

from 205 up to 213 nucleotides, FH3764 – 2 alleles 138 and 146 nucleotides, and for FH4231 – 2 alleles 116 and 120 nucleotides. The level of actual heterozygosity was 0.860, while the expected heterozygosity was 0.810. Thus, in three breeds of Ukrainian selection for 6 loci of microsatellite DNA with tetranucleotide repeat, the level of actual heterozygosity was in the range of 0.680 in animals of Poltava meat breed to 0.860 in animals of Myrhorod breed. The level of expected heterozygosity is 0.730 in animals of Poltava meat breed to 0.810 in Myrhorod breed. The high level of heterozygosity, as well as the average number of alleles per locus allows to search for alleles and genotypes associated with the adaptability of animals in breeds of pigs of Ukrainian selection.

Key words: pigs, microsatellite loci, genome, average number of alleles, level of heterozygosity, population, variability.

УДК 636.4.082.26:575.113

doi 10.37143/0371-4365-2021-75-76-05

ВСТАНОВЛЕННЯ ПРАМАТЕРИНСЬКИХ ПОРІД У ФІНАЛЬНИХ ГІБРИДАХ СВИНЕЙ З ВИКОРИСТАННЯМ ПОЛІМОРФІЗМУ МІТОХОНДРІАЛЬНОГО ГЕНОМУ

Є. О. Будаква,¹ К. Ф. Почерняєв¹, С. М. Корінний¹, М. Г. Повод²

¹Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН
вул. Шведська Могила 1, м. Полтава, Україна, 36013

²Сумський національний аграрний університет
вул. Герасима Кондратьєва 160, м. Суми, Україна, 40000

Метою даної роботи було визначення походження свиней фінального гібрида (велика біла × ландрас) × Махгро за допомогою мітохондріальних ДНК-маркерів. У якості генетичного матеріалу використовували щетину з вушної раковини свиней (велика біла × ландрас) × Махгро. Виділення ДНК проводили за методикою Корінного С. М. та ін. 2005 р., з використанням іонообмінної смоли Chelex - 100. Для аналізу мітохондріального геному був використаний метод поліморфізму довжин рестриктних фрагментів ампліфікованих у ПЛР (Polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism – PCR-RFLP). Аналізу підлягають ділянки D-петлі мітохондріального геному свині розміром 428 пар нуклеотид (з сайтами розпізнавання *Tas 1* у позиціях 15558, 15580, 15616, 15714, 15758). Порівняння успадкованого по материнській лінії рестриктних фрагментів у породі дозволило отримати достовірну інформацію походження експериментально досліджуваної вибірки свиней фінального гібрида (n=15) від ТОВ НВП “Глобинський свинокомплекс”, м. Глобино, Полтавська обл., Україна. Лабораторне дослідження проводили на базі Інституту свинарства і АПВ НААН

Будаква Єлизавета Олександрівна, мол. наук. співр. лаб. генетики,

e-mail: budakvavelyzaveta@gmail.com,

<https://orcid.org/0000-0001-5941-1953>

Почерняєв Костянтин Федорович, д. с.-г. наук, зав. відділу фізіології та здоров'я тварин,

e-mail: k.f.pochernyaev@gmail.com,

<https://orcid.org/0000-0001-9973-6429>

Корінний Сергій Миколайович, к. с.-г. н., с. н. с, ст. наук. співр. лаб. генетики,

e-mail: korinny_sergey@ukr.net,

<https://orcid.org/0000-0002-1649-3079>

Повод Микола Григорович, доктор с.-г. наук, професор кафедри технології кормів і годівлі тварин,

