодих науковців (Одеса, 06–07 червня 2024 р.)*, 112.

220. Церенюк, О. М., & Акімов, О. В. (2022). СТАН ПЛЕМІННОГО ТВАРИННИЦТВА З РОЗВЕДЕННЯ СВИНЕЙ ПОРОДИ ЛАНДРАС ТА УЕЛЬС В УКРАЇНІ. *Розвиток галузі тваринництва в умовах євроінтеграції*, 131.

221. Цибенко, В. Г., Ващенко, П. А., & Щербань, Т. В. (2015). Стан та перспективи селекції миргородської породи свиней. *Свинарство. Міжвідомчий тематичний науковий збірник*, (67), 73–81.

222. Щербань, Т. В., & Ващенко, П. А. (2015). Відгодівельні, забійні і м'ясо-сальні якості свиней миргородської породи та її помісей. *Вісник аграрної науки Причорномор'я*, 2(84), Т.2, 112–119.

ДОДАТКИ

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Наукові праці, в яких опубліковані основні наукові результати дисертації:

Статті у виданнях, включених до міжнародних наукометричних баз scopus та Web of science:

Matiiuk, V. V., Saienko, A. M., Vashchenko P. A., Slynko, V. H., Fesenko, O. G., Peка, M. Y., & Tsereniuk O. M. (2025). Association of polymorphisms in estrogen and prolactin receptor genes with reproductive traits in sows of rare breeds. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 16 (1), P. 1–8. e25033. <https://doi.org/10.15421/0225033> (*Здобувачка провела патентний пошук і опрацювала літературу за темою статті, виконала експериментальні дослідження, приймала участь у статистичній обробці та аналізі результатів. Саєнко А. та Ващенко П. виконали частину статистичної обробки та аналізу результатів. Пека М. виконав частину аналізу результатів та сумісно із здобувачкою підготував висновки. Слинько В., Фесенко О. і Церенюк О. виконали частину перекладу та оформлення статті до друку).*

Статті в наукових фахових виданнях України

Матіюк В.В. Поліморфізм генів *ESR1* та *PRLR* у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах свиней. *Аграрний вісник Причорномор'я*. 2025. 114. С. 166–178. <https://doi.org/10.37000/abbsl.2025.114.15>

Матіюк В.В. Розподіл мітохондріальних гаплотипів у групах свиней миргородської і полтавської м'ясної порід. *Вісник аграрної науки*. 2025. 103 (5). С. 84–88. DOI: <https://doi.org/10.31073/agrovisnyk202505-10>

Matiiuk, V. (2022). Diseases caused by mitochondrial DNA mutations. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, (4), С. 86–92. <https://doi.org/10.31210/visnyk2022.04.10> .

Наукові праці, які засвідчують апробацію матеріалів дисертації:

Матіюк В. В., Саєнко А. М., Пека М. Ю. Вплив поліморфізмів у генах естрогенового та пролактинового рецепторів на відтворювальні якості свиноматок миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід. Міжнародна науково-практична конференція присвячена 125-річчю від дня народження академіка Олексія Володимировича Квасницького «Актуальні питання фізіології продуктивності сільськогосподарських тварин»: міжнародної науково-практичної конференції, 24-25 лютого 2025 р. Полтава : ПДАУ, 2025. 140 с. *(Матіюк В. В. зробила доповідь на конференції, опрацювала літературу за темою публікації, виконала аналіз досліджень, сформулювала висновки. Саєнко А. М. провів статистичну обробку результатів досліджень. Пека М. Ю. оформив та підготував презентацію і текст друкованих тез).*

Matiiuk V. V., Oliinychenko Y. K., Saienko A. M. Use of selection and molecular genetic methods for the resynthesis of the myrhorod pig breed. International scientific and practical conference of young scientists and specialists. Consolidation for the future: scientific achievements of scientists for the victory and post-war reconstruction of ukraine collection of abstracts of the international scientific practical and conference of young scientists and specialists (august 29, 2024, Poltava, Ukraine). doi 10.37143/conf-2-2024

(Matiiuk V. V. зробила доповідь на конференції, виконала літературний науковий пошук, підготувала розділ особистих даних та обговорення досліджень, оформила текст друкованих тез. Saienko A. M. підготував висновки та пропозиції до результатів досліджень. Oliinychenko Y. K., виконала переклад тексту доповіді, презентації і тексту тез).

