

Література

1. UNSCEAR 2001. United Nations. Hereditary effects of radiation. Report to the General Assembly, with Scientific Annex. N.Y.// United Nations. — 2001. — P. 5–160.
2. Геодакян В. А. Роль полов в передаче и преобразовании генетической информации. Пробл. передачи информации // Наука. — М., 1965. — Т. 1, №1. — С. 105–112.
3. Гершензон С.М. "Вспышки" мутаций некоторых генов в природных популяциях *Drosophila melanogaster* // Генетика. — 1997. — Т. 33, №4. — С. 421–430.
4. Зайнуллин В.Г. Генетические эффекты хронического облучения в малых дозах ионизирующего облучения. — СПб.: Наука, 1998. — 100 с.
5. Лакин Г. Ф. Биометрия. — М.: Высш. шк. — 1990. — 352 с.
6. Моссэ И.Б. Радиация и наследственность. — Мн.: Университетское, 1990. — 205 с.
7. Шевченко В.А. Интегральная оценка генетических последствий действия ионизирующих излучений // Радиан. биол. Радиоэкол. — 1997. — Т. 37, №4. — С. 569–576.

KHARCHENKO O.O.¹, SERGA S.V.², PROCENKO O.V.², TRET'YAK A.P.¹, KOZERETSKA I.A.²

¹*T.G. Shevchenko National Pedagogical University of Chernihiv*

Ukraine, 14013, Chernihiv, Getmana Polubotka str. 53, e-mail: oks6378@yandex.ru

²*ESC "Institute of Biology", National Taras Shevchenko University of Kyiv*

Ukraine, 01601, Kyiv, Volodymyrska str, 64

MUTATION PROCESSES IN THE NATURAL POPULATION OF *DROSOPHILA MELANOGASTER* FROM RADIATION CONTAMINATED TERRITORIES

Aims. Explore mutational processes in natural populations of *Drosophila melanogaster* that inhabit the territories with different levels of radioactive contamination. **Methods.** We analysed 11 wild populations for the presence of phenotypic changes and conducted statistical data processing. **Results.** We have demonstrated that all populations we had studied were in the state of a so called mutational outbreak. We have found males and females to react differently to the effects of radioactive contamination. **Conclusions.** The data indicates that *Drosophila* males are more sensitive to the effects of radioactive pollution.

Key words: *Drosophila melanogaster*, natural populations, mutations, radiation.

ХОХЛОВ А.М.

Слобожанский государственный аграрный университет

Украина, 62341, Харьковская обл., Дергачевский район, п/о Малая Даниловка, ул. Академическая 1., e-mail:zoovet@zoovet.kharkov.ua

МИКРОЭВОЛЮЦИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНОМА СВИНЬИ В СЕЛЕКЦИИ

Применение в селекционном процессе генетических основ, базирующихся на основополагающих принципах популяционной генетики, иммуногенетики, биохимического полиморфизма и ДНК- технологий (маркер -зависимой се-

лекции) позволяет прогнозировать и моделировать селекционный процесс и оказывать определяющее влияние на процесс пороодообразования и его конечный результат [4].

Материалы и методы

При изучении микроэволюции свиней непосредственным объектом наших исследований был европейский дикий кабан (*Sus scrofa ferus*), а так же крупная белая порода свиней – как модель доместикиации и пороодообразовательного процесса в Европе. При этом провели следующие исследования: археологические (изучение скелетов диких и одомашненных животных),

морфологические (изучение строение черепа, костей, внутренних органов, мышц), иммуногенетические (определение групп крови, полиморфизма белков), биохимические (фракции белков, фагоцитоз, бактерицидность и лизоцимная активность сыворотки крови), цитогенетические (кариотипы домашних и диких свиней) и другие.

Результаты и обсуждение

В эволюции свиньи можно выделить три основных периода: «доисторический» или преддоместикационный, продолжительностью около 37 млн. лет, «неолитический» или «доместикационный» – 10-12 тыс. лет и «породообразовательный» – 350-400 лет [7].

