

ЖЫВЁЛАГАДОЎЛЯ І ВЕТЭРЫНАРНАЯ МЕДЫЦЫНА
ANIMAL HUSBANDRY AND VETERINARY MEDICINE

УДК 636.4.082.12
<https://doi.org/10.29235/1817-7204-2024-62-3-246-256>

Поступила в редакцию 25.03.2024
Received 25.03.2024

И. П. Шейко¹, Е. А. Янович¹, Н. В. Приступа¹, И. В. Кошман¹, Р. И. Шейко², А. А. Путик³

¹Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству,
Жодино, Республика Беларусь

²Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь

³Белорусский государственный университет имени Максима Танка, Минск, Республика Беларусь

**ВНУТРИПОРОДНАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ЖИВОТНЫХ ПОРОДЫ ЛАНДРАС
НА ОСНОВЕ ПОЛИМОРФИЗМА ДНК-МИКРОСАТЕЛЛИТОВ**

Аннотация. Проведен анализ популяционно-генетических параметров животных породы ландрас, разводимых в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ЧУП «Полесье-Агроинвест» и сельскохозяйственном филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» на основе ДНК-МС. Выявлено 110 аллелей. Число аллелей для локусов варьировало в пределах от 3 до 10. Наибольший уровень аллельного разнообразия установлен у животных, разводимых в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», – 5,40 аллеля на локус. Выявлено, что популяция животных в СГЦ «Заднепровский» находится в равновесном состоянии, показатель индекса фиксации равен 0,001. Отклонения от равновесного состояния отмечено у свиней в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» ($F_{is} = -0,019$) и ЧУП «Полесье-Агроинвест» ($F_{is} = -0,018$). Фактическая степень гетерозиготности у животных варьировала от 0,549 (ЧУП «Полесье-Агроинвест») до 0,662 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»). Результаты проверки на равновесие Харди – Вайнберга свидетельствуют, что большая часть использованных локусов ДНК-МС находится в состоянии генетического равновесия. Величина информативной ценности большинства изученных локусов ($PI_C > 0,5$), что указывает на их высокую информативность в качестве молекулярно-генетических маркеров. Установлено, что наибольший вклад во внутрипородную дифференциацию свиней породы ландрас вносят локусы S0005 ($F_{st} = 0,103$), SW857 ($F_{st} = 0,103$) и SW240 ($F_{st} = 0,202$). Результаты Assignment-теста свидетельствуют, что в целом, по всем исследованным животным, точность отнесения к «своей» популяции превышает 98 %. Установлен высокий уровень генетического сходства животных породы ландрас данных популяций, коэффициенты генетического сходства составили 0,795–0,874.

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

Для цитирования: Внутрипородная изменчивость животных породы ландрас на основе полиморфизма ДНК-микросателлитов / И. П. Шейко [и др.] // Вес. Нац. акад. наук Беларуси. Сер. аграр. наук. – 2024. – Т. 62, № 3. – С. 246–256. <https://doi.org/10.29235/1817-7204-2024-62-3-246-256>

Ivan P. Sheiko¹, Elena A. Yanovich¹, Natalia V. Pristupa¹, Ivan V. Koshman¹, Ruslan I. Sheiko², Anzhelika A. Putik³

¹Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus
for Animal Breeding, Zhodino, Republic of Belarus

²Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus,
Minsk, Republic of Belarus

³Belarusian State Pedagogical University named after Maksim Tank, Minsk, Republic of Belarus

**INTRABREED VARIABILITY OF LANDRACE ANIMALS BASED
ON MICROSATELLITE DNA POLYMORPHISM**

Abstract. The population genetic parameters of Landrace breed animals bred at SE “ZhodinoAgroPlemElita”, PUE “Polesye-Agroinvest” and agricultural branch of SHC “Zadneprovsky” of OJSC “Orshanskiy KHP” were analyzed using microsatellite DNA data. 110 alleles were identified. The number of alleles for the loci ranged from 3 to 10. The highest level of allelic diversity was found in animals bred at SE “ZhodinoAgroPlemElita” – 5.40 alleles per locus. It was revealed that the population of animals of SHC “Zadneprovsky” was in the equilibrium state, the fixation index was equal to 0.001. Deviations from the equilibrium state were observed in pigs of SE “ZhodinoAgroPlemElita” ($F_{is} = -0,019$) and PUE “Polesye-Agroinvest”

