



liveliness at a classical distance of 1600 m on average characterized mares belonging to the uterine families of Lena (2.11,4 ± 0,65 min), Uh-Kakaya (2.12.2±0,28 min), Dosujaya (2.13,4±0,18 min), Barvikha (2.15,3±0,41 min), Vorojeyka (2.15,7±0,15 min), Cadetka (2.15,8± 0,22 min). The quietest mares belong to the parent families of Povest, Evil, Molodytsa, Kaleria. Mares from the mare families of Lena, Vorojeyka and Molodytsa differ in terms of measurement indicators. They are characterized by high stature, elongated body shape, typical of the harness type of horses, bulky chest. In terms of wrist circumference, all assessed mares do not exceed 20.8 cm, which indicates an insufficient level of skeletal development and, accordingly, is not negatively affected by agility.

By dividing into gradations by liveliness classes, it was established that mares of the Orlov's Trotter breed of the Ukrainian population of liveliness class 2.05 min and more vigorous were not detected. Of all tested mares (76.2 %), only 12.2 % have a high liveliness class of 2.10 min or more. However, mares of low liveliness class (2.30,1 min and quieter) are few - 10.9 %. The predominant number of mares have an average liveliness class of 2.10,1-2.20 min (55.1 %) and 2.20,1-2,30 min (21.8 %). Almost a quarter of mares (23.8 %) remain untested, which negatively affects the selection process. Most mares of high vitality class belong to the parent families: Barvikha, Dan', Dosuzhaya, Rumba, Uh-Kakaya.

Keywords: horses, Orlov's Trotter, mare families, generation, selection traits.

УДК 636.4.084.522.2

DOI 10.32900/2312-8402-2022-127-185-196

ФІЛОГЕНЕТИЧНІ ПРОЦЕСИ В ПОПУЛЯЦІЯХ СВИНЕЙ ЄВРОПЕЙСЬКОГО І АЗІАТСЬКОГО ПОХОДЖЕННЯ

Хохлов А. М., д. с.-г. н., професор, <https://orcid.org/0000-0002-3265-1874>

Федяєва А. С., к. с.-г. н., ст. викл., <https://orcid.org/0000-0003-1227-9873>

Гончарова І. І., к. с.-г. н., доцент, <https://orcid.org/0000-0003-0190-7803>

Шевченко О. Б., к. вет. н., доцент, <https://orcid.org/0000-0002-6747-5487>

Державний біотехнологічний університет

*Як результат еволюції, поступової зміни спадкової структури виду, змінюється не лише число генів, але й їх властивості, частота і напрям мінливості. Зміни генних частот, що відбуваються за відносно незначний період часу, належать до мікроеволюції. Породоутворюючий процес у свинарстві – це мікроеволюційні процеси, що походять від предкових форм *Sus scrofa* до сучасних спеціалізованих порід свиней. Оцінити генетичну структуру та процеси, що відбуваються у популяціях, дає змогу генетичний моніторинг системи груп крові.*

Мікроеволюційний процес перетворення диких предкових форм за останні 10-12 тисяч років через перехідні форми локальних аборигенних у заводські породи відбувався за суттєвих генетичних та фенотипічних перетворень у популяціях тварин. У цьому сенсі важливо уточнити правильність розуміння термінів «популяція» і «порода». Природно, що будь-яка порода – це популяція, але будь-яка популяція – не є породою, тим паче що порода і популяція, як таксономічні терміни мають різне тлумачення. Насамперед, серед популяцій доводиться розрізняти дикі, у яких мікроеволюція відбувається лише шляхом природного відбору, і породні – у створенні котрих брав участь як важливий чинник мікроеволюції



штучний відбір. Залежно від рівня методів та форм селекції доводиться розрізняти локальні аборигенні популяції (наприклад, кахетинська, мангалицька породи) та базові заводські породи свиней (велика біла, беркшир, ландрас, дюрок та ін.), що створювалися десятиліттями та століттями. Поняття породи тісно пов'язано також із чисельністю репродуктивної частини поголів'я та ареалом його поширення. За даними ФАО, у 2016 році у світі нараховувалося близько 730 порід та ліній свиней, найбільшу частину з яких розводять у Китаї та Європі, зокрема 270 із них вважають рідкісними. Водночас 58 порід (25 регіональних та 33 міжнародних) зареєстровані як поширені, тобто зустрічаються більш ніж в одній країні. На сьогодні широко поширеними є п'ять порід: велика біла (117 країн), дюрок (93 країни), ландрас (91 країна), гемпшир (54 країни) та п'єтрен (35 країн).

Ключові слова: **популяція, порода, поліморфізм, доместикація, філогенез.**

Найдавніших домашніх тварин, яких розводили в степовій полосі Східної Європи, відносять до так званої трипільської культури (3000-2000 рр. до н. е.), простори якої розташувалися на захід від Дніпра, по берегах Південного Бугу і Дністра. Її археологічні залишки були знайдені і в Німеччині, Австрії, Угорщині, Румунії, Словаччині, на Балканах. Ця високорозвинена неолітична культура охоплювала, ймовірно, не лише Південну Європу, але й окремі райони Азії. При тому що фауна неоліту досліджена в Україні ще недостатньо.

