

УДК 575.224.086:636.4.082

Драгулян М.В., аспірант, Костенко С.О., к.б.н., доцент кафедри розведення і генетики тварин (swetakostenko@mail.ru) ©

Національний університет біоресурсів і природокористування України, м.Київ

ВИВЧЕННЯ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ СВИНОМАТОК ЗА КОМПЛЕКСОМ ПОЛІМОРФНИХ ГЕНЕТИЧНИХ МАРКЕРІВ ЇХ ВІДТВОРНИХ ЯКОСТЕЙ

Проведено цитогенетичний аналіз свиноматок української м'ясної та уельської порід. Встановлено зв'язок рівня спонтанної цитогенетичної мінливості в лімфоцитах крові свиноматок з показниками продуктивності (відсоток аварійних опоросів): $r=-0,57$ в уельської та $r=-0,35$ в української м'ясної порід. Проаналізовано генетичну структуру племінного ядра стада свиней уельської та української м'ясної породи ДП ДГ «Гонтарівка» Харківської області за генами: рецептор фолікулостимулюючого гормону (FSHR), коактиватор ядерних рецепторів стероїдних гормонів (NCOA1), рецептор естрогену (ESR), рецептор пролактину (PRLR) протягом 2010 – 2011 рр. Побудовані маркерні профілі свиноматок із стабільним геномом з бажаним та проміжним генотипами по генам FSHR/NCOA1/ ESR/PRLR та використання комбінацій різних генотипів з метою підвищення продуктивності нащадків.

Ключеві слова: *Sus scrofa*, уельська порода, українська м'ясна порода, ген рецептору фолікулостимулюючого гормону (FSHR), ген коактиватора ядерних рецепторів стероїдних гормонів (NCOA1), ген рецептору естрогену (ESR), ген рецептору пролактину (PRLR), мікроядра (МЯ).

Вступ. Першочергове значення в селекційній роботі у свинарстві займає оцінка племінних тварин та збереження їх генофонду. Актуальним є рання оцінка якості молодняка, яка дозволяє у певній мірі виявити високопродуктивні породи, родини, лінії [10,12]. Однак, в силу низького рівня успадкованості показників продуктивності, таких як багатоплідність, збереженість, розмір гнізда, покращення цих показників вимагає тривалого періоду. Використання молекулярно-генетичних та цитогенетичних маркерів в племінній роботі дозволяє проводити селекцію за структурою та рівнем стабільності геному.

Незважаючи на наявність даних у науковій літературі про переваги використання генетичних маркерів в селекції [3,4,8,18,19,20], є лише незначна інформація про їх використання на сільськогосподарських підприємствах України. До цього часу залишається невиявленим зв'язок між молекулярно-генетичними і цитогенетичними маркерами, актуальною є розробка комплексної системи маркерної оцінки тварин за їх спільного використання.

Використання такої системи поряд з використанням традиційної селекційної методики відбору за фенотипом [5,6] дозволить вдосконалити селекційний процес [1].

Метою роботи було вивчення ролі цитогенетичних та молекулярно-генетичних маркерів при прогнозуванні генетичного потенціалу свиней на прикладі ДП ДГ «Гончарівка» Харківської області.

Матеріали та методи досліджень.

Аналізували свиноматок уельської та української м'ясної породи ДП ДГ «Гончарівка» Харківської області.

При дослідженні цитогенетичних показників вивчали 7 груп свиноматок уельської породи різних родин та вікових категорій: батьківського покоління (P) (n=9); першого покоління (F1) (n=15); родин: Дон Міст (n=6), Лайк Гюрл (n=16), Лайк Мейд (n=10), Імпоузін (n=6), Емма (n=4). Для аналізу за генами (*FSHR* (n=125), *NCOA1* (n=123), *ESR* (n=123), *PRLR* (n=120)) нами було відібрано та прогенотиповано 125 тварини.

Досліджуючи спонтанний мутагенез української м'ясної породи ми розподілили їх на 6 груп: батьківське покоління (P) (n=4); перше покоління (F1) (n=9); родин: Цензура (n=11), Цапля (n=15), Целина (n=7), Церера (n=7). Всього 40 свиноматок. Для аналізу ДНК-маркерів за генами (*FSHR* (n=72), *NCOA1* (n=72), *ESR* (n=73), *PRLR* (n=73)) нами було відібрано та прогенотиповано 73 тварини.

