

## ОСОБЛИВОСТІ ГЕНОФОНДУ ТА ЙОГО ДИНАМІКА У СВИНЕЙ ЧЕРВОНОПОЯСНОЇ СПЕЦІАЛІЗОВАНОЇ М'ЯСНОЇ ЛІНІЇ ЗА ІМУНОГЕНЕТИЧНИМИ ПОКАЗНИКАМИ

*В.В.Герасименко, старший науковий співробітник  
Інститут тваринництва степових районів "Асканія Нова"  
В.А.Лісний, кандидат сільськогосподарських наук, доцент  
Н.С.Савосік, аспірант  
Херсонський державний аграрний університет*

*Вивчено особливості генетичної структури червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії. Вивчені особливості в частоті алелей та генотипів за окремими генетичними системами еритроцитарних антигенів в межах різних селекційних груп тварин. Розраховані індекси генетичної схожості за маркерними генами між вихідними породами, які були використані при створенні червонопоясних свиней і досліджуваної популяцією.*

*Изучены особенности генетической структуры краснопоясной специализированной мясной линии. Изучены особенности в частоте аллелей и генотипов по отдельным генетическим системам эритроцитарных антигенов в пределах разных селекционных групп животных. Рассчитаны индексы генетической схожести по маркерным генам между исходными породами, которые были использованы при создании краснопоясных свиней и исследуемой популяции.*

На сучасному етапі у зв'язку з скороченням рівня генетичного різноманіття видів сільськогосподарських тварин істотно зростає роль генетичного моніторингу порід і популяцій, груп тварин, що селекціонуються, з використанням широкого спектру молекулярно-генетичних маркерів і розробка на цій основі ефективних методів управління генетичним потенціалом [1]. Першочерговими в проведенні таких досліджень є задачі збереження наявних генотипів, їх інвентаризації і створення повноцінного банку даних і специфічних характеристик порід [2,3].

Червонопоясна спеціалізована м'ясна лінія була створена під керівництвом В.П.Рибалко методом складного відтворного схрещування свиней полтавського м'ясного типу, а також порід велика біла, ландрас, гемпшир та дюрк [4]. Підбором таких початкових

форм планувалося об'єднати в генетичній структурі тварин створюваної лінії найважливіші господарсько-корисні ознаки: високу відтворну здатність, інтенсивність вирощування, ефективне використання корму і підвищену м'ясність.

Метою даної роботи було вивчення імуногенетичних особливостей свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії та динаміки зміни їх генофонду під впливом селекційного процесу.

**Матеріал і методика.** Дослідження проведені на племінних тваринах популяції червонопоясних свиней яких розводять на фермах ЗАТ “Фрідом Фарм” у Херсонській області. Господарство займається розведенням свиней великої білої породи та червонопоясної спеціалізованої лінії. Тварин вихідних генотипів удосконалюють методами чистопорідного розведення і використовують в системі гібридизації як материнську та батьківську форми. Високий рівень годівлі повноцінними комбікормами забезпечує максимальну реалізацію генетичного потенціалу кожної тварини, що сприяє прискоренню селекційного процесу за відгодівельними якостями. Середньодобові прирости ремонтного молодняка у віці від 3 до 8-ми місяців сягають 750-900 грамів. На такому рівні реалізації генетичних можливостей тварин особливе значення для селекційної роботи мають імуногенетичні методи досліджень, які передбачають вивчення генетичної структури порід та популяцій, контроль надходження молодняка, генетичне маркування генеалогічних груп. Дослідження проведені на 112 племінних тваринах червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії, які в 2003 р. були типовані по еритроцитарних антигенах, контрольованих генетичними системами груп крові А, В, Е, F, G, H, До, L. При цьому використовували загальноприйняті методи (реакції аглютинації та гемолізу, проба Кумбса) із застосуванням 23 моноспецифічних сироваток-реагентів, виготовлених на Армавірській біофабриці (Росія), а також частково — в лабораторії імуногенетики інституту тваринництва “Асканія-Нова” та пройшли міжнародні порівняльні випробування. Крім того у всіх тварин методом електрофорезу в крохмальному гелі виявляли електрофоретичні варіанти білків сироватки крові: трансферину (Tf) та амілази (Am). Одержані дані використовували

