

DOI 10.37000/abbsl.2025.114.15

УДК 636.09:591.557.8

Валерія Матіюк,
аспірантка лабораторії генетики,
Інститут свинарства і АПВ НААН, м. Полтава, Україна
ORCID ID 0000-0002-2286-6337
email: kaleriya200600@gmail.com

ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ *ESR1* ТА *PRLR* У МИРГОРОДСЬКІЙ, ПОЛТАВСЬКІЙ М'ЯСНІЙ ТА УЕЛЬСЬКІЙ ПОРОДАХ СВИНЕЙ

Анотація

Застосування молекулярно-генетичних маркерів у селекції свиней відкриває нові можливості для покращення продуктивних та відтворювальних ознак тварин. Традиційні методи селекції, засновані на оцінці фенотипу, мають певні обмеження, тоді як використання маркер-асоційованої селекції дозволяє здійснювати більш ефективний добір за бажаними алелями. У даний час актуальним є дослідження генетичної структури популяцій українських порід свиней, таких як миргородська та полтавська м'ясна породи, задля їх збереження та вдосконалення.

*Метою роботи було дослідити розподіл алельних варіантів та генотипів за поліморфізмами у генах рецептора естрогену 1 (*ESR1*) та пролактину (*PRLR*) у свиней миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід, що розводяться в Україні.*

Генотипування тварин трьох порід виконано методом полімеразної ланцюгової реакції з подальшим рестрикційним аналізом продуктів ампліфікації. Визначено частоти алелів і генотипів за досліджуваними локусами, оцінено рівень гетерозиготності та поліморфізму.

*Результати дослідження показали різну частоту алелів у вивчених популяціях. У миргородської породи переважав алель А за поліморфізмами у генах *ESR1* (0,65) та *PRLR* (0,74). У полтавської м'ясної породи частота алелів була більш збалансованою (А – 0,58 та 0,51 відповідно). Для уельської породи встановлено деяке переважання алеля В у досліджених локусах (В – 0,52 та 0,58 відповідно). Аналіз частот генотипів показав, що уельська порода характеризується високою гетерозиготністю за дослідженими локусами у *ESR1* та *PRLR* (0,571 та 0,762), полтавська м'ясна – високою гетеризогністю за *ESR1* (0,633), тоді як у миргородської породи рівень гетерозиготності був нижчим.*

Дослідження має перспективи продовження в асоціативному аналізі з продуктивними ознаками свиней. Практична цінність роботи полягає у можливості використання отриманих даних у селекційних програмах задля збереження та покращення українських порід свиней.

Ключові слова: маркер-асоційована селекція, свині, поліморфізм, естрогеновий рецептор 1, пролактинний рецептор, популяційний аналіз.

Вступ. Традиційні 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 [1, 2]. 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 [3-5]. 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 [6]. Використання сучасних методів молекулярної генетики сприяє підвищенню продуктивності свиней, зниженню витрат на годівлю та ветеринарне обслуговування, що, у свою чергу, підвищує економічну ефективність господарств.

Аналіз останніх досліджень та публікацій. 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 [7], а мутація у гені меланокортинового рецептора 4 (*MC4R*) впливає на швидкість росту, споживання корму та структуру туші [8]. 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 [9-14].

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 [15].

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 [16, 17]. Полтавська м'ясна порода має виражений м'ясний напрям продуктивності, тоді як миргородська порода поєднує м'ясний та сальний напрями 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

репродуктивні 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.

Мета. Дослідити розподіл алельних варіантів та генотипів за поліморфізмами у генах рецептора естрогену 1 (*ESR1*) та рецептора пролактину (*PRLR*) у свиней миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід, що розводяться в Україні.

Виклад основного матеріалу дослідження. Дослідження проводилось на 46, 31 та 21 свиноматках миргородської, полтавської м'ясної та уельської порід, відповідно. Зразки біоматеріалу (щетина) отримано від тварин експериментальної бази Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН.

