

УДК 575:636.4

## МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ РІЗНИХ ПОРІД СВИНЕЙ ЗА ГЕНОМ РЕЦЕПТОРА ЕСТРОГЕНУ (*ESR*)

О.В. СИДОРЕНКО, С.О. КОСТЕНКО

Національний університет біоресурсів і природокористування України  
Україна, 03041, м. Київ, вул. Генерала Родимцева, 19  
e-mail: Sydorenkoolena@mail.ru, Swetakostenko@mail.ru

*Проаналізовано генетичну структуру порід свиней великої білої, ландрас, різних типів української м'ясної, уельської та кабана дикого за геном відтворних якостей – рецептора естрогену (*ESR*). Усі досліджені породи свиней (за винятком ландрас) характеризуються високою фактичною гетерозиготністю за геном *ESR* порівняно з очікуваною ( $p < 0,001$ ). На основі кластерного аналізу порід свиней за частотами алелів гена *ESR* оцінено картину міжпородних відстаней. За генетичною дистанцією свині термінального кросу *alba* і великої білої породи найвіддаленіші від кабана дикого (відстань – 0,1987, 0,1284). Значну відстань спостерігали між дослідженими популяціями кросу *alba* та породами ландрас (0,1188) і Українська м'ясна ДСП (0,1010).*

*Ключові слова: Sus scrofa, свиня свійська, велика біла, українська м'ясна порода, ландрас, кабан дикий, уельська порода, поліморфізм, ген естрогену (*ESR*), кластерний аналіз.*

**Вступ.** Генетична структура сучасних порід та типів свині свійської динамічно змінюється під дією різних чинників, в тому числі внаслідок обміну між їхніми генофондами. Одні породи протягом тривалого часу зберігають стабільність і чисельність, інші з часом збільшують своє поголів'я та ареал розповсюдження або втрачають своє комерційне значення, стають локальними [1]. З розвитком маркер-асоційованої селекції (*MAS*) і біотехнологічних методів з'являються нові можливості для вивчення популяцій свиней. Більшість сучасних порід завдяки новим можливостям обміну селекційним матеріалом є відкритими популяціями, між якими відбувається дрейф та міграція генів. У свинарстві прикладом такої породи на території України є велика біла, генезис якої аналогічний поширеним західноєвропейським породам. Цінність свиней великої білої породи полягає в тому, що для неї характерна міцна конституція, гарні адаптаційні властивості та універсальність за більшістю продуктивних якостей. Велику білу породу використовували у відтворному схрещуванні при створенні нових порід (українська м'ясна, полтавська м'ясна, червона білопоясна та інших). На сьогодні велику білу породу широко використовують також для промислового схрещування у зв'язку з попитом на пісну свинину. В зв'язку з цим генетична структура різних порід свиней є гетерогенною. Її вивчення із використанням молекулярно-генетичних маркерів є актуальним і відкриває нові можливості для впровадження *MAS*-селекції у практику тваринництва. Особливої уваги заслугоує вивчення генів, що відповідають за продуктивні якості свиней.

© О.В. СИДОРЕНКО, С.О. КОСТЕНКО, 2011

Серед генів, що асоційовані з показниками відтворних функцій свиней, найвивченішим є ген рецептора естрогену (*ESR*), який локалізований на хромосомі 1 (р.2.5-р.2.4) [2]. Через продукт цього гена реалізується дія статевих гормонів естрогенів. Для гена *ESR* характерний поліморфізм, пов'язаний з репродуктивними якостями свиней, що обумовлений наявністю двох алелів *A* та *B*. Носії алеля *B* характеризуються кращими показниками багатоплідності [3 – 5]. Проте в науковій літературі існують протиріччя, що стосуються впливу різних генотипів гена *ESR* на продуктивні якості свиней [6].

На даний час в Україні популяційно-генетична структура свиней різних порід залишається мало вивченою. Тому метою нашої роботи був аналіз генетичної структури порід свиней великої білої, ландрас, різних типів української м'ясної, уельської та кабана дикого за одним з головних генів відтворних якостей – рецептора естрогену (*ESR*).