ли для ідентифікації генотипів тварин, визначення їх концентрацій і концентрацій відповідних алелей [5] в досліджуваній популяції і в межах найбільш представлених ліній. Достовірність різниці в частотах зустрічності алелей і генотипів між порівнюваними групами оцінювали за методом кута  $\phi$  Фішера [6]. При оцінці ступеня алельної та генотипової різноманітності застосовували також показники: ефективне число алелей ( $n_e$ ) і середнє число генотипів на локус ( $\mu$ ) [7]. Індекси генетичної схожості між досліджуваними групами по окремих генетичних системах розраховували по формулі Животовського [8]. Для характеристики рівня генетичної схожості за комплексом локусів використовували рівняння відповідних індексів за 5 “закритими” генетичними системами груп крові В, Е, F, G, L. Для порівняльного аналізу параметрів генофондів, використовували дані про генетичну структуру популяції свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії (ЧПСА), які є в лабораторії імуногенетики інституту тваринництва, “Асканія-Нова”, типованих в 1993-1996 рр. в радгоспі “Гвардійський” Одеській області, а також результати системного генетичного моніторингу генофондів популяцій свиней полтавського м'ясного типу (ПМ)), великої білої (ВБ), ландрас (Л) і дюрок (Д) порід, що проводиться впродовж багатьох років цієї лабораторією в південному регіоні України.

**Результати досліджень.** У таблицях 1 і 2 наведені дані про параметри генофондів двох популяцій свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії за імуногенетичними показниками. наведені дані свідчать, що для свиней цієї лінії характерна висока концентрація алелей  $A^-$ ,  $V^a$ ,  $F^b$ ,  $H^-$ ,  $K^b$ ,  $Am^2$ ,  $Tf^B$  (0,509-0,995) і відповідних їм гомозиготних генотипів (36,6-99,1%). До тих, що рідко зустрічаються можна віднести алелі  $E^{aeg}$ ,  $E^{bdf}$ ,  $F^a$ ,  $H^b$ ,  $L^{agi}$ ,  $Am^1$  (0,005-0,054) і генотипи  $E^{aeg}/E^{edg}$ ,  $E^{aeg}/E^{edf}$ ,  $E^{bdf}/E^{edf}$ ,  $K^-/K^-$ ,  $L^{bdfi}/L^{bdfi}$ ,  $L^{agi}/L^{agi}$ ,  $Am^1/Am^2$  (0,9%) і деякі інші. Найбільш поліморфними були системи Е і L груп крові ( $n_e=2,8$ ;  $\mu=7,1-7,3$ ). За генетичною системою ЕАЕ найпоширенішим був алель  $E^{edfh}$  (0,491), тоді як алелі  $E^{bdg}$ ,  $E^{edg}$  зустрічалися з проміжною і приблизно однаковою частотою (0,228-0,254), а алелі  $E^{aeg}$  і  $E^{bdf}$ , як вже наголошувалося, були виявлені лише у одиничних особин (Табл. 1).