Современная домашняя свинья *Sus domesticus* (тип Chordata, класс Mammalia, отряд Artiodactyla, семейство Suidae) является продуктом многовековой эволюции; в результате естественного отбора, а с неолитического периода в результате процесса доместикации прошла сложный путь генетических и морфологических изменений [2].

У домашних свиней в соматических клетках 38 хромосом (19 пар), а европейская дикая свинья имеет 36 хромосом, очевидно в процессе эволюции свиньи число генов изменялось, изменялись и сами гены.

Наши расчеты показывают, что этот вид (*Sus scrofa*) на первом этапе микроэволюции имел 12,3 млн. поколений, когда животные сохраняли полную свободу обитания в естественном биоценозе, практически не испытывая со стороны человека ни прямых, ни косвенных воздействий [7].

Второй этап «неолитический» – этап доместикации или период, собственно, одомашнивания животных. Биологическая скорость эволюции этого периода исчисляется около 4 тысяч поколений. Этот этап характеризуется тем, что животные получают свое определенное название *Sus scrofa domestica* (домашние животные), но самое главное происходят существенные морфофункциональные изменения в фенотипе свиней.

В период одомашнивания наряду с доминантными генами в селекционный процесс вовлекаются рецессивные гены, которые в природных популяциях находились в гетерозиготной форме. Скорость эволюции отдельного гена зависела от его фенотипического проявления, от его частоты в популяции и интенсивности отбора. Еще быстрее этот процесс происходит у домашних животных, которые вовлечены в миграцию племен и целых этносов, когда посредством гибридизации объединяются морфотипы домашних животных из разных географических зон.

Для изучения процесса доместикации использовали метод иммуногенетического анализа эритроцитарных антигенов, основанный на определении молекулярно-генетических маркеров у представителей современных пород, исходных

пород и далеких диких предковых форм. Такие маркеры надежно прослеживаются в виде антигенов, детерминируемых генетическими аллелями в генотипах разной молекулярно генетической сложности.

Изменение частот аллелей и генотипов возможно не только вследствие отбора, но и в результате мутаций, миграции особей, случайного дрейфа генов, изоляции, а так же избирательного или ассортативного, скрещивания.

Первые два из генетических факторов – мутационный процесс и дрейф генов – сортируют эту изменчивость и дают начало микроэволюции в популяции [1]. Таким образом, отбор не сможет действовать, если мутационный процесс не будет поставлять ему новые генетические варианты. У кабана значительную долю новых мутаций составляют рецессивные мутации, которые открылись в популяциях при доместикационных процессах, а гены дикого типа доминируют. Объективность этого вывода подтверждается нами при изучении геногеографии некоторых биохимических маркеров в популяциях диких и домашних свиней.

Миграции особей, или поток генов, представляют собой обмен генами между популяциями. Роль дрейфа генов в естественных популяциях до конца не выяснена. Однако признано, что в маленьких популяциях частоты аллелей в значительной степени регулируются дрейфом генов [1].

Кроме рецессивности, в природных популяциях дикого кабана существовали другие генетические механизмы, позволяющие нивелировать проявление вредных в данных условиях существования мутаций: эпистаз, плейотропия, влияние генов-модификторов, а также неполная пенетрантность.

В период неолита в Украине физико-географические, климатические и экологические условия способствовали распространению и выживанию дикого кабана (*Sus scrofa*), который служил объектом охоты, а впоследствии и объектом одомашнивания.

Необходимо отметить, что на этом этапе доместикации животные в какой-то мере связаны с естественным биоценозом. Но и эта связь до крайности определена человеком. В благоприятные сезоны года кабан контактирует с экосистемой предопределенной эволюцией. В основном, одомашненные животные содержатся в помещениях и загонах. Увеличение продуктивности животных регулируется изменением состава рациона, для более успешной domesti-

кации животных ведется отбор, скрещивание животных.