e-mail: nic.pov@ukr.net,

<https://orcid.org/0000-0001-9272-9672>

України в лабораторії генетики. Шляхом аналізу нуклеотидних послідовностей було визначено та експериментально досліджено один мономорфний сайт в позиції 15558 п.н. та три поліморфних сайти в позиціях 15580, 15616 та 15758 для ендонуклеази *Tas I* (\downarrow AATT). Для систематизації комбінацій рестриктних фрагментів мітохондріальної ДНК було визначено три породоспецифічних мітохондріальних гаплотипів у експериментально досліджуваній вибірці гібридних свиней ($n=15$). В результаті отриманні гаплотипи досліджуваної популяції свиней (велика біла \times ландрас) \times Махgro за мітохондріальними ДНК-маркерами: 4 тварини з гаплотипом С - ландрас, гемпшир, уельс, підвид дикої свині (Україна, Польща); 5 свиней мають мітохондріальний гаплотип N – велика біла (азійський тип), беркшир, азійська дика свиня; 6 свиней з мітохондріальним гаплотипом O – ландрас, підвиду дикої свині, (Скандинавія).

Одержані результати вказують на те, що двопородні свиноматки були результатом прямого (велика біла \times ландрас) та реципрокного схрещування (ландрас \times велика біла). За прикладом розробленої систематизації комбінацій рестриктних фрагментів Почерняєвим К. Ф. у перспективі пропонуємо створити базу референтних гаплотипів мітохондріальної ДНК свиней фінального гібрида (велика біла \times ландрас) \times Махgro. Буде використовуватись у майбутніх дослідженнях для реконструкції демографічної історії комерційних порід гібридних свиней зарубіжної селекції. Робота виконана за підтримки Національної академії аграрних наук України 31.01.00.07.Ф. «Дослідити плейотропний ефект генів, SNP яких використовують в маркер-асоційованій селекції свиней». ДР № 0121U109838.

Ключові слова: мітохондріальна ДНК, D-петля, свині, фінальний гібрид, (велика біла \times ландрас) \times Махgro, гаплотип, гаплогрупа, ПЛР–ПДРФ, селекція, походження.

Вступ. На сучасному етапі методи молекулярної генетики знайшли широке використання у вивченні генетичного біорізноманіття, походження та історії створення порід свиней. Дослідження процесів доместикації є найбільш затребуваним методом для дослідження аналізу поліморфізму послідовності мітохондріальної ДНК – (мтДНК) [1, 2]. Мітохондрії – двомембранна органела, присутня у більшості клітин еукаріот. Переважна частина генів необхідних для утворення і функціонування мітохондрій знаходиться в ядрі і лише незначна генетична інформація цих білків зберігається в самих мітохондріях у вигляді мітохондріальної ДНК. У свиней мітохондріальний геном представлений мітохондріальною ДНК, яка являє собою кільцеву молекулу розміром 16,5 тисяч пар нуклеотидів. Мітохондріальний геном містить всього 37 генів: 13 що кодують білки дихального ланцюгу, 22 генів тРНК, 2 гени рРНК (16S рРНК і 12S рРНК) та варіабельної області – D-петлі [3–6]. Найбільш варіабельною частиною мітохондріального геному є некодуюча ділянка, яка отримала назву D-петля. Поліморфізм ДНК на цій ділянці визначає специфічну послідовність яка у значній мірі характеризує мітохондріальний геном окремого організму – гаплотип. Через те, що рекомбінаційні процеси у мітохондріальному геномі відсутні він успадковується по материнській лінії у вигляді одного гаплотипу [5]. У певній популяції диких свиней чи породі свійських тварин існують різні гаплотипи, які в сумі утворюють характерну для породи гаплогрупу. Лише використання маркерів мітохондріальної ДНК дозволяє визначити, яка кількість материнських ліній з специфічними гаплотипами приймала участь у створенні породи і формуванні її гаплогрупи. Також можливо виявити дикі підвиди предків, які були основою

одомашнення, а згодом матеріалом для селекційної роботи з удосконалення господарських якостей та закріплення породо-специфічних ознак. Наприклад, таким чином було підтверджено, що свині породи йоркшир у Канаді та США є прямими нащадками англійської великої білої породи [7], яка є найбільш розповсюдженою комерційною породою свиней у світі [8]. Свиноматки великої білої породи використовуються в системі гібридизації у якості материнських ліній через високу швидкість росту, конверсію корму та меншим відкладенням жиру, а головне кількістю живонароджених поросят та масою гнізда [9]. Визначити, чи успадковуються мітохондріальні гаплотипи свиноматок вихідних порід при складних схемах гібридизації, зокрема у молодняку свиней фінального гібрида (велика біла×ландрас)×Махго стало метою нашої роботи.