($F_{is} = -0,018$). The actual degree of heterozygosity in animals ranged from 0.549 (PUE “Polesye-Agroinvest”) to 0.662 (SE “ZhodinoAgroPlemElita”). The results of the Hardy-Weinberg equilibrium test showed that most of the MS DNA loci used were in a state of genetic equilibrium. The polymorphism information content (PIC) value of most of the studied loci exceeded 0.5, indicating their high informativeness as molecular genetic markers. The loci S0005 ($F_{st} = 0.103$), SW857 ($F_{st} = 0.103$) and SW240 ($F_{st} = 0.202$) were found to make the most substantial contribution to intrabreed differentiation of Landrace breed pigs. The results of the Assignment test showed that, in general, the accuracy of assignment of the studied animals to “their own” population exceeded 98 %. A high degree of genetic similarity between the Landrace breed animals of these populations was determined, the coefficients of genetic similarity made 0.795–0.874.

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

For citation: Sheiko I. P., Yanovich E. A., Pristupa N. V., Koshman I. V., Sheiko R. I., Putik A. A. Intrabreed variability of Landrace animals based on microsatellite DNA polymorphism. *Vesti Natsyyanal'nai akademii navuk Belarusi. Seryya agrarnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Agrarian series*, 2024, vol. 62, no. 3, pp. 246–256 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1817-7204-2024-62-3-246-256>.

Введение. Генетика популяций, как теоретическая основа селекции животных, имеет важное прикладное значение. Популяционный подход в селекции дает возможность количественно оценить генетическую способность животных получать перспективное потомство, прогнозировать их продуктивность и приспособленность [1, 2]. В животноводстве при составлении селекционных программ популяционная генетика определяет направление крупномасштабной селекции, решает вопросы эффективности селекции, изучает генетические процессы, протекающие в популяциях, в связи с чем приобретает важное практическое значение [3–5]. В настоящее время в исследованиях генофонда различных пород и популяций, установления их генетической структуры и разнообразия используют различные подходы, в том числе и молекулярно-генетические методы. Достижения молекулярной биологии позволяют оценивать животных не только по фенотипическим признакам, но и непосредственно по генотипу. Это дает возможность быстрой и точной идентификации животных с высоким генетическим потенциалом по определенным признакам продуктивности [6, 7]. Генетическая оценка животных стала гораздо эффективнее в связи с открытием семейств повторяющихся последовательностей, дислоцированных по всему геному (минисателлитов и микросателлитов). Благодаря высокой степени полиморфизма, а также относительно равномерному распределению по всему геному наибольшее применение в геномном анализе сегодня находят микросателлиты (МС). Микросателлиты имеют ряд преимуществ перед другими маркирующими системами: они множественны, высокополиморфны, широко распространены по всем хромосомам, легко выявляются и идентифицируются [8, 9]. Применение микросателлитных последовательностей в качестве праймеров в полимеразной цепной реакции (ПЦР) для геномного сканирования получило название ISSR-PCR (Inter-Simple Sequence Repeat – Polymerase Chain Reaction). Со времени появления метода (1994 г.) эти маркеры нашли широкое применение в популяционно-генетических исследованиях ученых ряда стран [10–17].

Микросателлиты на сегодняшний день составляют существенную группу генетических маркеров, которые удобны для целого ряда исследований, таких как оценка генетических расстояний между линиями, семействами, видами и породами животных, характеристика генетической структуры популяций и степени инбредности, оценка величины и направления генного потока между популяциями, филогенетических исследований [18]. С их помощью можно точно определить достоверность происхождения животных, а также осуществить маркировку некоторых генетических локусов, связанных с продуктивностью. Достоверность происхождения животных является одним из основополагающих факторов, обуславливающих эффективность селекционно-племенной работы. В Республике Беларусь согласно Закону «О племенном деле в животноводстве»¹ проводится генетическая экспертиза племенных животных на достоверность происхождения методом ДНК-генотипирования по STR-локусам. Исследование животных по ДНК-микросателлитам позволяет точнее оценить гетерозиготность популяции, то есть ее генетическое разнообразие. Чем оно выше, тем легче животные адаптируются к окружающей среде, что имеет значение в селекции, в том числе при ввозе животных из-за границы.