Главными достижениями этого периода одомашнивания свиней – это преодоление сезонности размножения, высокая скороспелость, многоплодие и направленное развитие мясожировой ткани. Можно предположить, что филогенез свиньи шел таким путем: дикий европейский кабан (*Sus scrofa ferus*) – приручение – примитивная домашняя свинья – аборигенная, хорошо приспособленная до местных условий; достаточно продуктивная свинья – порода крупных размеров сального типа – узкоспециализированные породы (*Sus scrofa domestica*).

На этом этапе доместикации изначально важную роль играл дестабилизирующий отбор. Между геном, который изменяется, и фенотипом, который оценивается отбором, находятся процессы развития с их регуляторными взаимодействиями. Если популяция подвергается давлению дестабилизирующего отбора по признакам, затрагивающим нейроэндокринные механизмы онтогенеза, то происходит разрушение систем стабилизации развития, сформированных в ходе предшествующей микроэволюции, и выявление скрытого запаса наследственной изменчивости.

Породообразование – это прежде всего микроэволюция, главнейшими составляющими которой являются гибридизация и отбор. Именно эти процессы и в природных, и в породных популяциях ведут к обогащению генофонда и активации генома за счет гетерозиготности, гетерозиса по биологическим и продуктивным признакам. Систематический, направленный к достижению определенной цели отбор и подбор (при соответствующих условиях кормления и содержания) постепенно через ряд поколений

привели к накоплению ценных свойств у групп животных, по которым они стали различаться между собой [7].

Мониторинг этих процессов можно постоянно осуществлять посредством молекулярно-генетического анализа динамики частоты антигенов групп крови, сывороточных белков, расшифровки ДНК или секвенирования генома свиньи определенных пород. Породообразовательный процесс происходит на протяжении 350-400 лет, можно предположить, что биологическая скорость микроэволюции, в процессе породообразования имеет протяженность 140-160 поколений.

В разных странах мира в результате микроэволюции политипического вида *Sus scrofa* в настоящее время образовалось большое число подвидовых популяций свиней *Sus scrofa domestica*, которых насчитывается в зависимости от используемых классификаций от 201 до 400 пород. Имеются данные, что на территории современного Китая за многовековую историю созданы и сейчас разводятся около 100 консолидированных пород, в Великобритании – 60, в Украине – 15. Большинство из этих пород и породных групп достаточно четко различаются по морфофизиологическим признакам: масти, форме головы, постановке ушей, телосложению, половой и мясной скороспелости, соотношению мяса и сала в туше при убое в разном возрасте, многоплодию и другим свойствам, связанным с экстерьером и интерьером, определяющие генетическую приспособленность к эколого-географическим условиям существования и хозяйственному использованию [7].

За прогнозами ученых биологический потенциал продуктивности свиней должен быть таким (табл. 1).

Таблица 1. Биологический лимит продуктивности свиней

Признаки	Биологический потенциал
Количество зрелых яйцеклеток, штук	35
Количество новорожденных поросят, голов	20-25
Живая масса поросят при рождении, кг	1,5-2,0
Количество выращенных поросят на опорос, голов	20
Живая масса поросят у 2 мес. возрасте, кг	25-28
Среднесуточный прирост на откорме, г	1400-1450
Возраст молодняка при достижении 100 кг, дней	107-110
Затраты корма, кг (стандарт. комбикорма)	2,0-2,2
Площадь «мышечного глазка», см ²	46-48,4

В 2013 году исполняется 162 года, когда селекционерами Великобритании была создана крупная белая порода свиней, которая произош-

ла от дикого европейского кабана (*Sus scrofa ferus*) и её можно рассматривать как модель доместикации и породообразовательного процесса.

Доля свиней крупной белой породы в племенном поголовье в России – 90 %, Украине - 84%, в Канаде – 65 %, в Англии – 55 %, в Швеции – 25 % и в США – 18 %.

Среди древних базовых пород развития мирового свиноводства можно назвать высокопродуктивные специализированные породы: беркшир, крупная белая, крупная черная, ландрас, дюрок, гемпшир, пьетрен и др.

