

**ГЕНЕТИКА, РОЗВЕДЕННЯ ТА СЕЛЕКЦІЯ**

УДК 636.4.084.522.2

**ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ ПОПУЛЯЦИЙ СВИНЕЙ ЕВРОПЕЙСКОГО И АЗИАТСКОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ**

**Барановский Д.И., к. с.-х. н., доцент,**

**Хохлов А.М., д. с.-х. н., профессор**

*Харьковская государственная зооветеринарная академия*

**Аннотация.** *Представлены результаты исследования генетических систем групп крови в популяциях дикого европейского и азиатского кабана, аборигенных локальных пород (мангалицкая, кахетинская, вьетнамская), базовых пород (крупная белая, беркшир) и современных заводских пород. По динамике частот аллелей европейского и азиатского происхождения рассмотрен генезис и микроэволюция крупной белой и других высокопродуктивных пород при образовании глобального генофонда современного свиноводства разных стран.*

**Ключевые слова:** *популяция, порода, полиморфизм, domestикация, филогенез, частота аллелей.*

**Актуальность проблемы.** В ходе эволюции – постепенного изменения наследственной структуры вида – изменяется не только число генов, но и их свойства, частота и направление изменчивости [4, 5]. Изменения генных частот, происходящие за относительно небольшой период времени, относят к микроэволюции. Пороодообразовательный процесс в свиноводстве – это микроэволюционные процессы, происходящие от предковых форм *Sus scrofa scrofa* до современных специализированных пород свиней. Оценить генетическую структуру и процессы, происходящие в популяциях, позволяет генетический мониторинг генетических систем групп крови [6].

**Цель работы.** Определение филогенетических путей преобразования дикого европейского кабана *Sus scrofa ferus* в процессе domestикации и селекции в популяции *Sus scrofa domestica*.

**Методика и материалы исследований.** Основным методологическим подходом было обобщение литературы и результатов экспериментальных материалов.

**Результаты исследований.** Микроэволюционный процесс преобразования диких предковых форм за последние 10-12 тысяч лет через переходные формы локальных аборигенных в заводские породы происходил при существенных генетических и фенотипических преобразованиях в по-

пуляциях животных. В связи с этим важно уточнить правильность понимания терминов «популяция» и «порода». Естественно, что всякая порода – это популяция, но не всякая популяция – порода, тем более что и порода, и популяция как таксономические термины имеют разное толкование. Прежде всего, среди популяций приходится различать дикие, в которых микроэволюция происходит только путем естественного отбора, и породные, в создании которых участвовал как важный фактор микроэволюции искусственный отбор. В зависимости от уровня методов и форм селекции приходится различать локальные аборигенные популяции (например, кахетинская, мангалицкая породы) и базовые заводские породы (крупная белая, беркшир, ландрас, дюрок и др.), создаваемые десятилетиями и столетиями. Понятие породы тесно связано также с численностью репродуктивной части поголовья и ареалом распространения. За данными ФАО, в 2006 году в мире насчитывалось около 730 пород и линий свиней, наибольшую часть из которых разводят в Китае и Европе, в частности 270 из них считаются редкостными. Одновременно 58 пород (25 региональных и 33 международных) зарегистрированных как распространенные, то есть встречаются больше чем в одной стране. В настоящее время широко распространенными есть пять международных пород: крупная белая (117 стран), дюрок (93 страны), ландрас (91 страна), гемпшир (54 страны) и пьетрен (35 стран) [7].

Свиней крупной белой породы в Украине начали разводить в последние годы XIX столетия. В тот период племенных свиней завозили, преимущественно из Англии.