### Матеріали і методи

Дослідили свиней порід велика біла ( $n = 72$ ), ландрас ( $n = 57$ ), термінальна *alba* ( $n = 27$ ) СВАТ агрокомбінат «Калита», українська м'ясна центрального типу (ЦТ) ( $n = 21$ ), ДП ДГ «Еліта» Київської області, українська м'ясна харківського типу (ХТ) ( $n = 21$ ) та уельської ( $n = 55$ ), що утримують в ДП ДГ «Гонтарівка», Харківської області, українська м'ясна селекції ДСГП, ТОВ «Луговське» Дніпропетровської області. Для досліді використали всіх племінних кнурів, що утримуються в господарстві, свиноматок відбирали рендомізованим методом.

Генетичний аналіз здійснювали у відділі генетики Інституту розведення і генетики тварин НААН України. Геномну ДНК виділяли з волосяних фолікулів за допомогою комплекту реактивів «ДНК-сорб В» (Амплі-Сенс, Росія). У пробірку 1,5 мл вносили 15 – 25 волосяних фолікулів, лізис прово-

дили 2 год. Подальше виділення ДНК здійснювали відповідно до рекомендацій виробника. Генотипування свиней проводили методом ПЛР-ПДРФ (полімеразна ланцюгова реакція, поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів) за методикою, розробленою Українською лабораторією якості і безпеки продукції агропромислового комплексу НУБіП України [7]. Після ампліфікації за геном *ESR* в отриманий продукт вносили рестриктазу *Pvu II* при 37 °С, інкубували впродовж 12 – 16 год. Рестрикційні фрагменти розділяли в 4 %-ному агарозному гелі (Хелікон, Росія). Візуалізацію електрофореграм проводили на трансільюмінаторі в УФ світлі. Після дії рестриктази *Pvu II* генотип *AA* мав фрагмент розміром 120 п.н, *BB* – 65 та 55 п.н.

Статистичну обробку результатів проводили загальноприйнятими методами [8] за допомогою програмного забезпечення *Excel 2007* та *PopGen version 1.31*.

### Результати та обговорення

Частоти генотипів та алелів встановлені у свиней різних порід, за геном рецептора естрогену розміщені в таблиці 1.

За результатами наших досліджень у свиней великої білої породи частота генотипу *BB* становила 0,208, алеля *B* – 0,535. Результати генотипування свиней породи велика біла, що утримуються в різних країнах (Росії, Бразилії, Чехії та Польщі), підтверджують наявність у тварин поліморфізму за геном естроген-рецептора. Так, за даними різних дослідників частота бажаного генотипу *BB* коливається в популяціях свиней великої білої породи від 0,09 до 0,27 [9 – 15]. Встановлена нами частота генотипу *BB* у свиней, що утримують в СВАТ «агрокомбінат «Калита», підтверджує дослідження О.М. Коновал [10]. У термінального кросу *alba* частота гетерозигот (*AB*) склала 0,741, гомозигот *BB* – 0,222, частота алеля *B* – 0,593. У свиней породи ландрас частота гомозигот (*BB*)

Таблиця 1. Частоти генотипів та алелів гена *ESR* у різних порід свиней

Порода	n	Частота генотипів			Частота алелів		χ <sup>2</sup>	
		AA ± Sp	AB ± Sp	BB ± Sp	A ± Sq	B ± Sq		
Велика біла СВАТ АК «Калита»	72	Φ	0,139±0,041	0,653±0,056	0,208±0,048	0,465±0,021	0,535±0,020	47,96 ***
		О	0,216±0,048	0,286±0,053	0,498±0,059			
Термінальна <i>alba</i> СВАТ АК «Калита»	27	Φ	0,037±0,036	0,741±0,084	0,222±0,080	0,407±0,036	0,593±0,030	18,14 ***
		О	0,166±0,072	0,352±0,092	0,483±0,096			
Ландрас СВАТ АК «Калита»	57	Φ	0,404±0,065	0,491±0,066	0,105±0,041	0,649±0,019	0,351±0,025	78,01 ***
		О	0,421±0,065	0,123±0,044	0,456±0,066			
Українська м'ясна ЦТ ДП ДГ «Еліта»	21	Φ	0,190±0,086	0,810±0,086	–	0,595±0,034	0,405±0,041	65,14 ***
		О	0,354±0,104	0,164±0,081	0,482±0,109			
Українська м'ясна селекції ДСГІ, ТОВ «Луговське»	34	Φ	0,294±0,078	0,676±0,080	0,029±0,029	0,632±0,025	0,368±0,033	88,22 ***
		О	0,399±0,084	0,136±0,059	0,465±0,086			
Українська м'ясна ХТ, ДП ДГ «Гонтарівка»	21	Φ	0,238±0,093	0,714±0,099	0,048±0,047	0,595±0,034	0,405±0,041	47,73 ***
		О	0,354±0,104	0,164±0,081	0,482±0,109			
Уельська, ДП ДГ «Гонтарівка»	55	Φ	0,255±0,059	0,709±0,061	0,036±0,025	0,609±0,021	0,391±0,026	135,64 ***
		О	0,371±0,065	0,153±0,049	0,476±0,067			
Кабан дикий	11	Φ	0,455±0,150	0,545±0,150	–	0,727±0,035	0,273±0,057	37,15 ***
		О	0,529±0,151	0,075±0,079	0,397±0,148			

