

И.П. ШЕЙКО<sup>1</sup>, Е.А. ЯНОВИЧ<sup>1</sup>, Т.Н. ТИМОШЕНКО<sup>1</sup>,  
Н.В. ПРИСТУПА<sup>1</sup>, И.В. АНИХОВСКАЯ<sup>1</sup>, А.Ч. БУРНОС<sup>1</sup>, Е.С. СРЕДА<sup>2</sup>

## ГЕНЕАЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА СВИНЕЙ ПОРОДЫ ЛАНДРАС ПО ДНК-МС

<sup>1</sup>*Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси  
по животноводству, г. Жодино, Республика Беларусь*  
<sup>2</sup>*СГЦ «Заднепровский», Республика Беларусь*

Изучение генетического полиморфизма различных пород сельскохозяйственных животных – актуальное направление современной популяционной генетики. Микросателлиты являются удобными генетическими маркерами в геноме животных, однако их использование в практике свиноводства требует широкого спектра исследований, направленных на оценку их прикладной значимости. В связи с этим нами изучена генеалогической структуры свиней породы ландрас, разводимых в сельскохозяйственном филиале «СГЦ "Заднепровский"» ОАО «Оршанский КХП» на основе анализа по ДНК-МС. При проведении анализа внутривидовой генеалогической структуры изучаемых животных установлено, что свиньи линий Замка и Залива отличались наибольшим генетическим сходством с животными других линий. Кластерная структура свиней породы ландрас, построенная на основании результатов анализа ДНК-микросателлитов полностью согласуется с данными происхождения свиней.

**Ключевые слова:** свиньи, ландрас, локус, аллель, генетическая изменчивость, ДНК-микросателлиты.

I.P. SHEIKO<sup>1</sup>, E.A. YANOVICH<sup>1</sup>, T.N. TIMOSHENKO<sup>1</sup>,  
N.V. PRISTUPA<sup>1</sup>, I.V. ANIKHOVSKAYA<sup>1</sup>, A.C. BURNOS<sup>1</sup>,  
E.S. SREDA<sup>2</sup>

## GENEALOGICAL STRUCTURE OF LANDRACE PIGS BASED ON DNA-MS ANALYSIS

<sup>1</sup>*Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences  
of Belarus for Animal Breeding, Zhodino, Republic of Belarus*  
<sup>2</sup>*SGC "Zadneprovsky", Republic of Belarus*

The study of genetic polymorphism of various breeds of farm animals is an important area of modern population genetics. Microsatellites are easy-to-analyze genetic markers in the genome of animals; however, their use in the practice of pig breeding requires a wide range of studies aimed at assessing their applied significance. In this connection, we studied the genealogical structure of Landrace pigs bred at the agricultural branch "SGC "Zadneprovsky" of JSC "Orsha bread products company"

based on DNA-MS analysis. When analyzing the intrabreed genealogical structure of the studied animals, it was found that pigs of the Zamka and Zaliv lines were distinguished by the greatest genetic similarity with animals of other lines. The cluster structure of Landrace pigs, based on the results of microsatellite DNA analysis, is completely consistent with the data on the origin of pigs.

**Keywords:** pigs, Landrace, locus, allele, genetic variability, microsatellite DNA.

**Введение.** Изучение генетического полиморфизма различных пород сельскохозяйственных животных – актуальное направление современной популяционной генетики. Микросателлиты являются удобными генетическими маркерами в геноме животных вследствие высокого уровня полиморфизма и стабильного аутосомного кодоминантного наследования [1, 2]. ДНК-МС достаточно широко распространены в геноме и могут располагаться как в экзонах, так и в интронах. Данный тип маркеров является гипервариабельным, что обуславливается одновременным существованием в популяции до 15-20 аллелей по определённому локусу ДНК-МС. Таким образом, генотипы отдельных животных по локусам ДНК-МС могут выступать в качестве удобных маркеров при проведении оценок их генетического разнообразия в исследуемых популяциях, а частное распределение генотипов по данным локусам может отражать процессы микроэволюции в них. Сопоставление фактического и потенциального разнообразия позволяет оценить «запас прочности» генетического разнообразия в популяциях и вовремя заметить проблему значительного его исчерпания вследствие тех или иных популяционно-генетических процессов. Ранее проводимые исследования доказали эффективность применения микросателлитных маркеров [3, 4, 5, 6]. Вместе с тем, использование ДНК-МС в практике требует широкого спектра исследований, направленных на оценку их прикладной значимости в животноводстве и, в частности, в свиноводстве.

Цель работы – изучение генеалогической структуры свиней породы ландрас, разводимых в с.-х. филиале «СГЦ "Заднепровский"» ОАО «Оршанский КХП» на основе анализа по ДНК-МС.

**Материал и методика исследований.** Объектом исследования являлись свиньи породы ландрас, разводимые на племферме № 4 в с.-х. филиале «СГЦ "Заднепровский"»ОАО «Оршанский КХП». У животных взяты пробы ткани (ушной выщип). В лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству» проведён микросателлитный анализ по 15 локусам ДНК-МС. После получения микросателлитных профилей сформирована матрица генотипов в формате Microsoft Excel. Обработку данных осуществляли по Вейр [7] с использованием программного обеспечения GenAIEx (ver. 6.5). Оценку степени генетической дифференциации определяли на основании

матрицы попарных значений DJost [8] с последующим построением филогенетического дерева по алгоритму «сети соседей» (Neighbor-Net) в программе PAST 4.11.