За вивчення питання одомашнення свиней ми виходили з таких думок:

1. Сімейство свиней (Suidae) з'явилося в нижньому олігоцені Європи близько 40 млн років тому і розповсюдилося в Азії та Африці. Отже, коріння роду *Sus* і виду *Sus scrofa* – в Європі, і, зокрема, в Україні.

2. Відкриття стародавніх слов'янських поселень на берегах Дніпра, Південного Бугу, Дністра свідчить про те, що початок зародження примітивного землеробства і тваринництва було пов'язано з одомашненням свині як скороспілої і багатоплідної тварини.

У період неоліту на території нинішньої України природно-географічні умови сприяли розповсюдженню і виживанню дикого кабана, який був об'єктом полювання, а пізніше і об'єктом одомашнення.

Свиней великої білої породи в Україні почали розводити в кінці XIX століття. У той період племінних свиней завозили переважно з Англії.

У XVII-XVIII ст. свині Англії були нащадками дикого європейського кабана. Це великі висловухі тварини, міцної конституції, грубої будови тулубу, темної, білої та рудої масті, добре пристосовані до місцевих умов пасовищного утримання, але вони відрізнялися повільним ростом, низькою фізіологічною та господарською скоростиглістю. І тому зріс попит на більш скоростиглих свиней з добре розвиненими м'ясними формами. Виникла потреба їх покращення насамперед шляхом відбору, підбору, створення належних умов годівлі та утримання. Великих успіхів у цьому досяг відомий заводчик Р. Беквелл (Bakwell, 1726-1795), який вивів у Дітлес (графство Лейстерське) покращених свиней, названих лейстерськими. Вони й стали основою створення великої білої породи свиней. Послідовники Р. Беквелла використовували схрещування лейстерських свиней з неаполітанськими та португальськими, а надалі й для схрещування китайських свиней, що призвело до створення місцевої йоркширської свині, схожої за типом на велику білу. У науковій літературі роль китайських свиней у створенні великої білої породи перебільшена. Китайські свині, які завозилися до Європи, були дрібними,



флегматичними, малоплідними, практично не пристосовані до пасовищного утримання, але вони внесли в породу ген ожиріння або скоростиглості [5].

Свині великої білої породи вперше були представлені на виставці у Віндзорі в 1861 році. Тварини цієї групи відрізнялися великим розміром та хорошими м'ясними якостями. Генетична пластичність цієї породи дає змогу не тільки змінювати напрям селекції – від сального до м'ясного, а також пристосовувати тварин породи до умов різних природно-кліматичних регіонів.

За більш ніж 160-річну історію створення та розмноження великої білої породи з Великобританії, тварини цієї породи експортувалися до США, Канади, Японії, Росії, України, Італії, Німеччини, Швейцарії, Греції, Іспанії, Югославії, Франції, Чехії, Словаччини, Угорщини, Норвегії, Данії, Таїланду, Корею, Нігерію та багато інших країн.

Свиней великої білої породи використовували як для створення нових сучасних порід, так і для промислового схрещування та гібридизації. Саме породотворювальний процес слід розглядати як особливу форму мікроеволюції з урахуванням перетворення місцевих аборигенних популяцій за допомогою сучасних методів оцінки, відбору, підбору, методів селекції та біотехнології. При цьому мутації, доместикація та гібридизація створювали первинну основу для широкого процесу породотворення.

Метою досліджень було визначення філогенетичних шляхів перетворення дикого європейського кабана *Sus scrofa ferus* у процесі доместикації та селекції у популяції *Sus scrofa domestica*.

Матеріали та методи досліджень. У роботі використано такі методи: аналітичні – аналіз джерел літератури, імуногенетичні – аналіз крові, зоотехнічні – оцінка племінних тварин різних породних популяцій, статистичні – біометричне опрацювання одержаних результатів.

Оскільки селекційні процеси, які відбуваються в популяціях домашніх тварин, знаходять своє відображення і на рівні таких молекулярних структур організму в дослідження дослідили антигени еритроцитів, білки, ферменти крові, синтез яких контролюється структурними генами.

Перший популяційно-генетичний параметр, який використовують для характеристики генетичної структури популяції, – це частота гена, що дає змогу кількісно оцінити зміну генетичної структури популяції в просторі та часі. Як відомо, кожний вид ссавців, кожна популяція в межах виду має власний, притаманний лише їй генофонд і фенотиповий вигляд. Генофонд кожної конкретної популяції можна описати частотами алелей. Популяції і види за цією ознакою значно відрізняються. Ці відмінності притаманні практично всім ознакам організму, що слугує свідченням їх еволюції.

Для вивчення антигенного складу еритроцитів А, Е, G, К, L, F систем (локусів) і поліморфізму сироваткових білків: амілази (Am), трансферину (Tf) і церулоплазмину (Cp) в умовах навчально-дослідних господарств Харківської державної зооветеринарної академії сформували групи піддослідних свиней порід велика біла, миргородська, ландрас, уельс, естонська беконна, велика чорна і п'єтрен.