Генетичний аналіз здійснювали у відділі генетики Інституту розведення і генетики тварин НААН України. Цитогенетичні препарати готували згідно Інструкції цитогенетичного контролю племінних тварин [14]. Аналіз здійснювали на пофарбованих за Гімза препаратах хромосом олійною імерсією за збільшення x 1000. При аналізі враховували рівень клітин з мікроядрами (МЯ).

Аналіз відтворної здатності свиноматок при першому опоросі здійснювали за такими показниками: багатоплідність (голів), кількість поросят при відлучення (голів), збереженість (%), відсоток аварійних опоросів (%).

Геномну ДНК виділяли з волосяних фолікулів за допомогою комплексу реактивів «ДНК-сорб В» (АмпліСенс, Росія). У пробірку 1,5 мл вносили 15 – 25 волосяних фолікулів, лізис відбувався 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 [15].

Для рестриктного гідролізу ампліфікованих фрагментів використали ферменти рестрикції *Rsa I* для гену *NCOA1*, *Pvu II*, для гену *ESR* та *Alu I* для гену *PRLR*. Ген *FSHR* генотипували методом *Vi-Passa* без додавання рестриктази. Зразки інкубували протягом 12-16 годин при 37°C. По закінченні здійснювали електрофоретичний аналіз продуктів рестрикції.

Статистичну обробку результатів проводили загальноприйнятими методами [2] за допомогою програмного забезпечення Excel 2007.

Результати досліджень. У більшості клітин у дослідних тварин каріотип мав 38 хромосом, що відповідає видовій нормі.

Переважаюча більшість порушень була представлена мікроядрами, які у української м'ясної породи становили 4,75±1,94%, що не перевищує верхню межу параметрів умовного контролю за кількістю клітин з мікроядрами для ссавців – 5,6% [16], а в уельської цей показник становив 7,01±0,71%. Однак, треба зазначити,

що підвищена частота лімфоцитів із зміненим геномом здійснює суттєвий вплив на відтворення стада тільки у випадку успадкування підвищеного рівня хромосомної нестабільності. Рівень геномної нестабільності в потомстві свиноматок, що мають високий рівень спонтанної мінливості, був суттєво нижчим.

В результаті проведених досліджень знайдено зв'язок між показниками продуктивності та стабільністю геному свиноматок. Частота клітин з мікроядрами негативно корелює відсотком аварійних опоросів: $r=-0,57$ у уельської та $r=-0,35$ в української м'ясної порід. Таким чином, можна сказати, що у дослідних тварин частота клітин з мікроядрами асоційовано з багатоплідністю та відсотком аварійних опоросів. Раніше дослідники вже виявляли кореляцію анеуплоїдії з багатоплідністю свиноматок ($r=-0,75$) [7].

Авторами Ефіменко Л.Й. [9] та Іващурою М.М. [13] був відзначений зв'язок між багатоплідністю й геномними мутаціями, які негативно корелюють із багатоплідністю ($r = - 0,75$, $P<0,01$), а структурні аберації хромосом із запліднюючою здатністю кнурів ($r = - 0,44$, $P<0,05$).

Таким чином, проведення цитогенетичного аналізу племінних тварин дозволяє вибирати тварин із стабільними цитогенетичними показниками для підвищення генетичного потенціалу племінних тварин.

На наступному етапі дослідження у кожній із породних груп свиноматок були визначені генотипи тварин, розраховані частоти генотипів та алелів та дана характеристика генетичної структури досліджених порід. Також були зроблені кореляційні дослідження з метою встановлення генотипів тварин із рівнем стабільності геному та з рівнем прояву ознак продуктивності свиней.

Результати дослідження поліморфізму за генами репродуктивних якостей свиней (*FSHR*, *NCOA1*, *ESR*, *PRLR*) представлені у таблиці 1.

Перевищення фактичного рівня гетерозиготності над очікуваним може свідчити про те, що гени *ESR* та *FSHR* залучені в селекційний процес.

Виявлено частоти алелів та генотипів генів *FSHR*, *NCOA1*, *ESR*, та *PRLR* у тварин української м'ясної та уельської порід. Частота тварин з бажаним генотипом *CC* гена *FSHR* склала 52% в української м'ясної породи та 55% в уельської породи.