В XVII-XVIII вв. свиньи на территории Англии были потомками дикого европейского кабана. Эти крупные вислоухи животные крепкой конституции, грубого сложения, темной, белой и рыжей масти, хорошо приспособлены к местным условиям пастбищного содержания, отличались медленным ростом, низкой физиологической и хозяйственной скороспелостью. Возрос спрос на более скороспелых свиней с хорошо развитыми мясными формами. Возникла потребность их улучшения сначала путем отбора, подбора, создания надлежащих условий кормления и содержания. Больших успехов в этом достиг известный заводчик Р. Беквелл (Bakswell, 1726-1795), который вывел у Дитлес (графство Лейстерское) улучшенных свиней, названных лейстерскими. Они стали основой для создания крупной белой породы свиней. Последователи Р.Беквелла использовали скрещивание лейстерских свиней из неаполитанскими и португальскими, а в дальнейшем использовали для скрещивания китайских свиней, что привело к созданию местной йоркширской свиньи, схожей по типу на крупную белую. В научной литературе роль китайских свиней в создании крупной белой породы преувеличены. Китайские свиньи, которые завозились в Европу, были мелкими, флегматичными, малопродуктивными, практически не

приспособленные до пастбищного содержания, но они внесли в породу ген ожирения или скороспелости.

Свиньи крупной белой породы впервые были представлены на выставке у Виндзори в 1851 году. Животные этой группы отличались крупным размером и хорошими мясными качествами. Генетическая пластичность этой породы дает возможность не только изменять направление селекции – от сального до мясного, а также приспособлять животных породы к самым различным природно-климатическим регионам.

За более чем 160 летнюю историю создания и размножения крупной белой породы из Великобритании животные этой породы экспортировались в США, Канаду, Японию, Россию, Украину, Италию, Германию, Швейцарию, Грецию, Испанию, Югославию, Францию, Чехию, Словакию, Венгрию, Норвегию, Данию, Таиланд, Корею, Нигерию и многие другие страны.

Свиней крупной белой породы использовали как для создания новых современных пород, так и для промышленного скрещивания и гибридизации.

Породообразовательный процесс следует рассматривать как особую форму микроэволюции с учетом преобразования местных аборигенных популяций с использованием современных методов оценки, отбора, подбора, методов селекции и биотехнологии. При этом мутации, domestикация и гибридизация создавали первичную основу для широкого породообразовательного процесса.

В отечественной и зарубежной литературе до последнего времени практически отсутствуют работы, в которых породообразование рассматривается как филогенетический процесс преобразования *Sus scrofa ferus* в *Sus scrofa domestica*. Установлено, что селекционные процессы, которые происходят в популяциях домашних животных, находят свое отображение и на уровне молекулярных структур организма, которыми являются эритроцитарные антигены, белки, ферменты крови, синтез которых контролируется структурными генами.

Первый популяционно-генетический параметр, который используется для характеристики генетической структуры популяции – это частота гена, которая позволяет количественно оценить изменения генетической структуры популяции в филогенезе. Генофонд каждой конкретной популяции можно описать частотами аллелей.

Для изучения антигенного состава эритроцитов A, D, E, G, I, L, F системам (локусам) и полиморфизма сывороточных белков: амилаза (Am), трансферрина (Tf) и церулоплазмينا (Cp) в условиях учебно-научного хозяйства Харьковской государственной зооветеринарной академии были созданы группы подопытных свиней таких пород: крупная белая, ландрас,

уэльс, эстонская беконная, пьетрен, миргородская, крупная черная, дюрок и группа животных дикого европейского кабана (*Sus scrofa ferus*). Пробы крови исследовали в условиях иммунно-генетической лаборатории института животноводства УААН по общепринятым методикам.

По результатам исследований использовали два новых понятия «аллель дикого типа» и «аллель доместикации». В широкомасштабных исследованиях по выявлению аллелей доместикации были проанализированы как результаты собственных исследований, так и, с согласия, В.Н. Тихонова и В.П. Коваленко была использована иммунно-генетическая характеристика некоторых аборигенных и заводских пород Европы и Азии.

Первоначально была изучена частота генов шести подвидов дикого кабана по трем диаллельным генетическим системам групп крови F, D и G.

При изучении антигенного состава крови домашних и диких свиней установлено наличие аллелей дикого типа и аллелей доместикации (табл.1).

