УДК 636.4.082: 575.113

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ПРОЦЕССОВ ПОРОДООБРАЗОВАНИЯ КРАСНОЙ БЕЛОПОЯСОЙ ПОРОДЫ МЯСНЫХ СВИНЕЙ

К. Ф. Почерняев

Институт свиноводства и агропромышленного производства
НААН Украины,
г. Полтава, Украина

(Поступила в редакцию 11.06.2015 г.)

Аннотация. *ПЦР-ПДРФ анализ 5 SNPs фрагмента контролирующего региона митохондриального генома свиньи определил гаплогруппы крупной белой, миргородской, полтавской мясной и красной белопоясой породы мясных свиней. У свиноматок красной белопоясой породы мясных свиней обнаружены гаплотипы: породы гемпшир – С (35%), миргородской и созданной с ее участием полтавской мясной – B_1 (20%), крупной белой – N (20%), J_1 (6,67%), G (3,33%) и дюрок – М (15%).*

Summary. *PCR-RFLP analysis 5 SNPs of the control region fragment of mitochondrial genome of pig determined haplogroups of Large White, Mirgorod, the Poltava meaty, and White Belted breed of meaty pigs. In sows of the White Belted breed of meaty pigs it was found out haplotypes: Hampshire – C (35%), Mirgorod and created with its participation of the Poltava meaty – B1 (20%), Large White – N (20%), J1 (6,67%), G (3,33%) and Durok – M (15%).*

Введение. Красная белопоясая порода мясных свиней (КБП) была создана методом сложного воспроизводственного скрещивания пород дюрок, гемпшир и полтавского мясного типа свиней. Полтавский мясной тип был создан с участием пород крупная белая, миргородская, ландрас, пьетрен и уэссекс-седлбек. Зарегистрированна порода в 2007 г. Численность племенного поголовья КБП по состоянию на 2013 г. составляла 661 гол. основных свиноматок и 53 гол. основных хряков с генеалогической структурой, включающей 9 линий и 10 семейств. Структурно-функциональные особенности митохондриального генома позволяют привлекать митохондриальные ДНК-маркеры для изучения процессов доместикации, миграции и породообразования [1]. Эти особенности митохондриального генома заключаются в следующем. Во-первых, митохондриальные гены не имеют интронов, защитных белков гистонов и эффективной ДНК-репарационной системы, поэтому частота мутаций митохондриального генома превышает интенсивность ядерного более чем в 10 раз. Во-вторых, отсутствует комбинационная изменчивость – митохондриальные гены принадлежат только свиноматке, следовательно, рекомбинационные события в мей-

РЕПОЗИТОРИЙ ГГАУ

озе, характерные для ядерных генов, отсутствуют, а нуклеотидная последовательность меняется из поколения в поколение только за счет мутаций. Эти особенности митохондриального генома могут быть использованы для выяснения вопроса, какие из материнских пород свиней оказали наибольшее влияние на митохондриальную гаплогруппу красной белопоясой породы мясных свиней.

Цель работы: определить материнские породы, которые могли передать свои митохондриальные геномы красной белопоясой породе мясных свиней.

Материал и методика исследований. Для исследования были взяты образцы крови или щетины свиноматок основных семейств крупной белой, миргородской, полтавской мясной и красной белопоясой породы мясных свиней в хозяйствах, имеющих статус племенных заводов. Выделение ДНК проводили с использованием ионообменной смолы Chelex 100 [2]. Амплификацию фрагмента контролирующего региона, который находится между позициями 15534 и 15962 митохондриального генома свиньи, проводили на программированном термостате ТЕРЦИК-2 (ДНК-технологии, Россия) с использованием набора реагентов (ТАПОТИЛИ, Россия) и олигонуклеотидных праймеров собственного дизайна MITPRO2F: catacaaatatgtgaccccaa и MITPROR: gtgagcatgggctgattagtc. [3]. Аликвоту продукта ПЦР (10 мкл) гидролизировали эндонуклеазой *Tas* I (MBI Fermentas, Литва). Продукты амплификации и гидролиза ДНК анализировали в 8% полиакриламидном геле. Как маркер молекулярной массы, использовали ДНК плазмиды pBlueScript, гидролизованной эндонуклеазой *Msp* I. Визуализацию продуктов амплификации и рестрикции осуществляли путем окрашивания бромистым этидием и фотографированием на трансиллюминаторе в ультрафиолетовом свете. Полиморфные позиции фрагмента D-петли митохондриального генома свиньи для эндонуклеазы *Tas* I и размеры рестриктных фрагментов эндонуклеазы *Tas* I приведены в таблице.