Відомо, що у порід мейшан та китайських карликових свинок не було виявлено носійства алеля *C*, на відміну від ландрасів та йоркширів, де частота алеля склала 0,75 та 0,89 відповідно [26]. Ву Z. Jiang [22], що досліджував свиней м'ясної продуктивності, а саме ландрасів німецької селекції виявив, що порода більш багатоплідна по гомозиготному генотипу *CC*, ніж по гомозиготному генотипу *T/T* на 0,22 поросяти.

Нами виявлено, що частота тварин з бажаним генотипом *A1A1* гена *NCOA1* складає 53% у свиней уельської породи та 49% у свиней української м'ясної породи.

Результати генотипування свиней породи велика біла, йоркшир, мейшан, ландрас, що утримуються в різних країнах (Росії, Франції та Канаді) підтверджують наявність у тварин поліморфізму за геном *NCOA1*. Так, за даними різних дослідників, частота бажаного генотипу *A1A1* коливається в популяціях свиней породи ландрас від 48% до 86% [1,17,24]. Цікаво, що при проведенні подібних молекулярних досліджень на свинях породи ландрас та дюрорк в Росії не

було виявлено носіїв генотипу *A2A2* [1,17]. Отримані нами дані свідчать про те, що досліджені тварини мають середній генетичний потенціал в порівнянні з зарубіжними аналогами.

Таблиця 1

Розподіл частот генотипів генів *FSHR*, *NCOA1*, *ESR*, *PRLR* у свинوماتок української м'ясної и уельської порід

| Порода | Число голів | Частота генотипів | | | Частота алелів | | χ^2 |
|-------------------|-------------|---------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|-----------|
| <i>FSHR</i> | | | | | | | |
| | | CC | CT | TT | C | T | |
| Уельська | 125 | Ф 0,55± 0,044 | 0,33± 0,042 | 0,12± 0,029 | 0,76± 0,009 | 0,24± 0,017 | 181,73*** |
| | | О 0,57± 0,044 | 0,05± 0,019 | 0,36± 0,043 | | | |
| Українська м'ясна | 72 | Ф 0,52± 0,059 | 0,34± 0,056 | 0,14± 0,041 | 0,74± 0,013 | 0,26± 0,022 | 90,34*** |
| | | О 0,54± 0,059 | 0,06± 0,028 | 0,38± 0,057 | | | |
| <i>NCOA1</i> | | | | | | | |
| | | A1A1 | A1A2 | A2A2 | A1 | A2 | |
| Уельська | 123 | Ф 0,53± 0,045 | 0,27± 0,040 | 0,20± 0,036 | 0,66± 0,012 | 0,34± 0,017 | 44,85 |
| | | О 0,44± 0,045 | 0,11± 0,028 | 0,45± 0,045 | | | |
| Українська м'ясна | 72 | Ф 0,49± 0,059 | 0,30± 0,054 | 0,21± 0,048 | 0,64± 0,017 | 0,36± 0,023 | 27,10 |
| | | О 0,41± 0,058 | 0,13± 0,040 | 0,46± 0,059 | | | |
| <i>ESR</i> | | | | | | | |
| | | AA | AB | BB | A | B | |
| Уельська | 123 | Ф 0,15± 0,032 | 0,60± 0,044 | 0,25± 0,039 | 0,55± 0,015 | 0,45± 0,017 | 120,35*** |
| | | О 0,30± 0,041 | 0,20± 0,036 | 0,50± 0,045 | | | |
| Українська м'ясна | 73 | Ф 0,19± 0,046 | 0,72± 0,053 | 0,09± 0,033 | 0,59± 0,018 | 0,41± 0,022 | 160,92*** |
| | | О 0,35± 0,056 | 0,17± 0,044 | 0,48± 0,058 | | | |
| <i>PRLR</i> | | | | | | | |
| | | AA | AB | BB | A | B | |
| Уельська | 120 | Ф 0,34± 0,043 | 0,38± 0,044 | 0,28± 0,041 | 0,53± 0,016 | 0,47± 0,017 | 26,71 |
| | | О 0,28± 0,041 | 0,22± 0,038 | 0,50± 0,046 | | | |
| Українська м'ясна | 73 | Ф 0,52± 0,058 | 0,13± 0,039 | 0,35± 0,056 | 0,58± 0,019 | 0,42± 0,022 | 11,03 |
| | | О 0,33± 0,055 | 0,18± 0,045 | 0,49± 0,059 | | | |