Таблица 1

**Частота генов у *Sus scrofa scrofa***

Популяции ка- бана	F		G		D	
	F <sub>a</sub>	F <sub>b</sub>	G <sub>a</sub>	G <sub>b</sub>	D <sub>a</sub>	D <sub>b</sub>
Центрально-европейский	0	1	1	0	0	1
Восточно - европейский	0	1	0,9765	0,0235	0,0134	0,9866
Среднеазиатский	0	1	0,3012	0,6988	0,2000	0,8000
Северовавказский	0	1	0,4024	0,5976	0,0427	0,9573
Закавказский	0	1	0,3929	0,6071	0	1
Уссурийский	0,0667	0,9333	0,1167	0,8833	0,3864	0,6136

В происхождении домашних свиней возникал вопрос, имеет ли этот вид монофилитическое или полифелетическое происхождение. Современная наука располагает достаточно точными методами исследований, чтобы дать ответы на поставленные вопросы. Использование генетического полиморфизма групп крови и белков для анализа генетических процессов, протекающих в популяциях диких и домашних свиней, позволяет приблизить нас к пониманию, как некоторых проблем доместикации, так и эволюции свиньи в целом. Комплексные исследования по филогении рода *Sus* однозначно дали ответ, что в происхождении домашних свиней участвовал дикий предок *Sus scrofa scrofa*, который в настоящее время, как и в древности, имеет широкий ареал и обитает от Атлантики до Тихого океана, обладая высокой экологической пластичностью.

По данным отечественных исследований, вид *Sus scrofa scrofa* поя-

вился в нижнем олигоцене Европы, откуда распространился в Азию и Африку [1].

Возник вопрос, в какой мере географические подтипы дикого кабана: центрально-европейский, восточно-европейский, среднеазиатский, северокавказский и уссурийский имеют генетическое сходство и различие. Для анализа были использованы следующие группы крови кабана F, G, D таблица 1. Установлено, что генетическая система F у рода *Sus* является самой древней и у дикого кабана имеет аллель  $F_b$ , концентрация которой у пяти подтипов равна 1, за исключением уссурийского кабана  $F_b=0,9333$ , и в генотипе этих животных появляется мутационная аллель  $F_a=0,0667$ . Подобная закономерность указывает на то, что все вышеперечисленные подтипы дикого кабана имеют общность происхождения, т.е. единый генетический корень.

Для более глубокого понимания филогенеза вида проанализируем диалельную генетическую систему групп крови G, которая представлена аллелями  $G_a$  и  $G_b$ . Установлено, что у центрально-европейского кабана в генотипе одна аллель  $G_a=1$ . Мономорфность аллелей у центрально-европейского кабана указывает на его более древнее происхождение по сравнению с восточно-европейскими  $G_a=0.3012$  и  $G_b=0.6988$ .

По вопросу возникновения полиморфизма сформулированы два представления: одно – классическое и являющееся составной частью синтетической теории эволюции, указывающее на то, что наследственный полиморфизм есть свидетельство непрерывно текущего эволюционного процесса. Второе – в том, что сходство вида охраняется семейством мономорфных генов, координирующих важные функции организма, изменения которых сопутствуют видообразованию, а полиморфные гены обеспечивающие высокий уровень изменчивости признаков, определяют лишь второстепенные адаптивные свойства.

Анализ аллельности генетической системы групп крови D показывает, что у центрально-европейского и закавказского кабана имеется один мономорфный ген  $D_b=1$ , а у восточно-европейского кабана появляется полиморфизм  $D_b=0,9866$  и  $D_a=0,0134$ , концентрация которого более существенно изменяется у среднеазиатского кабана  $D_b=0,8000$  и  $D_a=0,2000$ .

На основании вышеизложенного можно сделать заключение, что исходной формой в происхождении восточно-европейского, среднеазиатского, закавказского, северокавказского и уссурийского кабана является центрально-европейский дикий кабан (*Sus scrofa ferus*), давший начало широкому пороодообразовательному процессу свиней Европы и Азии.

Последующим этапом было сравнительное изучение групп крови и сыворотных белков по 16 породам свиней европейского и азиатского происхождения с установлением аллельной изменчивости и определением

концентрации аллелей доместикационного типа (таблица 2).

Таблица 2.