¹ О племенном деле в животноводстве [Электронный ресурс]: Закон Респ. Беларусь, 20 мая 2013 г., № 24-3 // Национальный правовой Интернет-портал Республики Беларусь. URL: <https://pravo.by/document/?guid=12551&p0=H11300024> (дата обращения: 22.02.2024).

Интенсивное использование мирового генофонда в отечественных селекционных программах обуславливает необходимость оценки аллелофонда свиней, разводимых на сельскохозяйственных предприятиях республики. Белорусскими учеными проведены исследования по генотипированию свиней пород белорусская крупная белая [19], белорусская черно-пестрая [20] и йоркшир [21].

Цель исследований – определение популяционно-генетических параметров животных породы ландрас, разводимых на сельскохозяйственных предприятиях Республики Беларусь, на основе ДНК-МС.

Материал и методика исследований. Объектом исследования являлись свиньи породы ландрас, разводимые в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», сельскохозяйственном филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» и ЧУП «Полесье-Агроинвест». У животных взяты пробы ткани (ушной выщип). В лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «НПЦ НАН Беларуси по животноводству» проведен анализ по ДНК-МС. Выбор микросателлитных локусов осуществлен в соответствии с рекомендациями Международного общества генетики животных (International Society of Animal Genetics – ISAG). Стандартную панель маркеров составляют 15 STR-локусов: S0005, S0090, S0101, S0155, S0227, S0228, S0355, S0386, SW24, SW240, SW72, SW857, SW911, SW936 и SW951. После получения микросателлитных профилей сформирована матрица генотипов в формате Microsoft Excel. Статистическая обработка данных проведена по стандартным методикам [22] с использованием программного обеспечения GenAEx (версия 6.5). Оценка степени генетической дифференциации определена на основании матрицы попарных значений DJost [23] с последующим построением филогенетического дерева по алгоритму «сети соседей» (Neighbor-Net) в программе PAST 4.11.

Результаты и их обсуждение. Проведен анализ популяционно-генетических параметров животных породы ландрас, разводимых в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» ($n = 44$), ЧУП «Полесье-Агроинвест» ($n = 48$) и сельскохозяйственном филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» ($n = 40$) на основе ДНК-МС. В исследуемых популяциях в 15 использованных микросателлитах идентифицировано 82, 71 и 67 аллелей соответственно (табл. 1).

Т а б л и ц а 1. Показатели генетической изменчивости свиней породы ландрас по 15 локусам ДНК-МС

Table 1. Indicators of genetic variability of Landrace breed pigs according to 15 MS DNA loci

Сельскохозяйственное предприятие	Количество аллелей (N)	Количество аллелей с определенной частотой (Na)	Количество эффективных аллелей (Ne)	Ожидаемая гетерозиготность (He)	Наблюдаемая гетерозиготность (Ho)	Индекс фиксации (Fis)	Полиморфное информационное содержание локуса (PIC)
ГП «ЖодиноАгроПлем Элит»	82	5,40	2,99	0,646	0,662	-0,019	0,654
ЧУП «Полесье-Агроинвест»	71	4,73	2,48	0,532	0,549	-0,018	0,537
СГЦ «Заднепровский»	67	4,47	2,73	0,610	0,612	0,001	0,618

Всего выявлено 110 аллелей. Число аллелей варьировало в пределах от 3 до 10 аллелей на локус (табл. 2). Наиболее информативными являлись локусы S0228 (8 аллелей – ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»), S0005 (8 аллелей – ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», 9 аллелей – СГЦ «Заднепровский»), 10 аллелей – ЧУП «Полесье-Агроинвест»). Самый низкий уровень генетического разнообразия (3 аллеля на локус) зарегистрирован для локусов S0227 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ЧУП «Полесье-Агроинвест»), S0228 (ЧУП «Полесье-Агроинвест»), SW951 (ЧУП «Полесье-Агроинвест», СГЦ «Заднепровский») и SW911 (СГЦ «Заднепровский»).

В среднем уровень аллельного разнообразия был выше у свиней, разводимых в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» – 5,40 аллеля на локус. Показатель эффективного числа аллелей варьировал от 2,48 в ЧУП «Полесье-Агроинвест» до 2,99 аллеля в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита».

В вопросах динамики генетического состава популяций важным параметром является гетерозиготность. Гетерозиготность играет положительную роль в адаптации популяций к изменяющимся условиям окружающей среды, а также в микроэволюционном процессе. Поэтому ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических

исследованиях. В этой связи нами была дана оценка наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанная по 15 STR-локусам.

