

УДК 636.2.034 / 57.087.01

DOI <https://doi.org/10.32782/2226-0099.2024.138.39>

## ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ *ESR1\_INTRON 3 (PvuII)* ТА ЙОГО ЗВ'ЯЗОК ІЗ БАГАТОПЛІДНІСТЮ СВИНЕЙ: МЕТА-АНАЛІЗ

**Крамаренко О.С.** – к.с.-г.н., доцент,  
доцент кафедри біотехнології та біоінженерії,  
Миколаївський національний аграрний університет

**Крамаренко С.С.** – д.б.н., професор,  
професор кафедри біотехнології та біоінженерії,  
Миколаївський національний аграрний університет

Головною метою даної роботи був мета-аналіз прояву генетичного поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* та його зв'язку з багатоплідністю свиноматок в різних господарствах України. Для проведення мета-аналізу генетичного поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* свиней в різних господарствах України, нами було використано процедуру літературного пошуку на підставі пошукової системи Google Академія (<https://scholar.google.com.ua/>). Всього в аналіз було включено опубліковані раніше дані щодо 25 популяцій свиней в різних господарствах України та одна для дикого кабана. Для визначення міри асоціації між генотипом свиней за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* та відповідними оцінками ознак відтворення свиноматок, було проведено мета-аналіз для трьох парних порівнянь між субгрупами тварин на підставі їх генотипу: між генотипами AA та AB, між генотипами AA та BB та між генотипами AB та BB.

Аналіз розподілу за частотами генотипів поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* свиней в різних господарствах України свідчить про наявність суттєвої внутрішньо- та міжпородної мінливості серед досліджених тварин. В цілому, для 26-ти включених в аналіз популяцій, середня оцінка частоти алеля B складала  $0,328 \pm 0,036$ . При цьому, для тварин великої білої породи вона дорівнювала  $0,432 \pm 0,048$ , для тварин породи ландрас –  $0,246 \pm 0,075$ , а для тварин української м'ясної породи –  $0,336 \pm 0,061$ . Таким чином, була встановлена вірогідна відмінність ( $P < 0,05$ ) у відношенні частоти алеля B між тваринами великої білої породи та породи ландрас. Встановлено, що переважна кількість досліджених популяцій характеризувалася значними відхиленнями фактичного розподілу генотипів за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* від стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом. З іншого боку, всі включені до аналізу популяції тварин породи ландрас характеризувалися станом генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом. В цілому, оцінка генетичної диференціації ( $F_{ST}$ ) для 26-ти популяцій свиней різних порід, що було включено до аналізу, була суттєвою ( $+0,174$ ), що свідчить про значні відмінності у характері розподілу за частотами генотипів AA, AB та BB. Для окремих порід, для яких було можливо отримати дані по різних популяціях, ці оцінки були нижче і коливалися в межах від  $F_{ST} = +0,089$  (для популяцій свиней породи ландрас) до  $F_{ST} = +0,118$  (для популяцій свиней української м'ясної породи). Результати мета-аналізу, отримані для 8-ми окремих публікацій, свідчать про наявність вірогідного переважання свиноматок, які мали або гетерозиготний генотип AB, або гомозиготний генотип BB, над особинами генотипу AA за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* у відношенні загальної кількості поросят при народженні. При цьому, отримані результати свідчать про відсутність вірогідного зв'язку між генотипом свиноматок за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* та їх багатоплідністю.

**Ключові слова:** мета-аналіз, поліморфізм *ESR1\_intron 3 (PvuII)*, багатоплідність, свиноматки.

**Kramarenko O.S., Kramarenko S.S. The genetic polymorphism *ESR1\_intron 3 (PvuII)* and its relationship with litter size in sows: a meta-analysis**

The main goal of this work was a meta-analysis of the genetic polymorphism *ESR1\_intron 3 (PvuII)* and its relationship with the litter size of sows in different farms in Ukraine. To conduct a meta-analysis of the genetic polymorphism of *ESR1\_intron 3 (PvuII)* of pigs in different farms in Ukraine, we used the literature search procedure based on the Google Academy Web

search engine (<https://scholar.google.com.ua/>). A total of previously published data from 25 pig populations in different farms in Ukraine and one population of wild boars were included in the analysis. To determine the association between the pig genotype for *ESR1\_intron 3* (*PvuII*) polymorphism and the reproductive trait scores in sows, a meta-analysis was performed for three pairwise comparisons between subgroups of animals based on their genotype: between *AA* and *AB* genotypes, between *AA* and *BB* genotypes, and between *AB* and *BB* genotypes.