Матіюк В. В. Роль геномної селекції в свинарстві. «Сучасні тенденції розвитку галузі тваринництва: світовий та національний виміри»: матеріали Міжнародної науково-практичної конференції, 7 грудня 2023 р., м. Полтава, Україна.

Матіюк В. В. Мітохондріально гапллідне різноманіття свиноматок великої білої породи племзаводу Державного Підприємства «Дослідне Господарство «Ім. 9 Січня». Розвиток галузі тваринництва в умовах євроінтеграції : матеріали

Міжнародної наукової інтернет-конференції (м. Полтава, 4 листопада 2022 р.) / Інститут свинарства і АПВ НААН. Полтава, 2022. 146 с.

Матіюк В.В., Буслик Т.В., Олійниченко Є.К., Баньковська І.Б. Зв'язок мітохондріальної ДНК та її впливу на показники якості м'яса свиней. Матеріали науково-практичної конференції молодих учених та аспірантів «Проблеми розведення, генетики, відтворення та технології виробництва продукції у тваринництві» присвячену 85-річчю від дня народження і 67 років виробничої, наукової, педагогічної та громадської діяльності доктора сільськогосподарських наук, професора, академіка НААН України Рибалка Валентина Павловича. 26 жовтня 2021 рік 46 с.

(Матіюк В.В. зробила доповідь на конференції, виконала літературний науковий пошук, підготувала розділ власних досліджень, оформила текст друкованих тез. Буслик Т.В. підготувала та узгодила висновки до результатів досліджень. Олійниченко Є.К., та Баньковська І.Б., виконали частину аналізу матеріалів власних досліджень та оформили текст доповіді та презентації).

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор Фі "САМ-12"



СКРИННИК В.О.

12. 11.

2024 року

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор Інституту свинарства і
АНВ НААН



Україна

12.

11.

2024 року

АКТ ВИРОВАДЖЕННЯ

від *12 листопада* 2024 року

Результатів науково-дослідної роботи за завданням "Використання генетичних маркерів для покращення відтворювальних ознак свинноматок різних порід".

Ми, що нижче підписалися: аспірант лабораторії генетики Інституту свинарства і АНВ НААН Матіюк Валерія Валеріївна, в.о. вик. лабораторії генетики, старший дослідник Саснюк Артем Михайлович,

Скрипник Віталій Олександрович

цим актом посвідчуємо, що наукові результати отримані при виконанні дисертаційної роботи Матіюк Валерії Валеріївни впроваджено у Фі "САМ-12".

1. Вид впровадження результатів. Проведено ДНК-титування свинноматок породи усл.бс. Оцінено відтворювальну здатність свинноматок різних генотипів за темами рецензорів естрогену і да пролактину. Отримані результати використовуються у господарстві при відборі тварин із кращими генотипами для підвищення багатомітності у стаді.

2. Характеристика масштабу впровадження. Оцінено тварин за двома темами кількісних ознак. Відібрані свинноматки введені в основне стадо

протягом 2024 року в ФП "СШАМ-12" (20 тис.кг).


3. Форма виведення: селекційно-генетичні методи підвищення продуктивності свиней.

4. Новизна результатів науково-дослідних робіт. Вперше проведено комплексне ДНК-титування за парю генів відповідальних за відтворювальні якості свиноматок породи уельс, оцінено та виконано пошук асоціацій між генотипами та відтворювальними якостями свиноматок. Визначено кращих представників та бажаними генотипами з метою кращий вибір свиноматок які використані для подальшого покращення відтворювальних ознак свиноматок у наступних поколіннях.

5. Економічна ефективність. Розрахунок капітального економічного ефекту від селекції (відбору) досліджених свиноматок за *ESRI⁰⁰* та *PRI⁰⁰* генами складена одну свиноматку дають у дослідженнях та за один опорос буде додатково отримано продукції на суму 1574,84 та 4935,23 грн. відповідно.

Фінансових претензій до ФП "СШАМ-12" не маємо.

Вашеві:

 В.О. Воронин

Савенко А.М. 

Машієв Р.В. 

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор ПСП "ОРАЧ"



Бегмаг С.О.

2024 року

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор Інституту свинарства і
АПВ НААН



Церенко О.М.

2024 року

АКТ ВПРОВАДЖЕННЯ

від 15 жовтня 2024 року

Результатів науково-дослідної роботи за завданням “Використання генетичних маркерів для покращення відтворювальних ознак свиноматок різних порід”.