Фактическая степень гетерозиготности у животных породы ландрас варьировала от 0,549 (ЧУП «Полесье-Агроинвест») до 0,662 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»). Величина показателя индекса фиксации у свиней в СГЦ «Заднепровский» составила 0,001, что свидетельствует о том, что популяция находится в равновесном состоянии. Отклонения от равновесного состояния отмечены у свиней в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и ЧУП «Полесье-Агроинвест», у которых наблюдается избыток гетерозигот, о чем свидетельствуют отрицательные значения коэффициентов внутривидового инбридинга F_{is} – соответственно –0,019 и –0,018.

Таблица 2. Количество аллелей в локусах ДНК-МС у животных породы ландрас
Table 2. Number of alleles in MS DNA loci in Landrace breed animals

Локус	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	ЧУП «Полесье-Агроинвест»	СГЦ «Заднепровский»
S0228	8	3	5
S0355	5	5	4
S0005	8	10	9
SW240	6	3	5
SW857	6	6	5
SW911	4	4	3
SW936	4	6	4
S0101	6	5	4
S0155	5	5	5
S0227	3	3	4
S0386	6	5	4
S0090	6	4	4
SW24	6	5	4
SW72	5	4	4
SW951	4	3	3

Одной из характеристик аллелофонда популяций животных является наличие «приватных» аллелей, т. е. аллелей, специфичных для каждой из исследуемых групп свиней. У животных из ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» отмечено 17 уникальных («приватных») аллелей, в ЧУП «Полесье-Агроинвест» – 9 аллелей, в СГЦ «Заднепровский» – 5 аллелей (табл. 3).

Таблица 3. Список «приватных» аллелей 15 локусов ДНК-МС у свиней породы ландрас
Table 3. List of “private” alleles of 15 MS DNA loci in Landrace pigs

STR-локус	Сельскохозяйственное предприятие		
	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	ЧУП «Полесье-Агроинвест»	СГЦ «Заднепровский»
S0090	248 (0,011), 252 (0,023)	–	–
S0155	–	–	–
S0005	213 (0,341)	235 (0,021), 243 (0,010), 247 (0,073)	249 (0,013)
S0101	208 (0,057), 210 (0,011)	218 (0,010)	–
S0386	161 (0,027)	–	–
S0227	–	–	252 (0,025)
S0355	271 (0,148)	253 (0,042)	263 (0,138)
S0228	236 (0,114), 240 (0,023), 244 (0,068)	–	–
SW24	122 (0,022)	114 (0,042)	–
SW72	105 (0,011)	–	115 (0,013)
SW240	106 (0,057), 118 (0,455)	–	114 (0,025)

Окончание табл. 3

STR-локус	Сельскохозяйственное предприятие		
	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	ЧУП «Полесье-Агроинвест»	СГЦ «Заднепровский»
SW857	156 (0,114)	158 (0,042)	–
SW911	162 (0,034)	–	–
SW936	–	94 (0,010), 104 (0,021)	–
SW951	127 (0,057)	–	–
Среднее	17	9	5

Большинство «приватных» аллелей характеризовалось низкой частотой встречаемости (менее 5 %). «Приватные» аллели, превышающие данный порог, были выявлены лишь в локусах S0005 – аллели 213 (0,341) и 247 (0,073), S0101 – аллель 208 (0,057), S0355 – аллели 271 (0,148) и 263 (0,138), S0228 – аллели 236 (0,114) и 244 (0,068), SW240 – аллели 106 (0,057) и 118 (0,455), SW857 – аллель 156 (0,114), SW951 – аллель 127 (0,057). Это дает основание рассматривать эти аллели в качестве маркерных для данных популяций свиней.

В результате проверки соотношения частот генотипов генетическому равновесию Харди – Вайнберга установлено, что большая часть использованных локусов ДНК-МС у животных породы ландрас находится в состоянии генетического равновесия (табл. 4).