За результатами дослідження виокремили два нових поняття: «алель дико-го типу» і «алель доместикації». У широкомасштабних дослідженнях щодо виявлення алелей доместикації проаналізували як результати власних досліджень, так і В. Н. Тихонова [2], В.С. Коновалова та В. П. Коваленка [3] з імуногенетичних характеристик деяких аборигенних і заводських порід, а також диких свиней Європи і Азії.

Дані археологічних досліджень свідчать про те, що вслід за собакою (в



епoxy мезоліту) чоловік в епоxy неоліта приручив і одошнив дику європейську свиню (*Sus scrofa ferus*).

У періоді одомашнювання свиней можна виділити кілька етапів: приручення тварин в осередках раннього землеробства і розповсюдження дикого кабана; одомашнювання приручених свиней; міграція одомашнених свиней із Заходу на Схід, і, навпаки, використання різних форм.

Із огляду на це важливо визначити роль європейського дикого кабана в філогенезі сучасних порід свиней Європи та Азії. Імуногенетичний аналіз груп крові та сироваткових білків виконували за 17-ма породами свиней для встановлення алельної мінливості та появи алелів доместикаційного типу. Крім того оцінювали концентрацію алелів у популяціях свійських і диких свиней.

Базові імуногенетичні дослідження проводили в лабораторії генетики науково-дослідного інституту тваринництва Лісостепу і Полісся УРСР під керівництвом кандидата сільськогосподарських наук Ворон Ф. П. [1].

Результати досліджень. У вітчизняній та зарубіжній літературі до останнього часу практично відсутні роботи, у яких породоутворення розглядається як філогенетичний процес перетворення *Sus scrofa ferus* у *Sus scrofa domestica*. Установлено, що селекційні процеси, які у популяціях свійських тварин знаходять своє відображення, проявляються на рівні молекулярних структур організму, котрими є еритроцитарні антигени, білки, ферменти крові, синтез яких контролюється структурними генами.

Перший популяційно-генетичний параметр, який використовується для характеристики генетичної структури популяції – це частота гена, що дає змогу кількісно оцінити зміни генетичної структури популяції у філогенезі. Генофонд кожної конкретної популяції можна описати частотами алелів [6, 7].

За результатами дослідження виокремили два нових поняття: «алель дикого типу» і «алель доместикації». У широкомасштабних дослідженнях щодо виявлення алелей доместикації проаналізували як результати власних досліджень в породних популяціях, так і в популяціях диких тварин [1].

Перш за все вивчили частоту генів шести підвидів дикого кабана по трьох діалельних генетичних системах груп крові F, D та G.

При вивченні антигенного складу крові домашніх та диких свиней встановлено наявність алелей дикого типу та алелей доместикації (табл. 1).

Таблиця 1

Частота генів у *Sus scrofa ferus*

| Популяції кабана | F | | G | | D | |
|-------------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
| | F _a | F _b | G _a | G _b | D _a | D _b |
| Центрально-європейський | 0 | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| Східно – європейський | 0 | 1 | 0,9765 | 0,0235 | 0,0134 | 0,9866 |
| Середньоазіатський | 0 | 1 | 0,3012 | 0,6988 | 0,2000 | 0,8000 |
| Північнокавказький | 0 | 1 | 0,4024 | 0,5976 | 0,0427 | 0,9573 |
| Закавказький | 0 | 1 | 0,3929 | 0,6071 | 0 | 1 |
| Уссурійський | 0,0667 | 0,9333 | 0,1167 | 0,8833 | 0,3864 | 0,6136 |

За виявлення походження домашніх свиней виникло питання, чи має цей вид монофілітичне чи поліфелетичне походження. Сучасна наука має досить точні методи досліджень, щоб дати відповідь на поставлене питання. Використання



генетичного поліморфізму груп крові та білків для аналізу генетичних процесів, що плінуть у популяціях диких та домашніх свиней, дає змогу наблизити нас до розуміння як окремих проблем domestикації, так і еволюції свині в цілому. Комплексні дослідження з філогенії роду *Sus* однозначно дали відповідь, що в походженні домашніх свиней брав участь дикий предок *Sus scrofa*, який на сьогодні, як і в давнину, має широкий ареал поширення від Атлантики до Тихого океану, володіючи високою екологічною пластичністю.

За даними вітчизняних досліджень [1], вид *Sus scrofa scrofa* з'явився в нижньому олігоцені Європи, звідки поширився на Азію та Африку.

У рамках проведених досліджень виникло й інше питання, якою мірою географічні підтипи дикого кабана: центрально-європейський, східно-європейський, середньоазіатський, північнокавказький та уссурійський мають генетичну схожість та відмінність. Для відповіді на нього використали групи крові кабана F, G, D (табл. 1)

Встановлено, що генетична система F у роді *Sus* є найдавнішою і у дикого кабана має алель Fb, концентрація якої у п'яти підтипів дорівнює 1, за винятком уссурійського кабана Fb= 0,9333, і генотипі цих тварин утворюється мутаційна алель Fa=0,0667. Схожа закономірність вказує на те, що всі перераховані вище підтипи дикого кабана мають спільність походження, тобто, єдиний генетичний корінь.