The analysis of genotype frequency distribution for *ESR1\_intron 3* (*PvuII*) polymorphism in pigs from different farms in Ukraine indicates significant within- and interbreed variation among the studied animals. Overall, for the 26 populations included in the analysis, the average frequency of the *B* allele was  $0.328 \pm 0.036$ . Specifically, for the Large White, it was  $0.432 \pm 0.048$ , for the Landrace –  $0.246 \pm 0.075$ , and for the Ukrainian Meat Breed –  $0.336 \pm 0.061$ . Thus, a significant difference ( $P < 0.05$ ) in the frequency of the *B* allele was found between the Large White pigs and Landrace sows. It was established that majority of the studied populations were characterized by significant deviations of the observed genotype distribution for *ESR1\_intron 3* (*PvuII*) polymorphism from Hardy-Weinberg equilibrium. On the other hand, all the Landrace populations included in the analysis were in Hardy-Weinberg equilibrium. Overall, the genetic differentiation ( $F_{ST}$ ) estimate for the 26 populations of different pig breeds included in the analysis was substantial ( $+0.174$ ), indicating significant differences in the distribution of *AA*, *AB*, and *BB* genotypes. For pig breeds, where data from different populations were available, these estimates were lower, ranging from  $F_{ST} = +0.089$  (for the Landrace) to  $F_{ST} = +0.118$  (for the Ukrainian Meat Breed). The results of the meta-analysis, based on 8 separate publications, indicate a significant predominance of sows with either heterozygous *AB* genotypes or homozygous *BB* genotypes over those with *AA* genotype in terms of the total number of piglets born. However, the results also show no significant relationship between sows' genotype for *ESR1\_intron 3* (*PvuII*) polymorphism and average number of piglets born alive.

**Key words:** a meta-analysis, polymorphism *ESR1\_intron 3* (*PvuII*), litter size, sows.

**Постановка проблеми.** Відповідно статистичних даних, з усього виробленого м'яса близько 45 % у Світі та, відповідно, 70 % в Україні, займає свинина. Високий рівень продуктивності галузі свинарства досягається комплексом заходів, важливішим серед яких є вдосконалення генетичного потенціалу порід [3]. Однак у свиней відмічається високий внутрішньопородний рівень поліморфізму за генами, що пов'язані із кількісними ознаками продуктивності (*QTL*-гени). Наприклад, у високоплідних свиноматок можуть народжуватися нащадки із низьким рівнем репродуктивних якостей [4].

Традиційні методи селекції, що базуються на оцінці тварин як за власною продуктивністю, так і продуктивністю нащадків, не завжди можуть забезпечити необхідний рівень генетичного прогресу. З іншого боку, нові досягнення молекулярної генетики та розробка систем генетичних маркерів, забезпечують потужний інструмент для аналізу генотипів батьківських особин, що дає змогу проводити їх відбір та підбір, на підставі об'єктивної генетичної інформації. Особливо велика увага приділяється так званим *SNP-маркерами*, що пов'язані з одонуклеотидним поліморфізмом ДНК (у структурній чи регуляторній частинах генів) та що контролюють господарсько-корисні та біологічні ознаки тварин [13].

У якості маркерів плодючості свиней використовуються наступні маркери: ген естрогенового рецептора (*ESR1*), ген бета-субодиниці фолікулостимулюючого гормону (*FSHB*), ген рецептора пролактину (*PRLR*), тощо. При цьому, найбільш широке поширення як генетичного маркера, отримав ген естрогенового рецептора (*ESR1*) [2].

Ген естрогенового рецептора (*ESR1*) локалізовано на 1-й хромосомі *Sus scrofa* (SSC1). В організмі свиноматок білки-естрогени регулюють ріст і розвиток яєчників, забезпечують дозрівання ооцитів та зміну структури матки залежно від фізіологічного стану, обумовлюють приживлюваність ембріонів, посилюють розвиток

молочної залози, стимулюють біосинтез білків, жирів та глікогену. В організмі кнурів білки-естрогени приймають участь у роботі додаткових статевих залоз та контролюють статеві рефлекси [6].