**Частота аллелей в популяциях домашних и диких свиней**



Популяция	F		G	
	Fa	Fb	Ga	Gb
Азиатский кабан	0	1	0,3012	0,6988
Кахетинская свинья	0	1	0,9774	0,0226
Пьетрен	0,0020	0,9980	0,6260	0,3740
Украинская степная белая	0,0168	0,9832	0,3640	0,6360
Крупная белая	0,0210	0,9790	0,3517	0,6483
Ландрас	0,0697	0,9303	0,4990	0,5010
Дюрок	0,0810	0,9190	0,4600	0,5400
Мангалицкая	0,1298	0,8702	0,9531	0,0487
Эстонская беконная	0,1628	0,8372	0,3594	0,6406
Северокавказская	0,2149	0,7851	0,4621	0,5379
Миргородская	0,2202	0,7794	0,5031	0,4669
Кемеровская	0,3215	0,6785	0,7619	0,2381
Украинская степная белая	0,4580	0,5420	0,6092	0,3908
Крупная черная	0,5528	0,4472	0,7000	0,3000
Вьетнамская	0,7857	0,2143	0,1735	0,8065
Беркширская	0,7926	0,2074	0,4860	0,5140
Польско-китайская	0,9020	0,0971	0,6675	0,3325

Как известно, аллель Fb есть одной из древних в генотипе европейского и азиатского кабана и равняется 1. Аллель Fa возникла у переходных и заводских пород как доместикационная. В генотипе крупной белой породы Fa=0,0210; украинской степной белой – 0,0168; пьетрен – 0,020; ландрас – 0,0697; дюрок – 0,0810; мангалицкая – 0,1298; украинская степная рябая – 0,4580; крупная черная – 0,5528; польско-китайская – 0,9020 и другие.

Аллель Gb – доместикационная, а ее концентрация в генотипе может быть показателем генеалогической и генетической близости отдельных

пород свиней как в процессе селекции, так и филогенеза.

В период domestikации и породообразования генетическое разнообразие в популяциях в основном возникает не в результате новых мутаций, а через новые комбинации генов.

Распространение определенных аллелей в природных популяциях связывают с адаптивностью генотипов до определенных факторов среды. Однако распространение того или иного аллеля в условиях породообразования или племенного свиноводства может возникать очень быстро или случайно при наличии данного гена в одного из родоначальников породы. В этом случае в популяции выявляют так называемый «эффект родоначальника», который связывает с дрейфом генов. Выявление частот генов у некоторых древних локальных и современных заводских пород позволяет подтвердить их генеалогические связи на генетической основе. Например, генеалогические связи между диким европейским кабаном, крупной белой породой, украинской степной белой, ландрас, эстонской, украинской степной рябой, миргородской и беркширской породами можно четко проследить на антигене уровне.

Анализируя данные о генетических дистанциях между отдельными популяциями дикого кабана, обитающими как в Европе, так и в Азии, мы должны представить, как протекала эволюция этого вида, приведшая к возникновению генетических различий между ними. Главным фактором эволюции фенотипов и, в частности, главным фактором филогенеза является естественный отбор, обуславливающий адаптацию к различным условиям окружающей среды. Чтобы отбор, приводящий к возникновению генетических различий по системам групп крови, закреплялся в определенных крупных популяциях, необходима была значительная репродуктивная изоляция субпопуляций. Известно, что в период мезолита Гималайские и Алтайские горы с расположенными на них ледниками разделили Евразийский континент на три области, создавая тем самым условия для временной раздельной эволюции европейского, азиатского и дальневосточного кабана. Однако в послеледниковый период стали возможны различные формы миграции и гибридизации между ними. Нет сомнения в том, что все дикие популяции кабана, обитающие в Европе, Азии и Африке, принадлежат к одному и тому же виду *Sus scrofa*, так как при спаривании между собой дают плодовитое потомство.

Следующим этапом наших исследований было установление четких наследственных различий между породами свиней по группам крови с последующим определением генетической дистанции между ними (табл.3). Как известно, в эволюции пород можно выделить два корня происхождения современных заводских пород – крупная белая английская и бекшир, которые в своем генотипе соединили генетический потенциал европейско-

го и азиатского дикого кабана. При анализе генетических дистанций между породами (табл. 3) использовали две диаллельные системы групп крови (F и G) и две полималлельные системы K и E.