Для глибшого розуміння філогенезу виду проаналізували діалічну генетичну систему груп крові G, яка представлена алелями Ga та Gb. Установлено, що у центрально-європейського кабана в генотипі присутня одна алель Ga=1. Мономорфність алелей у центрально-європейського кабана вказує на його більш давнє походження, порівняно зі східноєвропейськими Ga=0,3012 та Gb=0,6988.

Із питання виникнення поліморфізму сформульовані два уявлення: одне – класичне, яке є складовою синтетичної теорії еволюції і вказує на те, що спадковий поліморфізм є свідченням безперервно поточного еволюційного процесу. Друге – у тому, що схожість виду забезпечується сімейством мономорфних генів, що кодують важливі функції організму, зміни яких супроводжують видоутворення, а поліморфні гени, що забезпечують високий рівень мінливості ознак, визначають лише другорядні адаптивні властивості [8, 9, 10].

Аналіз алельності генетичної системи груп крові D доводить, що у центрально-європейського та закавказького кабана є один мономорфний ген Db=1, а у східно-європейського кабана проявляється поліморфізм Db=0,9866 та Da=0,0134, концентрація якого більш істотно змінюється у середньоазіатського кабана Db = 0,8000 та Da = 0,2000.

На підставі вищевикладеного можна зробити висновок, що вихідною формою в походження східноєвропейського, середньоазіатського, закавказького, північнокавказького та уссурійського кабана є центрально-європейський дикий кабан (*Sus scrofa ferus*), що дав початок широкому процесу породоутворення свиней в Європі та Азії.

Наступним етапом порівняли групи крові та сироваткових білків за 16 породами свиней європейського та азіатського походження із встановленням алельної мінливості та визначили концентрації алелей domestикаційного типу (табл. 2).



Таблиця 2

Частота алелей в популяціях домашніх и диких свиней

| | | | | | |
|---------------|--|---------------------------------|--|---------------|--|
| Fa = 0 | | Дикий європейський кабан | | Fb = 1 | |
| Ga = 1 | | Sus scrofa ferus | | Gb = 0 | |
| Велика біла | | Азіатський кабан | | Беркшир | |

| Популяція | F | | G | |
|-------------------------|--------|--------|--------|--------|
| | Fa | Fb | Ga | Gb |
| Азіатський кабан | 0 | 1 | 0,3012 | 0,6988 |
| Кахетинська свиня | 0 | 1 | 0,9774 | 0,0226 |
| П'єстрен | 0,0020 | 0,9980 | 0,6260 | 0,3740 |
| Українська степна біла | 0,0168 | 0,9832 | 0,3640 | 0,6360 |
| Велика біла | 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 |
| Мангалицька | 0,1298 | 0,8702 | 0,9531 | 0,0487 |
| Естонська бекона | 0,1628 | 0,8372 | 0,3594 | 0,6406 |
| Північнокавказська | 0,2149 | 0,7851 | 0,4621 | 0,5379 |
| Миргородська | 0,2202 | 0,7794 | 0,5031 | 0,4669 |
| Кемеровська | 0,3215 | 0,6785 | 0,7619 | 0,2381 |
| Українська степова біла | 0,4580 | 0,5420 | 0,6092 | 0,3908 |
| Велика чорна | 0,5528 | 0,4472 | 0,7000 | 0,3000 |
| В'єтнамська | 0,7857 | 0,2143 | 0,1735 | 0,8065 |
| Беркширська | 0,7926 | 0,2074 | 0,4860 | 0,5140 |
| Польсько-китайська | 0,9020 | 0,0971 | 0,6675 | 0,3325 |

Як відомо, алель Fb є однією з найдавніших у генотипі європейського та азіатського кабана і становить 1. Алель Fa виникла у перехідних та заводських порід як доместикаційна. У генотипі великої білої породи Fa = 0,0210; української степової білої – 0,0168; п'єстрена – 0,020; ландрас – 0,0697; дюрок – 0,0810; мангалицька – 0,1298; української степової рябої – 0,4580; великої чорної – 0,5528; польсько-китайської – 0,9020.

Алель Gb – доместикаційна, а її концентрація в генотипі може бути ознакою генеалогічної та генетичної близькості окремих порід свиней як у процесі селекції, так і філогенезу.

У період доместикації та породоутворення генетична різноманітність у популяціях свиней переважно виникає не в результаті нових мутацій, а через нові комбінації генів.

Поширення певних алелей у природних популяціях пов'язують із адаптивністю генотипів до певних чинників довкілля. Проте поширення тієї чи іншої алелі в умовах породоутворення або племінного свинарства може виникати досить швидко або випадково за наявності цього гена у одного з родоначальників породи. І тому в популяції виявляють так званий «ефект родоначальника», який



пов'язаний з дрейфом генів. Виявлення частот генів у деяких древніх локальних та сучасних заводських порід дає змогу підтвердити їх генеалогічні зв'язки на генетичній основі. Зокрема, генеалогічні зв'язки між диким європейським кабаном, великою білою породою, українською степовою білою, ландрасом, естонською, українською степовою рябою, миргородською та беркширською породами можна чітко простежити на антигенному рівні [11-13].