На пути реализации биологического потенциала продуктивности свиней, например, в США при оценке хряков породы ландрас, дюрок, йоркширской и гемпширской было получено у потомства среднесуточный прирост 997-1064 г, толщина шпига на спине 17,2-19,0 мм, возраст достижения живой массы 104 кг (стандарт страны) – 145-154 дня и площадь «мышечного глазка» 32,9-37,4 см².

Выделяют пять основных положений, которые определяют эффективность селекции: генетическую обусловленность изменчивости признака, точность оценки наследственных качеств, то есть генотипа; отбор; подбор, частоту смены поколений. Для быстрого повышения генетического потенциала отечественных пород свиней по мясу – откормочным качествам и получения конкурентоспособной свинины необходимо применять совместно с методами класси-

ческой селекции маркерную, учитывающую полиморфизм генов – маркеров продуктивных качеств. В этой связи возникла научная и практическая потребность в разработке и широком применении методов ДНК–технологий в селекции в комплексе с классическими методами [3-5, 8, 9]. Так, односторонняя селекция на увеличение мясности и одновременное снижение содержания жира в туше свиней привела к значительному ухудшению качества мяса. Свиньи чувствительны к синдрому стресса (PSS), часто имеют бледное, мягкое, экссудативное мясо (PSE) или темное, жесткое, сухое мясо (DFD) и синдром злокачественной гипертермии (MHS). Установлено, что доминирующей причиной проявления пороков мяса является генетический дефект, связанный с рецептором рианодина RYRJ. Выявление мутаций в гене RYRJ позволяет исключить из популяции свиней «генетический груз» уже на ранних стадиях селекционного процесса. В этих целях необходим мониторинг как отдельных животных, так и популяции свиней по генетическим маркерам. Используя метод ДНК-технологий исследователями выявлен полиморфизм по генетическим маркерам, которые могут быть использованы при селекции животных (табл. 2).

Таблица 2. Генетические маркеры используемые в свиноводстве

Признаки	Генетические маркеры
Стрессоустойчивость	RYRJ, HAL
Цвет кожи (домин. белый AA)	c KIT
Цвет кожи (красный/черный)	MCJR
Репродуктивные качества	ESR, PRLR, H450, FSHR
Откормочные качества	MC4R
Сохранность поросят	FUTJ
Мясные качества	MSTN, MYOD, LEP, LEPR, JGF2
Качество мяса	CYP2E1, CAST
Внутримышечный жир	HFABP, AFABP
Диарея	K88AB, ECRF18

Таким образом, для некоторых селекционируемых признаков определены сопутствующие гены: для репродуктивных показателей (локус рецептора эстрогена (ESR), пролактина (PRLR) и др.; откормочных (локус гена MC4R и др.), а также мясных качеств (локус миостатина MSTN, инсулиноподобного фактора роста JGF2) и другие. Влияние гена стрессоустойчивости у свиней RYRI, а также возможности определять происхождение животных с достоверностью до 99%, позволяют контролировать и управлять селекционным процессом как в племенных, так

и товарных стадах [3, 4, 6, 9].

Величайшим достижением XXI века можно считать изучение и расшифровку генома свиньи [9].

Геном – это хромосомный набор, совокупность генов, локализованных в одиночном наборе хромосом данного организма. В расшифровке генома домашней свиньи приняли участие ученые из одиннадцати стран мира, работающие в центрах исследования генома на протяжении 20 лет. Объектом исследований был хряк американской породы дюрок, у которого было рас-

шифровано 98 % генома. Руководители исследованиями профессор Лоуренс Счук и Джон Бивер из Иллинойского университета (США). На протяжении 20 лет вся информация собиралась в Британском институте Сенгера. Стоимость работы 24,5 млн. долларов.

