

## ТЕХНОЛОГІЯ ВИРОБНИЦТВА ПРОДУКЦІЇ СВИНАРСТВА

УДК 636.4.082

### МОНИТОРИНГ ПОРОДООБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕСА В СВИНОВОДСТВЕ

**Хохлов А.М., д. с.-х. н., професор,  
Барановский Д.И., к. с.-х. н., професор,  
Гетманец О.М., к. ф.-м. н., доцент<sup>©</sup>**

*Харьковская государственная зооветеринарная академия г. Харьков*

***Аннотация.** Изучение генезиса пород свиней на молекулярном уровне иммуногенетическим методом приводит к нескольким важным выводам. Большое разнообразие родительского генофонда включает, как правило, предков европейского и азиатского происхождения. Поэтому, в процессе микроэволюции современных пород свиней, как и других сельскохозяйственных животных, с начала доместикации до современных этапов выведения пород, большое значение имел процесс отбора, подбора и гибридизации. Показателями успешного разведения любой внутривидовой породной популяции свиней является высокое многоплодие, пре- и постнатальная жизнеспособность, скорость роста, скорость полового и хозяйственного созревания, качество и количество мясной продуктивности. Пороодообразование – это генетически обусловленный биологический процесс микроэволюции, направляемый сознательным отбором и подбором животных с целью создания новых высокопродуктивных генотипов.*

***Ключевые слова:** порода, микроэволюция, генотип, доместикация, селекция.*

**Актуальность проблем.** Пороодообразовательный процесс в свиноводстве – это микроэволюционные процессы, происходящие от предковых форм *Sus scrofa* до современных специализированных пород. Оценить генетическую структуру и селекционные процессы преобразования фенотипов и генотипов животных позволяет биологический мониторинг генетических систем групп крови и сывороточных белков, как в популяциях диких, так и современных пород свиней [2,3,6].

**Методика и материалы исследований.** Основным методологическим подходом было использование генетических систем групп крови и сывороточных белков в популяциях свиней *Sus scrofa ferus* и современных

заводских пород при обработке широкомасштабных исследований методом кластерного анализа филогении [1,3,4,9,10].

**Результаты исследований.** Микроэволюционный процесс преобразования диких предковых форм (*Sus scrofa ferus*) за последние 10-12 тысяч лет происходил через переходные формы локальных аборигенных в заводские породы при существенных генетических и фенотипических изменениях в популяциях 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, мангалицкая, кахетинская породы) и базовые заводские породы (крупная белая, украинская мясная, беркшир, ландрас, дюрок, пьетрен и др.), создаваемые десятилетиями и столетиями. По данным ФАО в мире насчитывается около 730 пород и типов свиней, наибольшую часть из которых разводят в Европе и Китае, в частности 270 из их считаются редкими. Одновременно 58 пород (25 региональных и 33 международных) зарегистрированы как распространенные, то есть встречаются больше чем в одной стране. В настоящее время широко распространенными считаются 5 международных пород: крупная белая (117 стран), дюрок (93 страны), ландрас (91 страна), гемпшир (54 страны), пьетрен (35 стран) [8].

Длительная целенаправленная селекция животных по хозяйственно-полезным признакам приводит к изменению структуры генофонда пород. Целью наших исследований было сравнительное изучение генетических систем групп крови и сывороточных белков по 17 породам свиней европейского и азиатского происхождения с установлением аллелей дикого типа (*wild type*) и изменчивости концентрации аллелей доместикационного типа (табл. 1).

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, доместикация 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*. Первый популяционно-генетический

**Частота аллелей в популяціях домашніх і диких свиней**



Популяція	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

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 центра 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 иммуно-генетической лаборатории института животноводства НААН Украины по общепринятым методикам.

По результатам исследований использовали два новых понятия «аллель дикого типа» (wild type) и «аллель доместикации». 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.

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* появился в нижнем олигоцене Европы, откуда распространился в Азию и Африку [2].

Возник вопрос, в какой мере географические подтипы дикого кабана: центрально-европейский, восточно-европейский, среднеазиатский, северокавказский и уссурийский имеют генетическое сходство и различие. 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 диаллельную 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 по-

лиморфизм 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  $Db=1$ , а у восточно-европейского кабана появляется полиморфизм  $Db=0,9866$  и  $Da=0,0134$ , концентрация которого более существенно изменяется у среднеазиатского кабана  $Db=0,8000$  и  $Da=0,2000$ .