Метою дослідження було визначення походження молодняку свиней фінального гібрида (велика біла×ландрас)×Махго з використанням поліморфізму довжин рестриктних фрагментів мітохондріальної ДНК.

Матеріали та методи досліджень. Для дослідження були використані свині фінального гібрида велика (біла×ландрас)×Махго ($n=15$) із загальної вибірки ($n=175$) від ТОВ НВП “Глобинський свинокомплекс”, м. Глобино, Полтавська обл., Україна. Із зразків щетини з використанням іонообмінної смоли Chelex-100 була виділена ДНК [10]. ПЛР-ампліфікацію фрагменту *D* - петлі, що знаходиться між позиціями 15558 – 15758 мітохондріального геному, проводили на ампліфікаторі ТЕРЦИК-2 (ДНК-Технології, Росія) з використанням олігонуклеотидних праймерів: прямого – МІТПРО2F *CATACAATATGTGACCCCAAA*, та зворотного – МІТПРОR *GTGAGCATGGGCTGATTAGTC*, з концентраціями 258,2 μmol та 233.6 μmol відповідно. Для ПЛР-ампліфікації використовували набір реагентів (Thermo Scientific™). Аліквоту продукту ПЛР (4 мкл) гідролізували ендонуклеазою *TasI* (Thermo Scientific™). Продукти ампліфікації й гідролізу ДНК аналізували у 8 % поліакриламідному гелі в електрофорезному буфері 1×ТВЕ. Як маркер молекулярної маси використовували ДНК плазмиди *pBR322 DNA/Msp I*. Візуалізацію продуктів ампліфікації та рестрикції здійснювали шляхом фарбування бромистим етидієм і фотографуванням на транслюмінаторі в ультрафіолетовому світлі (MicroDOC Gel Documentation Digital camera with UV Transilluminator, Cleaver Scientific).

Результати дослідження та їх обговорення. В позиції мітохондріального геному свині 15558 у досліджених тварин було визначено один мономорфний сайт рестрикції ендонуклеази *TasI* ($\downarrow AATT$). Інші можливі сайти рестрикції ендонуклеази *TasI* серед досліджених свиней виявилися поліморфними в позиціях мітохондріального геному свині 15580, 15616 та 15758 п.н. Кожний складений з окремих частин дискретний набір рестриктних фрагментів ДНК характеризував певний мітохондріальний гаплотип (рис.1, 2).

Свині № 1, 3, 4, 9, 10, 11 – мають мітохондріальний гаплотип N - велика біла (азійський тип), беркшир, азійська дика свиня; № 2, 6, 7, 8 – з гаплотипом С - ландрас, гемпшир, уельс, підвид дикої свині (Україна, Польща); № 5, 12, 13, 14, 15 - з мітохондріальним гаплотипом О – ландрас, підвиду дикої свині, (Скандинавія) (рис.1, 2).