Даний ген був одним із перших генетичних маркерів, вплив якого на репродуктивні ознаки свиней було вірогідно підтверджено на початку 90-х років XX-го сторіччя. Починаючи з 1994 р. у США та країнах ЄС компанією PIC (Pig Improvement Company) було запроваджено програму селекції за допомогою маркерів (*MAS* – Marker-Associative Selection), до якої було включено, в тому числі, і ген *ESR1* (як генетичний маркер багатоплідності свиней). По теперішній час ген *ESR1* вважається одним із кращих генетичних маркерів селекції на підвищення багатоплідності свиноматок. Гормон естрогенового рецептора 1 відіграє важливу роль у протіканні головних етапів вагітності. Запліднена яйцеклітина під час свого розвитку забезпечує зростання рівня естрогену та інших гормонів, що впливають на приживлюваність ембріонів у матці. Дія естрогену реалізується через його рецептор – білок естрогенового рецептора, що кодується геном *ESR1* [4].

В 1991 році було ідентифіковано [14] наявність точкової мутації (SNP) в 3-му інтроні гена естрогенового рецептору свиней (*ESR1*) за допомогою рестриктази *PvuII*, сайтом рестрикції для якої є ділянка CAG↑CTG. При цьому було виявлено два алеля довжиною біля 4,3 тис. та 3,7 тис. п. н., відповідно. Пізніше було запропоновано новий набір праймерів, що давав можливість покращити візуалізацію результатів ПЛР-ПДРФ-аналізу. В цьому випадку алелі мали довжину 120 п. н. (алель А) та 65+55 п. н. (алель В), відповідно [15].

**Постановка завдання.** Отже, головною метою даної роботи був мета-аналіз прояву генетичного поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* та його зв'язку із багатоплідністю свиноматок в різних господарствах України.

**Матеріали і методи досліджень.** Для проведення мета-аналізу генетичного поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* свиней в різних господарствах України, нами було використано процедуру літературного пошуку на підставі пошукової системи Google Академія (<https://scholar.google.com.ua/>). Всі наукові публікації (фахові статті, збірники конференцій, автореферати дисертацій, тощо), що містили ключові слова «ген естрогенового рецептора 1», «*ESR1*», «поліморфізм *ESR1 (PvuII)*», «свині», «багатоплідність», «репродуктивні якості» або їх сполучення, були використані для створення вихідної бази даних, що містила наступні дані: порода свиней, господарство, частота генотипів, оцінки середніх арифметичних та їх статистичні помилки для ознак відтворення свиноматок залежно від генотипу (табл. 1).

Всього в аналіз було включено опубліковані раніше дані щодо 25 популяцій свиней в різних господарствах України та одна для дикого кабана (WB). В цілому в цих публікаціях було опановано результати генотипування за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* для 1478 особин.

Найбільшою кількістю як у відношенні прогенотипованих особин, так і досліджених популяцій, були представлені наступні породи свиней: велика біла (LW; 791 гол. з 10 популяцій), українська м'ясна (UM; 176 гол. з п'яти популяцій) та ландрас (LN; 134 гол. з чотирьох популяцій). Крім того, в аналіз було включено по одній популяції свиней наступних порід: велика чорна (LB), полтавська м'ясна (PM), термінальний крос алба (ALBA), уельська (WL), дюрорк (DR) та помісних велика біла × ландрас (LW × LN).

Таблиця 1

**Розподіл частот генотипів за поліморфізмом *ESR1* intron 3 (*PvuII*) свиней різних порід України (літературні дані)**

Порода/ Популяція	n	Генотип			Джерело
		AA	AB	BB	
LW1	40	3	36	1	[5]
LW2	100	25	62	13	[12]
LW3	100	12	45	43	[12]
LW4	149	97	27	25	[12]
LW5	72	10	47	15	[11]
LW6	124	25	47	52	[13]
LW7	51	28	16	7	[8]
LW8	64	40	19	5	[8]
LW9	60	28	27	5	[8]
LW10	31	8	14	9	[8]
LN1	57	23	28	6	[11]
LN2	34	30	4	0	[8]
LN3	13	8	5	0	[8]
LN4	30	12	13	5	[9]
UM1	21	4	17	0	[10]
UM2	34	10	23	1	[10]
UM3	21	5	15	1	[10]
UM4	84	68	16	0	[8]
UM5	16	3	13	0	[9]
LB	100	84	14	2	[12]
PM	100	89	7	4	[12]
ALBA	27	1	20	6	[10]
WL	55	14	39	2	[10]
DR	45	44	1	0	[8]
LW×LN	39	33	4	2	[8]
WB	11	5	6	0	[10]

Для проведення мета-аналізу нами були розраховані як частоти генотипів (AA, AB та BB), так і частоти алелів (A та B) для кожної породи та популяції на підставі методу максимальної правдоподібності, а також визначено оцінки фактичної (*ho*) та очікуваної (*he*) гетерозиготності. В якості міри генетичної диференціації між окремими популяціями та/або породами було використані F-статистики С. Райта [7].

