

It was made the accent on new ideas in reference of structuring and the technical implementation of each program – a flexible modification of the system of coding information that takes into account peculiarities and changes in the data base, connection and disconnection of records; changes in the characteristics of objects of description; unified system of naming sexes of bases of data; system of symbols and rules for marking data; base data dictionary that allows you to find necessary indexes and developing additional subprograms and other.

It is concluded that using of this elaboration gives the possibility to bring information to the appropriate data bases, to systematize it efficiently and receiving in-depth and analytically decorated result.

The developed software system is one of subsystems of the general system of a complex information providing the technological process in pig breeding which is worked out in Institute of Pig Breeding and AIP NAAS. Software resources can be successfully used in scientific researches, as well as in the manufacturing sector and in the meat industry.

Key words: information, data bases, software resources, pigs, analysis, fattening qualities, meat productivity, pork quality.

УДК 636.4.082: 575.113

Почерняєв К.Ф., кандидат біологічних наук

Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН

ВПЛИВ ЕНДОГАМІЇ НА РІВЕНЬ ГАПЛОЇДНОГО РІЗНОМАНІТТЯ ЧЕРВОНОЇ БІЛОПОЯСОЇ ПОРОДИ М'ЯСНИХ СВИНЕЙ

Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук С.М.Корінний

ПЛР-ПДРФ аналіз мітохондріальної ДНК основних родин червоної білопоясої породи м'ясних свиней визначив гаплогрупи відкритих і закритих субпопуляцій. У закритій субпопуляції свиней визначений високий рівень гаплоїдного різноманіття ($H = 0,635$), що вказує на генеалогічне структурування племінного стада. З причини міграції у відкриту субпопуляцію чоловічих особин, зниження гаплоїдного різноманіття ($N = 0,095$) відбулося побічно, через переважне розмноження кросбредних ремонтних свинок. Таким чином, твердження, що інтрогресія є додатковою причиною генетичної ерозії, знаходить своє підтвердження і в зниженні гаплоїдного різноманіття.

Ключові слова: свині, мітохондріальна ДНК, червона білопояса порода, гаплогрупа, гаплоїдне різноманіття.

Селекції чистопородних свиней на збільшення продуктивності їх гібридних нащадків, заважає низька генетична кореляція між продуктивністю чистопородних і гібридних тварин. Це обмеження може бути усунено за допомогою маркерної селекції. Але ефективне використання маркерної селекції неможливо без широкомасштабного аналізу родоводів і зменшення рівня інбридингу [1]. Як у випадку використання маркерної селекції так і трансгенних технологій підвищення продуктивності тварин, на певному етапі роботи, необхідно буде використовувати популяції з малою чисельністю. В деяких випадках це можуть бути навіть окремі тварини – засновники популяції. Моделювання засновник-специфічної інбредної депресії (founder-specific inbreeding depression – FSID) визначило, що засновник з гіршим ефектом інбредної депресії зменшував термін використання свиноматок на 10% порівняно з засновником із помірним

ефектом інбредної депресії. Встановлено значну мінливість в ефектах FSID зі шкідливим, нейтральним і навіть з корисним впливом на термін використання свиноматки. Ця гетерогенність може бути пов'язана з нерівним розподілом рецесивного шкідливого генетичного вантажу серед геномів засновників, а також з різним селекційним тиском на кожну генетичну лінію до якої належав засновник [2]. Оцінити гетерогенність тварин і певних ліній потенційно можливо з використанням молекулярно-генетичних маркерів. Дослідження можливості використання SNP маркерів для оцінки ліній свиней в умовах випадкової комбінації гамет і полігінії показали, що ступінь достовірності незначна, але досить корисна для практичного застосування [3]. У зв'язку з цим виникає необхідність залучення до оцінки гетерогенності свиней різних класів молекулярно-генетичних маркерів.

Сьогодні, для оцінки гетерогенності свиней використовують ДНК-маркери різних типів. ДНК-маркер – це нуклеотидна послідовність ДНК з двома або більше альтернативними варіантами, що виникли внаслідок еволюції або генетичної інженерії, і яку можливо визначати відповідним способом. Ця послідовність ДНК може бути як з відомою хромосомною локалізацією, так і анонімною та може використовуватися для ідентифікації генів, груп зчеплення, особин, порід, видів або ознак. ДНК-маркером, наприклад, може бути коротка послідовність ДНК, така як одонуклеотидний поліморфізм (SNP), помірно довга – як мікросателіти (SSR) або довгі, як *Alu*-повтори, варіації копій генів (CNV). Нарешті, ДНК-маркером є спадкові модифікаційні зміни молекули ДНК без зміни нуклеотидної послідовності, наприклад, шляхом метилювання. При використанні мітохондріальних ДНК-маркерів, головним чином, використовують нуклеотидні послідовності D-петлі і гена цитохрому В.