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.

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 –  $0,0697$ ; дюррок –  $0,0810$ ; 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.

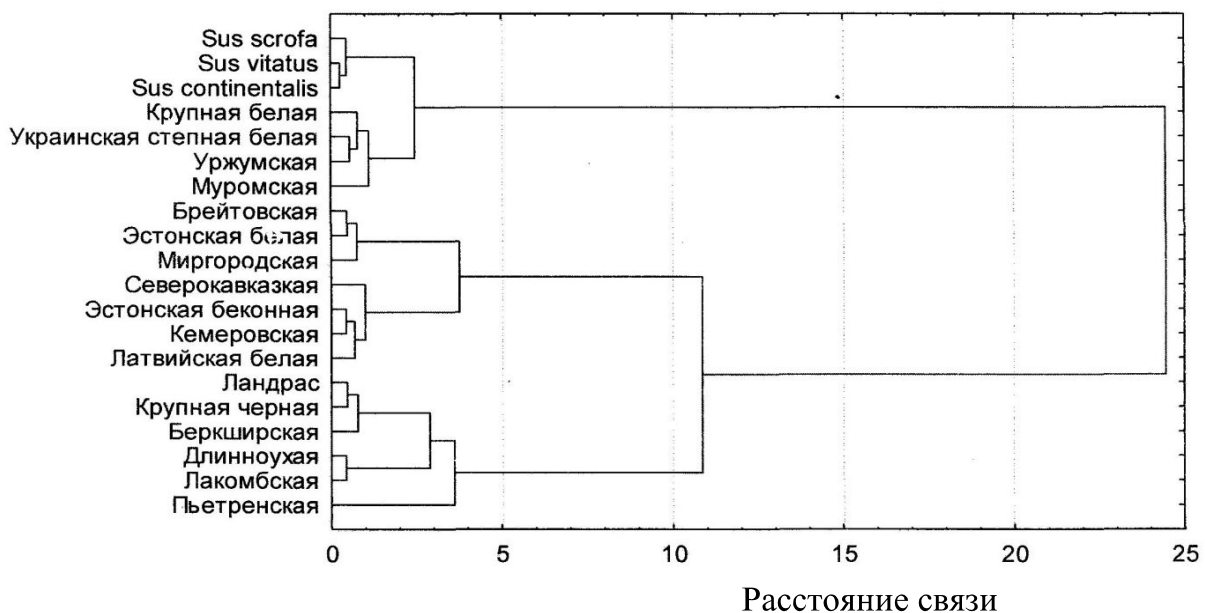
В период доместикации и пороодообразования генетическое разнообразие в популяциях в основном возникает не в результате новых мутаций, а через новые комбинации генов.

Распространение определенных аллелей в природных популяциях связывают с адаптивностью генотипов до определенных факторов среды. Однако распространение того или иного аллеля в условиях пороодообразования или племенного свиноводства может возникать очень быстро или случайно при наличии данного гена у 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 просле-

дить 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 отдельной 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. При анализе частоты аллелей групп крови диких и домашних свиней был использован кластерный анализ (дендрограмма 1).



**Рис. 1. Кластерный анализ (метод ближнего соседа)**

Кластерный анализ по 17 породам и трем популяциям диких свиней по генетической системе E показал, что популяции домашних и диких свиней распределились в два основных больших кластера и 6 демов. В первом деме распределили животных трех диких популяций (*Sus scrofa ferus*, *Sus vitatus* и *Sus continentalis*), участвующие в создании аборигенных, локальных и заводских пород.

Во второй дем объективно вошли крупная белая, украинская степная белая, генетическим корнем которых является европейский дикий кабан (*Sus scrofa ferus*). Общность их происхождения проявляется на генетическом уровне в системе F и G. Так, у крупной белой  $F_a = 0,0210$  и  $F_b = 0,9790$ , а у украинской степной белой  $F_a = 0,0168$  и  $F_b = 0,9832$ . Эти закономерности наглядно показаны на дендрограмме №1. Подобная закономерность проявляется в системе G, где у крупной белой  $G_a = 0,3517$ , а у украинской степной  $0,3640$  и соответственно  $G_b = 0,6483$  и  $G_b = 0,6360$ .