РЕПОЗИТОРИЙ ГГАУ

Таблица – Полиморфные позиции фрагмента D-петли митохондриального генома свиньи и размеры рестриктных фрагментов, определяющие гаплотипы. *Гаплотипы F, H и K пока не обнаружены среди пород домашней свиньи и подвидов дикого кабана

№ п/п	Гаплотип	Полиморфные позиции фрагмента D-петли митохондриального генома свиньи для эндонуклеазы *Tas* I (AATT)					Размеры рестриктных фрагментов эндонуклеазы *Tas* I (в парах нуклеотидов)					
		15558	15580	15616	15714	15758						
1	A	T	C	C	C	C	406	22				
2	B	T	T	C	C	C	383	23	22			
3	B_1	A	T	C	C	C	383	45				
4	C	T	C	T	C	C	346	60	22			
5	D	T					346	37	23	22		
6	E	T	C	C	T	C	247	159	22			
7	F*						247	136	23	22		
8	G	T	C	T	T	C	247	99	60	22		
9	H*	T					247	99	37	23	22	
10	I	T	C	C	C	T	203	203	22			
11	J	T	T	C	C	T	203	180	45			
12	J_1	A	T	C	C	T	203	180	23	22		
13	K*						203	159	44	22		
14	L	T	C	T	C	T	203	143	60	22		
15	M	T	T	T	C	T	203	143	37	23	22	
16	N	T	T	C	T	T	203	136	44	23	22	
17	O	T	C	T	T	T	203	99	60	44	22	
18	P	T	T	T	T	T	203	99	44	37	23	22

Результаты исследований и их обсуждение. Митохондриальные ДНК-маркеры имеют свои особенности наследования, поскольку сегрегация митохондриальных геномов в популяции домашних животных происходит только в результате включения в популяцию женских особей (материнский тип наследования). Методический подход, использованный в данной работе, позволял одновременно анализировать пять SNPs региона D-петли митохондриального генома свиньи и определять 18 митохондриальных гаплотипов. По собственной номенклатуре гаплотипы обозначены латинскими буквами ***A, B, B_1, C, D, E, F, G, H, I, J, J_1, K, L, M, N, O, P.*** По литературным и собственным данным известно, какие гаплотипы присущи определенным породам и подвидам диких свиней [4, 5, 6, 7].

Гаплогруппа крупной белой породы состояла из гаплотипов ***G*** (6,3%)***, N*** (73,2%)***, J_1*** (16,1%) и ***L*** (4,5%) (рисунок 1 А).

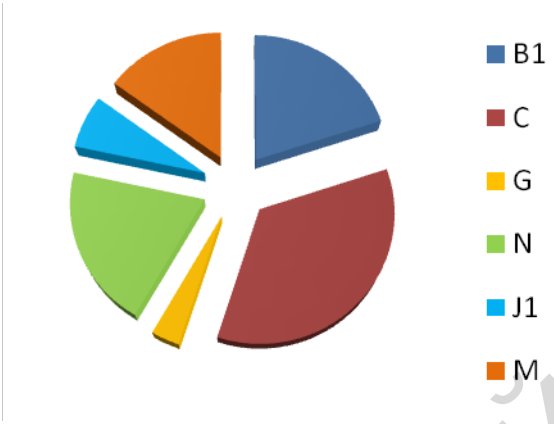
РЕПОЗИТОРИЙ ГГАУ

A

B

C

РЕПОЗИТОРИЙ ГГАУ



D

Рисунок 1 – Гаплогруппы свиней: A – крупной белой породы, B – миргородской породы, C – полтавской мясной породы, D – красной белопоясой породы мясных свиней

У миргородских свиней было определено 4 европейские митохондриальные гаплотипа, которые и составили гаплогруппу породы. Ее составили: гаплотип $\boldsymbol{B_1}$ (52%), который не встречается среди пород домашней свиньи и подвидов дикого кабана и поэтому предположительно происходит от местных свиней; гаплотип ***L*** (8%), характерный для крупной белой породы; гаплотип ***C*** (36%) для пород гемпшир, уэльс и гаплотип ***O*** (6%) для породы ландрас (рисунок 1 B).