Аналізуючи дані про генетичні дистанції між окремими популяціями дикого кабана, що поширені як у Європі, так і в Азії, ми повинні уявити, як плинула еволюція цього виду, що призвела до виникнення генетичних відмінностей між ними. Головним чинником еволюції фенотипів, і, зокрема, філогенезу є природний відбір, що зумовлює адаптацію різних умов довкілля. Щоб відбір, що призводить до виникнення генетичних відмінностей систем груп крові, закріплювався у певних великих популяціях, необхідна була значна репродуктивна ізоляція субпопуляцій. Відомо, що в період мезоліту Гімалайські та Алтайські гори з розміщеними на них льодовиками розділили Євразійський континент на три області, створюючи цим умови для тимчасової роздільної еволюції європейського, азійського і далекосхідного кабана. Однак у післяльодовиковий період стали можливі різні форми міграції та гібридизації між ними. Немає сумніву в тому, що всі дикі популяції кабана, що розповсюджені в Європі, Азії та Африки, належать до одного і того ж виду *Sus scrofa*, тому що при спарюванні між собою вони дають плідне потомство [14, 15, 16].

Наступним етапом наших досліджень було встановлення чітких спадкових відмінностей між породами свиней по групах крові з подальшим визначенням генетичної дистанції між ними (табл.3). Як відомо, в еволюції порід можна виділити два корені походження сучасних заводських порід – велика біла англійська та беркшир, які у своєму генотипі поєднали генетичний потенціал європейського та азійського дикого кабана. При аналізі генетичних дистанцій між породами (табл. 3) використовували дві діалельні системи груп крові (F та G) та дві поліалельні системи K та E.

Таблиця 3

Генетична дистанція між породами свиней

| Система груп крові | Вел.біл.-Укр.ст. | Вел.біл.-Ест.бек. | Вел.біл.-Миргородська | Вел.біл.-Північноказська | Вел.біл.-П'єстрен | Вел.біл.-Велика чорна | Вел.біл.-Беркшир | Вел.біл.-Лаконб | Вел.біл.-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 |

Примітка. вел. біл. – велика біла; укр. ст. – українська степова; ест. бек. – естонська бекона

Відмінності за коефіцієнтами генетичних дистанцій між породами, ймовірно, пов'язані з особливостями тиску відбору на окремі генетичні системи як за високополіморфними локусами, «швидко еволюціонуючими», так і менш полі-



морфними локусами, або «повільно еволюціонуючими». Не можна погодитися з твердженням низки дослідників [8] в тому, що генетична різноманітність за системами груп крові (G, K, H, J, L) тісно пов'язана зі штучним відбором, спрямованим на вдосконалення порід, ліній та інших груп тварин, а ряд генетичних систем груп крові (B, F та інших.) зумовлені природним доббором.

Установлено, що за F системою груп крові генетична дистанція між великою білою породою та українською степовою білою – 0,0127, п'єтрен – 0,0040, ландрас – 0,0657, північнокавказькою – 0,1564, естонською беконною – 0,1588, лаком 0,1723, миргородською – 0,2166. Це відповідає даним, отриманим під час аналізу морфології та історії створення цих порід, тобто, генетичні відстані відбивають реальні взаємини, що склалися між породами. Як відомо, велика чорна порода свиней виведена в Англії в другій половині XIX століття схрещуванням місцевих довговухих свиней з неаполітанськими і китайськими, їхня генетична дистанція з великою білою породою – 0,5488, хоча найвищі генетичні відмінності характерні для породи беркшир. На жаль, методів розрахунку генетичних дистанцій, незважаючи на їх значну кількість, розроблено недостатньо, тому що на їх значущість впливає кілька чинників. Це й час відмінностей між дослідженими породами: чим раніше вони розійшлися, тим, очікується, більшою буде генетична відстань з-поміж них. Це характерно для великої білої, великої чорної та породи беркшир. Далі на генетичну дистанцію, ймовірно, можуть впливати особливості генетичної структури порівнюваних порід (чисельність породи, система схрещувань, тиск відбору тощо).

І нарешті, головне джерело ймовірних коливань значень генетичних дистанцій – це кількість та якість біохімічних та імунологічних маркерів, що використовують для їхнього розрахунку. Разом із тим, основна перевага генетичних дистанцій полягає в тому, що вони можуть бути розраховані за аналогічними ознаками, у різних груп особин, на відміну від інших способів порівняння – і, таким чином, є достовірними показниками взаємовідносин генофондів, ніж інші методи аналізу.

Висновки:

1. На підставі селекційно-генетичного аналізу популяції домашніх та диких свиней сформовано парадигму генетико-популяційних процесів, що відбуваються при одомашнюванні свиней. Для виду *Sus scrofa* суть доместикації полягала у зміні кількісних та якісних взаємовідносин у зростанні та розвитку, які у поєднанні з подальшим спрямованим відбором сприяли формуванню сучасних порід свиней.

2. Аналіз генетичної структури популяції дикого кабана за поліморфними локусами систем груп крові та сироваткових білків свідчить про те, що процес філогенезу супроводжувався появою дикого європейського кабана (*Sus scrofa ferus*) зі збалансованим мономорфним алелофондом, від якого у подальшому походять азійські дикі свині, що відзначаються поліморфізмом у більшості маркерних генів.