Виділення ДНК здійснювалось з використанням реагенту Chelex 100 [18], після чого отримані препарати ДНК зберігались при температурі -20°C.

Генотипування за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* здійснювалось методом полімеразної ланцюгової реакції – поліморфізму довжин рестрикційних фрагментів (ПЛР-ПДРФ) [19, 20]. Структура олігонуклеотидних праймерів для синтезу ампліконів у ПЛР, температури відпалу, очікувані розміри ампліконів, ендонуклеази рестрикції та розміри фрагментів рестрикції для різних алелів [11, 14] наведено в табл. 1.

Таблиця 1

Умови генотипування свиней за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* методом ПЛР-ПДРФ

Гени	Структура праймерів для ПЛР	ПЛР ¹	Патерни ПЛР-ПДРФ ²
<i>ESR1</i>	F: 5'-CCTGTTTTTACAGTGACTTTTTACAGAG-3' R: 5'-CACTTCGAGGGTCAGTCCAATTAG-3'	120/56	Ендонуклеаза <i>PvuII</i> алель А: 120 п.н.; алель В: 65 + 55 п.н.
<i>RPRL</i>	F: 5'-CGTGGCTCCGTTTGAAGAACC-3' R: 5'-CTGAAAGGAGTGCATAAAGCC-3'	163/55	Ендонуклеаза <i>AluI</i> : алель А: 85+59+19 п.н. алель В: 104+59 п.н.

Примітки:

¹ Розмір ПЛР-продуктів (п.н.) / температура відпалу (°C).

² Вказано розміри фрагментів після рестрикції.

Полімеразна ланцюгова реакція виконувалась на термоциклері «Терцик-2» (виробництва компанії «ДНК-технологія») у мікроцентрифужних пробірках Еррendorf об'ємом 0,5 мл (Errendorf, Німеччина) у загальному об'ємі 25 мкл реакційної суміші. Аналіз фрагментів рестрикції проводився методом електрофорезу в 8% поліакриламідному гелі. Розміри рестриктів оцінювались відносно маркера молекулярної маси pBR322 DNA-MspI Digest (New England Biolabs, США) після фарбування бромистим етидієм [21].

Приклади електрофореграм представлені на рис. 1 і 2.

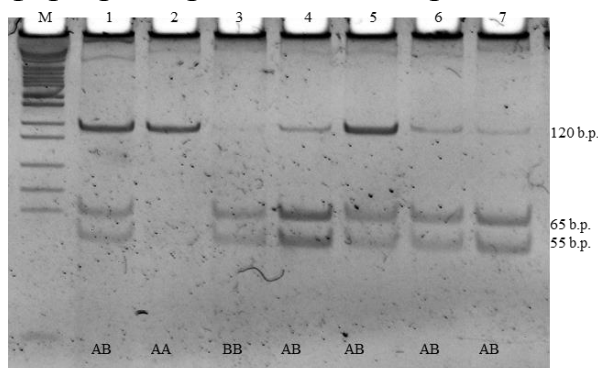


Рисунок 1. Електрофореграма продуктів рестрикції за *PvuII*-поліморфізмом у гені рецептора естрогену 1 (*ESR1*) .

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

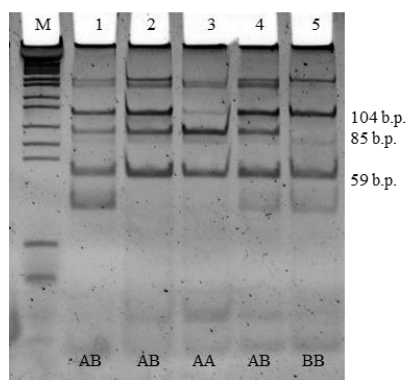


Рисунок 2. Електрофореграма продуктів рестрикції за *AluI*-поліморфізмом у гені рецептора пролактину (*PRLR*).