Таблица 3

**Генетическая дистанция между породами свиней**

Система групп крови	Кр.бел.- Укр.ст.	Кр.бел.- Эст.бек.	Кр.бел.- Миргородская	Кр.бел.- Северокавказская	Кр.бел.- Пьетрен	Кр.бел.- Крупная черная	Кр.бел.- Беркшир	Кр.бел.- Лакомб	Кр.бел.- Ландрас
F	0,0127	0,1588	0,2166	0,1564	0,0040	0,5488	0,8880	0,1700	0,0657
G	0,2617	0,2044	0,3481	0,3071	0,4783	0,3450	0,2572	0,0984	0,1269
K	0,2235	0,2218	0,1231	0,1179	0,1694	0,2037	0,0980	0,1493	0,2226
E	0,1394	0,0370	0,0418	0,1514	0,1539	0,1500	0,1716	0,2797	0,1524

Примечание: кр. бел. - крупная белая; укр. ст. - украинская степная; эст.бек. - эстонская беконная

Различия в коэффициентах генетических дистанций между породами, вероятно, связаны с особенностями давления отбора на отдельные генетические системы как по высокополиморфным локусам, «быстро эволюционирующим», так и по менее полиморфным локусам, или «медленно эволюционирующим». Нельзя не согласиться с утверждением ряда исследователей Тихонов В.Н. и др. [8] в том, что генетическое разнообразие по системам групп крови (G, K, H, J, L) тесно связано с искусственным отбором, направленным на совершенствование пород, линий и других групп животных, а ряд генетических систем групп крови (B, F и др.) были связаны с естественным отбором.

Нами установлено, что по F системе групп крови генетическая дистанция крупной белой породы с украинской степной белой – 0,0127, пьетрен – 0,0040, ландрас – 0,0657, северокавказской – 0,1564, эстонской беконной – 0,1588, лакомб – 0,1723, миргородской – 0,2166. Это соответствует данными, полученными при анализе морфологии и истории создания этих пород, т.е. генетические расстояния отражают реальные взаимоотношения, сложившиеся между породами. Как известно, крупная черная порода свиней выведена в Англии во второй половине XIX столетия скрещиванием местных длинноухих свиней с неаполитанскими и китайскими, их генетическая дистанция с крупной белой породой – 0,5488, хотя самые высокие генетические различия характерны были для породы беркшир – 0,8880. К сожалению, методы расчета генетических дистанций, несмотря на большое их количество, разработаны недостаточно, так как на их величину влияет несколько факторов. Это время расхождения между исследованными породами: чем раньше они разошлись, тем, можно ожидать, больше будет генетическое расстояние между ними. Это характерно для крупной белой, крупной черной и породы беркшир. Далее, на генетическую дистанцию, по-видимому, могут влиять особенности генетической структуры сравниваемых пород (численность породы, система скрещиваний, давление отбора и т.д.). И наконец, главный источник возможных ко-



лебаний значений генетических дистанций – это количество и качество биохимических и иммунологических маркеров, используемых для их расчета. Вместе с тем основное достоинство генетических дистанций заключается в том, что они могут быть рассчитаны по одним и тем же признакам, у разных групп особей, в отличие от других способов сравнения – и, таким образом, являются более достоверными показателями взаимоотношений генофондов, чем другие методы анализа.

### **Выводы**

1. На основании селекционно-генетического анализа популяции домашних и диких свиней сформирована парадигма генетико-популяционных процессов, происходящих при одомашнивании свиней. Для вида *Sus scrofa* суть domestikации состояла в изменении количественных и качественных взаимоотношений в росте и развитии, которые в сочетании с последующим направленным отбором способствовали формированию современных пород свиней.

2. Анализ генетической структуры популяции дикого кабана по полиморфным локусам систем групп крови и сывороточных белков показал, что процесс филогенеза сопровождается появлением дикого европейского кабана (*Sus scrofa ferus*) со сбалансированным мономорфным аллелофондом, от которого в последствии произошли азиатские дикие свиньи, отличающиеся полиморфизмом по большинству маркерных генов (F, Tf, Cp, Am и др.).

