

Мікроеволюційні процеси в популяціях свиней різного напрямку селекції



О.РЕВЕНКО, С.ВОЙТЕНКО, старші наукові співробітники,
кандидати сільськогосподарських наук
О.МЕТЛИЦЬКА, молодший науковий співробітник
Інститут свинарства УААН

Було проаналізовано 112 зразків крові свиней полтавської м'ясної породи племзаводу "Рассвет". Визначали імуногенетичний профіль з урахуванням генної чистоти окремих алелів, рівень гетерозиготності, генетичної схожості та відстані.

Порівняння шести родин полтавської м'ясної породи племзаводу (табл.1) показало, що за частотою алелів у системах А, В, Д, G вони істотно не різнились. Найбільш значні розбіжності встановлено по системах F, E, M, K. Підвищеною генною частотою відрізнялись алелі систем групи крові Мо, Но, Fв, Ва.

Середній рівень гетерозиготності в родинах полтавської м'ясної породи становив 0,322. Цей рівень треба вважати оптимальним для породи. Очікувана гетерозиготність у родинах коливалась від 0,305 у Дорзи до 0,475 у Голтви (табл.2).

Оскільки більшість варіацій частот алелів заважає проводити імуногенетичне порівняння різних популяцій, ми визначили рівень генетичної схожості між родинами полтавської м'ясної породи (табл.3). Найбільший рівень генетичної схожості виявлено між родинами Лігустри і Бистрої (0,900), Росинки і Бистрої (0,891), найменшим він був

між родинами Ворскли та Голтви (0,695), Ворскли та Дорзи (0,706).

З метою дослідження мікроеволюційних процесів у популяції свиней племзаводу ім.Декабристів і визначення на цій основі рівня генетичної консолідованості стада провели обробку даних імуногене-

Таблиця 1

Локус	Родини					
	Лігустра, n = 9	Росинка, n = 33	Бистра, n = 34	Ворскла, n = 8	Дорза, n = 8	Голтва, n = 4
Ao	0,667	0,759	0,707	0,707	0,707	0,707
Ac	0,333	0,241	0,293	0,293	0,293	0,293
Ba	0,722	0,833	0,838	0,875	0,938	0,625
Bv	0,278	1,167	0,162	0,125	0,163	0,375
Da	0,278	0,152	0,132	0,188	0,313	0,250
Dv	0,722	0,848	0,868	0,813	0,688	0,750
Edbg	0,444	0,132	0,231	0,125	0,250	0,375
def	0,111	0,053	0,192	0,250	0,000	0,250
deg	0,278	0,474	0,519	0,500	0,625	0,125
aeg	0,167	0,158	0,058	0,063	0,125	0,250
aef	0,000	0,184	0,000	0,063	0,000	0,000
Fa	0,167	0,106	0,132	0,125	0,125	0,250
Fv	0,833	0,894	0,868	0,875	0,875	0,750
Ga	0,278	0,273	0,265	0,375	0,188	0,375
Gv	0,722	0,727	0,735	0,625	0,813	0,625
Ho	0,882	0,870	0,874	0,935	1,000	0,866
Ha	0,118	0,130	0,126	0,065	0,000	0,134
Ko	0,596	0,478	0,558	0,499	0,499	0,000
Kv	0,298	0,362	0,275	0,209	0,292	0,500
Ka	0,106	0,160	0,167	0,292	0,209	0,500
Lai	0,278	0,242	0,221	0,188	0,125	0,250
Lbcgi	0,667	0,727	0,765	0,688	0,875	0,750
Laki	0,056	0,030	0,015	0,000	0,000	0,000
Mo	0,943	0,937	0,970	0,935	1,000	0,865
Ma	0,057	0,063	0,030	0,065	0,000	0,134

Таблиця 2

Родини	Кількість алелів на 1 локус	Відсоток поліморфних локусів	Виявлена гетерозиготність	Очікувана гетерозиготність
Лігустра	2,4	100	0,389	0,418
Росинка	2,5	100	0,288	0,362
Бистра	2,4	90	0,280	0,345
Ворскла	2,4	100	0,338	0,435
Дорза	2,0	80	0,237	0,305
Голтва	2,2	100	0,400	0,475

Таблиця 3

Родини	1	2	3	4	5	6
Лігустра	–	0,128	0,091	0,278	0,160	0,202
Росинка	0,127	–	0,110	0,276	0,158	0,225
Бистра	0,090	0,109	–	0,266	0,142	0,214
Ворскла	0,270	0,267	0,258	–	0,303	0,313
Дорза	0,159	0,157	0,141	0,294	–	0,260
Голтва	0,196	0,220	0,209	0,305	0,255	–

тичних тестів стада за 1971, 1974, 1991, 1994 і 1998 рр. Загальний рівень гомозиготності в цілому по родинах свинюматок становив у 1971 р. 63,35%, 1974 – 65,35, 1991 – 62,05 та у 1998 р. – 66,85%.

Дендрограма генетичних відстаней між родинами, що побудована за даними на 1971 р., свідчить про їхнє розділення на дві групи: в одну потрапляють родини Чемериці та Ласкавої, в іншу – всі решта. При цьому родина Чемериці виявилася найбільш генетично віддаленою від інших, а найбільш контрастною парою були родини Чемериці і Цесарки.

Після заміни стада з ветеринарних причин та "прилиття крові" гемпширів генетичні взаємозв'язки набувають більш складного характеру, що віддзеркалюється у дендрограмі, побудованій на основі імуногенетичних даних за 1974 р. Поряд з двома великими кластерами, до яких належать як нові, так і старі родини, виокремлюється родина Конвалії.

Якого-небудь генетичного зв'язку родин у 1974 р. з картиною взаємозв'язку між родинами стада у 1971-му не спостерігалось.

Аналіз дендрограми генетичних взаємозв'язків між родинами за 1991 і 1998 рр. дає змогу виявити певну закономірність. В обох випадках свинюматки організовані у дві

групи кластерів. До одного, як і в 1991, так і в 1998 рр., належать родини Сороки, Щирої, Ягоди та Конвалії, до другого – Сойки, Русалки і Смородини. Родини Діброви, Цитрини і Зорьки в різні роки опинялися в різних кластерах.

Ці факти свідчать про певну стабільність генетичної структури стада, про сталість генетичних взаємозв'язків між більшістю родин в останні роки.

Практично однаковими за імуногенетичними параметрами на 1998 р. були родини Смородини і Діброви, генетично схожі Ягода і Сорока, до яких також наближається родина Щирої. Подібна ситуація щодо цих родин спостерігалася і в 1991 р. Водночас як окремо в родинах, так і в цілому по всіх свинюматках до 1998 р. значно зменшився середній рівень гетерозиготності, а генетичні відстані між родинами дещо збільшилися. Це свідчить про те, що всередині родин у проміжку цих років мав місце процес інбредування.

Таким чином, вивчення генетичної диференціації стад для планування варіантів схрещувань, кросування та прогнозування генетичного потенціалу набуває особливого значення, а результати досліджень можуть бути враховані при плануванні подальшої селекційної роботи у популяціях.