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*.

Статистичний аналіз отриманих даних для популяційно-генетичних параметрів проводився за допомогою програми Microsoft Office Excel 2019 із застосуванням надбудови GenAlEx [22].

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 (табл. 2, рис. 3).

Таблиця 2

Розподіл частот алелів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах свиней

№ з/п	Локус	<i>ESR1</i>	<i>PRLR</i>
1	Миргородська порода ^A (n=46)	A=0,65 B=0,35	A=0,74 ^{A-C*/ A-B*} B=0,26
2	Полтавська м'ясна порода ^B (n=31)	A=0,58 B=0,42	A=0,51 ^{B-A*} B=0,49
3	Уельська порода ^C (n=21)	A=0,48 B=0,52	A=0,42 ^{C-A*} B=0,58

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

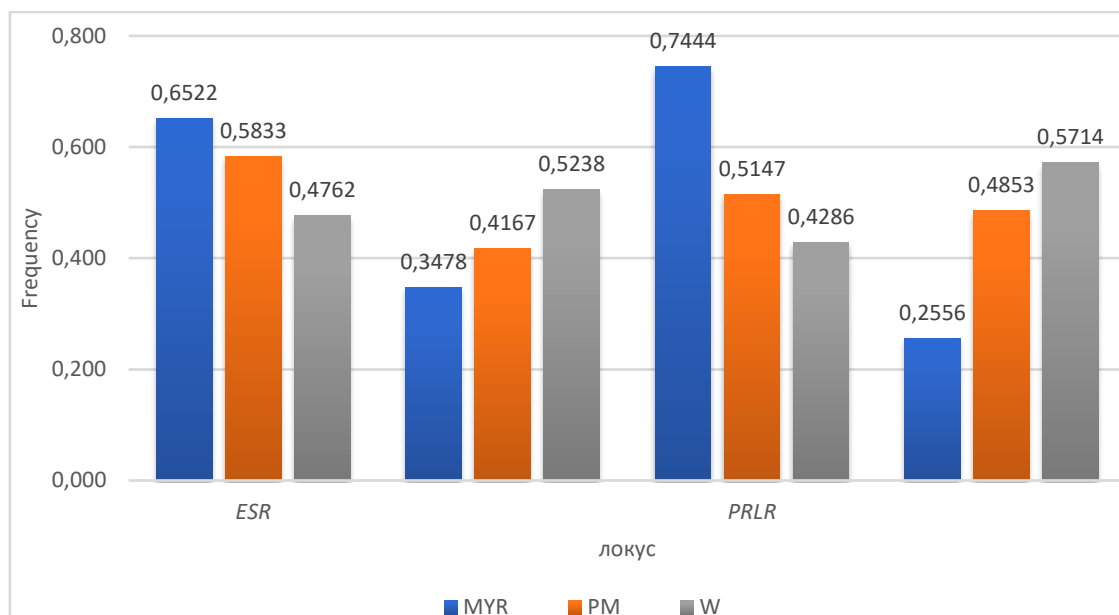


Рисунок 3. Діаграма частотного розподілу алелей за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR*.

Примітки: MYR – миргородська порода свиней, PM - полтавська м'ясна порода свиней, W - уельська порода свиней.

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.

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). У полтавської м'ясної породи частоти алелів А та В були майже рівні (0,51 та 0,49). Миргородська порода статистично значущо відрізнялась за частотою алелів за локусом *PRLR* від полтавської м'ясної та уельської порід ($p \leq 0,05$).

Розподіл частот генотипів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у досліджених породах свиней представлено в таблиці 3.

Таблиця 3

Розподіл частот генотипів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах свиней.