Т а б л и ц а 4. Результаты проверки состояния генетического равновесия 15 локусов ДНК-МС в популяциях свиней породы ландрас

Table 4. Results of genetic equilibrium testing of 15 MS DNA loci in Landrace breed pig populations

STR-локус	Сельскохозяйственное предприятие		
	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	ЧУП «Полесье-Агроинвест»	СГЦ «Заднепровский»
S 090	ns	ns	ns
S 0155	*	ns	ns
S 0005	ns	ns	ns
S 0101	ns	ns	ns
S 0386	***	ns	*
S 0227	ns	ns	***
S 0355	ns	ns	ns
S 0228	ns	ns	*
SW 24	ns	ns	ns
SW 72	ns	ns	ns
SW 240	ns	*	**
SW857	ns	ns	ns
SW 911	ns	ns	ns
SW 936	ns	ns	ns
SW 951	**	**	ns

П р и м е ч а н и я: ns – недостоверно; * – $p \leq 0,05$; ** – $p \leq 0,01$; *** – $p \leq 0,001$.

Notes: ns – unreliable; * – $p \leq 0,05$; ** – $p \leq 0,01$; *** – $p \leq 0,001$.

Существенные отклонения распределения генотипов ДНК-МС от равновесия Харди – Вайнберга отмечаются для локусов SW240 (ЧУП «Полесье-Агроинвест», СГЦ «Заднепровский»), S0386 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», СГЦ «Заднепровский»), SW951 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ЧУП «Полесье-Агроинвест»). Если рассматривать в разрезе хозяйств, то наибольшее число отклонений от равновесного состояния отмечено у свиней породы ландрас, разводимых в СГЦ «Заднепровский» (в 4 случаях из 15).

С целью изучения генетического разнообразия каждой особи и популяции, из которой она происходила, и оценки вероятности отнесения данной особи или к своей собственной популяции, или к иной использован Assignment-тест (рис. 1).

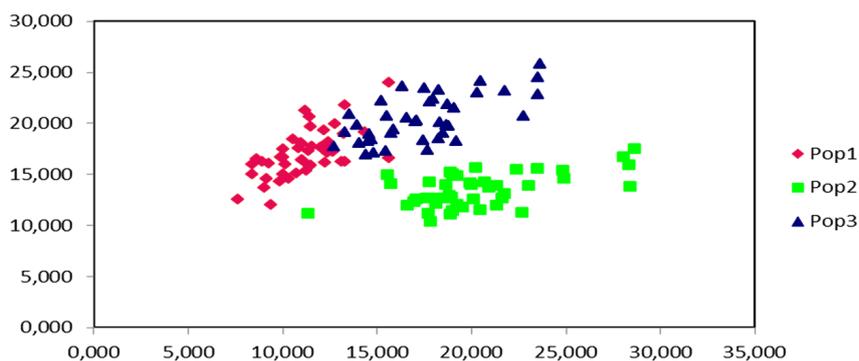


Рис. 1. Популяционная принадлежность животных породы ландрас (Pop 1 – ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», Pop 2 – ЧУП «Полесье-Агроинвест», Pop 3 – СГЦ «Заднепровский»)

Fig 1. Population assignment of Landrace breed animals (Pop 1 – SE “ZhodinoAgroPlemElita”, Pop 2 – PUE “Polesye-Agroinvest”, Pop 3 – SHC “Zadneprovsky”)

В целом по всем исследованным животным точность отнесения к «своей» популяции превышает 98 %. Причем для животных, разводимых в ЧУП «Полесье-Агроинвест», этот показатель составил 100 % (табл. 5).

Т а б л и ц а 5. Результаты Assignment-теста для свиней породы ландрас на основании мультилокусных генотипов для 15 локусов ДНК-МС

Table 5. Assignment test results for Landrace breed pigs based on multilocus genotypes for 15 MS DNA loci

Сельскохозяйственное предприятие	Отнесено	
	к собственной популяции	к чужой популяции
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	46 (95,8 %)	2 (4,2 %)
ЧУП «Полесье-Агроинвест»	44 (100 %)	–
СГЦ «Заднепровский»	39 (97,5 %)	1 (2,5 %)
В целом	129 (98 %)	3 (2 %)

При рассмотрении в разрезе отдельных локусов ДНК-МС установлено, что наибольший вклад во внутривидовую дифференциацию свиней породы ландрас вносят локусы S0005 ($F_{st} = 0,103$), SW857 ($F_{st} = 0,103$), SW240 ($F_{st} = 0,202$) (табл. 6). Для остальных локусов оценки генетической дифференциации были относительно низкими.

