

УДК

МАРКИРОВАНИЕ СЕМЕЙСТВА СВИНОМАТОК ПО ГАПЛОТИПАМ МИХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

Д.М.Ломако, кандидат сельскохозяйственных наук

К.Ф.Почерняев, кандидат биологических наук

А.Г.Близнюченко, кандидат биологических наук

Полтавская государственная аграрная академия

Викладається новий метод маркування сімейств в свинарстві. Для цієї мети використовують рестрикції мітохондріальної ДНК. Пропонується двійкова система позначення сімейств в свинарстві.

Излагается новая методика маркирования семейств в свиноводстве. Для этого используются рестрикции митохондриальной ДНК. Предлагается бинарная система обозначения семейств в свиноводстве.

Введение. В свиноводстве в структурные единицы породы входит такое базовое понятие как семейство. Это генеалогически единая группа племенных свиноматок, объединенных единой кличкой в ряду поколений. Считается, что все потомки происходят от одной высокопродуктивной родоначальницы и повторяют ее признаки.

Понятия сформировались в девятнадцатом и начале двадцатого веков. Они основывались на сходстве и повторяемости селекционируемых признаков, что часто приводило к ошибочным выводам при отнесении животных к тому или иному семейству. Эта структурная единица не имеет какого-либо значения в генетическом улучшении пород. Однако она необходима при изучении наследования отдельных генетических признаков, для картирования хромосом, для учета количества поколений одного происхождения, для объективного представления о схеме скрещивания при создании новых пород, типов, линий [1].

Отнесение животных к тому или иному семейству происходит методом записи в карточку племенных животных, что нередко делается с ошибками, в результате чего на долгие годы животные относятся к несвойственному ему генеалогическому древу.

Постановка задачи. Все сказанное говорит о том, что необходимым методом объективного определения родоначальницы многих поколений племенных потомков.

Во всех клетках свиней содержатся митохондрии, которые имеют р гаплоидные наборы генов, т.е. гаплотипы. Они открыты

Р.Альтманом в 1894 году, а в 1987 году К.Бенда дал им название, что в переводе означает “нить, состоящая из крупинок”. Характерной особенностью этих органоидов является то, что они передаются только самками. Поэтому все потомки одной самки (сыны и дочери) имеют митохондрии одинакового гаплотипа [2]. Митохондриальная ДНК, как и ядерная, тоже подвержена мутациям, которые создают определенный нуклеотидный полиморфизм) мтДНК. Этот полиморфизм характерен и для разных семейств свинок одной породы. В таком случае, при определении гаплотипа митохондрий, автоматически устанавливается родоначальница всех потомков в ряду поколений.

Материал и методика исследований. Образцы крови 26 голов свиноматок крупной черной породы четырех семейств были проанализированы на наличие митохондриальных гаплотипов. Выделение ДНК вели с использованием ионнообменной смолы Chelex 100.

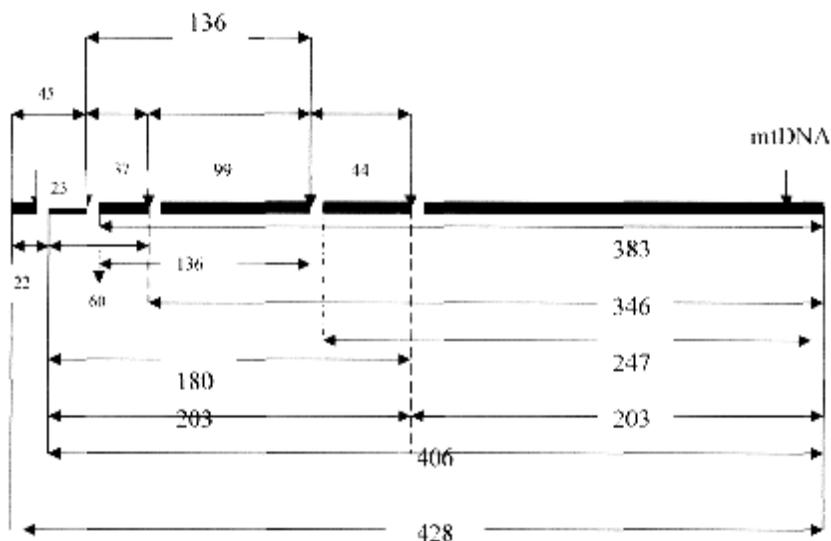


Рис.1. Схема спектра рестриктных фрагментов TAS1, контролирующего участка митохондриальной ДНК свиней