Порода свиней	Локус	Частоти генотипів			χ^2	<i>F</i>
		AA	AB	BB		
Миргородська (<i>n</i> =46)	<i>ESR1</i>	0,46 (0,43)	0,39 (0,45)	0,15 (0,12)	0,870	0,138
	<i>PRLR</i>	0,55 (0,55)	0,38 (0,38)	0,07 (0,07)	0,002	0,007
Полтавська м'ясна (<i>n</i> =31)	<i>ESR1</i>	0,27 (0,34)	0,63 (0,49)	0,10 (0,17)	2,752	-0,303
	<i>PRLR</i>	0,26 (0,27)	0,50 (0,50)	0,24 (0,24)	0,000	-0,001
Уельська (<i>n</i> =21)	<i>ESR1</i>	0,19 (0,23)	0,57 (0,50)	0,24 (0,27)	0,444	-0,145
	<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.

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

Фактична гетерозиготність досліджених порід варіювала залежно від локусу (табл. 4).

Таблиця 4

Фактична та теоретично очікувана гетерозиготність та показник PIS у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах свиней

Порода свиней	Локус	Ho	He	PIS
Миргородська (n=46)	<i>ESR1</i>	0,391	0,454	0,35
	<i>PRLR</i>	0,378	0,380	0,31
Полтавська м'ясна (n=31)	<i>ESR1</i>	0,633	0,486	0,37
	<i>PRLR</i>	0,500	0,500	0,37
Уельська (n=21)	<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, PIS – індекс поліморфності.

За локусом *ESR1* найвищий рівень фактичної гетерозиготності (Ho) 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 (He) за цим локусом для всіх досліджених популяцій залишалася на близькому рівні (0,454 – 0,499).

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).

Значення PIS (індексу поліморфності) свідчать про помірний рівень поліморфізму за обома локусами у досліджених популяціях. За поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* у всіх трьох порід PIS коливався в межах 0,31–0,37, що вказує на середню інформативність маркерів для селекційної роботи.

Висновки та перспективи подальших досліджень. Отримані дані свідчать про наявність відмінностей у розподілі алелів та генотипів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* між трьома породами м'ясного напрямку продуктивності – миргородською, полтавською м'ясною та уельською. 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.

Перспективним напрямом подальших досліджень є встановлення асоціацій генотипів за поліморфізмами у генах *ESR1* та *PRLR* з продуктивними ознаками у миргородській, полтавській м'ясній та уельській породах з метою проведення маркер-асоційованої селекції та покращення цих порід.

Список використаної літератури

1. Singh Thakur M. Basic Animal Breeding Methods. *Animal Husbandry* / Ed. by S. Kukovics. IntechOpen, 2022. DOI: <https://doi.org/10.5772/intechopen.104136>
2. Вплив генотипових та паротипових факторів на репродукцію 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>
3. Williams J. L. The use of marker-assisted selection in animal breeding and biotechnology. *Revue scientifique et technique (International Office of Epizootics)*. 2005. Vol. 24. № 1. P. 379–391.
4. 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. P.313–328.
5. Genomic selection in domestic animals: Principles, applications and perspectives / D. Boichard et al. *Comptes rendus biologies*. 2016. Vol. 339. № 7–8. P. 274–277. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.crvi.2016.04.007>
6. 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>
7. 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>
8. Association of the melanocortin-4 receptor (MC4R) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland / K. Piórkowska et al. *Meat science*. 2010. Vol. 85. № 2. P. 297–301. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.01.017>
9. Distl O. Mechanisms of regulation of litter size in pigs on the genome level. *Reproduction in domestic animals*. 2007. Vol. 42. Iss. s2. P. 10–16. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2007.00887.x>
10. Investigation of the retinol-binding protein 4 (RBP4) gene as a candidate gene for increased litter size in pigs / M. F. Rothschild et al. *Mammalian genome : official journal of the International Mammalian Genome Society*. 2000. Vol. 11. Iss. 1. P. 75–77. DOI: <https://doi.org/10.1007/s003350010015>
11. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines / T. H. Short et al. *Journal of animal science*. 1997. Vol. 75. Iss. 12. P. 3138–3142. DOI: <https://doi.org/10.2527/1997.75123138x>
- 12.