Примітка. \*\*\*  $p < 0,001$  (різниця між фактичним (Φ) та очікуваним (О) розподілом гетерозигот відповідно до закону Харді-Вайнберга).

становить 0,105, гетерозигот – (*AB*) 0,491, алеля *B* – 0,351. При проведенні подібних молекулярних дослідженнях в Чехії, Польщі, Бразилії та Росії не було виявлено носіїв генотипу *BB* [9, 16, 17], або його частота була низькою – 0,036 [18].

У свиней української м'ясної породи центрального типу (ЦТ) не виявлено носіїв генотипу *BB*. Не зважаючи на відсутність у породі гомозигот *BB*, наявність алелю *B* – висока (0,405). У свиней української м'ясної породи селекції ДСГІ гетерозиготних носіїв виявили – 0,676, гомозигот *BB* – 0,029, частота алеля *B* – 0,368. Свині уельської породи характеризуються частотою носіїв генотипу *BB* – 0,036, гетерозигот – 0,709, носіїв алеля *B* – 0,391. У носіїв білоруської м'ясної породи не виявили носіїв генотипу *BB* [19]. За даними О.А. Епішко, 2009 ця частота становила 0,073, а часто-

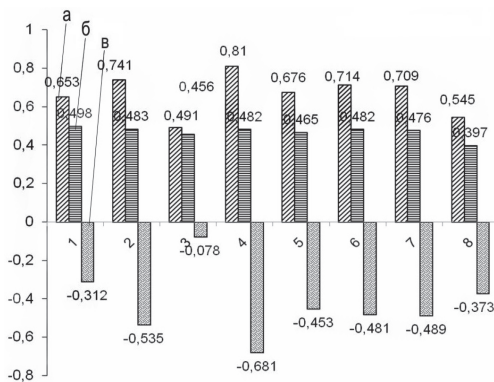
та гетерозиготних носіїв коливалась від 0,235 до 0,315 [20].

Досліджуючи кабана дикого ми не виявили носіїв генотипу *BB*, частота генотипів *AB* та *AA* становила 0,455 і 0,545, відповідно, частота алеля *B* – 0,273. Наявність у популяції диких свиней поліморфізму гена *ESR* може бути результатом міграції алеля *B* від свійських свиней після створення великої білої породи, якщо прийняти гіпотезу, згідно якої мутація виникла у багатоплідних свиней китайської породи мейшан і була розповсюджена завдяки великій білій породі, при створенні якої використовували китайських свиней. Оскільки тварини-носії алеля *B* мають перевагу за репродуктивними якостями, можна припустити їхню більшу конкурентну здатність у популяціях порівняно з тваринами-носіями алеля *A*. М. Ernst зі співавторами досліджуючи два підвиди диких кабанів

*Sus scrofa scrofa* та *Sus scrofa attila*, не виявили носіїв алеля *B* [18]. За даними Е.А. Гладырь та ін., в Росії визначили генотипи за геном *ESR* 38 диких кабанів європейських та азійських популяцій. Виявлено, що частота алеля *B* в обох популяціях кабанів становила – 0,278 в європейській та 0,364 в азійській [21].

Аналіз відповідності отриманих нами частот до розподілу згідно закону Харді-Вайнберга свідчить про те, що всі досліджені породи свиней за геном *ESR* мають достовірно високу частоту гетерозигот ( $p < 0,001$ ). Це свідчить про порушення генетичного балансу популяцій в результаті взаємодії різних стохастичних закономірностей і тиску штучного добору.

