

УДК 636.4.082.12

ИММУНОГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СОХРАНЕНИЯ ГЕНОФОНДОВ ЛОКАЛЬНЫХ ПОРОД СВИНЕЙ

*Герасименко В.В. – к. с.-х. н., Институт
животноводства степных районов
им. М.Ф. Иванова "Аскания-Нова"*

Постановка проблемы. Как известно, современные системы разведения сельскохозяйственных животных под влиянием факторов экономического характера и в связи с реализацией недостаточно проработанных селекционных программ по интенсификации отрасли приводят к потере генетического многообразия и утрате многих, в первую очередь, локальных пород [1-3]. Такая тенденция наблюдается в ряде стран, в том числе, и в Украине [4]. В связи со сложившейся ситуацией разработка, внедрение и систематическая реализация мероприятий по сохранению генофондов редких и исчезающих пород и типов сельскохозяйственных животных разных видов имеет большое народнохозяйственное значение. Для этого нужна постоянно действующая, эффективная государственная программа [4,5], предусматривающая, помимо других мер, и создание генофондных стад со специальными системами разведения в них, в том числе, и с применением биохимических и других молекулярно-генетических маркеров [1,6], в связи с чем существенно возрастает значение разработки методов их использования для решения актуальных селекционных задач.

Состояние изучения проблемы. Полиморфные генетические системы выступают в качестве маркеров генетического материала, что открывает широкие возможности для изучения индивидуальных генотипов особей, параметров генофондов популяций и специфики протекающих в них генетических процессов. Так, исследованиями показано [7], что если 10-15 лет назад в стадах ведущих репродукторов украинской мясной породы скота иммуногенетическими методами было выявлено 188, 139 и 89 аллельных вариантов ЕАВ локуса, то к 1999 г. их количество сократилось до 115, 60 и 45. По другим данным [8] в России в стадах симментальского скота было утеряно до трети аллелей В-системы групп крови, а у чёрно-пёстрого – около половины. У красно-пёстрого скота Голландии в период его интенсивной голштинизации только с 1986 по 1992 гг. разнообразие генофонда исходной материнской красно-пёстрой породы по В- и С- локусам групп крови также уменьшилось на 47,8% [9].

В то же время, в научной литературе имеется ряд примеров эффективного практического использования молекулярно-генетических маркеров для оптимизации параметров генофондов племенных стад. Например, сообщается [10] об успешном применении генетических маркеров с целью сохранения стада свиней крупной белой породы с ограниченной численностью, разводимых по методу замкнутой популяции. Для достижения цели отбор и подбор животных в стаде осуществляли на основе заказных спариваний с учётом генного разнообразия по группам крови в соответствии с заранее определённой генетической моделью. В скотоводстве для сохранения биоразнообразия также рекомендуется проводить подбор производителей с учётом особенностей генофонда в

целом [8]. Однако исследования, проводимые в этом направлении, пока имеют лишь единичный характер.

Задача и методика исследований. Исходя из вышеизложенного, задачей исследований являлось изучение эффективности применения генетических систем эритроцитарных антигенов и некоторых полиморфных белков сыворотки крови для повышения уровня генетического полиморфизма в малочисленной популяции свиней при замкнутом разведении.

Исследования проведены на свиньях украинской степной рябой (УСР) породы генофондного стада опытного хозяйства института "Аскания-Нова". На первом этапе выполнения работ, с использованием общепринятых методов (реакции агглютинации и гемолиза, проба Кумбса, электрофорез в крахмальном геле) по эритроцитарным антигенам 6 генетических систем групп крови (EAB, EAD, EAE, EAF, EAG, EAL), а также электрофоретическим вариантам трансферрина (Tf) и амилазы (Am), было типировано 25 свиноматок и 17 производителей. Исходя из особенностей генотипов животных сформировано 2 группы, индивидуальный подбор в первой из которых (1) должен был обеспечить получение потомства с повышенными ($\geq 0,31$), а во второй (2) - с пониженными ($<0,31$) средними по гнезду (P_p) значениями уровня гетерозиготности по комплексу локусов.

На втором этапе исследований все потомки, полученные от каждого варианта спариваний родителей, также были типированы по вышеуказанным генетическим системам. После проведения семейно-генетического анализа информацию о генотипах поросят с неподтвержденным происхождением исключали из последующей обработки, после чего количество действительных потомков в группах 1 и 2, соответственно, составляло: 80 (10 опоросов) и 111 (15 опоросов). По каждому гнезду в отдельности рассчитывали полученные фактически (P_f) средние значения показателей уровня гетерозиготности по комплексу локусов. По группам потомков в целом определяли частоту встречаемости аллелей и генотипов, а также средние значения показателей эффективного числа аллелей (n_e) и доли гетерозигот (Y) на локус.