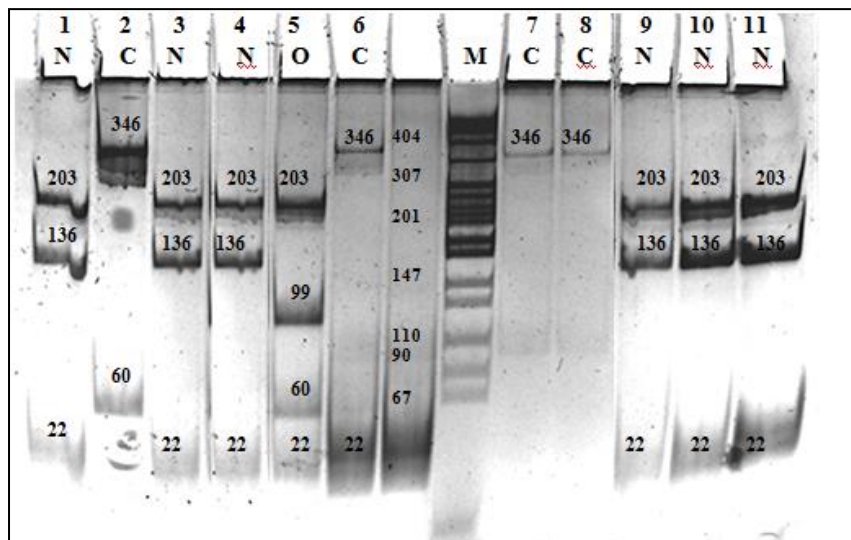


Рис.1. Результати електрофоретичного фракціонування у 8 % ПААГ ампліфікованої у ПЛР та гідролізованої з використанням ендонуклеази *Tas I* мітохондріальної ДНК свиней фінального гібриду (ВБ×Л)×Maxgro: М – маркер молекулярної маси pBR322 DNA/*Msp I*.

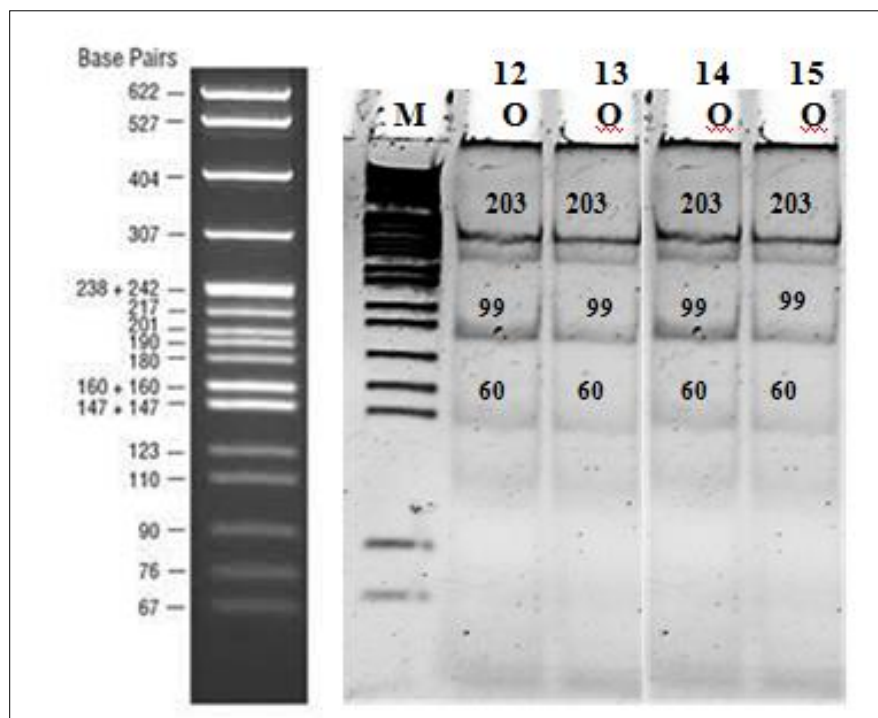


Рис.2. Результати електрофоретичного фракціонування у 8 % ПААГ ампліфікованої у ПЛР та гідролізованої з використанням ендонуклеази *Tas I* мітохондріальної ДНК свиней фінального гібриду (ВБ×Л)×Maxgro: М – маркер молекулярної маси pBR322 DNA/*Msp I*.

Використання цього способу аналізу, серед дослідженої вибірки гібридних свиней було визначено 3 гаплотипи. Згідно методичних рекомендацій «Використання мітохондріальних ДНК-маркерів для контролю достовірності походження генеалогічних структур свиноматок» [11], гаплотипам було присвоєно позначення латинськими прописними літерами (у дужках дискретний набір

рестриктних фрагментів ДНК): *N* - (203/136/22); *C* - (346/60/22); *O* - (203/99/60/22) (табл.1).