Таблиця 1

## Частота алелей у свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії

Система	Алелі, параметри	Частота алелей по стадах і лініях					
		"Гвардійській"	"Фрідом Фарм"	Дивізіона	Дебюта	Девіза	Демона
A	--	0,594	0,876	0,866	0,920	0,802	0,931
	ср	0,406	0,124	0,134	0,080	0,198	0,069
B	a	0,797	0,884	0,875	0,885	0,929	0,900
	b	0,203	0,116	0,125	0,115	0,071	0,100
	n <sub>c</sub>	1,5	1,3	1,3	1,3	1,2	1,2
	μ	2,3	2,1	2,3	1,8	1,7	1,8
E	aeg	0,026	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000
	bdg	0,221	0,254	0,300	0,154	0,179	0,167
	edg	0,182	0,228	0,075	0,269	0,179	0,300
	edfh	0,571	0,491	0,600	0,577	0,606	0,533
	bdf	0,000	0,018	0,025	0,000	0,036	0,000
	n <sub>c</sub>	2,4	2,8	2,2	2,3	2,3	2,5
	μ	6,3	7,3	4,1	4,5	5,3	4,7
F	a	0,000	0,031	0,000	0,019	0,071	0,100
	b	1,000	0,969	1,000	0,981	0,929	0,900
	n <sub>c</sub>	1,0	1,1	1,0	1,0	1,2	1,2
	μ	1,0	1,5	1,0	1,4	1,7	1,8
G	a	0,286	0,464	0,550	0,519	0,429	0,400
	b	0,714	0,536	0,450	0,481	0,571	0,600
	n <sub>c</sub>	1,7	2,0	2,0	2,0	2,0	1,9
	μ	2,7	3,0	3,0	3,0	2,9	2,5
H	--	0,269	0,642	0,707	0,555	0,463	0,577
	a	0,729	0,336	0,293	0,445	0,501	0,356
	b	0,002	0,022	0,000	0,000	0,036	0,067
K	--	0,063	0,103	0,184	0,166	0,000	0,000
	ac	0,496	0,388	0,408	0,286	0,286	0,533
	b	0,441	0,509	0,408	0,548	0,714	0,467
L	adh	0,426	0,482	0,775	0,288	0,429	0,267
	bcgi	0,224	0,299	0,125	0,423	0,464	0,433
	bdfi	0,350	0,165	0,100	0,192	0,071	0,233
	agi	0,000	0,054	0,000	0,096	0,036	0,067
	n <sub>c</sub>	2,8	2,8	1,6	3,2	2,5	3,1
	μ	5,0	7,1	2,9	7,3	4,2	4,4
Am	1		0,005	0,000	0,000	0,036	0,000
	2		0,995	1,000	1,000	0,964	1,000
Tf	A		0,104	0,225	0,096	0,107	0,033
	B		0,896	0,775	0,904	0,893	0,967
	n <sub>c</sub>		1,2	1,5	1,2	1,2	1,1
	μ		1,8	2,0	1,8	1,8	1,5
Середнє	n <sub>c</sub>	1,9	2,0	1,6	2,0	1,8	2,0
	μ	3,5	4,2	2,7	3,6	3,2	3,0
Поголів'я		190	112	20	26	14	15

Відповідно, понад 70% досліджених тварин були гомозиготами за найпоширенішою алеллю  $E^{edf}$  або мали гетерозиготні генотипи, до складу яких входив цей алель в комбінації з іншими поширеними алелями системи EAE. Схожий розподіл частот алелей і генотипів спостерігався і за генетичною системою EAL: найпоширенішим в стаді був алель  $L^{adh}$  (0,482), тоді як алелі  $L^{bcgi}$  і  $L^{bdfi}$  зустрічалися в 1,6-2,9 рази рідше (0,165-0,299). Відповідно, близько 70% тварин були представлені гомозиготами за алеллю  $L^{adh}$  і гетерозиготами  $L^{adh}/L^{bcgi}$  і  $L^{adh}/L^{bdfi}$  (Табл. 2).

У свиней досліджуваного стада спостерігається порівняно високий за відношенням до більшості вітчизняних порід півдня України рівень генетичного поліморфізму за генетичною системою EAB ( $n_e=1,3$ ;  $\mu=2,1$ ), за генетичною системою G-груп крові більшість тварин була представлена гетерозиготами  $G^a/G^b$  (42,9%). Декілька рідше зустрічалися гомозиготи  $G^b/G^b$  (32,1%), а гомозиготи по алеллю  $G_a$  були найрідкіснішими (23,2%). Відносна рівномірність в розподілі частот зустрічаємості відповідних алелей (0,464-0,536) і генотипів тварин по цьому локусу також свідчить про високий рівень генетичного поліморфізму свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії за генетичною системою EAG, що підтверджується і значеннями відповідних комплексних показників ( $n_e=2,0$ ;  $\mu=3,0$ ).

