

ДИНАМІКА ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ПОПУЛЯЦІЇ СВИНЕЙ АСКАНІЙСЬКОГО ТИПУ УКРАЇНСЬКОЇ М'ЯСНОЇ ПОРОДИ ЗА КОМПЛЕКСНИМИ ГЕНОТИПАМИ

К. В. Скрепець, кандидат сільськогосподарських наук
ORCID ID 0000-0002-8873-3801

Інститут тваринництва степових районів імені М. Ф. Іванова
«Асканія-Нова» - Національний науковий селекційно-генетичний
центр з вівчарства

вул. Соборна, 1, смт Асканія-Нова, Чаплинський р-н,
Херсонська обл., 75230, Україна
e-mail: ascitsr.priemnaya@ukr.net

Надійшла 03.07.2019

Мета. Моніторингові дослідження змін генетичної структури асканійського типу української м'ясної породи свиней за комплексними генотипами «закритих» поліморфних систем груп крові EAB, EAD, EAE, EAF, EAG та EAL. **Методи.** Молекулярно-генетичні, популяційно-генетичні та біометричні. **Результати.** Проведено моніторинговий аналіз змін генетичних параметрів генофонду досліджуваної популяції свиней за комплексними генотипами у широкому часовому діапазоні. Одержано нові дані стосовно динаміки генетичних сполучень в процесі створення асканійського типу свиней. Визначено, що групи тварин віднесені до різних комплексних генотипів за принципом наявності їх у популяції, в різні часові періоди, без змін або навпаки флюктуючих чітко відрізняються також і за розподілом окремих генетичних маркерів використаних поліморфних систем крові. Комплексні генотипи, які протягом тривалого часу є незмінними і зустрічаються з відносно високою частотою, складають індивідуальну, притаманну асканійському м'ясному типу, імуногенетичну структуру генофонду. **Висновки.** Дослідження структурної організації стада свиней асканійського типу за частотою складних генотипів шести генетичних систем груп крові показало, що в цілому з 3645 теоретично можливих асоціацій неалельних генів виявлено лише 251 комбінацію з частотою від 5,2% до 0,066%. До найбільш розповсюджених віднесено 71 генотип, або 28,3% від загальної кількості виявлених сполучень, інші 71,7% - до розряду рідкісних асоціацій. Встановлено,

що генетична комбінативна мінливість популяції за використаними у дослідженнях генетичними системами на практиці реалізується лише на 6,88%.

Ключові слова: свині, групи крові, алель, генотип, моніторинг, генофонд, генетичні параметри.

DOI: 10.33694/2617-0787-2019-1-12-156-164

THE DYNAMICS of the GENETIC STRUCTURE the ASCANIAN TYPE PIG POPULATION of the UKRAINIAN MEAT BREED by COMPLEX GENOTYPES

K. V. Skrepets, Candidate of Agricultural Sciences

ORCID ID: 0000-0002-8873-3801

“Ascania Nova” Institute of Animal Breeding in the Steppe Regions
named after M. F. Ivanov - National Scientific Selection-Genetics

Center for Sheep Breeding

1, Soborna Street, Askania Nova, Chaplynka district,

Kherson region, 75230, Ukraine

e-mail: ascitsr_priemnaya@ukr.net

Aim. Monitoring studies of changes in the genetic parameters of the Ascanian Type the Ukrainian Meat pig breed by complex genotypes of blood groups EAB, EAD, EAE, EAF, EAG and EAL the "closed" polymorphic systems. **Methods.** Molecular genetic, population genetic and biometric. **Results.** The dynamics of the studied pig population gene pool genetic parameters was monitored by complex genotypes in a wide time range. New data were obtained on the change in genetic compounds in the process of creating the Ascanian Type of pigs the Ukrainian Meat breed. It was determined that groups of animals are assigned to different complex genotypes according to the principle of the presence of these genotypes in the population at different time periods. Regardless of whether they were fluctuating or vice versa did not change. The groups of the studied animals also clearly differ in the distribution of individual genetic markers of the used polymorphic blood systems. Complex genotypes, which for a long time are unchanged and occur with a relatively high frequency, constitute the individual immunogenetic structure of the gene pool, which is inherent for the Ascanian Meat type breed of pig. **Conclusions.** The study of the structural organization of the herd Ascanian Type in the frequency six genetic systems complex genotypes of blood groups showed that, in total, out of 3645 theoretical-