Таблиця 1. Мітохондріальні гаплотипи визначені у вибірці ($n=15$) свиней фінального гібрида (велика біла×ландрас)×Махрго визначених із залученням 6 одонуклеотидних поліморфізмів

Нуклеотидні позиції мітохондріального геному за послідовністю Accession: AJ002189.1						Рестриктні фрагменти мтДНК в парах нуклеотидів	Мітохондріальні гаплотипи	D-петля мтДНК
15558	15580	15758	15714	15758	15917	203/136/22	<i>N</i>	NC_000845.1
15558	15580	15616	15714	15758	15917	346/60/22	<i>C</i>	
15558	15580	15616	15714	15758	15917	203/99/60/22	<i>O</i>	

Вважається, що усі нащадки походять від однієї високопродуктивної родоначальниці та повторюють її мітохондріальний гаплотип, що допомагає встановити родоначальницю усіх нащадків в ряді поколінь [12]. Визначені мітохондріальні гаплотипи характерні для порід велика біла та ландрас дозволили встановити праматеринські породи навіть при складних схемах гібридизації, зокрема у товарного молодняка свиней фінального гібрида (велика біла×ландрас)×Махрго.

Нуклеотидні заміни в послідовностях генів мітохондріального дихального ланцюга є однією з причин різного функціонального стану мітохондрій. Як при чистопородному розведенні так і при гібридизації, мітохондріальні гаплотипи будуть стійко успадковуватись і потенційно можуть бути генетичним маркером специфічного набору генів мітохондріального дихального ланцюга. Таким чином, різні мітохондріальні гаплотипи, потенційно можуть забезпечувати певні результати продуктивності гібридних свиней. Тобто, відсутність рекомбінаційних процесів мітохондріального геному дозволяє у незмінній формі успадковувати нащадками селекційних ознак, що робить можливим гарантований прояв фенотипових ознак у фінальних гібридах. Тому, для прийняття аналітичного рішення селекції вихідних спеціалізованих ліній, важливо визначити, які саме гаплотипи мітохондріальної ДНК у досліджуваній популяції гібридних свиней асоційовані з бажаними ознаками відгодівельної та м'ясної продуктивності.

Отже, багатосайтова система з визначення мітохондріальних гаплотипів свиней, дала змогу визначати серед гібридних свиней три мітохондріальні гаплотипи. Підтверджено, що у системі гібридизації була використана материнська форма великої білої породи з гаплотипом *N*. На нашу думку, у якості припущення, наявність гаплотипу *O* та *C* пояснюється використанням свиноматок породи ландрас для одержання двопородних свиноматок. Особлива цінність виконаних досліджень полягає у тому, що інформацію від ТОВ НВП «Глобинський свинокомплекс», щодо використання реципрокного схрещування (ландрас×велика біла) було отримано тільки після завершення генетичного дослідження, тобто мова йде про ідентифікацію конкретних тварин для встановлення праматеринських порід за допомогою мітохондріальних ДНК-маркерів. Ідентифікація тварин передбачена згідно Закону України «Про племінну справу у тваринництві», що

передбачає проведення генетичної експертизи ідентифікації тварин лабораторними методами з метою контролю достовірності їх походження. У контексті даної статті під поняттям «походження» є віднесення тварин до певних порід за материнською лінією, що і було предметом нашого дослідження. Для гібридизації батьківської форми створюють методами диференційованої селекції з перевагою на скороспілість, високі відгодівельні та м'ясні якості, резистентність приплоду. За звичай, ландрас використовують як батьківську породу. У зв'язку з цим, отримані результати вимагають подальших досліджень.

Висновки. Результати проведеного нами дослідження дозволяють зробити наступні висновки:

1. Використання мітохондріальних ДНК-маркерів дозволило визначити материнські породи, що використовуються при створенні фінального гібриду свиней (велика біла×ландрас)×Махгро на ТОВ НВП “Глобинський свинокомплекс”.

2. Серед дослідженої вибірки гібридних свиней визначені специфічні мітохондріальні гаплотипи *C* і *O* та гаплотип *N*, що дозволяють ідентифікувати праматеринські породи ландрас і велика біла відповідно.