Для визначення міри асоціації між генотипом свиней за поліморфізмом *ESR1* intron 3 (*PvuII*) та відповідними оцінками ознак відтворення свиноматок, було проведено мета-аналіз для трьох попарних порівнянь між субгрупами тварин на підставі їх генотипу: між генотипами AA та AB, між генотипами AA та BB та між генотипами AB та BB. У якості міри відмінності між парами субгруп нами було

використано оцінку стандартизованої середньої відмінності (SMD – Standardized Mean Difference) та, відповідно, було розраховано її 95 % довірчий інтервал.

Мета-аналіз було проведено із використанням он-лайн програми MetaMar (<https://www.meta-mar.com/>).

**Виклад основного матеріалу дослідження.** Аналіз розподілу за частотами генотипів поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* свиней в різних господарствах України свідчить про наявність суттєвої внутрішньо- та міжпородної мінливості серед досліджених тварин (рис. 1).

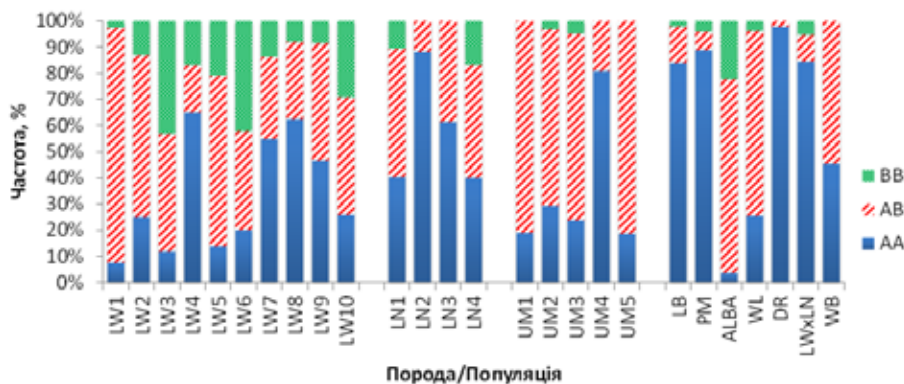


Рис. 1. Розподіл за частотами генотипів поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* свиней в різних господарствах України

Оцінка частоти генотипу AA коливалась в окремих досліджених популяціях свиней великої білої породи в межах 0,075...0,651, серед популяцій тварин породи ландрас вона коливалась в межах 0,400...0,882, а серед популяцій тварин української м'ясної породи – 0,188...0,810. Для інших досліджених порід свиней частота генотипу AA коливалась в межах від 0,037 (для термінального кросу alba) до 0,978 (для породи дюрк).

Оцінка частоти гетерозиготного генотипу АВ також суттєво варіювала як між породами, так і між окремими популяціями в межах однієї породи. Для свиней великої білої породи вона коливалась в межах 0,181...0,900, для свиней породи ландрас – 0,118...0,491, для свиней української м'ясної породи – 0,190...0,810. Для свиней інших порід частота цього генотипу коливалася від 0,022 (для породи дюрк) до 0,791 (для термінального кросу alba).

Також встановлено, що найвища частота генотипу BB було відмічено серед тварин великої білої породи (популяція LW6) – 0,419. Для семи популяцій із 26-ти проаналізованих (тобто, у 26,9 %) особин цього генотипу не було зареєстровано. У тому числі, і серед прогенотипованих особин дикого кабана.

Нами було відмічено вірогідні відмінності у відношенні розподілу генотипів AA, АВ та BB для окремих популяцій свиней (для великої білої породи:  $\chi^2 = 236,84$ ;  $df = 18$ ;  $P < 0,001$ ; для породи ландрас:  $\chi^2 = 25,69$ ;  $df = 6$ ;  $P < 0,001$ ; для української м'ясної породи:  $\chi^2 = 61,50$ ;  $df = 8$ ;  $P < 0,001$ ).

Також було встановлено значні як внутрішньо-, так і міжпородні відмінності у відношенні отриманих оцінок частот алелів А та В (рис. 2).

Так, оцінка частоти алеля В для досліджених популяцій свиней великої білої породи варіювала в межах 0,227...0,655, для популяцій свиней породи ландрас – 0,059...0,383, а для популяцій свиней української м'ясної породи – 0,095...0,406. Для інших порід, що було включено в аналіз, оцінка частоти алеля В була найнижчою для тварин породи дюрорк (0,011), а найвищою – для свиней термінального кросу alba (0,593).