3. На основе иммуногенетического анализа установлено, что domestikационными аллелями у свиней являются Fa, Gb, Acp, Hp, Amc, TfA, CpB и другие. Генетическое сходство по отдельным маркерам (F, Tf, Cp и др.) в популяции дикого европейского кабана указывает на общность их происхождения, а более позднее проявление полиморфизма по отдельным локусам у азиатского кабана подтверждает выдвинутую гипотезу о более позднем его происхождении.

4. Анализ генетической дистанции между породами по аллелям групп крови и типам полиморфных белков показали, что по величине генетического расстояния крупная белая порода ближе к европейскому и кавказскому кабану, а крупная черная – к среднеазиатскому. Это подтверждает влияние восточной популяции домашних свиней (кианской группы) на ее формирование. На величину генетических дистанций оказывает влияние время расхождения между сравниваемыми породами, чем раньше они разошлись, тем выше показатель генетического расстояния между ними.

### **Литература**

1. Банников А.Г. Отряд парнокопытные / А.Г. Банников, В.Е. Флинт// Жизнь животных. – т.7., - М.: Просвещение, 1989.-с.426-434.
2. Берг Р.Л. Генетика и эволюция.- Новосибирск.: Наука, 1993. – 283

с.

3. Алтухов Ю.П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения // Генетика. – 1995. – Т.31, №16. – С.1333-1357.

4. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. – М.: Наука, 1989. – 328с.

5. Берг Р.Л. Генетика и эволюция // Избр. труды. – Новосибирск: Наука, 1993. – 234с.

6. Тихонов В.Н. Микроэволюционная теория и практика породообразования свиней. – Новосибирск: Наука, 2008. – 395с.

7. Гришина Л.П. Рівень фенотипової консолідації свиней великої білої породи // Розведення і генетика тварин. – 2005. – Вип. 39. – С.88-91.

8. Тихонов В.Н. Иммуногенетические особенности некоторых форм диких свиней Европы, Азии и Америки / В.Н. Тихонов, И.Г. Горелов, В.Е. Бобович // Морфология и генетика кабана. – М.: Наука, 1985. – С.3-17.

### **ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ ГЕНОМІВ ПОПУЛЯЦІЙ СВИНЕЙ ЄВРОПЕЙСЬКОГО ТА АЗІАТСЬКОГО ПОХОДЖЕННЯ**

Барановський Д.І., к. с.-г. н., доцент

Хохлов А.М., д. с.-г. н., професор

Харківська державна зооветеринарна академія

Анотація. Представлено результати дослідження генетичних систем груп крові в популяціях дикого європейського та азійського кабана, аборигенних локальних порід (мангалицька, кахетинська, в'єтнамська), базових порід (велика біла, беркшир) і сучасних заводських порід. За динамікою частот алелів європейського та азійського походження розглянуто генезис і мікроеволюцію великої білої та інших високопродуктивних порід при утворенні глобального генофонду сучасного свиначства різних країн.

Ключові слова: популяція, порода, поліморфізм, domestикація, філогенез, частота алелів.

### **PHYLOGENETIC ANALYSIS OF ASIAN AND EUROPEAN ORIGIN SWINE POPULATION GENOME**

Baranovskiy D.I., Hohlov A.M.

Kharkov state zooveterinary academy

Summary. In evolution process – gradual changes in heritable structures of species – changes not only the number of genes, but and their properties, frequency and direction of variation. Changes of gen frequency, that are going on for the small time period, are attributed to microevolution. Breed forming processes in swine-breeding are microevolutional processes, that are take place from ancestral forms *Sus scrofa scrofa* to current special swine breeds.

Estimating of genetic structures and process, that are take place in populations are possible by genetic monitoring of blood group genetic systems.

In this work are submitted results of investigations of genetic blood group systems in populations *sus scrofa ferus* and *sus scrofa asian*, aboriginal local breeds (mangalic, kahetin, vietnam), base breeds (big white, berkshir) and current special breeds. By frequency dynamic of european and asian animal origin alleles, are rewieved genesis and microevolution of big white and other highly productive breeds by forming global gene pool of current swine-breeding different countries.

Key words: population, breed, polymorphism, domestication, phylogenesis, frequency of alleles.

---