3. Отримані дані щодо походження тварин фінального гібриду дозволяють стверджувати, що двопородні свиноматки були результатом прямого (велика біла×ландрас) та реципрокного схрещування (ландрас×велика біла).

4. Встановлено, що поліморфізм мітохондріального геному є об'єктивним маркером з визначення породної належності тварин отриманих навіть за складних схем гібридизації.

Перспективи подальших досліджень. На нашу думку важливо на початковому етапі селекційної роботи визначити асоціації гаплотипів мітохондріальної ДНК у досліджуваній популяції гібридних свиней для вивчення історії створення комерційних свиней зарубіжної селекції, визначити, які бажані корельовані ознаки відгодівельної та м'ясної продуктивності у поєднанні з запахом кнура варто поліпшувати або закріплювати не лише материнської основи (велика біла), а і батьківської відповідно (термінальна лінія Махгро). Адже, міжвидова гібридизація підвидів диких популяцій та одомашнених свиней призвела до формування сучасних різноманітних гаплотипів комерційних свиней, які викликають бажаний фенотиповий ефект.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Fumihito A, Miyake T, Sumi S, Takada M, Ohno S, Kondo N. One subspecies of the red junglefowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 1995. Vol. 91(26). P. 12505–12509. doi: 10.1073/pnas.91.26.12505.

2. Niu T., Qin Z. S., Xu X., Liu J. S. Bayesian Haplotype Inference for Multiple Linked Single-Nucleotide Polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*. 2002. Vol. 70(1). P. 157–169. doi: 10.1086/338446

3. Liu H., Wang J., Wang D., Kong M., Ning C., Zhang X., Xiao J., Zhang X., Liu J., Zhao X. Cybrid Model Supports Mitochondrial Genetic Effect on Pig Litter Size. *Frontiers in Genetics*. 2020. Vol. 11. P. 1–10. doi: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.579382>

4. Колосова М. А., Бакоев Н. Ф., Колосов А. Ю., Гетманцева Л. В. Изучение гена COX2 мтДНК свиней различного происхождения. *Международный научно-исследовательский журнал*. Екатеринбург, 2019. № 1(79). Ч. 2. С. 1013. doi: 10.23670/IRJ.2019.79.1.030

5. Te-Sha Tsai, Sriram Rajasekar, Justin C. St. John. (2016). The relationship between mitochondrial DNA haplotype and the reproductive capacity of domestic pigs (*Sus scrofa domestica*). *BMC Genetics*. 2016. Vol. 17. Is. 67. P. 1–17. doi: 10.1186/s12863-016-0375-4
6. Ka Yu Yeung, Adam Dickinson, Jacqueline F Donoghue, Galina Polekhina, Stefan J White, Dimitris K Grammatopoulos, Matthew McKenzie, Terrance G Johns, Justin C St John. The identification of mitochondrial DNA variants in glioblastoma multiforme. *Acta Neuropathologica Communications*. 2014. Vol. 2. Is.1. P. 2–21. doi: 10.1186/2051-5960-2-1
7. Guanghui Yu, Xiang H., Wang J., Zhao X. The phylogenetic status of typical Chinese native pigs: analyzed by Asian and European pig mitochondrial genome sequences. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2013. Vol. 4. № 9. doi: 10.1186/2049-1891-4-9
8. Origin and history of livestock diversity. *The second report on the state of the world's Animal Genetic Resources for food and agriculture* / edited by B. D. Scherf, D. Pilling; FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome, 2015. 1 Section A, P. 5–16. URL: <https://www.fao.org/3/i4787e/i4787e.pdf> (date of access: 18.02. 2021).
9. Getmantseva L., Bakoev S., Bakoev N., Karpushkina T., Kostyunina O. Mitochondrial DNA Diversity in Large White Pigs in Russia. *Animals*. 2020. Vol. 10. Is. 8. Special Issue “Animal Genetics and Livestock Production: The Biodiversity Challenge”. P. 1365. doi: 10.3390/ani10081365
10. Корінний С. М., Почерняєв К. Ф., Балацький В. М. Шерсть тварин як зручний об'єкт виділення ДНК для аналізу за допомогою ПЛР. *Ветеринарна біотехнологія*. 2005. № 7. С. 80–83.
11. Почерняєв К. Ф., Березовський М. Д. Використання мітохондріальних ДНК-маркерів для контролю достовірності походження генеалогічних структур свиноматок. *Методичні рекомендації*. Полтава, 2014. С. 24–27.
12. Ломако Д. М., Почерняєв К. Ф., Близнюченко А. Г. Маркирование семейства свиноматок по гаплотипам митохондриальной ДНК. *Вісник аграрної науки Причорномор'я* / Миколаїв. нац. аграр. ун-т. Миколаїв, 2006. Вип. 3. Т. 2. С. 71–74.