В цілому, для 26-ти включених в аналіз популяцій, середня оцінка частота алеля В складала  $0,328 \pm 0,036$ . При цьому, для тварин великої білої породи вона дорівнювала  $0,432 \pm 0,048$ , для тварин породи ландрас –  $0,246 \pm 0,075$ , а для тварин української м'ясної породи –  $0,336 \pm 0,061$ .

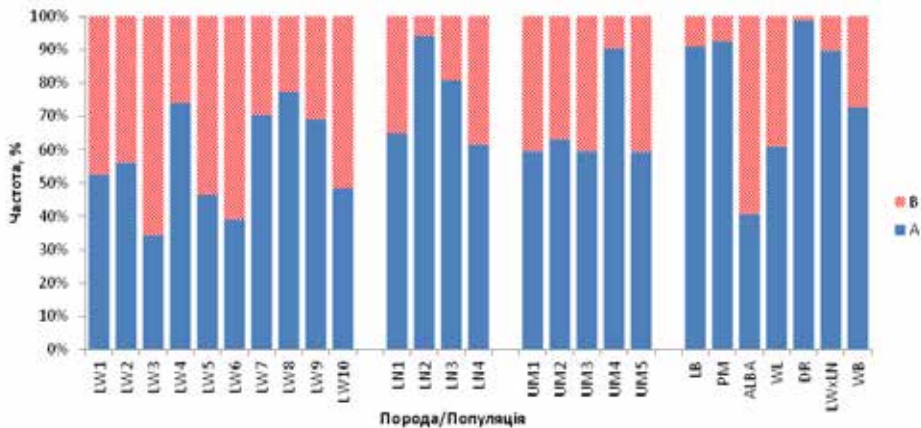


Рис. 2. Розподіл за частотами алелів А і В поліморфізму *ESR1\_intron 3 (PvuII)* свиней в різних господарствах України

Таким чином, було встановлено вірогідна відмінність ( $P < 0,05$ ) у відношенні частоти алеля В між тваринами великої білої породи та породи ландрас.

Нарешті, переважна кількість досліджених популяцій характеризувалася значними відхиленнями фактичного розподілу генотипів за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* від стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом. Також воно було відмічено для п'яти (з 10-ти досліджених) популяцій великої білої породи і, нарешті, для чотирьох (з п'яти досліджених) популяцій української м'ясної породи та майже для всіх популяцій інших порід (за виключенням тварин великої чорної породи, породи дюрорк та дикого кабана). При цьому, всі включені до аналізу популяції тварин породи ландрас характеризувалися станом генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом.

Оцінки фактичної та очікуваної гетерозиготності в стадах свиней різних порід України наведено на рис. 3.

Було встановлено, що для однієї дослідженої популяції великої білої породи (LW1) оцінка індексу інбридингу була дуже високою (-0,805), що викликано надлишком гетерозигот – в цій популяції 36 особин із 40 мали гетерозиготний генотип АВ. З іншого боку, для іншої популяції цієї ж породи (LW4) оцінка індексу інбридингу становила +0,527, що, навпаки, викликано значним дефіцитом гетерозигот – в цій популяції лише 27 особин із 149 мали гетерозиготний генотип АВ.

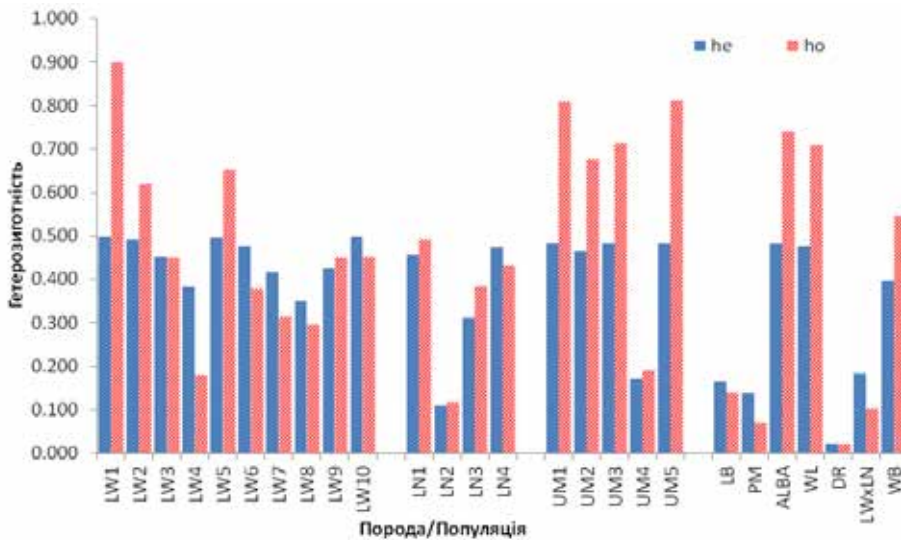


Рис. 3. Оцінки фактичної (ho) та очікуваної (he) гетерозиготності поліморфізму *ESRI\_intron 3 (PvuII)* свиней в різних господарствах України