Т а б л и ц а 6. Показатели генетической дифференциации для 15 локусов ДНК-МС

Table 6. Indicators of genetic differentiation for 15 MS DNA loci

Локус	Fis	Fst
S0228	–0,039	0,042
S0355	–0,088	0,075
S0005	–0,060	0,103
SW240	0,055	0,202
SW857	0,007	0,103
SW911	–0,043	0,042
SW936	–0,011	0,077
S0101	–0,018	0,041
S0155	–0,056	0,024
S0227	0,064	0,009
S0386	–0,034	0,087
S090	0,052	0,087

Окончание табл. 6

Локус	Fis	Fst
SW24	-0,026	0,044
SW72	-0,046	0,054
SW951	0,005	0,037
Среднее	-0,019 ± 0,11	0,071 ± 0,11

Результаты анализа молекулярной варiances (AMOVA) свидетельствуют о том, что 11,1 % общей генетической изменчивости, отмеченной среди исследованных животных, определяется принадлежностью их к хозяйству (т. е. характером селекционной работы в них) (табл. 7).

Т а б л и ц а 7. Результаты анализа молекулярной варiances (AMOVA) для свиней породы ландрас из разных хозяйств для 15 локусов ДНК-МС

Table 7. Results of the analysis of molecular variance (AMOVA) for Landrace breed pigs from different farms for 15 MS DNA loci

Источник изменчивости	SS	df	MS	E(MS)	F-статистики	p
Между популяциями	14 800,176	2	7400,088	80,795	Fst = 0,111	≤0,001
Между особями	81 099,263	129	628,676	0,000	Fis = -0,030	≤0,001
В пределах особей	88 059,506	132	667,117	6667,117	Fit = 0,085	≤0,001
Суммарная	183 958,945	263	–	747,913	–	–

Коэффициенты генетических расстояний и генетического сходства представлены в табл. 8. Определены достаточно высокие коэффициенты генетического сходства между животными породы ландрас в ЧУП «Полесье-Агроинвест», ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и СГЦ «Заднепровский» – 0,795–0,874 и незначительные генетические дистанции – 0,135–0,230.

Т а б л и ц а 8. Генетические расстояния между животными породы ландрас

Table 8. Genetic distances between Landrace breed animals

Сельскохозяйственное предприятие	Генетические расстояния		
	ЧУП «Полесье-Агроинвест»	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	СГЦ «Заднепровский»
ЧУП «Полесье-Агроинвест»	–	0,187	0,135
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	0,830	–	0,230
СГЦ «Заднепровский»	0,874	0,795	–
	Генетическое сходство		

Установленные величины индексов фиксации Fst при парном сравнении исследуемых популяций животных породы ландрас также свидетельствуют об их близком генеалогическом родстве (табл. 9). Некоторой удаленностью характеризовались свиньи ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» (Fst = 0,53–0,59).

Т а б л и ц а 9. Индексы фиксации Fst при парном сравнении исследуемых популяций животных породы ландрас

Table 9. Fixation indices (Fst) in pairwise comparisons of the studied populations of Landrace breed animals

Сельскохозяйственное предприятие	ЧУП «Полесье-Агроинвест»	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	СГЦ «Заднепровский»
ЧУП «Полесье-Агроинвест»	0,000	–	–
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	0,059	0,000	–
СГЦ «Заднепровский»	0,047	0,053	0,000

Результаты проведенного кластерного анализа изученных популяций животных представлены на рис. 2.

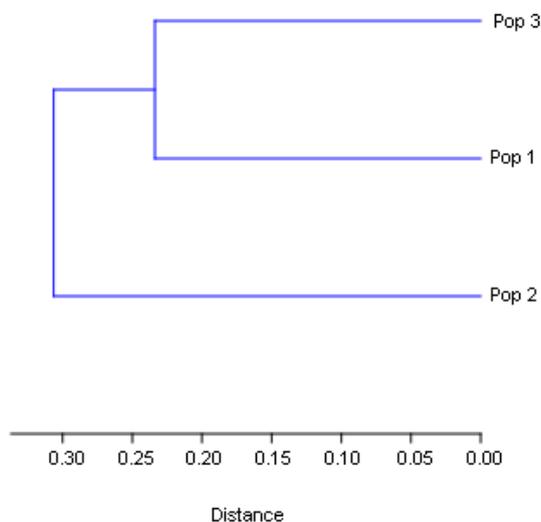


Рис. 2. Дендрограмма филогенетического родства животных породы ландрас (Pop 1 – СГЦ «Заднепровский», Pop 2 – ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», Pop 3 – ЧУП «Полесье-Агроинвест»)