ly possible associations of non-allelic genes, only 251 combinations were found with a frequency of 5.2% to 0.066%. The most common include 71 genotypes, or 28.3% of the total number of identified compounds, the other 71.7% - to the category of rare associations. It has been established that the genetic combinational variability of the population according to the genetic systems used in the research is implemented in practice by 6.88%.

Keywords: pigs, blood types, allele, genotype, monitoring, gene pool, genetic parameters.

DOI: 10.33694/2617-0787-2019-1-12-156-164

ДИНАМИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИИ СВИНЕЙ АСКАНИЙСКОГО ТИПА УКРАИНСКОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ ПО КОМПЛЕКСНЫМ ГЕНОТИПАМ

К. В. Скрепец, кандидат сельскохозяйственных наук
ORCID ID: 0000-0002-8873-3801

Институт животноводства степных районов имени М. Ф. Иванова
«Аскания-Нова» - Национальный научный селекционно-
генетический центр по овцеводству
ул. Соборная, 1, пгт. Аскания-Нова, Чаплинский р-н,
Херсонская обл., 75230, Украина
e-mail: ascitsr.priemnaya@ukr.net

Цель. Мониторинговые исследования изменений генетической структуры асканийского типа украинской мясной породы свиней по комплексным генотипам «закрытых» полиморфных систем групп крови EAB, EAD, EAE, EAF, EAG и EAL. **Методы.** Молекулярно-генетические, популяционно-генетические и биометрические. **Результаты.** Проведен мониторинг генетических параметров генофонда исследуемой популяции свиней по комплексным генотипам в широком временном диапазоне. Получены новые данные по изменению генетических сочетаний процессе создания асканийского типа свиней украинской мясной породы. Установлено, что группы животных отнесены к различным комплексным генотипам по принципу наличия данных генотипов в популяции в разные временные периоды, без изменений или наоборот флуктуирующих, четко отличаются также и по распределению отдельных генетических маркеров используемых полиморфных си-

стем крови. Комплексные генотипы, которые в течение длительного времени являются неизменными и встречаются с относительно высокой частотой, составляют индивидуальную, присущую асканийскому мясному типу иммуногенетическую структуру генофонда. **Выводы.** Исследование структурной организации стада свиней асканийского типа по частоте сложных генотипов шести генетических систем групп крови показало, что в целом из 3645 теоретически возможных ассоциаций неаллельных генов обнаружено только 251 комбинацию с частотой от 5,2% до 0,066%. К наиболее распространенным относится 71 генотип, или 28,3% от общего количества выявленных соединений, другие 71,7% - к разряду редких ассоциаций. Установлено, что генетическая комбинационная изменчивость популяции по использованным в исследованиях генетическими системами на практике реализуется на 6,88%.

Ключевые слова: свиньи, группы крови, аллель, генотип, мониторинг, генофонд, генетические параметры.

DOI: 10.33694/2617-0787-2019-1-12-156-164

Постановка проблеми. З відкриттям поліморфізму білків і генетичних систем груп крові, які мають широку генетично детерміновану мінливість та незалежний тип успадкування їх використання у якості генетичних маркерів в селекції тварин набуло значного розмаху. На сьогодні відомо багато робіт як вітчизняних, так і іноземних вчених з вивчення можливості використання поліморфізму в селекції та генетиці тварин, але, при цьому використовувалися окремі генетичні маркери якогось одного локусу. Аналіз комплексних генотипів за рядом поліморфних систем майже не використовувався, виходячи з цього, для вивчення динаміки змін генетичної структури асканийського м'ясного типу за комплексними генотипами та особливостей мікроеволюційних процесів, які протікають у дослідженій популяції протягом тривалого часу, нами були використані «закриті» поліморфні системи груп крові EAB, EAD, EAE, EAF, EAG та EAL.