Ми, що нижче підписалися: аспірант лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН **Матіюк Валерія Валеріївна**, в.о зав. лабораторії генетики, старший дослідник **Сасенко Артем Михайлович**,

Плюта Андрій Володимирович

даним актом посвідчуємо, що наукові результати отримані при виконанні дисертаційної роботи Матіюк Валерії Валеріївни впроваджено у ПСП "ОРАЧ".

1. **Вид впровадження результатів.** Проведено ДНК-типування свиноматок полтавської м'ясної породи. Оцінено відтворювальну здатність свиноматок різних генотипів за генами рецепторів естрогену 1 та пролактину. Отримані результати використовуються у господарстві при відборі тварин із кращими генотипами для підвищення багатоплідності у стаді.

2. **Характеристика масштабу впровадження.** Оцінено тварин за двома

генами кількісних ознак. Відібрані свиноматки введені в основне стадо протягом 2024 року в ПСП "ОРАЧ", 20 голів.

3. Форма впровадження: селекційно-генетичні методи підвищення продуктивності свиней.

4. Новизна результатів науково-дослідних робіт. Вперше проведене комплексне ДНК-типування за парою генів відповідальних за відтворювальні якості свиноматок полтавської м'ясної породи, оцінено та виконано пошук асоціацій між генотипами та відтворювальними якістьми свиноматок, оцінено досліджувану вибірку свиноматок за мітохондріальними гаплотипами для підтвердження породної приналежності. Визначено кращих представників за бажаними генотипами у дослідженій вибірці свиноматок які використані для подальшого покращення відтворювальних ознак свиноматок та збільшення чисельності цієї популяції.

5. Економічна ефективність. Розрахунок загального економічного ефекту від селекції (відбору) досліджених свиноматок за *ESR1^{BB}* та *PRLR^{AA}* генами складе на одну свиноматку задіяну у дослідженнях та на один опорос, для полтавської м'ясної породи у розмірі суму 1617,24 та 94,08 грн., відповідно.

Фінансових претензій до ПСП "ОРАЧ" не маємо.

Підписи:

 Алексей Семенов А.М. зав. зав. каб.

 М.М.М. М.М.М. В.В.

 М.М.М. М.М.М. В.В.

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор ПСП "ОРАЧ"

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор Інституту свинарства і
АПВ НААН


Вегмат С.О.
2024 року


Церенок О.М.
2024 року

АКТ ВПРОВАДЖЕННЯ

від 15 жовтня 2024 року

Результатів науково-дослідної роботи за завданням "Використання генетичних маркерів для покращення відтворювальних ознак свиноматок різних порід".

Ми, що нижче підписалися: аспірант лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН **Матіюк Валерія Валеріївна**, в.о зав. лабораторії генетики, старший дослідник **Саснюк Артем Михайлович**,

Плюта Ангелія Валеріївна

данім актом посвідчуємо, що наукові результати отримані при виконанні дисертаційної роботи Матіюк Валерії Валеріївни впроваджено у ПСП "ОРАЧ".

1. Вид впровадження результатів. Проведено ДНК-типування свиноматок миргородської породи. Оцінено відтворювальну здатність свиноматок різних генотипів за генами рецепторів естрогену 1 та пролактину. Отримані результати використовуються у господарстві при відборі тварин із кращими генотипами для підвищення багатоплідності у стаді.

2. Характеристика масштабу впровадження. Оцінено тварин за двома

генами кількісних ознак. Відібрані свиноматки введені в основне стадо протягом 2024 року в ПСП "ОРАЧ", 20 голів.

3. Форма впровадження: селекційно-генетичні методи підвищення продуктивності свиней.

4. Новизна результатів науково-дослідних робіт. Вперше проведене комплексне ДНК-типування за парою генів відповідальних за відтворювальні якості свиноматок миргородської породи, оцінено та виконано пошук асоціацій між генотипами та відтворювальними якостями свиноматок, оцінено досліджувану вибірку свиноматок за мітохондріальними гаплотипами для підтвердження породної приналежності. Визначено кращих представників за бажаними генотипами у дослідженій вибірці свиноматок які використані для подальшого покращення відтворювальних ознак свиноматок та збільшення чисельності цієї популяції.

5. Економічна ефективність. Розрахунок загального економічного ефекту від селекції (відбору) досліджених свиноматок за $ESR1^{bb}$ та $PRLR^{aa}$ генами складе на одну свиноматку задіяну у дослідженнях та на один опорос, для миргородської породи свиней у розмірі 1049,58 та 871,37 грн., відповідно.