Оцінка гетерозиготності є актуальною в популяційно-генетичних дослідженнях. Для її характеристики розраховують індекс фіксації Райта ( $F_{is}$ ), що відображає інбридинг субпопуляції відносно цілої популяції (рис. 1). Мутаційний процес, різні цілі добору, дрейф генів, не випадкове схрещування та інші чинники популяційної динаміки можуть суттєво впливати на гетерозиготність популяцій.

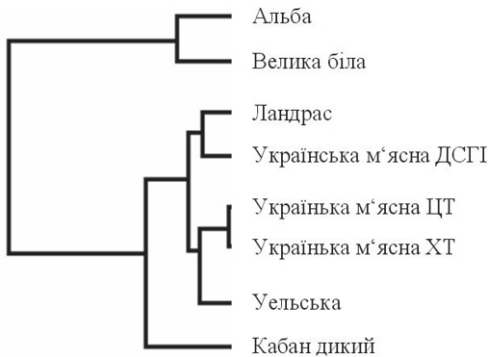


**Рис. 1.** Гетерозиготність свиней різних порід за геном *ESR*: а – фактична гетерозиготність (НО); б – очікувана гетерозиготність (НЕ); в – індекс фіксації (FIS); 1 – велика біла; 2 – термінальна *alba*; 3 – ландрас; 4 – українська м'ясна ЦТ; 5 – українська м'ясна селекції ДСПІ; 6 – українська м'ясна ХТ; 7 – уельська; 8 – кабан дикий

Усі досліджені нами породи свиней (за винятком ландрас) характеризуються високою фактичною гетерозиготністю за геном *ESR* порівняно з очікуваною ( $p < 0,001$ ). Це підтверджує розрахований індекс фіксації Райта, який є від'ємним. Високу гетерозиготність у досліджених популяціях можна пояснити селекційною роботою, спрямованою на отримання ефекту гетерозису: використання міжлінійних гібридів як плідників. Досліджені нами кнури в переважній більшості є гетерозиготами.

У тварин породи ландрас ми спостерігаємо збалансованіші показники фактичної та очікуваної гетерозиготності порівняно з іншими дослідженими нами популяціями. У дослідженій нами популяції породи ландрас розподіл генотипів відповідає закону Харді-Вайнберга. Це може свідчити про те, що на характер схрещувань між тваринами не впливав підбір носіїв певних генотипів. У цій популяції співвідношення між алельними варіантами гена *ESR* приблизно однакове (3:1) з відповідним співвідношенням у диких тварин. Тобто у породі ландрас практично зберігається архетип поділу алельних варіантів гена *ESR*. Можна припустити, що в популяції породи існують інші поліморфні гени, алелі яких залучаються до добору за репродуктивними якостями. На прояв певних генотипів може також впливати породоспецифічне генотипове середовище. Цим можна пояснити те, що одні і ті ж самі генотипи у тварин різних порід мають неоднаковий фенотипічний прояв.

На основі кластерного аналізу порід свиней за частотами алелів гена *ESR* методом UPGMA оцінено картину міжпородних відстаней (рис. 2). Усі досліджені породи розподілилися на два основних кластери. До одного кластеру належать велика біла порода і найбільше споріднена з нею альба. До іншого кластеру відійшла решта порід. Цей кластер був розподілений на два підкластери, до одного з них належить ка-



**Рис. 2.** Дендрограма генетичної спорідненості між дослідженими породами свиней, побудована за методом UPGMA на основі індексів генетичної ідентичності за Nei [22] розрахованих за частотами алелів гена ESR

бан дикий, до іншого – м'ясні породи та ландрас. Досліджені тварини породи ландрас найбільше споріднені з українською м'ясною ДСГІ. Це підтверджує походження вивчених порід.

Велика біла порода свиней найбільшу спорідненість має з термінальним кросом *alba* – 0,9935 (табл. 2). Слід зазначити, що термінльний крос *alba* був створений на основі свиней великої білої породи. Високу спорідненість свиней великої білої породи з іншими можна пояснити тим, що вона також брала участь у виведенні інших порід

завдяки гарним репродуктивним, відгодівельним і м'ясним якостям [23].