Червона білопояса порода свиней створена методом складного відтворювального схрещування 7 вітчизняних і зарубіжних порід свиней: великої білої, миргородської, ландрас, п'єтрэн, уессекс-седлбек, дюрок та гемпшир. Порода затверджена в 2007 році. Генеалогічна структура червоної білопоясої породи свиней складається з 9 ліній і 10 родин. Чисельність племінного поголів'я за станом на 2013 рік становить 661 голови основних свиноматок і 53 голови основних кнурів. Розводять їх в 4 племзаводах і 6 племрепродукторах різних регіонів України. За кількістю тварин у племінних господарствах порода займає 4 місце. Оскільки, в системах гібридизації порода рекомендована як батьківська форма для отримання фінального гібрида, визначення наявності або відсутності впливу генетичної ізоляції та міграцій на рівень гаплотипного різноманіття червоної білопоясої породи м'ясних свиней очевидна.

Матеріали і методи. Для дослідження були відібрані зразки щетини свиноматок основних родин червоної білопоясої породи м'ясних свиней ТОВ «Україна-Т» (n = 32) – закрыта субпопуляція і ТОВ «ФрідомФарм бекон» (n = 20) – відкрита субпопуляція. Виділення ДНК проводили з використанням іонообмінної смоли Chelex-100 [4]. Ампліфікацію фрагмента контролюючого регіону, який знаходиться між позиціями 15534 і 15962 мітохондріального геному свині, проводили на програмованому термостаті Терцик-2 (ДНК-технології, Росія) з використанням набору реагентів (ТАПОТІЛІ, Росія) і олігонуклеотидних праймерів власного дизайну MITPRO2F: catacaaatatgtgaccccaa і MITPROR: gtgagcatgggctgattagtc. [5]. Аліквоту продукту ПЛР (10 мкл) гідролізували ендонуклеазою *Tas* I (MBI Fermentas, Литва). Продукти ампліфікації і гідролізу ДНК аналізували у 8% поліакриламідному гелі. Як маркер молекулярної маси використовували ДНК плазмиди *pBlueScript*, гідролізованої ендонуклеазою *Msp* I. Візуалізацію продуктів ампліфікації і рестрикції здійснювали шляхом фарбування бромистим етидієм і фотографуванням на транслюмінаторі в ультрафіолетовому світлі.

Популяційно-генетичні розрахунки виконані за допомогою програми GENALEX 6 [6].

Результати й обговорення. На основі аналізу п'яти одонуклеотидних поліморфізмів мітохондріальної ДНК визначена специфічна характеристика закрытої субпопуляції червоної білопоясої породи свиней ТОВ «Україна-Т». Гаплогрупа цієї субпопуляції включала п'ять мітохондріальних гаплотипів: **B1, C, G, N і J1**. В одному зразку,

ідентифіковано наявність двох гаплотипів **B1 + N**. Для з'ясування природи цього факту – наявності гетероплазмії або об'єднання щетини від двох тварин при взятті зразків, необхідно додаткове дослідження.

Для даної субпопуляції, яка характеризується генетичною ізоляцією протягом п'яти генерацій, визначено високий рівень гапліодної різноманітності ($h = 0,635$). Це може свідчити про підтримання генеалогічної структуризації племінного господарства. Значна кількість ідентифікованих гаплотипів дозволяє генетично маркувати генеалогічні родин.

У вибірці субпопуляції свиней ТОВ «Фрідом Фарм бекон», що характеризується низьким рівнем ендогамії, визначено різке зменшення рівня гапліодної різноманітності ($h = 0,095$), а гаплогрупа представлена двома гаплотипами **B1 і J1**, що може бути пояснено промисловим виробництвом свинини, що вимагає жорсткого відбору високопродуктивних ліній у збиток генеалогічної структуризації стада.

Нуклеотидні послідовності мітохондріальної ДНК в якості маркерів гетерогенності мають свої особливості, оскільки сегрегація мітохондріальної ДНК в популяції домашніх тварин відбувається тільки в результаті включення в популяцію жіночих особин (материнський тип успадкування). Так, наприклад, описано існування в гаплогрупі однієї породи, як європейських так і азійських мітохондріальних гаплотипів. Це характерно для порід канарійська чорна, німецький та бельгійський п'єстрен, велика біла та ландрас. На противагу цьому, серед різних типів іберійської і майорської чорної порід виявлений тільки європейський мітохондріальний гаплотип. Автори зробили висновок, що інтрогресія китайських порід свиней мала місце тільки в основні європейські породи, гаплогрупи яких і зараз зберігають в собі азійські мітохондріальні гаплотипи, з частотою від 15 до 56%. На противагу цьому, місцеві іспанські породи свиней, такі, як іберійська і майорська чорна, продемонстрували наявність тільки європейського гаплотипу. Ця особливість місцевих порід, на думку авторів публікації, свідчить про відсутність схрещування з китайськими або іншими європейськими породами [7]. Разом з тим відомо, що для ввідного схрещування значно частіше, використовують кнурів, ніж свиноматок.