Матеріал та методика досліджень. Дослідження були проведені в ДП «ДГ ІТСП «Асканія-Нова» - ННСГЦВ» на поголів'ї племінних свиней асканийського типу української м'ясної породи (АМТ) (n=1524), які були типовані загальноприйнятими методами (реакція аглютинації, гемолізу, проба Кумбса) з використанням моноспецифічних діагностикумів за еритроцитарними антигенами генетичних систем груп крові В, Е, F, G та L. При проведенні моніторингового аналізу змін генетичних параметрів генофонду досліджуваної популяції за комплексними генотипами у широкому часовому діапазоні

були використанні ретроспективні дані лабораторії генетики Інституту «Асканія-Нова», починаючи з 1986 року, тобто, з першого початкового етапу створення асканійського м'ясного типу.

Результати досліджень. Всього у типованих за молекулярно-генетичними маркерами вищезгаданих генетичних систем груп крові тварин асканійського м'ясного типу (n=1524) було виявлено 251 комбінацію комплексних генотипів, кількість яких, за періодами доволі динамічна, табл. 1.

Таблиця 1. Динаміка змін кількості комплексних генотипів по періодам

Показник	Період				
	I	II	III	IV	Разом
Кількість голів	597	411	126	390	1524
Кількість комплексних генотипів	144	134	74	123	251

Одні комбінації повністю елімінуються, а інші, завдяки комбінаторній мінливості, утворюються, але в цілому спостерігається зменшення на 14,6% кількості комплексних генотипів у IV періоді, в порівнянні з I (1986-1990 роки) (144 комплексів), коли новий м'ясний тип лише створювався. В зв'язку з цим, слід відзначити значне зменшення на 21,1% чисельності типованого ремонтного поголів'я між I та IV часовими періодами. При порівнянні третього досліджуваного періоду (1996-2000 роки) з другим слід відзначити, що для ремонту основного поголів'я свиней було залишено в 3,26 рази менше підсвінків (126 голів), що безперечно веде до звуження і збідніння генофонду асканійського типу української м'ясної породи. Проявляється так званий ефект «бутилочного горлышка». У IV періоді за всіма дослідженими генетичними системами спостерігаються хоч і незначні, але високовірогідні ($p < 0,05 - 0,001$) зміни частот генотипів та відповідних алелів.

Комплексні генотипи, які протягом тривалого часу є незмінними і зустрічаються з відносно високою частотою, складають індивідуальну, притаманну асканійському м'ясному типу, імуногенетичну структуру генофонду. Частоти генотипів та відповідних алелів за отриманими комплексними генотипами наведено у таблицях 2, 3.

Таблиця 2. Концентрація комплексних генотипів за поліморфними системами маркерних генів

Система	Генотип	Комплексні генотипи, %		
		Незмінні	Змінні	Загалом
1	2	3	4	5
EAB	a/a	100,00***	63,43	85,17
	a/b	0,00***	34,95	14,17
	b/b	0,00***	1,62	0,66
EAD	a/a	0,00	0,00	0,00
	a/b	0,00***	4,37	1,77
	b/b	100,00***	95,63	98,23
EAE	aeg/aeg	0,00*	0,32	0,13
	aeg/bdf	0,00**	0,65	0,26
	aeg/edg	0,00***	1,29	0,52
	aeg/bdg	0,00***	2,59	1,05
	aeg/edf	0,00***	2,59	1,05
	bdg/bdg	35,54	18,61	28,67
	bdg/bdf	0,00***	5,66	2,30
	bdg/edg	19,87	19,90	19,88
	bdg/edf	33,11***	12,62	24,80
	bdf/edg	0,00	0,16	0,07
	bdf/edf	0,00***	1,13	0,46
	edg/edg	0,88***	7,77	3,67
	edg/edf	7,40***	18,28	11,81
edf/edf	3,20***	8,41	5,31	
EAF	a/a	0,00***	5,34	2,17
	a/b	35,65	33,33	34,71
	b/b	64,35	61,33	63,12
EAG	a/a	16,78***	26,21	20,60
	a/b	55,96***	37,06	48,29
	b/b	27,26***	36,73	31,10
EAL	a/a	0,00***	9,55	3,87
	a/b	30,46***	47,09	37,20
	b/b	69,54***	43,37	58,92
Поголів'я:		906 (59,45%)	618 (40,55%)	1524

