

ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ *ESR1_intron 3 (PvuII)* ТА ЙОГО ЗВ'ЯЗОК ІЗ БАГАТОПЛІДНІСТЮ СВИНЕЙ: МЕТА-АНАЛІЗ

Олександр КРАМАРЕНКО, Сергій КРАМАРЕНКО

Миколаївський національний аграрний університет

Ген естрогенового рецептора (*ESR1*) локалізовано на 1-й хромосомі *Sus scrofa* (SSC1). В організмі свинюматок 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 придаткових статевих залоз та контролюють статеві рефлексії [1].

Даний ген був одним із перших генетичних маркерів, вплив якого на репродуктивні ознаки свиней було вірогідно підтверджено на початку 90-х років ХХ-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 свинюматок. 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* [2].

Головною метою даної роботи був мета-аналіз асоціації генетичного поліморфізму *ESR1_intron 3 (PvuII)* із багатоплідністю свинюматок. 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 свинюматок залежно від генотипу.

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/>).

При проведенні мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між субгрупами свиноматок із генотипами AA та AB 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. 1).

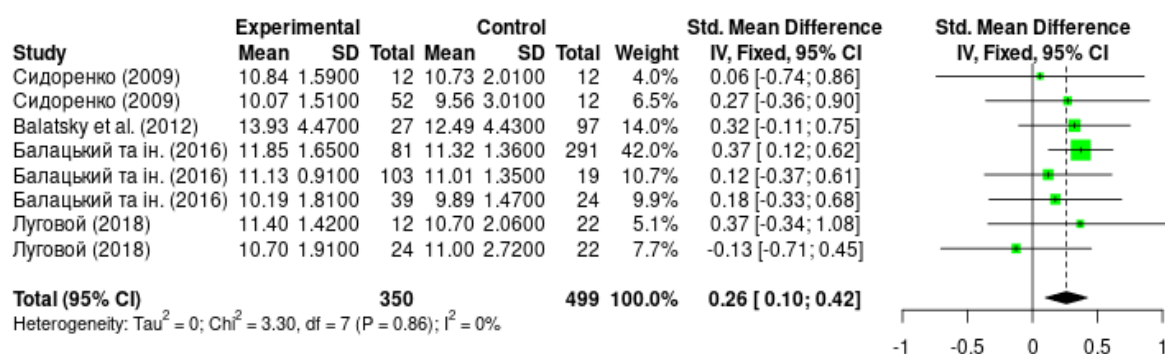


Рис. 1. Результати мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між генотипами AA та AB поліморфізму *ESR1_intron 3* (*PvuII*) у відношенні загальної кількості поросят при народженні

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. 2).

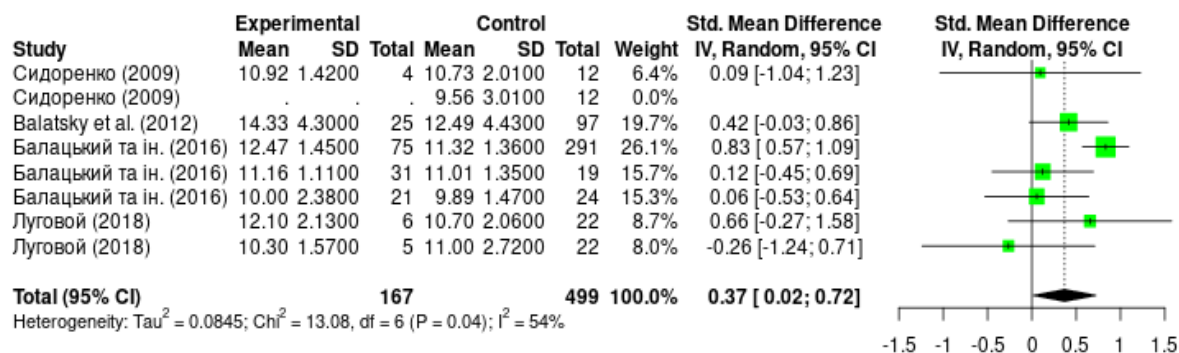


Рис. 2. Результати мета-аналізу щодо наявності вірогідної відмінності між генотипами АА та ВВ поліморфізму *ESR1_intron 3 (PvuII)* у відношенні загальної кількості поросят при народженні

Отже, результати мета-аналізу, отримані для 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.

Література:

1. 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.
2. 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.
3. 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.
4. 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.
5. 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.
6. Луговий С. І. *Методологія аналізу генофонду 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.