Якщо розглядати окремі породи, то можна відмітити наступну закономірність. Для тварин великої білої породи оцінка індексу інбридингу була високою із додатним знаком (+0,126), для породи ландрас – ця оцінка була близька до нуля (+0,050), а для тварин української м'ясної породи його оцінка була відносно високою із від'ємним знаком (-0,273). Можна припустити, що ці міжпородні відмінності пов'язані із різними напрямками селекційної роботи в межах окремих порід та/або господарств (табл. 2).

Таблиця 2

**Оцінки F-статистик С. Райта за поліморфізмом *ESRI\_intron 3 (PvuII)* при різних критеріях об'єднання популяцій свиней із різних господарств України**

Критерій об'єднання	F-статистики		
	$F_{IS}$	$F_{IT}$	$F_{ST}$
10-ть популяцій великої білої породи	+0,032	+0,126	+0,098
4-и популяції породи ландрас	-0,043	+0,050	+0,089
5-ть популяцій української м'ясної породи	-0,442	-0,273	+0,118
26-ть популяцій різних порід свиней	-0,048	-0,134	+0,174

В цілому, оцінка генетичної диференціації ( $F_{ST}$ ) для 26-ти популяцій свиней різних порід, що було включено до аналізу, була суттєвою (+0,174), що свідчить про значні відмінності у характері розподілу за частотами генотипів AA, AB та BB. Для окремих порід, для яких було можливо отримати дані по різних популяціях, ці оцінки були нижче і коливалися в межах від  $F_{ST} = +0,089$  (для популяцій свиней породи ландрас) до  $F_{ST} = +0,118$  (для популяцій свиней української м'ясної породи).

При проведенні мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між субгрупами свиноматок із генотипами AA та АВ за поліморфізмом *ESR1*\_intron 3 (*PvuII*) у відношенні загальної кількості поросят при народженні було встановлено, що гетерогенність між результатами окремих досліджень була повністю відсутня ( $I^2 = 0\%$ ). На підставі цього нами було використано модель із фіксованими факторами. «Генеральна» оцінка величини *SMD* в цьому випадку складала +0,26 (із 95 % довірчим інтервалом від +0,10 до +0,42). Оскільки цей інтервал не обіймає оцінку 0, то існують вірогідні відмінності між цими двома досліджуваними субгрупами свиноматок у відношенні загальної кількості поросят при народженні (рис. 4).

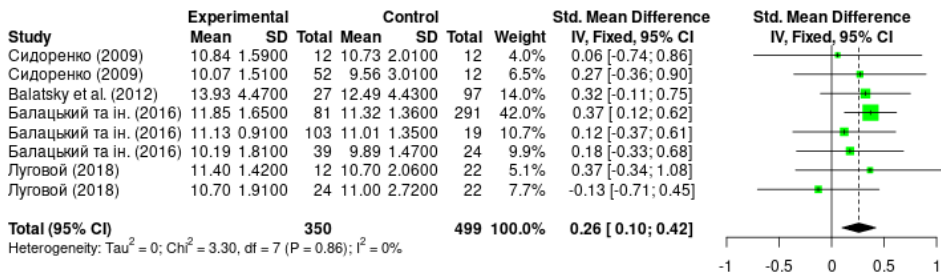


Рис. 4. Результати мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між генотипами AA та АВ поліморфізму *ESR1*\_intron 3 (*PvuII*) у відношенні загальної кількості поросят при народженні

При проведенні мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між субгрупами свиноматок із генотипами AA та BB у відношенні загальної кількості поросят при народженні було відмічено певний рівень гетерогенності ( $I^2 = 54\%$ ). Отже, для цих субгруп було використано модель із випадковими факторами. «Генеральна» оцінка величини *SMD* дорівнювала +0,37 (із 95 % довірчим інтервалом від +0,02 до +0,72). Оскільки, як і у попередньому випадку, цей інтервал не обіймає оцінку 0, можна вважати, що між цими двома досліджуваними субгрупами свиноматок у відношенні загальної кількості поросят при народженні мають місце вірогідні відмінності (рис. 5).