Кроме того, с использованием ретроспективных данных об особенностях индивидуальных генотипов 653 свиней УСР породы было проведено изучение частоты встречаемости в популяции животных с разными комплексными генотипами одновременно по всем вышеуказанным генетическим системам.

Результаты исследований. Анализ полученных экспериментальных данных в целом показал неплохое внутригрупповое соответствие фактических и теоретически ожидаемых средних значений показателей уровня гетерозиготности потомков по комплексу локусов, рассчитанных по каждому гнезду в отдельности. Так, в первой группе значения P_p и P_f , составляли $0,36 \pm 0,02$ и $0,31 \pm 0,02$. Во второй, соответственно, $0,25 \pm 0,01$ и $0,25 \pm 0,02$.

Следствием разнонаправленных принципов индивидуального подбора родительских пар в альтернативных группах потомков стала существенная разница в параметрах их генетической структуры, в первую очередь, по генетическим системам EAE, EAG и Tf (табл. 1).

Таблица 1 – Частота некоторых генотипов (%) у поросят разных групп в связи с особенностями подбора родительских пар

Генотип	Частота генотипов по группам потомков		Генотип	Частота генотипов по группам потомков	
	1	2		1	2
E^{bdg}/E^{edf}	2,50	21,62***	Tf^B/Tf^B	58,75	75,46*
E^{edg}/E^{edf}	26,25	14,41*	Hp^1/Hp^1	86,25	92,79
E^{edf}/E^{edf}	0,00	5,41**	Hp^1/Hp^2	13,75	7,21
G^a/G^b	65,82	44,14**	Am^1/Am^2	11,25	16,36
G^b/G^b	0,00	19,82***	Am^2/Am^2	73,75	67,27
Tf^A/Tf^B	36,25	19,09**	Голов	80	111

Примечание: * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; *** $p < 0,001$.

Так, например, у поросят первой группы достоверно повысилась доля гетерозигот E^{edg}/E^{edf} (в 1,8 раза, $p < 0,05$), G^a/G^b (с 44,1% до 65,8%, $p < 0,01$), Tf^A/Tf^B (в 1,9 раза, при $p < 0,01$) и уменьшилась доля гомозигот Tf^B/Tf^B (с 75,5% до 58,7%, при $p < 0,05$). При этом не выявлено ни одного животного, гомозиготного по аллелям E^{edf} и G^b , в то время как у животных второй группы доля таких генотипов составляла от 5,4% до 19,8%.

Расчёты показали, что средние по всем локусам значения эффективного числа аллелей в группах практически не отличались ($n_e = 1,6$), однако при этом среднее межлокусное значение доли гетерозигот у поросят первой группы составляло 31,5%, в то время как у поросят второй группы – 26,5%.

Таким образом, подбор родительских пар по комплексу генетических систем маркерных генов можно считать достаточно эффективным способом поддержания уровня генетического полиморфизма в малочисленных локальных популяциях свиней, позволяющим уже в течение одного поколения повысить средний показатель доли гетерозигот на локус на 9-18 относительных процентов.

Изучение структурной организации популяционного генофонда свиней УСР породы показало, что их генотипический состав был представлен 223 комбинированными генотипами, концентрация наиболее распространённого из которых составляла 3,86%, в то время как редкие, единичные комбинации генов встречались с частотой 0,15%. Обращает на себя внимание тот факт, что более 50% всего поголовья принадлежало всего лишь к 32 иммуногенетическим классам, составлявшим лишь 14,3% от общего количества генотипов (табл. 2).

Таблица 2 – Общая характеристика популяции свиней УСР породы по частоте комплексных генотипов (по 7 локусам)

Комплексные генотипы	Количество генотипов		Распределение поголовья	
	п	%	п	%
Распространённые (3,86% - 0,93%)	32	14,3	337	51,6
Редкие (0,15%)	117	52,5	117	17,9
Всего в популяции	223	100,0	653	100,0

В свою очередь, доля животных с наиболее редкими комбинированными генотипами (52,5% от общего количества генотипов) составляла только 17,9%. Это свидетельствует о наличии в популяции своего рода "генетического ядра", которое одновременно можно считать и репродуктивным, поскольку от свиноматок, принадлежащих к первой группе, было получено 59,1% от всех опоросов, в то время как от свиноматок, принадлежащих ко второй – 15,3% опоросов.