3. На основі імуногенетичного аналізу встановлено, що доместикаційними алелями свиней є Fa, Gb, Asp, Hp, Amc, TfA, CpB та ін. Генетична подібність за окремими маркерами (F, Tf, Cp та ін.) у популяції дикого європейського кабана свідчить про спільність їх походження, а недостатній прояв поліморфізму за окремими локусами у азійського кабана підтверджує висунуту гіпотезу про пізніше його походження.

4. Доведено, що процес породотворення, який виникає як підсумок доместикації, супроводжується спеціалізацією і генетичною диференціацією порід.



Аналіз генетичних дистанцій між породами за алелями груп крові і типами поліморфних білків показав, що за величиною коефіцієнтів генетичної близькості велика біла порода наближається до європейського і кавказького кабана, а велика чорна – до середньоазіатського, ніж до європейського.

Бібліографічний список

1. Хохлов А. М. Генетичний моніторинг domestикації свиней : навч. посіб. Харків: Еспада, 2004. 128 с.
2. Тихонов В. Н. Микроэволюционная теория и практика породообразования свиней. Новосибирск : Наука, 2008. 395 с.
3. Коновалов В. С., Коваленко В. П., Недвига М. М. Генетика сільськогосподарських тварин. Киев: Урожай, 1996. 336 с.
4. Барановский Д. И., Хохлов А. М., Гетманец О. М. Биометрия в селекции в MSEXEL. Харьков: ФЛП Бровин. 2007. 228 с.
5. Гришина Л. П. Рівень фенотипової консолідації свиней великої білої породи. *Розведення і генетика тварин* : міжвідом. темат. наук. зб. / Ін-т розведення і генетики тварин ім. М. В. Зубця. Київ, 2005. Вип. 39. С. 88-91.
6. Shena C., Tonga X., Chena R., Gaoa S., Liua X., Schinckelb A., Lia Y., Xua F., Zhoua B. Identifying blood-based biomarkers associated with aggression in weaned pigs after mixing. *Applied animal behaviour science*. 2020. 224 p. doi: 10.1016/j.applanim.2019.104927
7. Алтухов Ю. П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения. *Генетика*. 1995. Т. 31. Вып. 16. С. 1333-1357.
8. Prather R., Redel B., Whitworth K., Zhao M. Genomic Profiling to Improve Embryogenesis in the Pig. *Animal reproduction science*. 2014. Vol. 149 (1-2). P. 39-45. doi: 10.1016/j.anireprosci.2014.04.017
9. Ayuso M., Fernandez A., Nunez Y., Benitez R., Isabel B., Barragan C., Fernandez A., Rey A., Medrano J., Canovas A. Comparative Analysis of Muscle Transcriptome between Pig Genotypes Identifies Genes and Regulatory Mechanisms Associated to Growth, Fatness and Metabolism. *Plos one*. 2015. Vol. 10 (12). doi: 10.1371/journal.pone.0145162
10. Войтенко С. Л. Оцінювання стану місцевих порід свиней України та методи селекційно-племінної роботи с ними. *Розведення і генетика тварин* : міжвідом. темат. наук. зб. / Ін-т розведення і генетики тварин ім. М. В. Зубця. Київ, 2015. Вип. 49. С. 235-242.
11. Ayuso M., Fernandez A., Nunez Y., Benitez R., Isabel B., Fernandez A., Rey, A., Gonzalez-Bulnes A., Medrano Juan F., Canovas A. Developmental Stage, Muscle and Genetic Type Modify Muscle Transcriptome in Pigs: Effects on Gene Expression and Regulatory Factors Involved in Growth and Metabolism. *Plos one*. 2016. Vol. 11 (12). doi: 10.1371/journal.pone.0167858
12. Алтухов Ю. П. Процессы в популяциях. Москва: Академкнига, 2003. 431 с.
13. Grikshas S., Kalashnikov V., Dzhanibekova G. K., Funikov G., Ovchinnikov A., Kulmakova N., Yepifanov V., Khramtsov V., Sarimbekova S., Yerezhopova M. Productivity and biological features of pigs of domestic and canadian breeding. *Bulletin of the national academy of sciences of the republic of Kazakhstan*. 2019. Vol. 5. P. 29-35. doi: 10.32014/2019.2518-1467.120
14. Martins J. M., Fialho R., Albuquerque A., Neves J., Freitas A., Nunes J. T., Charneca, R. Growth, blood, carcass and meat quality traits from local pig breeds and



their crosses. *ANIMAL*. 2020, Vol. 14 (3). P. 636-647. doi: 10.1017/S1751731119002222

15. Whitworth K., Springer G., Forrester J., Spollen W., Ries, J., Lamber-son W., Bivens N., Murphy C., Mathialigan N., Green J. Developmental expression of gene clusters during pig embryogenesis: an expressed sequence tag project. *Biology of reproduction*. 2014. Vol. 71 (4). P. 1230-1243. doi:10.1095/biolreprod.104.030239

16. Zhang J., Guo W., Shen L., Liu Q., Deng X., Hu X., Li, N. Development of a Porcine cDNA Microarray: Analysis of Clenbuterol Responding Genes in Pig (*Sus scrofa*) Internal Organs. *Journal of integrative agriculture*. 2012. Vol. 11 (11). P. 1877-1883. doi: 10.1016/S2095-3119(12)60193-2

References

1. Khokhlov, A. M. (2004). *Henetychnyy monitorinh domestykatsii svyney*. Kharkiv : Espada [in Ukrainian].

2. Tikhonov, V. N. (2008). *Mikroevoliutsionnaia teoriia i praktika poro-doobrazovaniia sviney*. Novosibirsk : Nauka [in Russian].