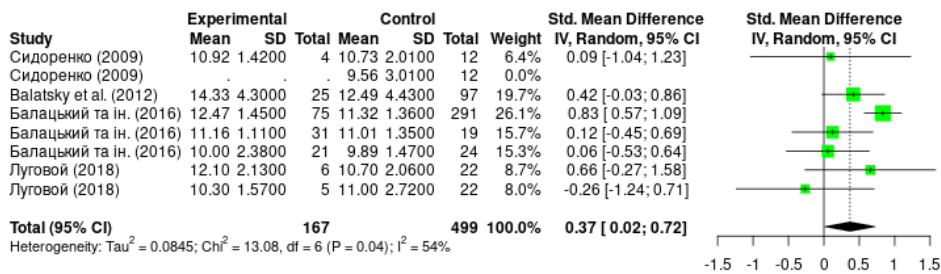


Рис. 5. Результати мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між генотипами AA та BB поліморфізму *ESR1*\_intron 3 (*PvuII*) у відношенні загальної кількості поросят при народженні



Нарешті, результати мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності у відношенні загальної кількості поросят при народженні між субгрупами свиноматок із генотипами АВ та ВВ свідчать про відсутність гетерогенності ( $I^2 = 0\%$ ) між результатами окремих досліджень, що також дозволило нам використати модель із фіксованими факторами. Для цих субгруп «генеральна» оцінка величини *SMD* складала +0,17 (із 95 % довірчим інтервалом від -0,03 до +0,36).

Оскільки цей інтервал обіймає оцінку 0, наявність вірогідних відмінностей між цими двома досліджуваними субгрупами свиноматок у відношенні загальної кількості поросят при народженні ми не можемо вважати доведеною (рис. 6).

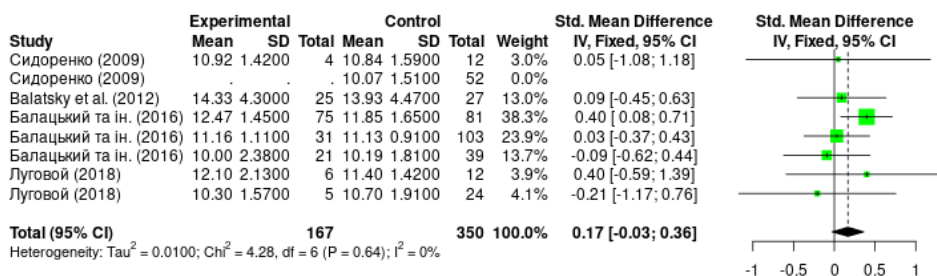


Рис. 6. Результати мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між генотипами АВ та ВВ поліморфізму *ESR1* intron 3 (*PvuII*) у відношенні загальної кількості поросят при народженні

Що стосується результатів мета-аналізу порівняння окремих субгруп свиноматок із різними генотипами на підставі оцінок багатоплідності, то для всіх пар порівняння розраховані оцінки «генеральної» середньої були близькі до нуля, що не давало підстав вважати доведеним наявність вірогідного зв'язку між генотипом свиноматок за поліморфізмом *ESR1* intron 3 (*PvuII*) та їх багатоплідністю.

**Висновки.** Аналіз розподілу за частотами генотипів поліморфізму *ESR1* intron 3 (*PvuII*) свиней в різних господарствах України свідчить про наявність суттєвої внутрішньо- та міжпородної мінливості серед досліджених тварин. В цілому, для 26-ти включених в аналіз популяцій, середня оцінка частоти алеля В складала  $0,328 \pm 0,036$ . При цьому, для тварин великої білої породи вона дорівнювала  $0,432 \pm 0,048$ , для тварин породи ландрас –  $0,246 \pm 0,075$ , а для тварин української м'ясної породи –  $0,336 \pm 0,061$ . Таким чином, було встановлена вірогідна відмінність ( $P < 0,05$ ) у відношенні частоти алеля В між тваринами великої білої породи та породи ландрас.

Встановлено, що переважна кількість досліджених популяцій характеризувалася значними відхиленнями фактичного розподілу генотипів за поліморфізмом *ESR1* intron 3 (*PvuII*) від стану генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом. З іншого боку, всі включені до аналізу популяції тварин породи ландрас характеризувалися станом генетичної рівноваги за Гарді-Вайнбергом.

В цілому, оцінка генетичної диференціації ( $F_{ST}$ ) для 26-ти популяцій свиней різних порід, що було включено до аналізу, була суттєвою (+0,174), що свідчить про значні відмінності у характері розподілу за частотами генотипів АА, АВ та ВВ. Для окремих порід, для яких було можливо отримати дані по різних популяціях, ці оцінки були нижче і коливалися в межах від  $F_{ST} = +0,089$  (для популяцій

свиней породи ландрас до  $F_{ST} = +0,118$  (для популяції свиней української м'ясної породи).