За трансфериним локусом спостерігалася відносно висока концентрація алеля  $Tf^A$  (0,104, табл. 1). Не дивлячись на це в стаді не знайдено тварин, гомозиготних по цьому алеллю. І хоча порівнянням теоретично очікуваного і спостережуваного розподілу генотипів за генетичною системою трансферина не виявлено достовірних відхилень від стану генної рівноваги, цей факт може побічно свідчити про негативну селективну цінність генотипу  $Tf^A/Tf^A$ . Для остаточного з'ясування цього питання потрібні додаткові дослідження.

Середні значення показників рівня генетичного поліморфізму (по 5 "закритим" генетичним системам груп крові B, E, F, G, L) у свиней досліджуваного стада складали: ефективне число алелей ( $n_e$ ) – 2,0; середнє число генотипів на локус ( $\mu$ ) – 4,2 (Табл. 1).

Таблиця 2

## Частота генотипів у свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії

Система	Генотипи	Частота генотипів (%) в стадах та лініях					
		"Гвардійській"	"Фрідом Фарм"	Дивізіона	Дебюта	Девіза	Демона
A	cp/-	64,7	23,2	25,0	15,4	35,7	13,3
	-/-	35,3	76,8	75,0	84,6	64,3	86,7
B	a/a	61,0	78,6	80,0	76,9	85,7	80,0
	a/b	37,4	19,6	15,0	23,1	14,3	20,0
	b/b	1,6	1,8	5,0	0,0	0,0	0,0
E	bdg/edf	26,3	29,5	50,0	19,2	14,3	20,0
	bdg/bdg	3,7	4,5	0,0	0,0	7,1	6,7
	edg/edf	19,5	22,3	5,0	34,7	21,4	33,3
	bdg/edg	10,5	9,8	10,0	11,5	0,0	0,0
	edf/edf	32,1	22,3	30,0	30,8	43,0	26,7
	edg/edg	2,6	6,2	0,0	3,8	7,1	13,3
	aeg/edg	1,1	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0
	aeg/edf	4,2	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0
	bdg/bdf	0,0	2,7	0,0	0,0	7,1	0,0
F	bdf/edf	0,0	0,9	5,0	0,0	0,0	0,0
	a/b	0,0	6,2	0,0	3,8	14,3	20,0
G	b/b	100,0	93,8	100,0	96,2	85,7	80,0
	a/a	9,0	25,0	40,0	34,6	21,4	6,7
H	a/b	39,2	42,9	30,0	34,6	42,9	66,6
	b/b	51,8	32,1	30,0	30,8	35,7	26,7
	a/-	63,2	54,4	50,0	69,2	71,5	53,4
I	a/b	0,5	1,8	0,0	0,0	0,0	0,0
	b/-	0,0	2,7	0,0	0,0	7,1	13,3
	-/-	36,3	41,1	50,0	30,8	21,4	33,3
K	ac/-	32,6	23,2	35,0	15,4	0,0	0,0
	ac/b	40,6	39,3	30,0	34,6	57,1	53,3
	b/-	26,3	36,6	35,0	46,2	42,9	20,0
	-/-	0,5	0,9	0,0	3,8	0,0	26,7
L	adh/bcgi	19,0	29,4	25,0	26,9	57,2	33,3
	bcgi/bdfi	16,3	14,3	0,0	19,2	14,3	40,0
	adh/bdfi	46,3	17,0	20,0	11,6	0,0	6,7
	adh/adhi	10,0	23,1	55,0	7,7	14,3	0,0
	bdfi/bdfi	3,7	0,9	0,0	3,8	0,0	0,0
	bcgi/bcgi	4,7	5,4	0,0	11,6	7,1	6,7
	adh/agi	0,0	3,6	0,0	3,8	0,0	13,3
	agi/bcgi	0,0	5,4	0,0	15,4	7,1	0,0
m	agi/agi	0,0	0,9	0,0	0,0	0,0	0,0
	1-2		0,9	0,0	0,0	7,1	0,0
Tf	2-2		99,1	100,0	100,0	92,9	100,0
	A/B		20,7	45,0	19,2	21,4	6,7
	B/B		79,3	55,0	80,8	78,6	93,3
Поголів'я		190	112	20	26	14	15