Фінансових претензій до ПСП "ОРАЧ" не маємо.

Підписи:

Алеф Соєнко А.М. за зав. роб.

ДПР Маміюк А.В.

ДПР [немає імені] за зав. роб.

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор ФГ "САМ-12"



СКРИПНИК В.О.

12.11.

2024 року

ЗАТВЕРДЖУЮ
Директор Інституту
МІВ НААН



Черешок О.М.

12.11.

2024 року

АКТ ВИПРОВАДЖЕННЯ

від *12 листопада* 2024 року

Результатів науково-дослідної роботи за завданням "Використання генетичних маркерів для покращення відтворювальних ознак свиноматок різних порід".

Ми, що нижче підписали, – керівник лабораторії генетики Інституту свиноварства і МІВ НААН Матіюк Валерія Валеріївна, в.о. зав. лабораторії генетики, старший дослідник Сасико Артем Михайлович,

Сиринніч Віталій Олександрович

данім актом посвідчуємо, що наукові результати отримані при виконанні дисертаційної роботи Матіюк Валерії Валеріївни впроваджено у ФГ "САМ-12".

1. Вид впровадження результатів. Проведено ДНК-типизація свиноматок полтавської м'ясної породи. Оцінено відтворювальну здатність свиноматок різних генотипів за генами реценторівестрогену 1 за пролактину. Отримані результати використовуються у господарстві при відборі тварин із кращими генотипами для підвищення багатодітності у стаді.

2. Характеристика масштабу впровадження. Оцінено тварин за двома генами кількісних ознак. Відібрані свиноматки введені в основне стадо

протягом 2024 року в ФГ "САМ-12" (20 голів).

3. Форма виведення: селекційно-генетичні методи підвищення продуктивності свицей.

4. Новизна результатів науково-дослідних робіт. Вперше проведено комплексне ДНК-титування 70 парів генів відповідальних за відтворювальну якість свиноматок волтавської м'ясопороди, оцінено та виконано пошук асоціацій між генотипами та відтворювальними якостями свиноматок. Визначено кращих представників за бажаними генотипами у дослідженій вибірці свиноматок як використати для подальшого покращення відтворювальних ознак свиноматок у наступних поколіннях.

5. Економічна ефективність. Розрахунок загального економічного ефекту від селекції (вибору) досліджених свиноматок за *ESR1*⁹⁸ та *PRK*⁹⁹ генами складена одну свиноматку задіяти у дослідженнях та на один опорос буде додатково отримано продукції на суму 1617,24 та 94,08 грн, відповідно.

Фінансових претензій до ФГ "САМ-12" не маємо.

Підписи:


Свирідченко В.В.

Сосенко А.М. 

Машіян В.В. 



МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
СУМСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ
(СНАУ)

вул. Герасима Кондратьєва, 160, м. Суми, 40021, тел. +38 (0542) 70 10 10, факс: +38 (0542) 70 10 55
e-mail: admin@snau.edu.ua, https://snau.edu.ua
Код ЄДРПОУ 04718013

21 05 2025 № Н.О./1314 На № _____ від _____

КАРТКА ЗВОРОТНОГО ЗВ'ЯЗКУ

Даною довідкою підтверджуємо, що матеріали наукових досліджень Матиюк Валерії Валеріївни, що опубліковані у фахових виданнях та також які індексуються у міжнародних наукометричних базах Scopus та Web of Science:

1) Matiiuk, V. V., Saienko, A. M., Vashchenko P. A., Slynko, V. H., Fesenko, O. G., Pecka, M. Y., & Tsereniuk O. M. (2025). Association of polymorphisms in estrogen and prolactin receptor genes with reproductive traits in sows of rare breeds. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 16(1), e25033. <https://doi.org/10.15421/0225033> (Scopus, Web of Science)

- Matiiuk, V. (2022). Diseases caused by mitochondrial DNA mutations. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, (4), 86–92. doi: 10.31210/visnyk2022.04.10.

- дійсно використовуються в освітньому процесі Сумського національного аграрного університету при підготовці здобувачів вищої освіти першого (бакалаврського) та другого (магістерського) рівнів вищої освіти за спеціальністю 204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва».