Стоит отметить, что сходные закономерности, касающиеся структурной организации популяционных генофондов, были обнаружены нами ранее и на других породах свиней [11-13].

В более ранних наших исследованиях, проведенных с целью изучения типов и уровня изменчивости ассоциативных взаимосвязей между разными генотипами свиней УСР породы [14] было показано, что доля достоверных парных ассоциаций между ними составляла 9,6-16,7%, причём к категории относительно стойких, сохраняющихся в популяции на протяжении более, чем десятилетнего периода, относилось 32,4% от всех выявленных ассоциаций. Их существование может быть обусловлено совокупным действием относительно постоянных векторов искусственного и естественного отбора, что, видимо, и приводит к накоплению в популяции определённых интегрированных генотипов, лучше адаптированных к условиям внешней среды.

Учитывая полученные результаты, а также тот факт, что не только недостаток, но и избыток генетической информации отрицательно сказывается на функционировании любой биологической системы [15,16], подбор родительских пар, направленный на повышение уровня генетического полиморфизма в локальных популяциях свиней, должен быть дополнен обязательным индивидуальным отбором для ремонта стада молодняка с типичными для породы, интегрированными генотипами.

Выводы и предложения. Для сохранения уровня генетического полиморфизма в замкнутых популяциях локальных пород свиней рекомендуется проводить индивидуальный подбор родительских пар, направленный на получение потомства с повышенной степенью гетерозиготности по комплексу локусов, дополненный обязательным индивидуальным отбором для ремонта стада молодняка с типичными для породы интегрированными генотипами.

Перспектива дальнейших исследований. По сложившимся в настоящее время общебиологическим представлениям отбор, преимущественно, оперирует не отдельными генами, а их группами [17,18] или даже геномами в целом [19,20]. Поэтому, учитывая адаптивное значение генетического полиморфизма, а также полигенную, в большинстве случаев, природу количественных признаков, перспективными направлениями дальнейших исследований являются: изучение селективной ценности и приспособленности различных комплексных генотипов и достаточно сложных комбинаций маркерных генов в различных условиях среды с учётом породной принадлежности животных и особенностей их обитания; изучение системной организации породных и популяционных генофондов, а также специфики её изменений в пространстве и времени и разработка на этой основе эффективных методов усовершенствования породных генофондов.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ:

1. Ефименко М. Я. Проблемы породообразовательного процесса в животноводстве / М. Я. Ефименко, Б. Е. Подоба, Р. А. Стоянов // Вісник аграрної науки. – 1999. – № 5. – С. 26–30.
2. Глазко В. И. Генетическая структура Кулундинской овцы / В. И. Глазко, А. В. Кушнир // Цитология и генетика. – 1999. – Т. 33, № 2. – С. 69–73.
3. Мирось В. В. Проблеми збереження породного генофонду свиней України / В. В. Мирось, А. Ф. Ткачов, А. І. Хватов [та ін.] // Розведення і генетика тварин. – 2001. – № 34. – С. 149–150.
4. Рубан Ю. Д. Современные задачи селекции / Ю. Д. Рубан // Вісник аграрної науки. – 1997. № 2. – С. 38–40.
5. Буркат В. П. Селекція, генетика і біотехнологія у тваринництві / В. П. Буркат // Вісник аграрної науки. – 1997. № 9. – С. 46–52.
6. Глазко В. И. Генетика изоферментов животных и растений / В. И. Глазко, И. А. Созинов. – К. : Урожай, 1993. – 528 с.
7. Цілуйко Г. О. Застосування генетичного моніторингу в м'ясному скотарстві України / Г. О. Цілуйко // Матеріали міжнар. наук.-виробн. конф. ["Селекційно-генетичні та біотехнологічні методи консолідації новостворених порід і типів сільськогосподарських тварин"]. Міжвід. тематичний наук. зб. "Розведення і генетика тварин". – 1999. – Вип. 31–32. – С. 266–267.
8. Охупкин С. К. Популяционно-биологическая концепция селекционной работы в молочном скотоводстве / С. К. Охупкин // Материалы науч.-произв. конф. ["Новые методы селекции и биотехнологии в животноводстве"]. – ч. 2. – Киев, 1991. – с. 87–88.
9. Машуров А. М. Динамика аллелофонда В- и С-систем групп крови у краснопестрого скота Голландии при кроссбридинге и программа его сохранения / А. М. Машуров, К. Байс, Дж. Бруин // Сельскохозяйственная биология. – 1999. – № 2. – С. 38–46.
10. Новиков А. А. Использование генетических маркеров для контроля направленности селекционных процессов / А. А. Новиков, Н. И. Романенко, В. Н. Ананин, С. Н. Бусарева // Тезисы докл. III междунар. конф. ["Молекулярно-генетические маркеры животных"]. – К. : Нора-принт, 1999. – с. 108–109.
11. Герасименко В. В. Параметры генофонда пяти стад свиней крупной белой породы по иммуногенетическим показателям и частоте комплексных генотипов / В. В. Герасименко // Вісник аграрної науки Причорномор'я. – 2002. – Спец. вип. 3 (17). – С. 103–109.
12. Герасименко В. В. Структурна організація генофонду стада свиней асканійського типу української м'ясної породи в зв'язку з деякими параметрами продуктивності / В. В. Герасименко, К. В. Скрепець // Біологія тварин. – 2004. – Т. 6, № 1-2. – С. 276–285.
13. Иовенко В. Н. Генофонд овец и свиней юга Украины по иммуногенетическим маркерам / В. Н. Иовенко, В. В. Герасименко, А. Г. Плахотников. – Новая Каховка: ПИЕЛ, 2007. – 140 с.