Свині породи ландрас були виведені в Данії шляхом схрещування місцевих свиней з великими білими [23]. За іншими даними [21] в породовторчому процесі цієї породи також використовували дикого кабана. Дикий кабан має найкращу спорідненість (0,9913) з породою ландрас, що підтверджує його участь у створенні породи. Досліджені нами тварини породи ландрас мають велику спорідненість з українською м'ясною ДСГІ – 0,9994, ХТ та ЦТ – 0,9943 та уельською – 0,9968, великою білою – 0,9345.

Українську м'ясну породу створювали в результаті поєднань великої білої, миргородської, ландрас, уельс, п'єтрен, уесекс-седлбекської, української степової білої порід [23]. У ній створені три заводські типи, два з яких (центральный і харківський), ми дослідили. Ці типи виявилися найбільш спорідненими (1,000), таким чином продемонструвавши консолідованість породи [23].

Свині української м'ясної породи селекції ДСГІ найбільший зв'язок мають з породами ландрас (0,9994) та уельською (0,9990), які брали участь у її створенні [23]. Генотип локальної популяції тварин

**Таблиця 2.** Генетичні спорідненість (над діагоналлю) та дистанції (під діагоналлю) (Nei's, 1972) між різними породами свиней розраховані за частотами алелів гена ESR

Порода	Крос <i>alba</i>	Велика біла	Ландрас	Українська м'ясна			Уельська	Кабан дикий	
				ДСГІ	ЦТ	ХТ			
Крос <i>alba</i>		0,9935	0,8880	0,9039	0,9318	0,9318	0,9219	0,8198	
Велика біла	0,0065		0,9345	0,9467	0,9670	0,9670	0,9599	0,8795	
Ландрас	0,1188	0,0678		0,9994	0,9943	0,9943	0,9968	0,9913	
Українська м'ясна	ДСГІ	0,1010	0,0548	0,0006		0,9975	0,9975	0,9990	0,9859
	ЦТ	0,0706	0,0335	0,0057	0,0025		1,0000	0,9996	0,9717
	ХТ	0,0706	0,0335	0,0057	0,0025	0,000		0,9996	0,9717
Уельська	0,0814	0,0409	0,0032	0,0010	0,0004	0,0004		0,9777	
Кабан дикий	0,1987	0,1284	0,0087	0,0142	0,0287	0,0287	0,0226		



української м'ясної породи селекції ДСПГ формується за використання інбридингу різного ступеня та ізоляції від інших породних груп [24], внаслідок цього, можливо, була виявлена її відносна відокремленість від досліджених центрального та харківського типів української м'ясної породи.

За генетичними дистанціями свині термінального кросу *alba* і великої білої породи найвіддаленіші від кабана дикого (відстані – 0,1987 та 0,1284, відповідно). Значна відстань спостерігається між дослідженими популяціями кросу *alba* та породами ландрас (0,119) і українська м'ясна ДСПГ (0,101).

Отримані дані можуть слугувати як для пояснення породотворних процесів, так і для підбору тварин з найбільшою генетичною відстанню для отримання максимального гетерозисного ефекту при схрещуванні.

### Висновки

Проаналізовано генетичну структуру порід свиней великої білої, ландрас, різних типів української м'ясної, уельської та кабана дикого за геном відтворних якостей *ESR*. Усі досліджені нами породи свиней (за винятком ландрас) характеризуються високою фактичною гетерозиготністю за геном *ESR* порівняно з очікуваною ( $p < 0,001$ ). На основі кластерного аналізу порід свиней за частотами алелів гена *ESR* методом UPGMA оцінено картину міжпородних відстаней. За генетичною дистанцією свині термінального кросу *alba* і великої білої породи найвіддаленіші від кабана дикого (відстані – 0,199, 0,128). Значна відстань спостерігається між дослідженими популяціями кросу *alba* та породами ландрас (0,119) і українська м'ясна ДСПГ (0,101).

Робота проведена за підтримки Державного фонду фундаментальних досліджень України.