**Результаты эксперимента и их обсуждение.** Основные структурные единицы в любой породе – линии и семейства, которые с одной стороны, качественно отличаются друг от друга, а с другой – могут довольно тесно переплетаться между собой. Разведение по генеалогическим группам является одним из приёмов создания высокопродуктивных и наследственно устойчивых племенных животных. Животные породы ландрас в с.-х. филиале «СГЦ "Заднепровский"» принадлежат к 9 генеалогическим линиям: Залив, Замок, Зефир, Звук, Зигзаг, Escoll, Flauscher, Lafrano и Nordis.

При анализе генеалогической структуры животных породы ландрас на основе МС-ДНК выявлены межлинейные различия распределения частот аллелей по изученным локусам. Более высоким показателем числа аллелей на локус отличались животные породы ландрас линий Зигзаг (3,07), Escoll (3,27), Замок (3,27) и Залив (3,47) (таблица 1).

Таблица 1 – Характеристика полиморфизма изученных STR-локусов

Генеалогическая группа	Число аллелей на локус (Na)	Число эффективных аллелей на локус (Ae)	Ожидаемая гетерозиготность (He)	Наблюдаемая гетерозиготность (Ho)	Индекс фиксации (Fis)	Величина генетического равновесия
Замок	3,27	2,40	0,563	0,571	0,011	ns
Залив	3,47	2,58	0,564	0,580	-0,005	ns
Зефир	2,33	1,89	0,419	0,578	-0,369	ns
Зигзаг	3,07	2,43	0,548	0,683	-0,219	ns
Звук	2,93	2,09	0,447	0,587	-0,223	ns
Escoll	3,27	2,72	0,590	0,683	-0,155	ns
Lafrano	2,40	2,20	0,467	0,700	-0,508	ns
Flauscher	2,07	1,87	0,400	0,467	-0,144	ns
Nordis	2,80	2,39	0,533	0,733	-0,362	ns

Животные данных линий соответственно характеризовались и большим числом эффективных аллелей на локус (Ae). Максимальное значение ожидаемого уровня гетерозиготности (He) установлено в локусах свиней линии Escoll (590), минимальное значение отмечено для локусов свиней линии Flauscher (0,400). Выявлено увеличение уровня наблюдаемой гетерозиготности в сравнении с ожидаемой у свиней всех линий. Отмечается избыток гетерозигот, о чём свидетельствуют отрицательные значения индекса фиксации (Fis). У животных линий Nordis, Зефир и Lafrano

величины индекса составила - 0,362, -0,369 и -0,508 соответственно.

Свиньи линии Замок находятся в равновесном состоянии, показатель фиксации равен 0,011. Разница между наблюдаемым и ожидаемым значениями гетерозиготности у животных данной линии является незначительной (0,008).

Коэффициенты генетических расстояний и генетического сходства между животными породы ландрас девяти генеалогических линий в СПЦ «Заднепровский» представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Генетические расстояния между животными породы ландрас с учётом генеалогической принадлежности

Линия	Генетические расстояния								
	Замок	Залив	Зефир	Зигзаг	Звук	Escoll	Lafrano	Flauscher	Nordis
Замок	***	0,164	0,144	0,182	0,160	0,226	0,289	0,190	0,276
Залив	0,849	***	0,196	0,178	0,188	0,189	0,176	0,205	0,224
Зефир	0,866	0,822	***	0,234	0,248	0,276	0,257	0,323	0,533
Зигзаг	0,834	0,837	0,791	***	0,284	0,205	0,381	0,290	0,241
Звук	0,853	0,828	0,780	0,753	***	0,283	0,261	0,182	0,364
Escoll	0,798	0,828	0,759	0,815	0,754	***	0,267	0,308	0,310
Lafrano	0,749	0,838	0,773	0,683	0,770	0,766	***	0,267	0,429
Flauscher	0,827	0,815	0,724	0,748	0,833	0,735	0,766	***	0,301
Nordis	0,759	0,800	0,587	0,786	0,695	0,733	0,651	0,740	***
Замок	Генетическое сходство								

Животные линий Замка и Залива отличались наибольшим генетическим сходством со свиньями других линий – 0,749-0,866 и 0,800-0,838 соответственно. Достаточно высокие коэффициенты установлены также между животными линий Зигзаг и Escoll (0,815), Звук и Flauscher (0,833). Наименьшее генетическое сходство отмечено между линиями Зефир и Nordis (0,587), Lafrano и Nordis (0,651).

Значения индекса фиксации Fst при парном сравнении представлены в таблице 3.