Примітка: тут та в таблиці 3.20: *p<0,05; **p<0,01; ***p<0,001

Таблиця 3. Частота алелів за поліморфними системами маркерних генів

Система	Алелі	Частоти алелів		
		Незмінні	Змінні	Загалом
1	2	3	4	5
EAB	a	1,000***	0,809	0,923
	b	0,000***	0,191	0,077
EAD	a	0,000***	0,022	0,009
	b	1,000***	0,978	0,991
EAE	aeg	0,000***	0,039	0,016
	bdf	0,000***	0,038	0,015
	bdg	0,620***	0,390	0,527
	edg	0,145***	0,276	0,198
	edf	0,235	0,257	0,244
EAF	a	0,178*	0,220	0,195
	b	0,822*	0,780	0,805
EAG	a	0,448	0,447	0,448
	b	0,552	0,553	0,552
EAL	a	0,152***	0,331	0,225
	b	0,848***	0,669	0,775

За всіма дослідженими періодами, було виявлено лише 38, або 15,1% «незмінних» комплексних генотипів від загальної кількості варіантів генетичних сполучень. Кількість тварин, носіїв цих комплексних генотипів, склала 59,5% від всього дослідженого поголів'я (906 голів) У середньому на кожне генетичне сполучення припадає 23,8 голови свиней асканійського типу. Ці комплексні генотипи нами були умовно віднесені до групи розповсюджених. Концентрація комбінаторних варіантів цих генетичних комплексів коливалася від 0,262% до 5,184%. Інші 84,9% (213) мінливі асоціації генів досліджених генетичних систем були притаманні лише 40,5% (618 голів) досліджених свиней асканійського типу (середня кількість тварин на кожну комбінаторну асоціацію становить 2,9 голови (середня кількість тварин носіїв генетичних варіантів рідкісних генотипів у 8,2 рази менша ніж у розповсюджених), частота зустрічальності коливається від 0,066% (одиночні випадки) до 2,100% (у більш розповсюджених варіантів). Ці комплекси нами були умовно віднесені до розряду рідкісних, «змінних» генотипів.

У результаті аналізу таблиць 2 та 3 нами були виявлені деякі до-

силь цікаві факти. У групі «змінних» комплексних варіантів визначено чотири алеля – B^b, D^a, E^{aeg} та E^{bdf} з частотою від 0,022 до 0,191, які флукутують (з'являються або зникають) у досліджені часові періоди. При цьому, ці алельні варіанти взагалі не виявлено у «незмінних» генних асоціаціях, які притаманні 59,45% типованого поголів'я. За всіма вивченими «закритими» генетичними системами виявлено високовірогідну ($p < 0,05 - 0,001$) різницю між частотами алелів сформованих груп комплексних генотипів.

Найбільший інтерес викликає поліалельна генетична система EAE, з 14 визначених у всього поголів'я типованих свиней АМТ за цим локусом генотипів група розповсюджених, «незмінних» комплексів є носіями лише 6 алельних сполучень. Показники таких генетичних параметрів, як ефективна кількість алелів ($n_e = 2,17$), та середня кількість генотипів на локус ($k = 4,67$) свідчать про відносно низький рівень поліморфізму у порівнянні з групою генотипів, які нами віднесено до рідкісних, «змінних».

Наведені дані свідчать, що генетична структура дослідженої популяції свиней асканійського м'ясного типу доволі динамічна. Направлені зміни концентрації багатьох алелів і генотипів дозволяють зробити припущення, що вивчені генетичні системи маркерних генів не є нейтральними по відношенню до дії штучного та природного відборів, тому подальше вивчення селекційної цінності не лише окремих а і комплексних (комбінованих) генетичних маркерів відкриває можливості для оптимізації параметрів генетичної структури стада та підвищення продуктивності тварин.