### Перелік літератури

1. Корінний С.М., Балацький В.М. Генетична структура великої білої породи свиней за результатами генотипування за локусами мікросателітної ДНК // Науковий вісник НУБІП України. – 2009. – № 138. – С.336 – 345.
2. Ellegren H., Chowdhary B., Fredholm M. et al. A physically anchored linkage map of pig chromosome 1 uncovers sex- and position-specific recombination rates // Genomics. – 1994. – Vol. 24. – P. 342 – 350.
3. Балацький В.Н., Саєнко А.М., Гришина Л.П., Дикань Е.С. Поліморфізм локуса рецептора естрогена в популяціях свиней різних генотипів и его асоціація с репродуктивними признаками свиноматок // Матеріали міжнародної науково-практичної конференції «Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ»: посвященной 75-летию юбилею заслуженного деятеля науки РФ, профессора В.Е. Уилько, 7 – 10 июля 2010 г. – Ульяновск. – 2010. – С. 42 – 47.
4. Short H. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines // Anim. Sci. – 1997. – Vol. 75. – P. 3138 – 3142.
5. Rothschild M., Jacobson C., Vaske D. et al. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 1996. – № 93. – P. 201 – 205.
6. Noguera J.L., Varona L., Gomez-Raya L. et al. Estrogen receptor polymorphism in Landrace pigs and its association with litter size performance // Livestock Production Science. – 2003. – № 82. – P. 53 – 59.
7. Коновал О.М., Костенко С.О., Спиридонов В.Г., Мельничук С.Д. Ідентифікація алельних варіантів генів *ESR* та *MC4R*, які впливають на господарсько-корисні ознаки свині свійської *Sus scrofa*, L. // К.: Видавничий центр НУБІП України. – 2008. – 24 с.
8. Животовский Л.А. Популяционная биометрия. – М.: Наука. – 1991. – 272 с.
9. Калайчакова О. Популяционно-генетический анализ гена *ESR* свиней // Животноводство России [специальный выпуск свиноводство]. – 2008. – С. 19.
10. Коновал О., Костенко С., Спиридонов В. Поліморфізм гена естроген-рецептора у свиней великої білої породи в Україні // Тваринництво України. – 2008. – № 1. – С. 22 – 23.
11. Саєнко А.М., Балацький В.М. Поліморфізм QTL-генів в породах свиней різного напрямку продуктивності // Науковий вісник НУБІП України. – К., 2009. – № 138. – С. 272 – 279.

12. *Santana B.A., Biase F.H., Antunes R.C. et al.* Association of the estrogen receptor gene Pvu II restriction polymorphism with expected progeny differences for reproductive and performance traits in swine herds in Brazil // *Genetics and Molecular Biology*. – 2006. – Vol. 29. – № 2. – P. 273 – 277.
13. *Isler B.J., Irvin K. M., Neal S. M. et al.* Examination of the relationship between the estrogen receptor gene and reproductive traits in swine // *J. Anim. Sci.* – 2002. – № 80. – P. 2334 – 2339.
14. *Humpolíček P., Urban T., Matoušek V., Tvrdoň Z.* Effect of estrogen receptor, follicle stimulating hormone and myogenin genes on the performance of Large White sows // *Czech J. Anim. Sci.* – 2007. – Vol. 52. – № 10. – P. 334 – 340.
15. *Omelka R., Vasicek D., Martiniakova M. et al.* Simultaneous detection of malignant hyperthermia and genetic predisposition or improved litter size in pigs by multiplex PCR-RFLP // *Folia biologica (Krakow)*. – 2004. – Vol. 52, № 1 – 2. – P. 113 – 115.
16. *Kmieac M., Dvorak J., Vrtkova I.* Study on a relation between estrogen receptor (*ESR*) gene polymorphism and some pig reproduction performance characters in Polish Landrace breed // *Czech J. Anim. Sci.* – 2002. – Vol. 47, № 5. – P. 189 – 193.
17. *Omelka R., Vasicek D., Martiniakova M. et al.* Simultaneous detection of malignant hyperthermia and genetic predisposition or improved litter size in pigs by multiplex PCR-RFLP // *Folia biologica (Krakow)*. – 2004. – Vol. 52, № 1 – 2. – P. 113 – 115.
18. *Ernst M., Kucil J., Urban T.* Analysis of genetic variation of eight candidate genes in two wild boar subspecies // *Czech J. Anim. Sci.* – 2003. – Vol. 48. – № 12. – P. 533 – 539.
19. *Шейко І.П., Журина Н.В., Епишко О.А., Куряк О.П.* Комплексное влияние генов *ESR* и *RYY1* на репродуктивные качества свиноматок крупной белой и белорусской мясной пород // *Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии* – 2006. – № 4. – С. 65 – 68.
20. *Епишко О.А., Епишко Т.И., Калашникова Л.А.* Полигенный характер детерминации репродуктивных признаков белорусской мясной породы // *Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук*. – 2009. – № 2. – С. 42 – 44.
21. *Гладырь Е.А., Эрнст Л.К., Костюнина О.В.* Изучение генома свиней (*Sus scrofa*) с использованием ДНК маркеров // *Сельскохозяйственная биология*. – 2009. – № 2. – С. 16 – 30.
22. *Nei M.* Genetic distance between populations // *Am. Nat.* – 1972. – 106. – P. 283–292.
23. *Генофонд свійських тварин України // Д.І. Барановський, В.І.Герасимов, В.М.Нагаєвич, А.М.Хохлов та ін.* – Харків.– Еспада, 2005.– 400 с.
24. *Сметанин В.Т., Кузьменко А.И.* Генофонд многоплодных маток свиней селекции ДСХИ по микросателлитным локусам ДНК, выявленным при помощи ISSR-PCR // *Вісник Полтавської державної аграрної академії*. – Полтава, 2004. – С. 69–71.