Примітка: Бажаний алель виділено жирним шрифтом;

*** $p < 0,01$ (між фактичним та очікуваним розподіленням).

Частота бажаного алеля *B* та генотипу *BB* гену *ESR* у свиноматок уельської породи становила 45% та 25% відповідно, у свиноматок української м'ясної породи – 41% та 9% відповідно. За даними Епішко О.А. частота генотипу *AA* у свиноматок білоруської м'ясної породи становила 61%, генотипу *AB* – 32%, генотипу *BB* – 7%, а багатоплідність білоруських свиноматок породи білоруська м'ясна з бажаним генотипом *BB* становила 11,63 голови, що на 1,3 голови більше, ніж у тварин небажаного генотипу *AA* [8]. За даними Сидоренко О.В. у свиноматок української м'ясної породи центрального типу (ДП ДГ «Еліта» Київської області) взагалі не було виявлено носіїв бажаного генотипу [21]. У гетерозиготних свиноматок (*AB*) кількість народжених поросят перевищувала на 0,51 ніж у тварин с гомозиготним генотипом *AA* [21].

Частота бажаного алеля *A* та генотипу *AA* гену *PRLR* у свиноматок уельської породи становила 53% та 34% відповідно, у свиноматок української м'ясної породи – 58% та 52% відповідно.

Дані генотипування інших авторів свідчать, що свині усіх порід виявилися гетерогенними за геном *PRLR* і несли у собі як генотип *AA*, так і *AB* й *BB*. У породи ландрас частота бажаного алелю *A* різнилась від 0,21 до 0,43, у породи дюрок – від 0,34 до 0,80, у великої білої породи – від 0,27 до 0,69 [8,23,25].

Наявність алелю *B* асоціюється з пониженням розміру гнізда. Зарубіжні автори, досліджуючи білоруську м'ясну породу свиней, збираючи дані по 426 гніздах прийшли до висновку, що свиноматки з генотипом *AA* перевищували в середньому по першому опоросі свиноматок з генотипом *BB* по кількості народжених поросят на +1,3 поросяти та по кількості живих – на +1,1 поросяти [8].

У подальшому дослідження інших зарубіжних авторів, що проводились на породах ландрас, йоркшир, дюрок, підтверджують перевагу тварин з генотипом *AA* у порівнянні із свинями з генотипами *BB*, як за загальною кількістю народжених поросят, так і за кількістю живих поросят [23].

Нами встановлено достовірну перевагу свиноматок з бажаними та проміжними генотипами по чотирьох генах (*FSHR/NCOA1/ESR/PRLR*) над тваринами с генотипами *TT/A2A2/AA/BB* (*FSHR/NCOA1/ESR/PRLR*) на 0,9 голів по багатоплідності, 0,63 голів по показникам народження живих поросят та 0,25 голів по показникам поросят при відлученні. Також виявлено перевагу свиноматок уельської та української м'ясної порід з генотипами *CC* над генотипом *TT* гену *FSHR* по багатоплідності на 0,3 та 1,3 поросяти при опоросі відповідно. Ми оцінили перевагу свиноматок української м'ясної та уельської порід генотипу *A1A1* над тваринами з генотипом *A2A2* за багатоплідністю на 0,7 та 0,4 поросяти в опоросі відповідно.

Аналіз багатоплідності свиноматок уельської та української м'ясної порід при першому опоросі виявив перевагу тварин з генотипом *BB* над свинями з генотипом *AA* по гену *ESR* на 0,9 та 1,0 поросяти відповідно. Також виявлено перевагу свиноматок уельської та української м'ясної порід з генотипами *AA* над генотипом *BB* гену *PRLR* по багатоплідності на 1,0 та 0,5 поросяти в опоросі відповідно.

Цитогенетичне дослідження тварин свідчить, що, при збільшенні частоти клітин з мікроядрами (МЯ) у тварин з бажаним та проміжним генотипом

відмічалось зменшення багатоплідності з кореляцією $r = -0,30$ та зменшувався відсоток збереженості потомства з кореляцією $r = -0,48$ ($0,99 > P > 0,95$).

При плануванні підвищення продуктивності свиней дослідниками пропонується побудова маркерних профілей [1,11]. Для розробки селекційної стратегії нами пропонується побудова маркерних профілей свиней, в яких відображені генотипи тварин за цитогенетичними та ДНК-маркерами. При врахуванні цитогенетичних показників відбирались свиноматки зі стабільним геномом та без хромосомних мутацій.