В третьем деме сгруппировались три породы: миргородская, эстонская беконная и брейтовская. Эстонская беконная порода выведена путем скрещивания местных свиней с хряками крупной белой породы и немецких пород, а в заключительном этапе произвели прилитие крови ландрас. Брейтовская порода выведена методом народной селекции, в основном, методом поглощения крови местных свиней ландрасами из Дании. При создании датской породы ландрас использовали наряду с крупной белой породой животных породу беркшир, которая участвовала и в создании миргородской породы. Генетическую общность этих пород можно объяснить распространением генома породы беркшир. Наличие в одном субкластере таких пород как беркширская, кемеровская, латвийская и лакоуб указывает на их общность происхождения с участием генетического корня *Sus scrofa*, крупной белой для латвийской, кемеровской и лакоуб, а также насыщение генов породы беркшир. Метод ближнего соседа выявляет более тесные связи между объектами и кластерами, а также последовательность кластеризации.

Расстояние связи объектов или кластеров можно трактовать следующим образом. Перед проведением кластеризации программа «Statistica-7» выполняет нормализацию (стандартизацию) данных по значениям признаков с целью приведения их к единому масштабу для дальнейшего сравнения. При этом от каждого значения признака вычитается среднее значение по столбцам (породам)  $M$  и разность делится на соответствующее стандартное отклонение  $\sigma$  для столбика. Полученный массив нормализованных данных можно рассматривать как одну большую выборку, для которой среднее выборочное равно нулю, а стандартное отклонение  $\sigma$  равно единице. Таким образом, расстояние связи объектов в кластере или различных кластеров можно интерпретировать, как количество единиц стандартного отклонения между объектами или центрами кластеров, которое является нормализованным по всем данным. То есть, если расстояние связи равно единице, то порог кластеризации приближается к одному стандартному отклонению для всей выборки данных. Если дальнейшее объединение кластеров происходит на расстояниях связи в 2-3 и более единиц, то это указывает на то, что вновь образованные кластеры являются

менее родственными. [1].

**Трансферрин (Tf).** Наряду с гемоглобином, трансферрин – металло-протеин сыворотки крови, наиболее изученный белок у свиней. Он является  $\alpha$ -глобулином сыворотки крови животных. Биологическое значение трансферрина – активное участие в переносе ионов железа в организме свиней. Обнаружена связь между содержанием трансферрина и бактериостатической активностью сыворотки крови свиней. У сельскохозяйственных животных обнаружено несколько типов трансферрина, которые определяются серией аллелей аутосомного локуса [10].

Исходя из данных таблицы 2., видно, что у свиней по трансферрину аллель дикого типа (wild type) – Tf B, а доместикационные аллели Tf A и Tf C.

Таблица 2

**Генные частоты аллелей по сывороточным белкам**

Популяции	Трансферрин		
	Tf A	Tf B	Tf C
<i>Sus scrofa ferus</i>	0,219	0,781	0
Азиатский кабан	0,109	0,891	0
Крупная белая	0,305	0,690	0,05
Ландрас	0,001	0,966	0,010
Беркшинская	0,107	0,893	0
Крупная чёрная	0,013	0,981	0,006
Мангалицкая	0	1	0

Кластерный анализ генетических дистанций по трансферрину показан в дендрограмме 2. Анализ результатов исследований показал, что наименьшее генетическое расстояние между группами животных крупной белой и украинской степной белой породы, что свидетельствует о их генеологической и генетической близости в структуре пород с момента их создания.