Представлено О.М. Бублик  
Надійшла 24.02.2011

### МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ РАЗНЫХ ПОРОД СВИНЕЙ ПО ГЕНУ РЕЦЕПТОРА ЭСТРОГЕНА (*ESR*)

*Сидоренко Е.В., Костенко С.А.*

Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины  
Украина, 03041, г. Киев, ул. Генерала Родимцева, 19  
e-mail: Sydorenkoolena@mail.ru,  
Swetakostenko@mail.ru

Проанализирована генетическая структура пород свиней крупной белой, ландрас, разных типов украинской мясной, уэльской и кабана дикого по генам воспроизводительных качеств – рецепторов эстрогена (*ESR*). Все исследованные породы свиней (за исключением ландрас) характеризуются высокой фактической гетерозиготностью по гену *ESR* по сравнению с ожидаемой ( $p < 0,001$ ). На основе кластерного анализа пород свиней по частотам аллелей гена *ESR* оценена картина межпородных расстояний. По генетической дистанции Нея свињи терминального кросса *alba* и крупной белой породы наиболее удалены от кабана дикого (расстояние – 0,1987, 0,1284). Значительное расстояние наблюдается между исследованными популяциями кросса *alba* и породами ландрас (0,1188) и Украинская мясная ДСХИ (0,1010).

*Ключевые слова:* *Sus scrofa*, свинья домашняя, крупная белая, украинская мясная порода, ландрас, кабан дикий, уэльская порода, полиморфизм, ген эстрогена (*ESR*), кластерный анализ.

POPULATION-GENETIC STRUCTURE  
OF PIGS FROM DIFFERENT BREEDS BY  
GENES OF ESTROGENE (ESR) RECEPTORS

*Sidorenko O.V., Kostenko S.O.*

National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine  
Ukraine, 03041, Kyiv, General Rodimtsev str., 19  
e-mail: Sydorenkoolena@mail.ru,  
Swetakostenko@mail.ru

The genetic structure of pigs breeds: Large White, Landras, different types of Ukrainian Meat, Wales and wild boar has been analyzed by the gene of the reproduced qualities – receptors of estrogen (*ESR*). All of investigational pigs breeds (the exception of Landrace) are

characterized by high actual heterozygosity, of *ESR* gene compared with expected ( $p < 0,001$ ). On the basis of cluster analysis of pigs breeds by *ESR* gene alleles frequency appraise the picture of inter-breed distances. Genetic distance of pig of terminal cross-country race of alba and large white breed are the remotest from a wild boar (distance – 0,1987, 0,1284). Considerable distance is observed between investigational populations of cross *alba* and by the breeds of Landras (0,1188) and Ukrainian meat DSGI (0.1010).

*Key words:* *Sus scrofa*, pig, Large White, Ukrainian Meat breed, Landrace, *alba*, a wild boar, Welsh breed, polymorphism, gene of estrogen (*ESR*), cluster analysis.