Маркерні профілі з бажаним та проміжним генотипами по генам *FSHR/NCOA1/ESR/PRLR* для свиноматок української м'ясної та уельської порід нами представлені у таблиці 2.

Таблиця 2.

Зв'язок частоти клітин з мікроядрами із багатоплідністю та збереженістю потомства у тварин бажаного та проміжного генотипів

| Ідентифікаційний номер | Родина | Показник МЯ | Багатоплідність | Збереженість |
|--------------------------|-----------|-------------|-----------------|--------------|
| Уельська порода | | | | |
| 5144 | Лайк Герл | 7 | 11 | 89,00 |
| 6692 | Лайк Мейд | 3,91 | 11 | 89,00 |
| 8794 | Дон Міст | 5,25 | 13 | 87,00 |
| 1226 | Лайк Мейд | 3,4 | 9 | 91,00 |
| 1126 | Імпоузін | 4,83 | 10 | 90,00 |
| 8464 | Емма | 3,4 | 12 | 88,00 |
| 8518 | Лайк Мейд | 3,5 | 8 | 92,00 |
| 342 | Лайк Герл | 6,7 | 10 | 90,00 |
| 1030 | Лайк Мейд | 3,4 | 12 | 88,00 |
| 8462 | Дон Міст | 3,7 | 10 | 90,00 |
| 354 | Лайк Герл | 5,5 | 13 | 87,00 |
| 4326 | Лайк Мейд | 5 | 10 | 90,00 |
| 8720 | Лайк Герл | 2,9 | 9,66 | 79,31 |
| Українська м'ясна порода | | | | |
| 1518 | Цапля | 4,5 | 12 | 88,00 |
| 214 | Цапля | 4,56 | 11 | 89 |
| 66 | Целіна | 2 | 11,33 | 88,23 |
| 822 | Цензура | 3,2 | 10 | 86,66 |
| 700 | Цапля | 6,2 | 12,5 | 68 |
| 32 | Цапля | 3,2 | 9,8 | 83,67 |
| 824 | Цензура | 3,5 | 11 | 63,63 |
| 220 | Цапля | 4,6 | 10 | 90 |
| 708 | Цензура | 3,05 | 6 | 87 |
| 638 | Целіна | 1,55 | 11 | 89 |

При збільшенні рівня МЯ у свиноматок уельської породи з бажаним та проміжними генотипами відмічалось зменшення багатоплідності зі слабкою

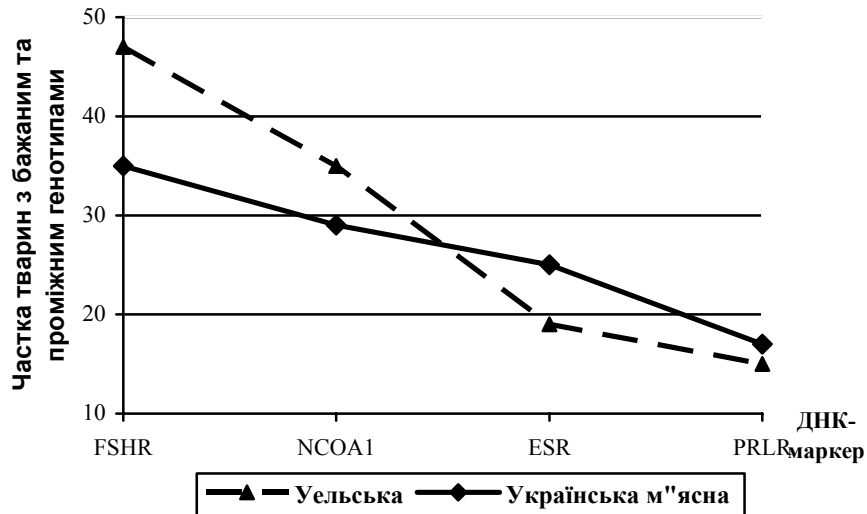
зворотною кореляцією $r = -0,30$ та відсотку збереженості потомства зі слабкою зворотною кореляцією $r = -0,29$ ($0,999 > P > 0,99$).