Вивчення особливостей генетичної структури окремих ліній (Дивізіона, Дебюта, Девіза, Демона), представники яких найбільш поширені в стаді, показало (Табл. 3), що значення індексів генетичної схожості між ними, розраховані виходячи з частот зустрічається алелей 5 генетичних систем груп крові (В, Е, F, G, L) варіювали в межах від 0,789 до 0,974.

При цьому найбільша генетична схожість спостерігалася між лініями Демона-Дебюта ( $r=0,974$ ), Демона-Девіза ( $r=0,962$ ) і як наслідок – Дебюта та Девіза ( $r=0,959$ ), а найбільші генетичні відмінності виявлені між лініями Дивізіона та Демона ( $r=0,789$ ).

В цілому найоригінальнішим генетичним профілем характеризувалася лінія Дивізіона. Середні значення індексів генетичної схожості між тваринами цієї і інших ліній склали 0,845, тоді як для ліній Дебюта і Девіза значення цього показника варіювали в межах 0,931-0,936, а середнє значення індексу генетичної схожості між лінією Демону та іншими лініями складало 0,908.

Таблиця 3  
Індекси генетичної схожості за комплексом локусів груп крові між лініями свиней ЗАТ "Фрідом Фарм"

Лінії	Дивізіона	Дебюта	Девіза
Дебюта	0,859		
Девіза	0,886	0,959	
Демона	0,789	0,974	0,962

Відмінності між лініями були обумовлені, в першу чергу, генотиповою, а не алельною різноманітністю. Так, наприклад, між лініями не спостерігалася достовірної різниці в частоті зустрічаємості алелей генетичних систем EAA, EAB, EAE, EAF, EAG, EAH, трансферринового та амілазного локусів (Табл. 1), хоча лінія Дивізіона відрізнялася від решти ліній в 1,8-2,9 рази достовірно вищою ( $p<0,05-0,01$ ) концентрацією алеля Ladh за рахунок зниженої концентрації алеля  $L^{bcgi}$  ( $p<0,05$ ). За генотипами лінія Дивізіона від решти ліній відрізнялася в більшості випадків достовірно ( $p<0,05-0,01$ ) підвищеною частотою зустрічаємості тварин з генотипами  $E^{bdg}/E^{edf}$  (50,0% проти 14,3-20,0%),  $G^a/G^a$  (40,0%

і 6,7-34,6%),  $K^{ac}/K^{-}$  (35,0% і 0,0-15,4%),  $L^{adh}/L^{adh}$  (55,0% і 0,0-14,3%),  $Tf^A/Tf^B$  (45,0% і 46,7-21,4%) за рахунок пониження частоти зустрічаємості або повної відсутності особин з генотипами  $E^{edg}/E^{edf}$  (5,0% проти 21,4-34,7%),  $E^{edg}/E^{edg}$  (0,0% і 3,8-13,3%),  $F^a/F^b$  (0,0% і 3,8-20,0%),  $G^a/G^b$  (30,0% і 34,6-66,6%),  $L^{bcgi}/L^{bdfi}$  (0,0% і 14,3-40,0%).