REFERENCES

1. Fumihito, A, Miyake, T, Sumi, S, Takada, M, Ohno, S, & Kondo, N. (1995). One subspecies of the red junglefowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91(26), 12505–12509. doi: 10.1073/pnas.91.26.12505
2. Niu, T., Qin, Z. S., Xu, X., & Liu, J. S. (2002). Bayesian Haplotype Inference for Multiple Linked Single-Nucleotide Polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* 70(1), 157–169. doi: 10.1086%2F338446
3. Liu, H., Wang, J., Wang, D., Kong, M., Ning, C., Zhang, X., Xiao, J., Zhang, X., Liu, J., & Zhao, X. (2020). Cybrid Model Supports Mitochondrial Genetic Effect on Pig Litter Size. *Frontiers in Genetics*, 11, 1–10. doi: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.579382>
4. Kolosova, M. A., Bakoev, N. F., Kolosov, A. Yu., & Getmantseva, L. V., (2029). Izuchenie gena SOH2 mtDNK svinej razlichnogo proishozhdenija [Study of mitochondrial COX2 DNA gene of pigs of different origin]. *Mezhdunarodnyj nauchno-*

issledovatel'skij zhurnal. [International research journal]. Ekaterinburg, 1(79), 2, 10–13. doi: 10.23670/IRJ.2019.79.1.030 [in Russian].

5. Te-Sha Tsai, Sriram Rajasekar, Justin C. St. John. (2016). The relationship between mitochondrial DNA haplotype and the reproductive capacity of domestic pigs (*Sus scrofa domestica*). *BMC Genetics*. 17(67). 1–17. doi: 10.1186/s12863-016-0375-4.

6. Yeung, Ka Yu., Dickinson, A., Donoghue, J. F., Polekhina, G., White, S. J., Grammatopoulos, D. K., McKenzie, M., Johns, T. G., & John, J. C. St. (2014). The identification of mitochondrial DNA variants in glioblastoma multiforme. *Acta Neuropathologica Communications*, 2(1), 2–21. doi: 10.1186/2051-5960-2-1.

7. Yu, G., Xiang, H., Wang, J., & Zhao, X. (2013). The phylogenetic status of typical Chinese native pigs: analyzed by Asian and European pig mitochondrial genome sequences. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 4(9). doi: 10.1186/2049-1891-4-9

8. Origin and history of livestock diversity In Scherf, B. D., Pilling; D. (ed.) (2015). *The second report on the state of the world's Animal Genetic Resources for food and agriculture*. Rome: FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments, 1 Section A, 5–16. Retrieved from <https://www.fao.org/3/i4787e/i4787e.pdf>

9. Getmantseva, L., Bakoev, S., Bakoev, N., Karpushkina, T., & Kostyunina, O. (2020). Mitochondrial DNA Diversity in Large White Pigs in Russia. *Animals*, 10(8), Special Is. “Animal Genetics and Livestock Production: The Biodiversity Challenge”, 1365. doi: 10.3390/ani10081365

10. Korinnyi, S. M., Pochernyaev, K. F., & Balatsky, V. M. (2005). Sherst' tvaryn yak zruchnyi ob'ekt vydilennia DNK dlia analizu za dopomohoiu PLR [Animal fur as a convenient object of DNA isolation for PCR analysis]. *Veterinary biotechnology*, 7, 80–83 [in Ukrainian].