Зав. кафедри технології кормів і годівлі тварин
Сумського національного аграрного
університету, кандидат с.-г. наук, доцент



Віктор ОПАРА



МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
ПОЛТАВСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ

вул. Сковороди, 1/3, м. Полтава, 36003, тел./факс: (0532) 50-02-73.
E-mail: pdau@pdau.edu.ua https://www.pdau.edu.ua Код ЄДРПОУ 00493014

20.05.2025 № 01-11/66

На № _____ від _____

ЗАТВЕРДЖУЮ:

Проректор з науково-педагогічної,
наукової роботи, Полтавського
державного аграрного університету
Д.с.-г.н., с.н.с.



Анатолій ШОСТЯ

“ _____ ” 2025 р.

КАРТКА ЗВОРОТНОГО ЗВ'ЯЗКУ

Даною довідкою підтверджуємо, що матеріали наукових досліджень Матиюк Валерії Валеріївни, що опубліковані у фахових виданнях та також які індексуються у міжнародних наукометричних базах Scopus та Web of Science:

1) Matiuk, V. V., Saienko, A. M., Vashchenko P. A., Slynko, V. H., Fesenko, O. G., Peka, M. Y., & Tsereniuk O. M. (2025). Association of polymorphisms in estrogen and prolactin receptor genes with reproductive traits in sows of rare breeds. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 16(1), e25033. <https://doi.org/10.15421/0225033> (Scopus, Web of Science).

2) Matiuk, V. (2022). Diseases caused by mitochondrial DNA mutations. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, (4), 86–92. doi: 10.31210/visnyk2022.04.10.

- дійсно використовуються в освітньому процесі Полтавського державного аграрного університету при підготовці здобувачів вищої освіти з дисциплін “Розведення сільськогосподарських тварин”, “Біотехнологія” першого (бакалаврського) та з дисципліни “Геномна селекція у галузі тваринництва” другого (магістерського) рівнів вищої освіти.

Погоджено:

Декан факультету технологій
тваринництва та продовольства,
д.с.-г.н., с.н.с.

С. УСЕНКО

Завідувач кафедри, професор
кафедри, кандидат
с.-г. наук, доцент

Л. КУЗЬМЕНКО

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І
НАУКИ УКРАЇНИ
ОДЕСЬКИЙ ДЕРЖАВНИЙ
АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ



MINISTRY OF EDUCATION
AND SCIENCE OF UKRAINE
ODESA STATE AGRARIAN
UNIVERSITY

65012, м. Одеса, вул. Пантелеймонівська, 13. Тел.(048)784-57-32. Факс (0482) 37-19-27, E-mail: osau@osau.edu.ua

« 04 » ~~серпня~~ 2025 р № 01-18/31-373

ЗАТВЕРДЖУЮ

Проректор з наукової роботи
та міжнародних зв'язків Одеського державного
аграрного університету
Кандидат економічних наук, старший доцент

 Тетяна НЕБОГА

«21» квітня 2025 року

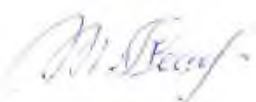
КАРТКА ЗВОРОТНОГО ЗВ'ЯЗКУ

Даною довідкою підтверджуємо, що матеріали наукових досліджень Матіюк Валерії Валеріївни, що опубліковані у фахових виданнях та також які індексуються у міжнародних наукометричних базах Scopus та Web of Science:

- Matiiuk, V. V., Saienko, A. M., Vashchenko P. A., Slynko, V. H., Fesenko, O. G., Peka, M. Y., & Tsereniuk O. M. (2025). Association of polymorphisms in estrogen and prolactin receptor genes with reproductive traits in sows of rare breeds. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 16(1), e25033. <https://doi.org/10.15421/0225033> (Scopus, Web of Science)
- Matiiuk, V. (2022). Diseases caused by mitochondrial DNA mutations. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*, (4), 86–92. doi: 10.31210/visnyk2022.04.10.

дійсно використовуються в освітньому процесі Одеського державного аграрного університету при підготовці здобувачів вищої освіти першого (бакалаврського) при викладанні освітньої компоненти «Технологія виробництва продукції свинарства» та другого (магістерського) рівнів вищої освіти при викладанні освітньої компоненти «Біологія продуктивності сільськогосподарських тварин» за спеціальністю 204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» (протокол кафедри технології виробництва і переробки продукції тваринництва № 10 від 18.04.2025).

доцент, завідувач кафедри
технології виробництва і переробки
продукції тваринництва



Тетяна ПУШКАР