Как и геном других млекопитающих, в том числе человека и коровы, геном свиньи состоит приблизительно из трех миллиардов основных пар

(А-Т, Т-А). Эти три миллиарда пар разделены на 19 различных хромосом свиньи, и содержат информацию примерно 20000 различных генов. Эти гены присутствуют в каждом организме и, хотя они примерно на 99,9 процентов идентичны, для каждой особи существует небольшое изменение в 0,1 процента, определяющее некоторую генетическую особенность многочисленных пород или индивидуальные варианты в пределах породы. Эти особенности лежат

Выводы

1. Секвенирование (расшифровка) генома свиньи позволяет не только установить карту генов видового генома животных, но и определить в генотипе отдельных особей молекулярно-генетические маркеры, позволяющие в селекционном процессе контролировать проявление важнейших хозяйственно-полезных и биологических признаков: воспроизводство, качество мяса, стрессоустойчивость, показатели естественного иммунитета и другие физиологические и генетические изменения в организме животных.

2. Расшифровка генома свиньи создает возможности по-новому оценить микроэволюционные процессы в популяциях, в том числе

в основе геномных фенотипических различий, в том числе и в предрасположенности к определенным заболеваниям.

Изучение генетических возможностей пород свиней привело к созданию ДНК-чипа, способного определять более чем 60000 молекулярно-генетических маркеров (SNP-однонуклеотидный полиморфизм, который используется в качестве молекулярно-генетических маркеров) [3].

В настоящее время число выявленных геномных маркеров продолжает увеличиваться, они выделены у всех основных видов скота (свиньи, овцы, коровы). Эти генетические инструменты и сама геномная информация представляют высочайшие возможности при изучении вида, пород, линий, семейств и дальнейшего понимания эволюционных и селекционных процессов.

объективно оценить процессы доместикиции или одомашнивания животных, более глубоко с генетической точки зрения подойти к селекционному процессу создания новых линий, типов и пород с получением у потомства высокой продуктивности или эффекта гетерозиса.

3. Изучение генома свиньи позволило выявить генетические и фенотипические различия между породами свиней, установить генетическую предрасположенность к наследственным заболеваниям, разработать систему профилактических мер, предупреждающих появление генетических заболеваний, сохранить редкие и исчезающие популяции домашних и диких свиней.

Литература

1. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях: научное издательство. – М.: Наука, 1989. – 328 с.
2. Банников А.Г., Флинт В.Е. Отряд парнокопытных // Жизнь животных. – Т. 7., М.: Просвещение, 1989. – С. 426-434.
3. Епишко Т.И., Дойлидов В.А. и др. Достижения и перспективы использования ДНК-технологий в свиноводстве: Монография – Витебск: ВГАВМ, 2012. – 260 с.
4. Лобан Н.А., Шейко И.П. Способ маркерной селекции для повышения мясо - откормочных качеств свиней на основе скрининга гена JGF-2. // Проблемы зооинженерії та ветеринарної медицини. – Вип.21.Частина 1. – Харків, 2010. – С.179-185.
5. Машуров А.М. Генетические маркеры в селекции животных. – М.: Наука, 1980. – 318 с.
6. Трофименко О.Л., Гиль М.И. Генетика популяцій. – Миколаїв.: МДАУ, 2003. – С. 160-170.
7. Хохлов А.М. Генетичний моніторинг доместикації свиней. – Харків.: Еспада, 2004. – 126 с.
8. Шейко И.П., Епишко Т.И. ДНК – технологии в селекции сельскохозяйственных животных // Актуальные проблемы интенсификации производства продукции животноводства. – Жодино, 2005. – С. 79-81.
9. An imprinted QTL with major effect on muscle mass and fat deposition maps to the JGF2 locus in pigs (C. Nesper, L. Moreau, B. Brouwers [ect].) // Nat. Genet., 1999. – Vol. 21. – P. 155-156.

KHOKHLOV A.M.