Таблица 3 – Индексы фиксации Fst при парном сравнении исследуемых линий животных породы ландрас

Линия	Замок	Залив	Зефир	Зигзаг	Звук	Escoll	Lafrano	Flauscher	Nordis
Замок	0,000								
Залив	0,054	0,000							
Зефир	0,071	0,089	0,000						
Зигзаг	0,061	0,058	0,102	0,000					
Звук	0,066	0,076	0,122	0,106	0,000				
Escoll	0,063	0,062	0,111	0,067	0,102	0,000			
Lafrano	0,106	0,075	0,124	0,135	0,113	0,103	0,000		
Flauscher	0,098	0,096	0,166	0,130	0,102	0,135	0,136	0,000	
Nordis	0,092	0,075	0,190	0,083	0,134	0,093	0,153	0,137	0,000

Установлено, что наибольшей удаленностью от других линий

характеризовались животные линии Зефира ( $F_{st}=0,102-0,190$ ). Более близким генеалогическим родством характеризовались свиньи линии Замок, у которого индексы фиксации  $F_{st}$  с животными линиями Залива, Зигзага, Escoll и Звука – 0,054, 0,061, 0,063 и 0,066 соответственно. Минимальные генетические дистанции установлены также между линиями Залива и Зигзага (0,058), Залива и Escoll (0,062).

Анализ исследуемых групп свиней, проведенный на основе матрицы попарных генетических дистанций по показателю  $F_{ST}$  с последующей визуализацией результатов на филогенетическом дереве по алгоритму «сети соседей» (Neighbor-Net) свидетельствует об формировании 2 кластеров, включающих семь и две генеалогические группы, с делением их на подкластеры (рисунок 1).

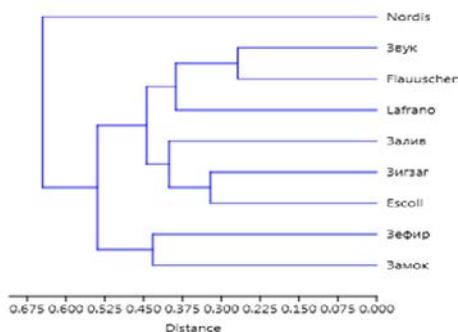


Рисунок 1 – Дендрограмма филогенетического родства изученных генетических групп животных породы ландрас в СГЦ «Заднепровский»

Первый кластер представлен двумя подкластерами – Звук – Flauscher и Зигзаг – Escoll, которые, в свою очередь, имеют генетические ответвления. В целом следует отметить наибольшую генетическую удаленность свиней линии Nordis от всех животных. Они образуют отдельно отстоящую ветвь дендрограммы. Второй кластер представлен подкластером Зефир – Замок.

Кластерная структура свиней породы ландрас, построенная на основании результатов анализа ДНК-микросателлитов, полностью согласуется с данными происхождения свиней.

**Заключение.** Проведён анализ внутривидовой генеалогической структуры животных породы ландрас, разводимых в СГЦ «Заднепровский» по 15-ти локусам ДНК-МС. Более высоким показателем числа аллелей на локус характеризовались свиньи породы ландрас линий Зигзаг

(3,07), Escoll (3,27), Замок (3,27) и Залив (3,47). Животные линий Замка и Залива отличались наибольшим генетическим сходством со свиньями других линий. Коэффициенты генетического сходства составили 0,749-0,866 и 0,800-0,838 соответственно. Наибольшей удалённостью от других линий характеризовались животные линии Зефира ( $F_{st}=0,102-0,190$ ). Животные породы ландрас в СГЦ «Заднепровский» формируют 2 кластера, включающих семь и две генеалогические группы, с делением их на подкластеры.

#### Литература

1. Зиновьева, Н. А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // Достижения науки и техники АПК. – 2011. - № 9. – С. 46-48.
2. Зиновьева, Н. А. Оценка роли ДНК-микросателлитов в генетической характеристике популяции черно-пестрого скота / Н. А. Зиновьева, Н. И. Стрекозов, Л. А. Молофеева // Зоотехния. – 2009. - № 1. – С. 2-4.
3. Шевелёва, О. М. Характеристика генетической структуры стада герефордской породы по STR-локусам / О. М. Шевелёва, М. А. Часовщикова // Животноводство и кормопроизводство. – 2018. – Т. 101, № 4. – С. 71-77.
4. Характеристика генофонда крупного рогатого скота герефордской породы по микросателлитным ДНК / С. Д. Нурбаев [и др.] // Современные проблемы сельскохозяйственных наук в мире : сб. науч. тр. Междунар. науч.-практ. конф. – Казань, 2016. – С. 3336.
5. Parentage testing and linkage analysis in the horse using a set of highly polymorphic microsatellites / D. S. Marklun [et al.] // Animal Genetics. – 1994. – Vol. 25. – P. 19-23.
6. The identification of polymorphic microsatellite loci in the horse and their use in thoroughbred parentage testing / M. M. Binns [et al.] // British Vet. J. – 1995. – Vol. 151. – P. 9-16.
7. Вейр, Б. Анализ генетических данных / Б. Вейр. – Москва : Мир, 1995. – 319 с.
8. Jost, L. GST and its relatives do not measure differentiation / L. Jost // Molecular Ecology. – 2008. – No. 17. – P. 4015–4026.

*Поступила 9.03.2023 г.*