У свиноматок української м'ясної породи з бажаним та проміжним генотипами при збільшенні МЯ зменшувався відсоток збереженості потомства з середньою зворотною кореляцією $r = -0,40$ ($0,999 > P > 0,99$).

Виявлена нами достовірна кореляція між показниками продуктивності та рівнем МЯ тварин свідчить про те, що тварин слід відбирати не тільки на основі ДНК-маркерів, але доцільним є також врахування стабільності цитогенетичних показників свиней. Також з наших досліджень можна зробити висновок, що більш стабільний геном спостерігався у тварин з бажаними та проміжними генотипами по генам *FSHR/NCOA1/ ESR/PRLR*. Таким чином, можна припустити, що стабільність геному забезпечується оптимальною гормональною регуляцією відтворної функції, що обумовлено бажаними генотипами за генами, асоційованими з репродуктивними якостями.

Кількість тварин зі стабільним геномом для подальшого використання скорочується із збільшенням кількості маркерів, яких ми використовуємо для відбору. Так наприклад із 52 свиноматок уельської породи 47 тварин мають бажаний та проміжний генотипи по *FSHR*, з врахуванням гену *NCOA1*, їх кількість зменшується до 35. За умов врахування чотирьох генів можна використовувати лише 15 тварин, що складає 31,91% від загальної кількості. Серед 40 свиноматок української м'ясної породи бажані та проміжні генотипи по *FSHR* несуть 35 тварин, а якщо врахувати всі чотири гени – тільки 17 (48,57%) від загальної кількості.

Результати порівняльної динаміки двох порід за використанням маркерної селекції представлені на графіку 1.



Графік 1. Порівняльна динаміка використання маркерної селекції свиноматок зі стабільним геномом за бажаним та проміжним генотипом по комплексу генів *FSHR/NCOA1/ ESR/PRLR*

Таким чином, результати аналізу підтверджують ефективність використання комплексних генетичних маркерних досліджень для виявлення тварин з бажаними генотипами та стабільним геномом, що сприяє підвищенню багатоплідності свиней.

Висновки:

Проведено цитогенетичний аналіз свиноматок української м'ясної та уельської порід. Встановлено зв'язок рівня спонтанної цитогенетичної мінливості в лімфоцитах крові свиноматок з показниками продуктивності (відсоток аварійних опоросів): $r=-0,57$ в уельській та $r=-0,35$ в українській м'ясної порід.

Виявлено частоти алелей та генотипів генів *FSHR*, *NCOA1*, *ESR*, та *PRLR* у тварин української м'ясної та уельської порід.

Частота тварин з бажаним генотипом *CC* гена *FSHR* склала 52% в української м'ясної породи та 55% в уельської породи. Частка тварин з бажаним генотипом *A1A1* гена *NCOA1* – 53% свиней уельської породи та 49% української м'ясної породи. Частота бажаного алеля *B* та генотипу *BB* гену *ESR* у свиноматок уельської породи становила 45% та 25% відповідно, у свиноматок української м'ясної породи становила 41% та 9% відповідно. Частота бажаного алеля *A* та генотипу *AA* гену *PRLR* у свиноматок уельської породи становила 53% та 34% відповідно, у свиноматок української м'ясної породи становила 58% та 52% відповідно.

Показано достовірну перевагу свиноматок із бажаними та проміжними генотипами по чотирьох генах (*FSHR/NCOA1/ ESR/PRLR*) над тваринами з генотипами *TT/A2A2/AA/BB* (*FSHR/NCOA1/ ESR/PRLR*) на 0,9 голів по багатоплідності, 0,63 голів по показникам народження живих поросят та 0,25 голів за показниками поросят при відлученні.

Виявлено перевагу свиноматок уельської та української м'ясної порід з генотипами *CC* над генотипом *TT* гену *FSHR* за багатоплідністю на 0,3 та 1,3 поросят при опоросі відповідно.

Встановлено перевагу свиноматок української м'ясної та уельської порід генотипу *A1A1* над тваринами з генотипом *A2A2* за багатоплідністю на 0,7 та 0,4 поросят в опоросі відповідно.

Аналіз багатоплідності свиноматок уельської та української м'ясної порід у першому опоросі виявив перевагу тварин з генотипом *BB* над тваринами з генотипом *AA* по гену *ESR* на 0,9 та 1,0 поросят відповідно.