3. Konovalov, V. S., Kovalenko, V. P. & Nedvyha, M. M. (1996). *Henetyka silskohospodarskykh tvaryn* [Genetics of agricultural animals]. Kyiv : Urozhay [in Ukrainian].

4. Baranovskiy, D. I., Khokhlov, A. M. & Getmanets, O. M. (2007) *Biometrija v selekcii v MSEXEL* [Biometrics in selection in MS EXCEL]. Kharkov : FLP Brovin [in Ukrainian].

5. Hryshyna, L. P. (2005). Riven fenotypovoi konsolidatsii svynei velykoi bi-loi porody [The level of phenotypic consolidation of pigs of the large white breed.]. *Rozvedennia i henetyka tvaryn* [Animal breeding and genetics]. Kyiv, 39, 88-91 [in Ukrainian].

6. Shena, C., Tonga, X., Chena, R., Gaoa, S., Liua, X., Schinckelb, A., Lia, Y., Xua, F., & Zhoua, B. (2020). Identifying blood-based biomarkers associated with aggression in weaned pigs after mixing. *Applied animal behaviour science*, 224. doi: 10.1016/j.applanim.2019.104927

7. Altuhov Ju. P. (1995). Vnutrividovoe geneticheskoe raznoobrazie: monitoring i principy sohraneniia [Intraspecific genetic diversity: monitoring and conservation principles.] *Genetika*. 31(16), 1333-1357 [in Russian].

8. Prather, R., Redel, B., Whitworth K., & Zhao, M. (2014). Genomic Profiling to Improve Embryogenesis in the Pig. *Animal reproduction science*, 149 (1-2), 39-45. doi: 10.1016/j.anireprosci.2014.04.017

9. Ayuso, M., Fernandez, A., Nunez, Y., Benitez, R., Isabel, B., Barragan, C., Fernandez, A., Rey, A., Medrano, J., Canovas, A. (2015). Comparative Analysis of Muscle Transcriptome between Pig Genotypes Identifies Genes and Regulatory Mechanisms Associated to Growth, Fatness and Metabolism. *Plos one*, 10 (12). doi: 10.1371/journal.pone.0145162

10. Voytenko, S. L. (2015). Otsiniuvannia stanu mistsevykh porid svyney Ukrainy ta metody selektsiyno-pleminnoi roboty s nymy [Assessment of the condition of local pig breeds of Ukraine and methods of selection and breeding work with them.]. *Rozvedennia i henetyka tvaryn* [Animal breeding and genetics]. Kyiv, 49, 235-242 [in Ukrainian].

11. Ayuso, M., Fernandez, A., Nunez, Y., Benitez, R., Isabel, B., Fernandez, A., Rey, A., Gonzalez-Bulnes, A., Medrano, Juan F., & Canovas, A. (2016). Developmental Stage, Muscle and Genetic Type Modify Muscle Transcriptome in Pigs: Effects



on Gene Expression and Regulatory Factors Involved in Growth and Metabolism. *Plos one*, 11 (12). doi: 10.1371/journal.pone.0167858

12. Altukhov, Iu.P. (2003). *Processy v populjacijah* [Processes in populations]. Moscow: Akademkniga [in Russian].

13. Grikshas, S., Kalashnikov, V., Dzhanibekova, G. K., Funikov, G., Ovchinnikov, A., Kulmakova, N., Yepifanov, V., Khramtsov, V., Sarimbekova, S., & Yerezhopova, M. (2019). Productivity and biological features of pigs of domestic and canadian breeding. *Bulletin of the national academy of sciences of the republic of Kazakhstan*, 5, 29-35. doi: 10.32014/2019.2518-1467.120

14. Martins, J. M., Fialho, R., Albuquerque, A., Neves, J., Freitas, A., Nunes J. T., & Charneca, R. (2020). Nunes, JT., Charneca, R. Growth, blood, carcass and meat quality traits from local pig breeds and their crosses, *Animal*, 14 (3), 636–647. doi: 10.1017/S1751731119002222

15. Whitworth, K., Springer, G., Forrester, J., Spollen, W., Ries, J., Lamberson, W., Bivens, N., Murphy, C., Mathialigan, N., & Green, J. (2014). Developmental expression of gene clusters during pig embryogenesis: an expressed sequence tag project. *Biology of reproduction*, 71 (4), 1230-1243. doi:10.1095/biolreprod.104.030239

16. Zhang, J., Guo, W., Shen, L., Liu, Q., Deng, X., Hu, X., & Li, N. (2012). Development of a Porcine cDNA Microarray : Analysis of Clenbuterol Responding Genes in Pig (*Sus scrofa*) Internal Organs. *Journal of integrative agriculture*, 11 (11), 1877-1883. doi: 10.1016/S2095-3119(12)60193-2

PHYLOGENETIC PROCESSES IN EUROPEAN AND ASIAN PIG POPULATIONS

Khokhlov A. M., Fediaieva A. S., Honcharova I. I., Shevchenko O. B., State Biotechnological University.