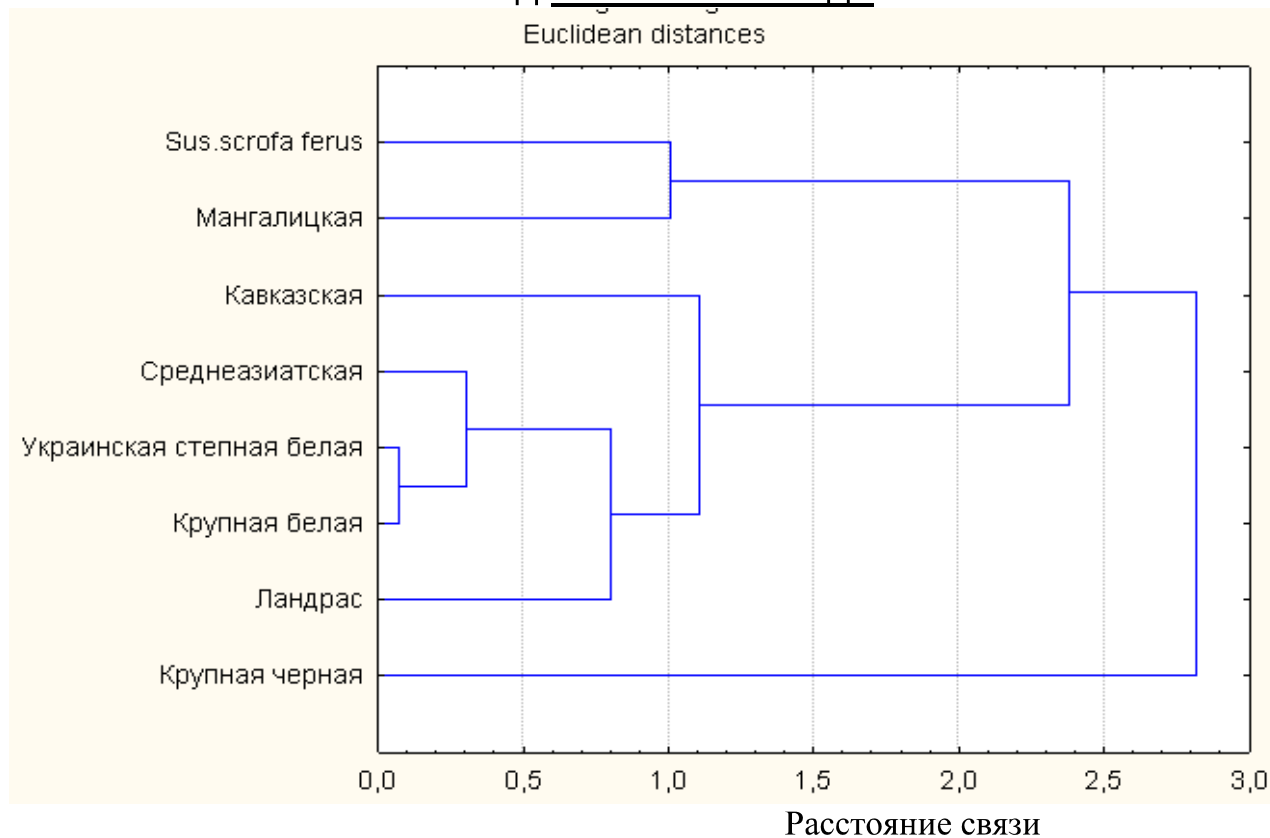
Самостоятельность кластера для животных крупной черной породы можно объяснить влиянием скрещивания животных с породой беркшир, которая имела более древнюю дивергенцию от *Sus scrofa ferus*, чем крупная белая порода свиней.

**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 доместикации состояла в изменении количественных и качественных взаимоотношений в росте и развитии, которые в сочетании с последующим направленным отбором способствовали формированию со-



Метод ближнего соседа



**Рис. 2. Кластерный анализ генетических дистанций по трансферингу (Tf)**

временных 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 доместикационными аллелями у свиней являются Fa, Gb, Asp, 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. Полученные материалы исследований достоверно отражают филогению и эволюцию становления и развитие пород свиней. Расчеты генетического сходства между породами свиней показали, что доместикационные аллели групп крови и сывороточных белков крови могут быть использованы в качестве генетических маркеров при оценке генетического сход-

ства или различий между аборигенными, переходными и заводскими породами свиней.

