

## ГЕНЕТИЧНІ ОСОБЛИВОСТІ СВИНЕЙ РІЗНИХ ПОРІД ЗА МАРКЕРАМИ PERV-C ТА RYR1

Т. М. Рук  
tanya.ryk.77@gmail.com

Інститут розведення і генетики тварин імені М. В. Зубця НААН,  
с. Чубинське, Бориспільський р-н, Київська обл., Україна

Трансплантацію органів або тканин від організму одного біологічного виду в організм або його частину іншого біологічного виду вважають одним із перспективних напрямків трансплантології — ксенотрансплантацію. Найбільш імунологічно близькими людині є свині і вищі примати. Розвиток біотехнології та медицини значно розширив можливості використання внутрішніх органів і тканин сільськогосподарських тварин для біомедичних цілей.

Опрацьована методика імуногенетичного дослідження свиней, а також низка біометричних та статистичних методів (розрахунок статистичної вірогідності отриманих результатів за критеріями  $\chi^2$ , Стюдента, Фішера; оцінка генних частот, частот генотипів; визначення генної рівноваги, гетерозиготності, оцінка генетичних відстаней — внутрішньо- та міжпородної), зокрема аналіз результатів за допомогою комп'ютерних програм програм *GELSTAT*, *GENALEX-6* у середовищі *Microsoft Excel 2010*, *TREE*, *Statistica*, *BIOSYS-1*, *MEGA 4*.

Для можливості проведення генетико-популяційної характеристики свиней за локусами ріанодинового рецептору (RYR1) та фрагменту ретровірусу (PERV-C) були протиповані вибірки свиней різних порід та генерацій: в'єтнамська звислочерева, українська м'ясна, українська степова ряба, полтавська м'ясна, миргородська, велика біла, ландрас, п'єтрен.

Генотипування за PERV-C проводили методом алель-специфічної (ПЛП-SSP) мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції, за локусом RYR1 — методом ПЛП-ПДРФ (полімеразна ланцюгова реакція з подальшим аналізом поліморфізму довжин рестриктних фрагментів).

Генетико-популяційний аналіз свиней за локусом RYR1 показав, що у популяціях миргородської, великої білої та полтавської м'ясної порід частоти мутантного алеля *n* виявилися набагато нижчими, ніж у стадах ландраса та п'єтрена. Вкотре показана тотальна гомозиготність чистопорідних свиней породи п'єтрен за мутантним алелем *n* локусу RYR1, що надає тваринам стреснестійких властивостей. Таким чином, розведення свиней породи п'єтрен та будь-яких поєднань з нею є неможливим для біомедичних цілей. А найбільш оптимальними у цьому аспекті є породи, популяції яких повністю позбавлені алелю *n* або де його частка є мінімальною. Наше дослідження показало, що свині великої білої, миргородської та полтавської м'ясної порід за маркером RYR1 відповідають вимогам тварин, які будуть утримуватися для проведення біомедичних процедур.

Дослідження вибірок свиней різних порід за маркером PERV-C засвідчило, що майже у всіх породах та генераціях свиней (за винятком вибірки тварин української м'ясної породи к/з «Деркульський» Луганська обл.) присутні особини-носії фрагменту ретровірусу, відсоток яких суттєво різнився. Так, у субпопуляції миргородської породи виявилось найменше тварин, які містили у своєму геномі локус PERV-C (22,2 %), досліджені свині великої білої, полтавської м'ясної та в'єтнамської звислочеревої порід у 100 % виявилися носіями, як і половина з протипованих тварин порід ландрас та п'єтрен. Також доволі низька насиченість PERV-C (33,3 %) виявилися у замкненій популяції свиней української степової рябої породи.

Отже, з огляду на результати молекулярно-генетичного аналізу за маркерами RYR1 та PERV-C, найбільш придатними для розведення з метою використання у біомедичних цілях виявилися свині миргородської породи.