12. Mapping of the porcine oestrogen receptor 2 gene and association study with litter size in Iberian pigs / G. Muñoz et al. *Animal genetics*. 2004. Vol. 35. Iss. 3. P. 242–244. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01141.x>
13. Prolactin receptor maps to pig chromosome 16 / A. L. Vincent et al. *Mammalian genome : official journal of the International Mammalian Genome Society*. 1997. Vol. 8. Iss. 10. P. 793–794. DOI: <https://doi.org/10.1007/s003359900576>
14. Polymorphism of candidate genes related to the number of teats, vertebrae, and ribs in pigs / S. T. Hong et al. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*. 2020. Vol. 8. Iss. 3. P. 229–233. DOI: <https://doi.org/10.17582/journal.aavs/2020/8.3.229.233>
15. Association of Fut1 and Slc11a1 gene polymorphisms with productivity traits of Large White pigs / V. V. Sukhno et al. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2022. Vol. 13. № 3. P. 225–230. DOI: <https://doi.org/10.15421/022229>
16. 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>
17. 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>
18. Walsh P. S., Metzger D. A., Higushi R. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*. 2013. Vol. 54. Iss. 3. P. 134–139. DOI: <https://doi.org/10.2144/000114018>
19. Dai S., Long Y. Genotyping analysis using an RFLP assay. *Methods in molecular biology*. 2015. Vol. 1245. P. 91–99. DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1966-6_7
20. Waters D. L., Shapter F. M. The polymerase chain reaction (PCR): general methods. *Methods in molecular biology*. 2014. Vol. 1099. P. 65–75. DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-62703-715-0_7
21. Galindo-Murillo R., Cheatham T. E. Ethidium bromide interactions with DNA: an exploration of a classic DNA-ligand complex with unbiased molecular dynamics simulations. *Nucleic acids research*. 2021. Vol. 49. Iss. 7. P. 3735–3747. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkab143>
22. Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. *Bioinformatics*. 2012. Vol. 28. Iss. 19. P. 2537–2539. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

Valeriia Matiiuk

PhD student,

Genetics laboratory,

Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, Poltava, Ukraine

ORCID ID 0000-0002-2286-6337

email: kaleriya200600@gmail.com

POLYMORPHISM OF THE *ESR1* AND *PRLR* GENES IN MYRHOROD, POLTAVA MEAT AND WELSH PIG BREEDS

Abstract

The use of molecular genetic markers in pig breeding opens new opportunities for improving the productive and reproductive traits of animals. Traditional selection methods based on phenotype evaluation have certain limitations, whereas marker-assisted selection allows for more effective selection of desirable alleles. At present, the study of the genetic structure of Ukrainian pig breed populations, such as the Myrhorod and Poltava meat breeds, is relevant for their conservation and improvement.

The aim of this study was to analyze the distribution of allele variants and genotypes of polymorphisms in the estrogen receptor 1 (*ESR1*) and prolactin receptor (*PRLR*) genes in Myrhorod, Poltava meat, and Welsh pigs raised in Ukraine.

Genotyping of animals from the three breeds was performed using the polymerase chain reaction method followed by restriction fragment analysis of amplified products. The allele and genotype frequencies for the studied loci were determined, and the levels of heterozygosity and polymorphism were assessed.

The study results revealed differences in allele frequencies among the examined populations. In the Myrhorod breed, the A allele predominated in the *ESR1* (0,65) and *PRLR* (0,74) genes. In the Poltava meat breed, allele frequencies were more balanced (A – 0,58 and 0,51, respectively). In the Welsh breed, a slight predominance of the B allele was observed in the studied loci (B – 0,52 and 0,58, respectively). The genotype frequency analysis showed that the Welsh breed was characterized by high heterozygosity for the studied loci in *ESR1* and *PRLR* (0,571 and 0,762, respectively), while the Poltava meat breed demonstrated high heterozygosity for *ESR1* (0,633). In contrast, the Myrhorod breed exhibited a lower level of heterozygosity.