### Список литературы

1. Барановський Д.І. Біометрія в програмному середовищі MS EXCEL / Д.І. Барановський, О.М. Гетманець, А.М. Хохлов // Навчальний посібник. –Х.: СПД ФО Бровін О.В., 2017. – 90 с.
2. Банников А.Г. Отряд парнокопытные / А.Г. Банников, В.Е. Флинт// Жизнь животных. – т.7., - М.: Просвещение, 1989. - С. 426-434.
3. Берг Р.Л. Генетика и эволюция.- Новосибирск.: Наука, 1993. – 283 с.
4. Алтухов Ю.П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения // Генетика. – 1995. – Т.31, №16. – С.1333-1357.
5. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. – М.: Наука, 1989. – 328 с.
6. Берг Р.Л. Генетика и эволюция // Избр. труды. – Новосибирск: Наука, 1993. – 234 с.
7. Тихонов В.Н. Микроэволюционная теория и практика породообразования свиней. – Новосибирск: Наука, 2008. – 395с.
8. Гришина Л.П. Рівень фенотипової консолідації свиней великої білої породи // Розведення і генетика тварин. – 2005. – Вип. 39. – С. 88-91.
9. Тихонов В.Н. Имунногенетические 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.
10. Хохлов А.М. Генетичний моніторинг доместикації свиней /А.М. Хохлов / Навчальний посібник. – Х.: Еспада, 2004. – 126 с.

### МОНІТОРИНГ ПОРОДОТВОРЧОГО ПРОЦЕСУ У СВИНАРСТВІ

Хохлов А.М., д. с.-г. н., професор,  
Барановський Д.І., к. с.-г. н., професор,  
Гетманець О.М., к. ф.-м. н. доцент

Харківська державна зооветеринарна академія м. Харків

Анотація. Вивчення генезису порід свиней на молекулярному рівні імуногенетичним методом призводить до кількох важливих висновків. Велику різноманітність батьківського генофонду включає, як правило, нащадки європейського та азіатського походження. Тому, в процесі мікро-еволюції сучасних порід свиней, як і інших сільськогосподарських тварин, з початку доместикації до сучасних етапів виведення порід, велике значення мав процес відбору, підбору та гібридизації. Показниками успішного розведення будь якої внутрішньовидової породної популяції свиней є ви-

сока багатоплідність, пре-і постнатальна життєздатність. швидкість росту, швидкість статеввої та господарської зрілості, якість та кількість м'ясоної продуктивності. Породоутворення – це генетично обумовлений біологічний процес мікроеволюції, який направляється свідомим відбором та відбором тварин з метою створення нових високопродуктивних генотипів.

Ключові слова: порода, мікроеволюція, генотип, доместикація, селекція.

## MONITORING OF BREED FORMING PROCESS IN PIG HUSBANDRY

Khokhlov A.M., Doctor of Science in Agriculture, professor,

Baranovskyi D.I., PhD in Agriculture, professor,

Hetmanets O.M., PhD in Physics and Mathematics, associate professor

Kharkiv State Zooveterinary Academy Kharkiv

Summary. The study of pig breeds genesis on the molecular level using immunogenetic method leads to a few important conclusions. Big diversity of parental genetic material includes as a rule ancestors of European and Asian origin. That is why the process of selection and hybridization was essential in the process of microevolution of modern pig breeds as well as the other livestock animals from the beginning of domestication till up-to-date stages of breeding of variety. The manifestation of heterosis in animals crossing adequately reflects the degree of their heterosis. Furthermore high productivity of the most widely spread breeds results from heterosis of their genomes created with the participation of European and Asian genotypes. Artificial selection was made by the breeders with the purpose of useful characteristics and properties improvement from the beginning of animals' domestication and during 10 – 12 thousand years. The breeders have always tried to select animals according to the characteristics that could be viewed as markers of desirable qualities for the humans, for instance according to the ability of maintaining calm and well-meaning behavior. At the same time a selectionist naturally tried to breed high productive qualities and phenotypic markers in animals. Such as well-defined external features of hair-covering, skin, build or i.e. exterior and interior signs connected with productivity. The indices of successful breeding of any intraspecific pedigree pig population are high prolificacy, pre- and postnatal vitality, growth rate, speed of sexual and farming maturation, quality and quantity of meat production.

Breed formation is a genetically determined biological process of microevolution. It is directed by conscious selection and screening of animals with the aim to create new highly productive genotypes.

Key words: breed, microevolution, genotype, domestication, selection.

---