Лінія Дебюта в порівнянні з лініями Девізу та Демона характеризувалася достовірно підвищеною концентрацією генотипів  $E^{bdg}/E^{edg}$  (11,5% проти 0,0% при  $p < 0,05$ ),  $K^{ac}/K^{-}$  (15,4% проти 0,0% при  $p < 0,05$ ),  $L^{adh}/L^{bdfi}$  (11,6% і 0,0-6,7%). Між лініями Девіза і Демона достовірні відмінності були виявлені по концентрації генотипів  $K^{-}/K^{-}$  ( $p < 0,01$ ) і  $L^{adh}/L^{adh}$  ( $p < 0,05$ ).

Слід зазначити, що лінія Дивізіона з генетичної точки зору є і найбільш консолідованою, оскільки має якнайменші середні значення комплексних показників, що характеризують рівень генетичної різноманітності ( $n_e=1,6$ ;  $\mu=2,7$ ) в порівнянні з іншими вивченими нами лініями ( $n_e=1,8-2,0$ ;  $\mu=3,0-3,6$ ). Середні значення (по 5 локусам груп крові) частки гетерозиготних генотипів на локус для представників ліній Дебюта, Девіза, Демона варіювали в межах 38,6-50,6%, тоді як у тварин лінії Дивізіону значення цього показника складало тільки 32,0%. Одержані дані дозволяють припускати, що тварин лінії Дивізіона можна ефективно використовувати при будь-яких варіантах міжлінійної схрещування. В той же час селекційна робота з лініями Дебюта, Девіза і Демона повинна бути направлена на збільшення ступеня генетичної диференціації із застосуванням маркерних генетичних систем.

Крім того, з використанням ретроспективних даних, одержаних в лабораторії імуногенетики інституту тваринництва "Асканія-Нова" в 1993-1996 рр. в радгоспі "Гвардійський", нами був проведений порівняльний аналіз особливостей генетичної структури двох популяцій свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії, які дозволили виявити істотні відмінності в параметрах їх генотипів. Так, в стаді ЗАТ "Фрідом Фарм" в 2003 р. при порівнянні із стадом радгоспу "Гвардійський" (1993-1996 рр.) спостерігалася високодостовірно підвищена концентрація алелей  $A^{-}$  (0,876 проти



0,594 при  $p < 0,001$ ),  $G^a$  (0,464 проти 0,286 при  $p < 0,01$ ),  $H^-$  (0,642 і 0,269 при  $p < 0,001$ ) і генотипів  $A^-/A^-$  (76,8% проти 35,3% при  $p < 0,001$ ),  $B^a/B^a$  (78,6% проти 61,0% при  $p < 0,001$ ),  $G^a/G^a$  (25,0% проти 9,0% при  $p < 0,001$ ),  $K^b/K^-$  (36,6% і 26,3% при  $p < 0,05$ ),  $L^{adh}/L^{adh}$  (23,1% проти 10,0% при  $p < 0,001$ ) і знижена концентрація алелей  $A^{cp}$  (у 3,3 рази при  $p < 0,001$ ),  $G^b$  (у 1,3 рази при  $p < 0,01$ ),  $Na$  (у 2,2 рази при  $p < 0,001$ ),  $L^{bdf}$  (у 2,1 рази при  $p < 0,001$ ) і генотипів  $A^{cp}/A^-$  (у 2,8 рази при  $p < 0,001$ ),  $B^a/B^b$  (у 1,9 рази при  $p < 0,001$ ),  $E^{edfh}/E^{edfh}$  (у 1,4 рази при  $p < 0,05$ ),  $G^b/G^b$  (у 1,6 рази при  $p < 0,001$ ),  $K^{ac}/K^-$  (у 1,4 рази при  $p < 0,05$ ),  $L^{adh}/L^{bcgi}$  (у 1,4 рази при  $p < 0,01$ ). Популяція, тестована в 2003 р. відрізнялася і наявністю рідкісних алелей  $E^{bdf}$ ,  $F^a$ ,  $L^{agi}$  і генотипів  $E^{bdg}/E^{edf}$ ,  $F^a/F^b$ ,  $H^b/H^-$ ,  $L^{adh}/L^{agi}$ ,  $L^{agi}/L^{bcgi}$ ,  $L^{agi}/L^{agi}$ , відсутніх в популяції свиней, тестованих в радгоспі “Гвардійський” в 1993-1996 рр. Виявлені генетичні зміни свідчать про вищий рівень генетичного поліморфізму популяції, дослідженої в 2003 р. в порівнянні з популяцією, дослідженою в 1993-1996 рр., що підтверджується і динамікою змін середніх значень (по 5 локусам груп крові) ефективного числа алелей (зростання на 5,3%) і числа генотипів на локус (зростання на 16,7%).