Fig. 2. Dendrogram of the phylogenetic relationship of Landrace breed animals (Pop 1 – SHC “Zadneprovsky”, Pop 2 – SE “ZhodinoAgroPlemElita”, Pop 3 – PUE “Polesye-Agroinvest”)

Установлен высокий уровень генетического сходства животных породы ландрас данных популяций, которые образуют единый кластер, включающий в себя подкластер, образуемый животными популяций, разводимых в СГЦ «Заднепровский» и ЧУП «Полесье-Агроинвест», что согласуется с данными племенного учета и селекционно-племенной работой в хозяйствах. Популяция свиней породы ландрас ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» образует отдельную ветвь.

Проведенный молекулярно-генетический анализ позволил изучить аллелофонд животных породы ландрас, разводимых в СГЦ «Заднепровский», ЧУП «Полесье-Агроинвест» и ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита». Результаты проведенных исследований свидетельствуют о целесообразности использования микросателлитных маркеров для характеристики генетического разнообразия животных наряду с другими применяемыми методами.

Заключение. На основе полиморфизма 15 локусов ДНК-МС отмечается высокий уровень генетического разнообразия животных породы ландрас, разводимых на сельскохозяйственных предприятиях Республики Беларусь. В целом для породы идентифицировано 110 аллелей. Среднее число аллелей составляет 4,47–5,40, их эффективное число варьирует от 2,48 (ЧУП «Полесье-Агроинвест») до 2,99 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»). Выявлена 31 «приватная» аллель: у животных в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» отмечено 17 «приватных» аллелей, в ЧУП «Полесье-Агроинвест» – 9 аллелей, в СГЦ «Заднепровский» – 5 аллелей. Степень наблюдаемой гетерозиготности варьировала от 0,549 (ЧУП «Полесье-Агроинвест») до 0,662 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»). Выявлено, что популяция животных в СГЦ «Заднепровский» находится в равновесном состоянии, показатель индекса фиксации равен 0,001. Отклонения от равновесного состояния отмечено у свиней в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» ($F_{is} = -0,019$) и ЧУП «Полесье-Агроинвест» ($F_{is} = -0,018$). Результаты анализа молекулярной дисперсии (AMOVA) свидетельствуют о том, что 11,1 % общей генетической изменчивости определяется принадлежностью к хозяйству. Структура генетического древа согласуется с данными племенного учета и селекционно-племенной работой.

Список использованных источников

1. Генетика животных / А. Г. Максимов [и др.]. – Персиановский: Дон. ГАУ, 2021. – 142 с.
2. Файзуллин, Р. А. Использование методов популяционной генетики в селекции свиней крупной белой породы / Р. А. Файзуллин, М. Р. Сайфутдинов // Вестн. Марийск. гос. ун-та. Сер.: С.-х. науки. Экон. науки. – 2016. – Т. 2, № 3 (7). – С. 60–64.
3. Куликов, Л. В. История зоотехнии / Л. В. Куликов. – 2-е изд., испр. и доп. – СПб.: Лань, 2021. – 384 с.