Проводили ПЛР-ПДРФ анализ фрагмента величиной 428

п.н., который находится между позициями 15534 и 15962 п.н. митохондриального генома по ранее описанному методу [3]. ДНК разрезалась между нуклеотидами АА|ТТ. У разных гаплотипов количество рестриктных фрагментов разное. К тому же у каждого фрагмента свое число пар нуклеотидов (п.н.).

Результаты исследований. Исследованиям были подвергнуты генеалогические семейства Ветки, Камы, Грации, Лиры.

Результаты анализа генеалогических семейств по митохондриальным гаплотипам показаны в таблице 1. Было проанализировано 26 свинок.

Как видно из приведенных данных из четырех семейств три оказались гетерогенными. При этом семейство Ветки имело три разных гаплотипа, семейство Камы — пять, семейство Грации — два и только семейство Лиры один гаплотип. Возможно, здесь сказалось малое количество свинок в выборке. Но самое главное то, что независимо от генеалогического названия все указанные семейства имеют, в своем составе, животных с гаплотипом С. Три семейства имеют одинаковых животных по гаплотипам N. Все это говорит о том, что в генеалогическом семействе фактически объединены свиноматки разного происхождения и на записи в карточках племенных животных полагаться нельзя. Это значит, что необходимо в определении принадлежности животных к тому или иному семейству использовать митохондриальный контроль как объективный маркер.

Таким образом, существующие семейства в свиноводстве практически являются виртуальным и не отвечают объективным требованиям, которые заключаются в митохондриальных маркерах. Исходя из этого, таблица принадлежности животных к гомогенным семействам приобретает совершенно новый вид (таб. 2).

При этом возникает вопрос об учетной записи в документах племенных животных. Предлагается бинарная система кодирования семейств. В карточке племенного животного должны быть записаны: страна, порода, митохондриальные рестрикты, начальные буквы автора семейства. Например, семейство Ветка ликвидируется, а вместо него появляется три новых митохондриальных семейства: UALBMTE1LD, UALBMTB1LD, UALBMTN1LD, где UA — Украина, LB — крупная черная порода свиней, MT митохондриальная ДНК, B1, B2, E1 и т.п. гаплотипы, LD автор семейств (Ломако Дмитрий). Что касается присвоения названий новым семействам, то это дело вкуса,

можно давать какие-то имена, а можно обойтись и без них, поскольку они не несут объективной информации.

Таблица 1

Митохондриальные гаплотипы у свинок одного генеалогического семейства

Название генеалогического семейства	Количество свинок	Длина рестриктивных фрагментов	Гаплотип	Количество животных с определенным гаплотипом
Ветка	6	346/60/22	C1	3
		383/23/22	B1	2
		203/146/44/23/22	N1	1
Кама	14	346/60/22	C1	6
		383/23/22	B1	3
		203/146/44/23/22	N1	1
		203/180/23/22	Л	3
		383/45	B2	1
Грация	4	346/60/22	C1	3
		203/146/44/23/22	N1	1
Ли́ра	2	346/60/22	C1	2
Σ	26			26

Таблица 2

Распределение животных по семействам с соответствующим гаплотипом

Гаплотип семейства	Длина рестриктивных фрагментов	Количество животных
B1	383/23/22	5
B2	383/45	1
C1	346/60/22	14
Л	203/180/23/22	3
N1	203/146/44/23/22	3
I		26

Таким образом, разработан объективный метод маркирования семейств по гаплотипам митохондриальной ДНК, который должен стать главным и обязательным для всех пород свиней.

ЛИТЕРАТУРА

1. Близняченко О.Г. Генетичні основи розведення свиней.К. "Урожай", 1989.-152 с.
2. Ленинджер А. Митохондрия. М. 1966. пер. с англ.
3. Почерняев К.Ф. Визначення гаплотипів свиней з використанням методу породоспецифічного ПРЛ-ПДРФ мітохондріальної ДНК // Ветеринарна біотехнологія. 2005. – 6. – С. 138-143.