Враховуючи те, що обидві досліджені популяції знаходилися у відносно схожих і близьких до оптимальних умовах утримання та годівлі, а племінна робота з ними здійснювалася під єдиним методичним керівництвом Полтавського НДІ свинарства, можна припускати, що виявлені високодостовірні відмінності в частотах зустрічається алелей і генотипів обумовлені, в першу чергу, впливом цілеспрямованої селекційної роботи, що проводиться на первинному етапі, як це вже наголошувалося, з використанням свиней полтавського м'ясного типу, великої білої породи, ландрас, гемпшир та дюрок. У зв'язку з цим представляє інтерес вивчення питання про ступінь впливу їх генофонду на динаміку генофонду досліджуваної популяції в процесі селекції. З цією метою, із залученням експериментальних даних, одержаних в результаті багаторічного системного імуногенетичного моніторингу популяцій

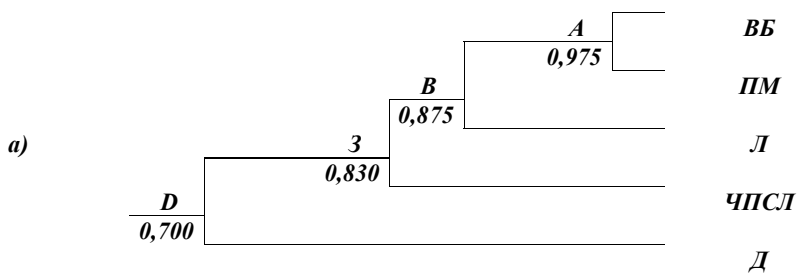
свиней різних порід південного регіону України, що проводиться лабораторією імуногенетики інституту тваринництва “Асканія-Нова”, були розраховані індекси генетичної схожості по комплексу “закритих” генетичних систем груп крові (В, Е, F, G, L) між початковими породами (за винятком породи гемпшир, дані про параметри генофондів якої відсутні) і популяціями свиней червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії, що розводяться в ЗАТ “Фрідом Фарм” (2003 р.) і радгоспі “Гвардійський” (1993-1996 рр.) В результаті досліджень виявлено, що в 1993-1996 рр. найбільше значення індексу генетичної схожості ( $r=0,859$ ) спостерігалось між червонопоясними свинями та тваринами полтавського м'ясного типу, а якнайменше ( $r=0,748$ ) — між ними і породою ландрас. У 2003 р. свині червонопоясної спеціалізованої м'ясної лінії генетично виявилися найбільш близькі з свинями породи дюрк ( $r= 0,863$ ), а найбільші генетичні відмінності спостерігалися між ними і тваринами великої білої породи ( $r= 0,718$ ). Кластерний аналіз індексів генетичної схожості, проведений за матеріалами імуногенетичних досліджень 1993-1996 рр. та 2003 р. дозволив графічно, у вигляді дендрограмм відобразити генетичні взаємостосунки між досліджуваними популяціями (рис.).

Як випливає з мал. 1, в 1993-1996 рр. червонопоясні свині належали до одного кластера (С), утвореного полтавським м'ясним типом, великою білою породами та породою ландрас ( $r=0,830$ ), від якого істотно відрізнялася в генетичному відношенні порода дюрк (кластер D,  $r= 0,700$ ).