*Slobozhanskiy State Agrarian University
Ukraine, 62341, Kharkov region., Dergachi district, p /Small Danilovka st. Academic one,
e-mail:zoovet@zoovet.kharkov.ua.*

MICROEVOLUTION AND PROSPECTS OF SWINE GENOME USE IN SELECTION

Purpose. The study and use in the selection process the genetic methods based on the achievements of immune genetics, biochemical polymorphism and DNA technologies that allow to model and predict the processes of hybridization and breed formation in swine breeding are the main tasks of the investigation.

Methods. The morphological, immunogenetic, cytogenetic, biochemical and archaeological methods of investigation have been used when studying microevolution of swine from Neolithic period to up-to-date breed formation process. **Results.** The biological rate of evolution at different stages of domestication of the *Sus* order, the sources of genetic mutation have been defined. **Conclusions.** The general characteristic of the swine genome creates the possibility to estimate microevolutional processes in the population of wild and domestic swines from another point of view, to focus more on the selection process of the creation of new lines, hybrids and breeds with high level of productivity.

Key words: swine, phenotype, gene, selection.

ЧИРКОВ С.Н., ИВАНОВ П.А., ШЕВЕЛЕВА А.А.

*Биологический факультет Московского государственного университета имени М.В. Ломоносова
Россия, 119991, г. Москва, Ленинские горы, МГУ, 1/12, e-mail: s-chirkov1@yandex.ru*

ОБНАРУЖЕНИЕ И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ХАРАКТЕРИЗАЦИЯ НОВОГО ШТАММА ВИРУСА ОСПЫ СЛИВЫ (PLUM POX VIRUS)

Вирус оспы сливы (ВОС, *Plum pox virus*, род *Potyvirus*, сем. *Potyviridae*) считается самым вредоносным вирусным патогеном косточковых культур. Вследствие большого экономического значения вызываемого им заболевания («шарки»), интенсивных молекулярно-биологических исследований и широкого использования в биотехнологических разработках, ВОС является одним из наиболее изученных вирусов растений [1].

Вирионы ВОС представляют собой нитевидные частицы длиной 750 нм и диаметром 15 нм, которые состоят из одной молекулы РНК положительной полярности длиной около 10 тыс. нуклеотидов и белка оболочки (БО) с мол. м. около 36 кДа. Геномная РНК бидистронна, содержит 5'- и 3'-нетранслируемые области (NCR) длиной 146 и 217 нуклеотидов, вирусный белок, ковалентно связанный с 5'-концом молекулы РНК, и поли-А-последовательность на 3'-конце. В зараженных клетках РНК транслируется с образованием полипротеина, который нарезается вирусспецифическими протеазами на 10 функционально активных белков. N-конец БО экспонирован на поверхности вирусной частицы и является самой вариabельной частью молекулы. В нем локализовано большинство вирус- и штаммспецифичных эпитопов. Антигенные раз-

личия N-конца молекулы БО и вариabельность последовательности гена БО послужили основой для выделения 5 штаммов ВОС: Dideron (D), Marcus (M), Cherry (C), El Amag (EA) и Winona (W). Секвенирование других генов вируса позволило идентифицировать еще 2 рекомбинантных штамма ВОС. У штамма Rec 3'-концевая часть генома происходит от штамма M, а остальная – от штамма D в результате рекомбинации между этими штаммами в гене репликазы (NIb). Штамм T (Turkish) является продуктом рекомбинации штамма M с ВОС неясного происхождения в области генов НсPro и Р3. Штаммы различаются по эпидемиологическим свойствам, географическому распространению и патогенности для различных видов косточковых культур. Штаммы D, M и Rec распространены повсеместно, остальные встречаются сравнительно редко и/или являются эндемичными для определенных регионов [2 – 3].

ВОС способен заражать многие, если не все, растения косточковых культур, относящиеся к роду *Prunus* [4, 5]. Вишня (*Prunus cerasus*) и черешня (*P. avium*) считались устойчивыми к этому вирусу, пока в конце прошлого века ВОС не был обнаружен на вишне в Молдавии [6] и черешне в Италии [7]. С тех пор штамм PPV-C считали единственным, который может систем-