Оскільки, червона білопояса порода ТОВ «Фрідом Фарм бекон» використовується як батьківська форма для отримання фінального гібрида, в досліджуваній субпопуляції було вироблено ввідне схрещування з породою дюрорк.

На нашу думку, введення до субпопуляції червоної білопоясої породи ТОВ «Фрідом Фарм бекон» кнурів породи дюрорк вплинуло на зменшення рівня гапліодного різноманіття опосередковано, через переважний ремонт стада помісними (дюрорк $\times$ ЧБП) свинками, нащадками свиноматок з гаплотипами **B_p, G**.

Висновки. Закрита субпопуляція свиней з генеалогічним структуруванням племінного стада дозволяє підтримувати високий рівень гапліодного різноманіття ($h = 0,635$). Це може бути також використано і для ДНК-маркування генеалогічних родин.

З огляду на міграцію у відкриту субпопуляцію чоловічих особин, зниження гапліодного різноманіття ($N = 0,095$) відбулося опосередковано, через переважне розмноження кросбредних ремонтних свинок. Очевидно, промислове виробництво свинини, вимагає жорсткого відбору високопродуктивних ліній на шкоду генеалогічної структуризації стада. Таким чином, твердження, що інтрогресія є додатковою причиною генетичної ерозії [8], знаходить своє підтвердження і в зниженні гапліодного різноманіття.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Dekkers J.C. Marker-assisted selection for commercial crossbred performance / J.C. Dekkers // J. Anim. Sci. – 2007. – V.85. – P.2104–2114.
2. Casellas J. Skew distribution of founder-specific inbreeding depression effects on the longevity of Landrace sows / J. Casellas, L. Varona, N. Ibáñez-Escriche, R. Quintanilla, J.L. Noguera // Genet. Res. – 2008. – V.90. – P.499–508.

3. Nomura T. Interval estimation of the effective population size from heterozygote-excess in SNP markers // *Biom. J.* – 2009. – V.51. – P.996–1016.
4. Walsh P.S. Chelex 100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material / P.S. Walsh, D.A. Metzger, R. Higuchi // *BioTechniques.* – 1991. – №10. – P. 506.
5. Почерняев К.Ф. Визначення гаплотипів свиней з використанням методу породо-специфічного ПЛР-ПДРФ мітохондріальної ДНК / К.Ф. Почерняев // *Ветеринарна біотехнологія.* – 2005. – №6. – С.138 – 143.
6. Peakall R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research / R. Peakall and P.E. Smouse // *Molecular Ecology Notes* – 2006. – V.6. – P. 288–295.
7. Cloup A. Estimating the frequency of Asian cytochrome B haplotypes in standard European and local Spanish pig breeds / A. Cloup, M. Amills, J.L. Noguera, A. Fernández, J. Capote, M.M. Ramón, L. Kelly, J.M.H. Kijas, L. Andersson, A. Sánchez // *Genet. Sel. Evol.* – 2004. – V.36. – P.97–104.
8. Tisdell C. Socioeconomic causes of loss of animal genetic diversity: analysis and assessment / C. Tisdell // *Ecological Economics.* – 2003. – V.45. – №3. – P.365–376.

Почерняев К.Ф. Влияние эндогамии на уровень гаплоидного разнообразия красной белопоясой породы мясных свиней

ПЦР-ПДРФ анализ митохондриальной ДНК основных семейств красной белопоясой породы свиней определил гаплогруппы открытых и закрытых субпопуляций. В закрытой субпопуляции свиней определен высокий уровень гаплоидного разнообразия ($H = 0,635$), что указывает на генеалогическое структурирование племенного стада. В виду миграции в открытую субпопуляцию мужских особей, снижение гаплоидного разнообразия ($h = 0,095$) произошло косвенно, через преобладающее размножение кроссбредных ремонтных свинок. Таким образом, утверждение, что интрогрессия является дополнительной причиной генетической эрозии, находит свое подтверждение и в снижении гаплоидного разнообразия.

Ключевые слова: свиньи, митохондриальная ДНК, красная белопоясая порода, гаплогруппа, гаплоидное разнообразие.

K.F. Pochernyaev. The effect of genetic isolation and migration on a haploid diversity Red White Belted breed meaty pigs

PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA major families Red White Belted breed pig identified haplogroups of open and closed subpopulations. In a closed subpopulation of pigs defined high level of haploid diversity ($h = 0,635$), indicating the genealogical structuring breeding herd. In due to the migration to an open subset of males, reducing the diversity of haploid ($N = 0,095$) occurred indirectly through predominant breeding crossbred replacement gilts. Thus, the claim that introgression is an additional cause of genetic erosion, is confirmed by the decrease in the haploid diversity.

Key words: mitochondrial DNA, Red White Belted breed pig, haplogroup, haploid diversity.