Висновки. Таким чином, групи тварин віднесені до різних комплексних генотипів за принципом наявності їх у популяції без змін або навпаки флукують чітко відрізняються і за розподілом окремих генетичних маркерів використаних поліморфних систем крові.

У дослідженій популяції свиней з 3645 теоретично можливих асоціацій неалельних генів виявлено лише 251 генетичну комбінацію з частотою зустрічальності від 5,2% і середньою кількістю тварин носіїв розповсюджених генних асоціацій 17 голів до 0,066% у рідкісних, одиночних комбінаторних варіантах, представлених в середньому лише 1,8 носіїв. До числа найбільш розповсюджених було віднесено 28,3% від загальної кількості виявлених сполучень, або 71 комплексний генотип, інші 71,7% віднесено до розряду рідкісних асоціацій. Генетична комбінативна мінливість популяції за використаними у дослідженнях генетичними системами на практиці реалізується лише на 6,88%.

Комплексні генотипи, які віднесено до числа відносно розповсюджених, складають 78,8% ($n=1202$) від усіх тварин дослідженої популяції, носіями рідкісних, одиночних варіантів виявлено 322 голови

(21,13%). Ця група є постачальником нових комбінацій генів і забезпечує адаптаційні можливості популяції.

Список використаної літератури

1. Тихонов В. Н. Иммуногенетика и биохимический полиморфизм домашних и диких свиней. Новосибирск, 1991. 303 с.
2. Allord R.W. The effect of selection on esterase allozymes in barley population / R. W. Allord, A. L. Kahler, B. S. Weir // *Genetics (US)*. – 1972. – V. 72. - № 4. – P. 489-503.
3. Baker L. New allele in the transferring system of pigs TFE Ammes, an apparent mutation / L. Baker // *Vox Sang.* – 1968. - V. 14, № 6. – P. 446-451.
4. Плахотников А. Г., Соловьев И. В., Герасименко В. В. Генетический контроль селекционных процессов в свиноводстве. *Зоотехния*. 1999. № 6. С. 7–8.
5. Иовенко В. Н., Герасименко В. В., Плахотников А. Г. Генофонд овец и свиней юга Украины по иммуногенетическим маркерам. Новая Каховка : ПИЕЛ, 2007. 140 с.
6. Герасименко В. В. Некоторые актуальные вопросы маркерной селекции в животноводстве. *Науковий вісник «Асканія-Нова»*. Нова-Каховка, 2012. Вип. 5, Ч. II. С. 201–215.

References

1. Tikhonov, V. N. (1991). *Immunogenetika i biokhicheskiy polimorfizm domashnikh i dikikh sviney [Immunogenetics and biochemical polymorphism of domestic and wild pigs]*. Novosibirsk [in Russian].
2. Allord R.W. The effect of selection on esterase allozymes in barley population / R. W. Allord, A. L. Kahler, B. S. Weir // *Genetics (US)*. – 1972. – V. 72. - № 4. – P. 489-503.
3. Baker L. New allele in the transferring system of pigs TFE Ammes, an apparent mutation / L. Baker // *Vox Sang.* – 1968. - V. 14, № 6. – P. 446-451.
4. Plakhotnikov, A. G., Solov'ev, I. V., & Gerasimenko, V. V. (1999). Geneticheskiy kontrol' selektsionnykh protsessov v svinovodstve [The genetic control of breeding processes in pig breeding]. *Zootekhnika – Zootechnics*, 6, 7-8 [in Russian].
5. Iovenko, V. N., Gerasimenko, V. V., & Plakhotnikov, A. G. (2007). *Genofond ovets i sviney yuga Ukrainy po immunogeneticheskim markeram [The gene pool of sheep and pigs in the south of Ukraine by immunogenetic markers]*. Novaya Kakhovka: "PIEL" [in Russian].
6. Gerasimenko, V. V. (2012). Nekotorye aktual'nye voprosy markernoy selektsii v zhitovnovodstve [Some topical issues of the selection marker's in the animal breeding]. *Naukovyi visnyk «Askaniia-Nova» - Scientific Herald "Askania Nova"*, 15, II, 201-215 [in Russian].