This study has potential for further research in association analysis with pig productivity traits. The practical significance of the study lies in the possibility of using the obtained data in breeding programs to preserve and improve Ukrainian pig breeds.

Keywords: marker-assisted selection, pigs, polymorphism, estrogen receptor 1, prolactin receptor, population analysis

References

1. Singh Thakur, M. (2022). Basic Animal Breeding Methods. In S. Kukovics (Ed.), *Animal Husbandry*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.104136>
2. Voitenko, S., Karunna, T., Shaferivsky, B., & Zheliznyak, I. (2019). Vplyv henotypovykh ta paratypovykh faktoriv na realizatsiiumolochnoi 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), P. 21–26. <https://doi.org/10.32845/bsnau.lvst.2019.1-2.3>
3. 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), P. 379–391.
4. Dekkers J. C. (2004). Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *Journal of animal science*, 82 E-Suppl, P. 313–328.

5. Boichard, D., Ducrocq, V., Croiseau, P., & Fritz, S. (2016). Genomic selection in domestic animals: Principles, applications and perspectives. *Comptes rendus biologies*, 339(7–8), P. 274–277. <https://doi.org/10.1016/j.crv.2016.04.007>
6. 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(5), P. 299–307. <https://doi.org/10.3103/S0095452715050023>
7. Ciepielewski, Z. M., Stojek, W., Borman, A., Myślińska, D., Pałczyńska, P., & Kamyczek, 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. *Research in veterinary science*, 105, P. 77–86. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2016.01.012>
8. Piórkowska, K., Tyra, M., Rogoz, M., Ropka-Molik, K., Oczkowicz, M., & Rózycki, M. (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), P. 297–301. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.01.017>
9. Distl O. (2007). Mechanisms of regulation of litter size in pigs on the genome level. *Reproduction in domestic animals*, 42(s2), P. 10–16. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2007.00887.x>
10. 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), P. 75–77. <https://doi.org/10.1007/s003350010015>
11. 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), P.3138–3142. <https://doi.org/10.2527/1997.75123138x>
12. 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), P. 242–244. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01141.x>
13. 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), P. 793–794. <https://doi.org/10.1007/s003359900576>
14. 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), P. 229–233. <https://doi.org/10.17582/journal.aavs/2020/8.3.229.233>
15. 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), P. 225-230. <https://doi.org/10.15421/022229>
16. Voitenko, S. L. (2012). Henezys Myrhorodskoi porody svynei [Genesis of Mirgorod breed pigs]. *Bulletin of Poltava state agrarian academy*, 2, P. 94–99. <https://doi.org/10.31210/visnyk2012.02.19>
17. Voitenko, S. L. (2024). Pigs of meat breeds in Ukraine and the need for the revival of pig breeding. *Animal Breeding and Genetics*, 67, P. 29–45. <https://doi.org/10.31073/abg.67.04>
18. Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higushi, R. (2013). Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*, 54(3), P. 134–139. <https://doi.org/10.2144/000114018>
19. Dai, S., & Long, Y. (2015). Genotyping analysis using an RFLP assay. *Methods in molecular biology*, 1245, P. 91–99. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1966-6_7
20. Waters, D. L., & Shapter, F. M. (2014). The polymerase chain reaction (PCR): general methods. *Methods in molecular biology*, 1099, P. 65–75. https://doi.org/10.1007/978-1-62703-715-0_7
21. 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), P. 3735–3747. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab143>
22. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. *Bioinformatics*, 28(19), P. 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

Стаття надійшла до редакції 20 березня 2025 року

Стаття пройшла рецензування 22 березня 2025 року

Стаття опублікована 31 березня 2025 року