Виявлено перевагу свиноматок уельської та української м'ясної порід з генотипами *AA* над генотипом *BB* гену *PRLR* по багатоплідності на 1,0 та 0,5 поросят в опоросі відповідно

Встановлено, що при збільшенні мікроядер (МЯ) у тварин з бажаним та проміжним генотипом відзначалось зменшення багатоплідності з кореляцією $r= -0,30$ та зменшувався відсоток збереженості потомства з кореляцією $r= -0,48$ ($0,99 > P > 0,95$).

Розроблена селекційна стратегія з побудовою маркерних профілів свиней, в яких відображені генотипи тварин за цитогенетичними та ДНК-маркерами. При врахуванні цитогенетичних показників відбирались свиноматки зі стабільним геномом та без хромосомних мутацій.

Література

1. Адаменко В. А. Роль комплекса полиморфных маркеров в характеристике генетического потенциала свиней : автореф. дис. ... канд. биол. наук : спец. 03.02.21 – биотехнология / Адаменко Владимир Аркадьевич. — М., 2005. — 24 с.
2. Васильева Л. А. Статистические методы в биологии, медицине и сельском хозяйстве / Л. А. Васильева. — Новосибирск : ИЦиГ СО РАН, НГУ, 2007. — 127 с.
3. Гладырь Е. А. Изучение генома свиней (*Sus scrofa*) с использованием ДНК маркеров / Е. А. Гладырь, Л. К. Эрнст, О. В. Костюнина // Сельскохозяйственная биология. — 2009. — № 2. — С. 16–30.
4. Глазко В. И. Проблемы использования ДНК-технологий у животных // Сельскохозяйственная биология. — 1998. — № 4. — С. 33–42.
5. Грудев Д. И. Фенотип многоплодия свиней / Д. И. Грудев, Э. Сильвинская, В. Смирнова, И. Лимонова // Свиноводство. — 1980. — № 1. — С. 32–36.
6. Гудилин И. И. Интерьер и продуктивность свиней / И. И. Гудилин, В. Л. Петухов, Т. А. Дементьева. — Новосибирск, 2000. — С. 3–21.
7. Дмитриева Г. Л. Некоторые особенности проявления воспроизводительной функции свиноматок сибирской северной породы : Автореф. дис. ... канд. с.-х. наук : 06.02.01 / Дмитриева Галина Леонидовна. — Иркутск, 1973.
8. Епишко О. А. Гены, детерминирующие воспроизводительную функцию свиноматок / О. А. Епишко // Весці нацыянальнай акадэміі навук Біларусі. — 2008. — № 2. — С. 81–85.
9. Ефименко Л. И. Влияние хромосомной нестабильности в лейкоцитах крови на воспроизводительные качества свиней : Дис. канд. биол. наук : 06.02.01 / Ефименко Людмила Иосифовна. — Х. : Укр. акад. аграр. наук : Институт животноводства, 1992. — 113 с.
10. Завада А. Н. Изучение спонтанной изменчивости кариотипа свиней в связи с ранней оценкой их собственной продуктивности : Автореф. дис. ... канд. биол. наук / Завада А. Н. — М., 1987. — 21 с.
11. Зиновева Н. Сравнительный анализ генетических профилей свиней ливенской породы по ДНК-маркерам / Н. Зиновева, Е. Гладырь, О. Костюнина, К. Шавырина, А. Филимонов, А. Алдобаев // Свиноводство. — 2007. — № 2. — С. 5–9.
12. Зиновьева Н. ДНК-маркеры как рычаг повышения многоплодия свиней / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь, О. В. Костюнина, К. М. Шавырина, Е. К. Кунаева // Промышленное и племенное свиноводство. — 2005. — № 5. — С. 18–21.
13. Івашура М. М. Варіабельність районів прицентромірною гетерохроматину та спонтанні хромосомні мутації у лейкоцитах крові свиней / М. М. Івашура // Научно-тех. бюл. Інститут животноводства УААН. — Харьков, 1998. — № 73. — С. 27–30.
14. Кариологический анализ свиней / Яковлев А. Ф., Бавин В. Г., Стефанова В. Н. [и др.] // Методические рекомендации. — Ленинград, 1984. — 44 с.