Результати мета-аналізу, отримані для 8-ми окремих публікацій, свідчать про наявність вірогідного переважання свиноматок, які мали або гетерозиготний генотип АВ, або гомозиготний генотип ВВ, над особинами генотипу АА за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* у відношенні загальної кількості поросят при народженні. При цьому, отримані результати свідчать про відсутність вірогідного зв'язку між генотипом свиноматок за поліморфізмом *ESR1\_intron 3 (PvuII)* та їх багатоплідністю.

### СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Балацький В. М., Гришина Л. П., Саєнко А. М., Вовк В. О., Ващенко П. А. Асоціація поліморфізму *ESR1* гена з репродуктивними якостями свиноматок великої білої і миргородської порід. *Розведення і генетика тварин*. 2016. Вип. 52. С. 150-158.
2. Бугаєвський В. М., Балацький В. М., Косой М. С., Онищенко Л. В. Селекція на підвищення продуктивності свиней червоної білопоясої породи за допомогою генетичних маркерів плодючості. *Наукові праці. Серія : Екологія*. 2010. Т. 132. Вип. 119. С. 62-64.
3. Коновал О. М., Костенко С. О., Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Молекулярно-генетичний аналіз генів, асоційованих із господарсько-корисними ознаками свині свійської (*Sus scrofa*). *Вісник українського товариства генетиків і селекціонерів*. 2008. Т. 6. № 2. С. 240-245.
4. Коновал О. М., Костенко С. О., Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д., Григорюк І. П. Генетична структура української популяції свиней породи велика біла за геном естроген-рецептора. *Доповіді Національної академії наук України*. 2008. № 3. С. 149-151.
5. Костенко С. О., Джус П. П., Сидоренко О. В. Підвищення якості і безпеки виробництва свинини в умовах хронічного низькодозового опромінення. *Збірник наукових праць Вінницького національного аграрного університету. Серія: Безпека продуктів харчування та технологія переробки*. 2010. Вип. 5(45). С. 172-176.
6. Костенко С. О., Сидоренко О. В. Генетичний аналіз кнурів-плідників різних порід за геном естроген-рецептор. *Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва*. 2010. Вип. 3. № 72. С. 99-102.
7. Крамаренко С. С., Луговий С. І., Лихач А. В., Крамаренко О. С. *Аналіз біометричних даних у розведенні та селекції тварин* : навчальний посібник. Миколаїв : МНАУ, 2019. 211 с.
8. Луговий С. І. *Методологія аналізу генотипу чистопородних і помісних свиней та формування їх продуктивності на основі ДНК-маркерів* : автореф. дис. д. с.-г. н. : 06.02.01. Миколаїв, 2018. 48 с.
9. Сидоренко О. В. Поліморфізм естроген-рецептора у свиноматок м'ясного напрямку продуктивності. *Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України*. 2009. Вип. 138. С. 320-326.
10. Сидоренко О. В., Костенко С. О. Популяційно-генетична структура свиней різних порід за генами рецепторів естрогену (*ESR*) і меланокортину-4 (*MC4R*). *Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія «Тваринництво»*. 2010. №. 12(18). С. 100-108.
11. Сидоренко О. В., Костенко С. О. Вплив генотипу свиноматок за геном естроген-рецептору (*ESR*) на вікову динаміку показників їх продуктивності. *Збірник наукових праць Подільського державний аграрно-технічний університету*. 2010. Вип. 18. С. 184-187.
12. Balatsky V. N., Saenko A. M., Grishina L. P. 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 and Genetics*. 2012. Vol. 46(4). P. 233-237.

13. Matiuk V. V., Saienko A. M., Usenko S. O., Khalak V. I. Polymorphism of *RYRI*, *ESR*, *MC4R* and *LEP* genes in pig micro-population of Large White breed of Ukrainian selection. *Bulletin of Poltava State Agrarian Academy*. 2020. Vol. 4. P. 150-156.

14. Rothschild M. F., Larson R. G., Jacobson C., Pearson P. *PvuII* polymorphisms at the porcine oestrogen receptor locus (*ESR*). *Animal Genetics*. 1991. Vol. 22(5). P. 448-448.

15. Short T. H., Rothschild M. F., Southwood O. I., McLaren D. G., De Vries A., Van der Steen, H., ... Plastow G. S. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *Journal of Animal Science*. 1997. Vol. 75(12). P. 3138-3142.