14. Герасименко В. В. Рівень мінливості асоціацій генів груп крові в популяції свиней української степової рябої породи / В. В. Герасименко // Науковий вісник "Асканія-Нова", 2009. – вип. 2. – С. 111–115.
15. Алтухов Ю. П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения / Ю. П. Алтухов // Генетика. – 1995. – Т. 31, № 10. – С. 1333–1357.
16. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях / Ю. П. Алтухов. – М. : Наука, 1983. – 280 с.
17. Левонтин Р. Генетические основы эволюции / Р. Левонтин: [пер. с англ.]. – М. : Мир, 1978. – 351 с.
18. Майр Э. Популяции, виды и эволюция / Э. Майр. – М. : Мир, 1974. – 460 с.
19. Животовский Л. А. Интеграция полигенных систем в популяциях / Л. А. Животовский. – М. : Наука, 1984. – 182 с.
20. Кейлоу П. Принципы эволюции. – М. : Мир, 1986. – 128 с.

УДК 636.082.22: 575.17

МОНІТОРИНГ АЛЕЛОФОНДУ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ХУДОБИ

*Гиль М.І. – д. с.-г. н., професор, член НААН України,
Крамаренко С.С. – к. б. н., доцент,
Волков В.А. – аспірант, Миколаївський ДАУ*

Постановка проблеми. У молочному скотарстві великомасштабна селекція нині ведеться при залученні великого арсеналу генетичних методів і прийомів оцінки спадкових характеристик. Імуногенетичне ж тестування стад і популяцій в Україні поки що займає чинне місце, воно є найбільш доступним (з огляду на кількість накопичених у спеціальних центрах матеріалів та, звичайно, цінність цих досліджень).

Стан вивчення проблеми. На думку Б.Є. Подоби [14, 15], порівняльну оцінку генофондів варто здійснювати на антигенному рівні, оскільки такі дослідження за алелями в багатьох випадках ускладнено через високу породоспецифічність. Разом із тим, ініційовані в країні породотворні процеси, особливо в останні півстоліття, обумовили тиск генетичного навантаження на самі популяції молочної худоби. На переконання багатьох дослідників [3, 5, 6, 9, 10, 13, 16], аналіз частот алелей та еритроцитарних факторів за певними генеалогічними структурами, різними генофондами на всіх етапах породотворення є невід'ємним елементом у технології селекції. Водночас, варто нагадати, що кількість наявної інформації [2, 4, 7, 11] про значимість імуногенетичного тестування викликало і потребу вдосконалення методології, яка дозволяє здійснювати моніторинг стад і порід, їх структур і, звісно, ознак селекції [12, 20]. Інколи такі дослідження ускладнені тим, що фахівцю відомо лише частоти еритроцитарних антигенів без інформації про частоти генотипів. У такому разі набір кров'яних факторів можливо розглядати як гаплотип.

Завдання і методика досліджень. Уже є перші роботи [8] з оцінювання