*As a result of evolution, a gradual change in the hereditary structure of a species, not only the number of genes changes, but also their properties, frequency, and direction of variability. Changes in gene frequencies occurring over a relatively small period of time belong to microevolution. The breeding process in pig breeding is the microevolutionary processes originating from the ancestral forms of *Sus scrofa* to the modern specialized breeds of pigs. Genetic monitoring of the genetic systems of blood groups makes it possible to assess the genetic structure and processes occurring in populations.*

The microevolutionary process of transformation of wild ancestral forms over the last 10-12 thousand years from transitional forms of local aboriginal to factory breeds has occurred with significant genetic and phenotypic transformations in animal populations. In this connection, it is important to clarify the correct understanding of the terms 'population' and 'breed'. Naturally, any breed is a population, but not any population is not a breed, especially since both population and population as taxonomic terms have different interpretations. In the first place, a distinction must be made between wild populations, in which microevolution takes place only by means of natural selection, and breed populations, in the development of which artificial selection was involved as a fundamental factor in microevolution. Depending on the level of methods and forms of selection, we have to distinguish local indigenous populations (e.g., Kakhethian and Mangali breeds) and basic factory breeds (Large White, Berkshire, Landrace, Duroc, etc.), which have been created for decades and centuries. The concept of a breed is closely linked to the size of the reproductive population and the range of distribution. According to FAO, in 2006 there were some 730 breeds and lines of pigs worldwide, most of which are bred in China and Europe, and 270 of which are



regarded as rare breeds. At the same time, 58 breeds (25 regional and 33 international) are registered as common, i.e. occurring in more than one country. Five international breeds are now widely distributed: Large White (117 countries), Duroc (93 countries), Landrace (91 countries), Hampshire (54 countries) and Petren (35 countries).

Keywords: population, breed, polymorphism, domestication, phylogeny.

УДК 636.2.082

DOI 10.32900/2312-8402-2022-127-196-203

МОДЕЛІ ПЕРЕДБАЧЕННЯ ВІКУ ПЕРШОГО ОТЕЛЕННЯ ЗА ЕКСТЕР'ЄРНИМИ ПОКАЗНИКАМИ

Шабля В. П., д. с.-г. н., професор, <https://orcid.org/0000-0001-6510-5397>
Державний біотехнологічний університет

Наведено результати прогнозування віку першого отелення за допомогою множинного регресійного аналізу, виходячи з екстер'єрних промірів та індексів будови тіла телиць, визначених двократно – у віці близько 100 днів та близько року. Моделі розроблено з використанням як лінійних, так і нелінійних компонент. Розроблені моделі розглядаються з погляду їхньої адекватності та достовірності. З метою покращення якості моделей випробувано метод «складаного ножа». Перевірку моделей здійснено методами ковзного контролю, розподілу вибірки на навчальну й екзаменаційну вибірки та моделювання відбору. Виділено та проаналізовано найважливіші залежності. На основі екстер'єрних показників телиць близько 100-денного віку отримали модель прогнозування віку першого отелення, яка була недостовірною ($P=0,91$) та характеризувалася невисоким приведеним коефіцієнтом детермінації ($R^2_{adj}=0,21$) і великою стандартною помилкою передбачення ($SE=104,75$ дня). Підсумкові параметри моделі прогнозування віку першого отелення на основі екстер'єрних показників, визначених у приблизно річному віці, характеризуються високою достовірністю ($P>0,999$), досить гарною детермінацією ($R^2_{adj}=0,58$) і цілком прийнятними відмінностями між передбаченими та фактичними значеннями віку першого отелення ($SE=77,01$ дня). Найбільш адекватною є модель, що базується на дворазовому екстер'єрному дослідженні. Доцільним є використання цієї моделі у варіанті «складаного ножа» для більш точної та повної оцінки тварин у ранньому віці. Дана модель забезпечує збіг прогнозованих та фактичних негативних оцінок віку першого отелення у 65,7 % випадків. Найціннішими для прогнозування та інтерпретації залежностей віку першого отелення від екстер'єру телиць є такі ознаки як індекс розтягнутості й коса довжина тулуба в 365-денному віці. Ступінь їхнього впливу на передбачений вік першого отелення максимальний серед усіх предикторів і становить 16,46 % і 9,10 % відповідно.

Ключові слова: прогнозування, вік першого отелення, ознаки екстер'єру, модель, регресія.

Однією з основних умов прибуткового ведення молочного скотарства є інтенсивне вирощування молодняка для того, щоб у найкоротші терміни та з найменшими витратами отримати з телиць високопродуктивних і прибуткових корів [1, 2].