15. Коновал О. М. Ідентифікація алельних варіантів генів *ESR* та *MC4R*, які впливають на господарсько-корисні ознаки свині свійської *Sus scrofa*, L. / О. М. Коновал, С. О. Костенко, В. Г. Спиридонов, С. Д. Мельничук // К. : Видавничий центр НУБіП України. — 2008. — 24 с.
16. Костенко С. О. Показники цитогенетичної мінливості *Sus scrofa* / С. О. Костенко, О. М. Коновал, О. В. Сидоренко, В. Т. Сметанін // Фактори експериментальної еволюції організмів : Зб. наук. праць. — К. : Логос. — Т. 6. — 2009. — С. 149–154.
17. Костюнина О. Селекція на основі ДНК-технологій / О. Костюнина, А. Левитчиков, А. Гоголев // Животноводство России. — 2008. — № 4. — С. 39–40.
18. Кунаева Е. К. Повышение эффективности селекции свиней с использованием генов *FSHB* и *ESR* / Е. К. Кунаева, Г. П. Державина, Е. А. Гладырь, Е. П. Кудина, Н. А. Зиновьева // Зоотехния. — № 4. — 2007. — С. 16–19.
19. Метлицька О. ДНК-маркерні системи селекції свиней / О. Метлицька, О. Ревенко, К. Копилова // Тваринництво України. — 2008. — № 2. — С. 22–24.
20. Новиков А. А. Использование генетических маркеров для контроля направленности селекционных процессов / А. А. Новиков, Н. И. Романенко, В. Н. Ананин, С. Н. Бусарева // Тез. докл. III межд. конференции «Молекулярно-генетические маркеры животных». — Киев, 1999. — С. 109.
21. Сидоренко О. В. Поліморфізм естроген-рецептору у свиноматок м'ясного напрямку продуктивності / О. В. Сидоренко // Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України (Селекція і розведення сільськогосподарських тварин). — 2009. — Вип. 138. — С. 320–326.
22. Z. Jiang. A missense mutation in the follicle stimulating hormone receptor (*FSHR*) gene shows different allele effects on litter size in Chinese Erhualian and German Landrace pigs / Z. Jiang, O. J. Rottmann, O. Krebs, J. Chen, H. Liu, F. Pirchner // Anim. Breed. Genet. — 2002. — № 119. — P. 335–341.
23. Lin Chang-guang. Relationship between *AluI* polymorphism of *PRLR* gene and reproduction trait of swine / Lin Chang-guang, Zhu Zhi-ming, Li Sheng-lin, Chen Hui1, Zheng Nen-zhu1, Miao Zhong-wei1, Sun Shi-kun1, Liu Ya-xuan, Ye Xian-hui // Fujian Journal of Agricultural Sciences. — 2008. — № 2. — P. 5–11.
24. Melville J. S. A meishan positive QTL for prolificacy traits found at the *NCOA1* locus on *SSC3* / Melville J. S., Gibbins1 A. M. V., Robinson1 J. A. B., Gibson J. P. et al. // 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19–23. — 2002. — P. 15–30.
25. Vincent A. L. The prolactin gene receptor is associated with increased litter size in pigs / Vincent A. L., Short T. H., Eckardt G. R. et al. // Proc Sixth World Congress Genetics Applied to Livestock Production. — 1998. — № 27. — P. 15–18.
26. Zanella E. Testicular morphology and function in boars differing in concentrations of plasma follicle-stimulating hormone / E. Zanella, D. Lunstra, T. Wise, J. Kinder, J. Ford // Biol. Reprod. — 2002. — № 60. — P. 115–118.

Summary

This article deals with the problem of cytogenetic analysis of Ukrainian meat breed and Waleses breed sows of different families of the parental and first generations. The direct relation between production indexes and the level of chromosomal mutation ($r=-0,57$ for Waleses breed sows and $r=-0,35$ for Ukrainian meat breed sows) have been established. Difference between parental generation and the first generation from their parents was noticed. Increasing level of cells this micronucleus in parents generation was established. Are constructed markers profiles of sows with stable genom with wished and intermediate genotypes on genes FSHR/NCOA1/ESR/PRLR and use of combinations of different genotypes for the purpose of increase reproduction function posterities.

Keywords: *The Ukrainian meat breed, The Waleses breed, the follicle stimulating hormone receptor (FSHR) gene, the nuclear receptor coactivator 1 gene (NCOA1), the estrogen receptor gene (ESR), the prolactin receptor gene (PRLR), micronucleus (MN).*

Рецензент - д.с.-г.н., проф. Щербатий З.С.