Из-за отсутствия образцов ДНК свиней полтавского мясного типа была исследована митохондриальная ДНК полтавской мясной породы. Гаплогруппа этой породы свиней состояла из одного азиатского гаплотипа $\boldsymbol{J_1}$ характерного свиньям крупной белой породы с относительной частотой встречаемости 50%, и трех европейских гаплотипов $\boldsymbol{B_1}$ (7%), ***C*** (39%) и ***G*** (4%) (рисунок 1 C). Эти результаты показывают, что в гаплогруппе возможно проследить интрогрессию свиней пород крупная белая (гаплотип $\boldsymbol{J_1}$) и миргородская (гаплотипы $\boldsymbol{B_1}$ и ***C***).

Гаплогруппа красной белопоясой породы мясных свиней включала наибольшее количество митохондриальных гаплотипов: $\boldsymbol{B_1}$***, C, G, N,*** $\boldsymbol{J_1}$ и ***M*** (рисунок 1 D). Наибольшее количество свиноматок (35%) имело гаплотип ***C***, который встречается у свиней пород гемпшир и ландрас. Характерный для миргородской породы гаплотип $\boldsymbol{B_1}$ и созданный с ее участием полтавской мясной породы был обнаружен у 20% свиноматок. Гаплотип ***N,*** присущий породам беркшир и крупная белая (европейский тип), был обнаружен у 20% свиноматок КБП. Гап-

РЕПОЗИТОРИЙ ГГАУ

лотип ***M*** – породы дюрок у 15%. Наконец, гаплотипы J_1 крупной белой (азиатского типа) и мейшан у 6,67%, а гаплотип ***G,*** встречающийся у свиней породы уэльс, был обнаружен у 3,33% свиноматок красной белопоясой породы мясных свиней.

Заключение. Полученные результаты позволяют сделать вывод о том, что красной белопоясой породе мясных свиней передали свои митохондриальные геномы следующие материнские породы: миргородская гаплотип B_1, гемпшир гаплотип ***C,*** крупная белая гаплотипы ***G, N,*** J_1 и дюрок гаплотип ***M***.

ЛИТЕРАТУРА

1. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства / Пер. с англ. ФАО, 2010. – М.: ВИЖ РАСХН, 2010. – 512 с.
2. Walsh P.S. Chelex 100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material / P.S. Walsh, D.A. Metzger, R. Higuchi // BioTechniques. – 1991. – №10. – P. 506.
3. Почерняєв К. Ф. Визначення гаплотипів свиней з використанням методу породоспецифічного ПЛР-ПДРФ мітохондріальної ДНК / К. Ф. Почерняєв // Ветеринарна біотехнологія. – 2005. – №6. – С.138 – 143.
4. Giuffra E. The Origin of the Domestic Pig: Independent Domestication and Subsequent Introgression / E. Giuffra, J. M. H. Kijas, V. Amarger, O. J. Carlborg, L. Andersson // Genetics. – 2000. – V. 154. – P. 1785-1791.
5. Почерняев К. Ф. Оцінка генетичної різноманітності локальних порід свиней України за поліморфізмом мітохондріальної ДНК / Почерняев К. Ф. // Свинарство / Редкол: В. М. Волощук (відп. ред.) та ін. – Полтава, 2012. – Вип. 60. – С. 71-76.
6. Kim K. Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochndrial DNA D-loop sequence polymorphism / K. Kim, J-H. Lee, K. Li, Y-P. Zhang, S-S. Lee, J. Gongora, C. Moran // Anim. Genet. – 2002 – V.33. – P. 19-25.
7. Fang M. Mitochondrial haplotypes of European wild boars with 2n=36 are closely related to those of European domestic pigs with 2n=38 / M. Fang, F. Berg, A. Ducos L. Andersson // Animal genetics. – 2006. – V.37. – P.459-464.

УДК 637.1.026

К ВОПРОСУ БОЛЬШИХ ПОТЕРЬ ПРИ СУШКЕ МОЛОЧНЫХ ПРОДУКТОВ НА РАСПЫЛИТЕЛЬНЫХ СУШИЛКАХ

Г. Е. Раицкий, И. С. Леонович

УО «Гродненский государственный аграрный университет»,
г. Гродно, Республика Беларусь

(Поступила в редакцию 11.06.2015 г.)

Аннотация. *Существующее оборудование распылительной сушки имеет ряд технологических недостатков. Основным из них необходимо считать большой выброс пылевидного продукта с отработанным теплоносителем в окружающую среду. Системы фильтрования отработанного воздуха, разра-*

РЕПОЗИТОРИЙ ГГАУ