11. Pochernyaev K. F., Berezovsky M. D. (2014). The use of mitochondrial DNA markers to control the authenticity of origin of genealogical structures of sows. *Methodical recommendations*. 2014; 24–27. [in Ukrainian].

12. Lomako, D. M., Pochernyaev, K. F., & Bliznyuchenko, A. G. (2006). Markyrovanye semeystva svynomatok po haplotypam mytokhondryal'noy DNK [Marking of a family of sows by mitochondrial DNA haplotypes]. *Bulletin of Agrarian Science of the Black Sea Region*, 3(2), 71–74. Retrieved from <http://visnyk.mnau.edu.ua/> [in Russian].

DETERMINING PROMATERNAL BREEDS IN THE FINAL HYBRIDS OF PIGS USING MITOCHONDRIAL GENOME POLYMORPHISM

Ye. O. Budakva¹, K. F. Pochernyaev¹, S. M. Korinnyi¹, M. G. Povod²

¹*Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production NAAS*

Shvedska Mohyla Str., 1, Poltava, Ukraine, 36013

²*Sumy National Agrarian University*

Herasyma Kondratieva Str., 160, Sumy, Ukraine, 40000

The purpose of this work was to determine the origin of pigs of the final hybrid (Large White×Landrace)×Maxgro using mitochondrial DNA markers. Bristle from the auricle of pigs (Large White×Landrace)×Maxgro was used as genetic material. DNA isolation was carried out according to the method of S. M. Korinnyi et al. 2005, using the Chelex - 100 ion exchange resin. The method of PCR-amplified restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) was used to analyze the mitochondrial genome.

Sections of the D-loop of the pig mitochondrial genome with a size of 428 nucleotide pairs (with *Tas I* recognition sites at positions 15558, 15580, 15616, 15714, 15758) are subject to analysis. The comparison of maternally inherited restriction fragments in the breed made it possible to obtain reliable information about the origin of the experimentally studied sample of pigs of the final hybrid ($n=15$) from LLC "Globynsky Slynocompleks", Globyno, Poltava Region, Ukraine. The laboratory research was carried out on the basis of the Institute of Pig Breeding and AIP of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine in the laboratory of genetics. By analyzing nucleotide sequences, one monomorphic site at position 15558 bp and three polymorphic sites at positions 15580, 15616, and 15758 were identified and experimentally studied for endonuclease *Tas I* (\downarrow AATT). To systematize the combinations of restriction fragments of mitochondrial DNA, three breed-specific mitochondrial haplotypes were determined in the experimentally studied sample of hybrid pigs ($n=15$). As a result it was obtained the haplotypes of the studied pig population (Large White \times Landrace) \times Maxgro according to mitochondrial DNA markers: 4 animals with haplotype C - Landrace, Hampshire, Wales, a subspecies of wild pig (Ukraine, Poland); 5 pigs have mitochondrial haplotype N – the Large White (Asian type), Berkshire, the Asian wild boar; 6 pigs with mitochondrial haplotype O are Landraces, a subspecies of wild boar (Scandinavia).

The obtained results indicate that two-breed sows were the result of direct the (Large White \times Landrace) and reciprocal crossing (Landrace \times Large White). Based on the example of the developed systematization of the combination of restriction fragments by Pocherniaev K. F., in the future it is proposed to create a database of reference haplotypes of mitochondrial DNA of pigs of the final hybrid (Large White \times Landrace) \times Maxgro. It will be used in future studies to reconstruct the demographic history of commercial breeds of hybrid pigs of foreign selection. The work was carried out with the support of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine 31.01.00.07.F. "To investigate the pleiotropic effect of genes whose SNPs are used in marker-associated selection of pigs." SR No. 0121U109838.

Key words: mitochondrial DNA, D-loop, pigs, final hybrid, (Large White \times Landrace) \times Maxgro, haplotype, haplogroup, PCR-PDRF, selection, origin.