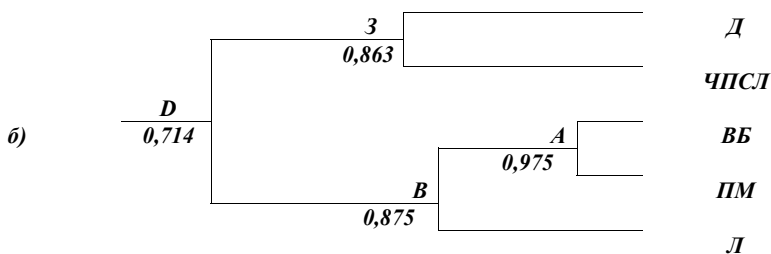
Дослідження, проведені в 2003 р. показали, що за десятилітній період червонопоясні свині придбали більш виражену генетичну схожість з тваринами породи дюрк, оскільки ці дві породи виявилися об'єднаними в один кластер (З,  $r=0,863$ ), дещо відособлений від кластера В, об'єднуючого полтавський м'ясний тип, велику білу породу та породу ландрас.

Таким чином, імуногенетичними методами вивчені особливості генетичної структури популяції свиней червонопоясної синтетичної м'ясної лінії. Виявлені характерні відмінності в частоті зустрічаль-

ності алелей і генотипів по окремих генетичних системах еритроцитарних антигенів в межах різних груп тварин, що селекціонуються. Розраховані значення, що характеризують ступінь генетичної схожості по маркерних генах між початковими породами, використовуваними при виведенні червонопоясних свиней і досліджуваною популяцією та динаміка мікроеволюційних змін параметрів генофонду за десятилітній період. Одержані експериментальні дані надалі можуть бути використані для підвищення ефективності селекційної роботи з червоно поясною спеціалізованою м'ясною лінією свиней із застосуванням імуногенетичних методів.



0,6 генетична схожість 1,0



0,6 генетична схожість 1,0

Рис. Дендрограми генетичної схожості між червоно поясною синтетичною м'ясною лінією і початковими породами свиней: а) популяція ЧПСМЛ 1993-1996 рр.; б) популяція ЧПСМЛ 2003 р.

## ЛІТЕРАТУРА

1. Зубец М.В., Гусев И.В., Костюк А.Т. Создание информационной системы молекулярно-генетического типирования популяций крупного рогатого скота// Тезисы докл. I Междунар. конф. "Молекулярно-генетические маркеры животных" – К. : Аграрна наука, 1994. – С. 129-130.
2. Генетико-селекційний моніторинг у м'ясному скотарстві/ Зубець М.В., Буркат В.П., Мельник Ю.Ф. та ін. К.: Аграрна наука, 2000. – 187 с.
3. Зубець М.В., Буркат В.П., Єфименко М.Я. та ін. Національна програма збереження та раціонального використання генетичних ресурсів сільськогосподарських тварин України// Матеріали Міжнар. конф. присвяченої 125-річчю від дня народження М.Ф.Іванова "Розвиток наукової спадщини академіка М.Ф.Іванова щодо породоутворення та селекції сільськогосподарських тварин". -К.: Асоціація "Україна". -1996. -С. 53-56.
4. Рибалко В.П. Червоно-поясна спеціалізована лінія// Племінні ресурси України. -К.: Аграрна наука, 1998. -С. 184-186.
5. Ли Ч. Введение в популяционную генетику. – М.: Мир, 1978. 555 с.
6. Плохинский Н.А. Биометрия, – М.: Изд-во МГУ, 1970, 367 с.
7. Животовский Л.А. Популяционная биометрия. – М.: Наука, 1991. 271 с.
8. Животовский Л.А. Показатель сходства популяций по полиморфным признакам// Журнал общей биологии. -1979. -Т. 40. -№ 4. -С. 587-602.