4. Племяшов, К. В. Молекулярно-генетический полиморфизм в популяциях животных и его применение в интенсивной селекции молочного скота: обзор / К. В. Племяшов, М. Г. Смарагдов, М. Н. Романов // Молекулярно-генетические технологии анализа экспрессии генов продуктивности и устойчивости к заболеваниям животных: материалы 3-й Междунар. науч.-практ. конф. в рамках Года науки и технологий Рос. Федерации по тематике «Генетика и качество жизни», 30 сент. 2021 г. / Моск. гос. акад. ветеринар. медицины и биотехнологии – МВА им. К. И. Скрябина; редкол.: С. В. Позябин [и др.]. – СПб., 2021. – С. 368–378.
5. Мухтарова, О. М. Проблемы генетики в связи с требованиями современного животноводства / О. М. Мухтарова, А. Н. Кровикова // Инновац. наука. – 2021. – № 4. – С. 85–87.
6. Разведение животных / В. Г. Кахикало [и др.]. – СПб.: Лань, 2020. – 336 с.
7. Бородай, И. С. К истории становления и развития генетики как теоретической основы зоотехнической науки / И. С. Бородай // Вестн. Том. гос. ун-та. – 2012. – № 359. – С. 75–78.
8. Казанцева, Н. П. Генофонд сельскохозяйственных животных Удмурт. гос. аграр. ун-та; сост.: Н. П. Казанцева, М. И. Васильева. – Ижевск: УдГАУ, 2020. – 84 с.
9. Гайнуллина, К. П. Некоторые аспекты применения микросателлитных маркеров в сельскохозяйственной практике / К. П. Гайнуллина // Изв. Оренбург. гос. аграр. ун-та. – 2018. – № 5 (73). – С. 232–234.
10. Genetic diversity in German draught horse breed compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers / K. S. Aberle [et al.] // Anim. Genet. – 2004. – Vol. 35, № 4. – P. 270–277. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01166.x>
11. Анализ генетической структуры стада свиней пород ландрас, дюрок и йоркшир канадской селекции на основе анализа ДНК-микросателлитов / Н. В. Проскурина [и др.] // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных: 6-я Междунар. науч. конф., 19–20 дек. 2006 г. / Всерос. гос. науч.-исслед. ин-т животноводства РАСХН. – Дубровицы, 2006. – С. 155–158.
12. Микросателлитные профили как критерии определения чистопородности и оценки степени гетерогенности подборов родительских пар в свиноводстве / Н. А. Зиновьева [и др.] // С.-х. биология. – 2011. – Т. 46, № 6. – С. 47–53.
13. Луговой, С. И. Характеристика генофонда локальных пород свиней Украины по локусам микросателлитов ДНК / С. И. Луговой // Вестн. НГАУ. – 2013. – № 2 (27). – С. 67–72.
14. Харзинова, В. Р. Локальные породы свиней: сравнительная характеристика аллелофонда на основе анализа микросателлитов / В. Р. Харзинова, О. В. Костюнина, Н. А. Зиновьева // Свиноводство. – 2017. – № 1. – С. 5–7.
15. Особенности SSR-полиморфизма лошадей / Н. А. Глинская [и др.] // Весн. Палес. дзярж. ун-та. Сер. прыродазн. навук. – 2017. – № 1. – С. 8–13.
16. Чебуранова, Е. С. Межпородная дифференциация овец, разводимых в Республике Беларусь по STR-локусам / Е. С. Чебуранова // Животноводство и ветеринар. медицина. – 2021. – № 3 (42). – С. 26–30.
17. Jost, L. Entropy and diversity / L. Jost // Oikos. – 2006. – Vol. 113, № 2. – P. 363–375. <https://doi.org/10.1111/j.2006.0030-1299.14714.x>
18. The genetics of the horse / ed.: A. T. Bowling, A. Ruvinsky. – Wallington: CABI Publ., 2000. – 527 p. <https://doi.org/10.1079/9780851994291.0000>
19. Дендрограммы линий свиней материнских пород на основе микросателлитного анализа / О. Я. Василюк [и др.] // Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. / Науч.-практ. центр НАН Беларуси по животноводству. – Жодино, 2023. – Т. 58, ч. 1: Генетика, разведение, селекция, биотехнология размножения и воспроизводство. Технология кормов и кормления, продуктивность. – С. 29–39.
20. Генеалогическая структура белорусской черно-пестрой породы свиней на основе микросателлитного анализа линий, разводимых в генофондных предприятиях / И. Ф. Гридюшко [и др.] // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2021. – Т. 65, № 3. – С. 369–379. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-3-369-379>
21. Бальников, А. А. Направление селекционно-племенной работы по формированию нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир с применением генетических приемов и методов / А. А. Бальников, Ю. С. Казутова, И. П. Шейко // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2023. – Т. 67, № 2. – С. 168–176. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2023-67-2-168-176>
22. Вейр, Б. Анализ генетических данных: дискретные генетические признаки / Б. Вейр; пер. с англ. Д. В. Зайкина [и др.]; под ред. Л. А. Животовского, А. И. Пудовкина. – М.: Мир, 1995. – 400 с.
23. Jost, L. Gst and its relatives do not measure differentiation / L. Jost // Mol. Ecol. – 2008. – Vol. 17, № 18. – P. 4015–4026. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03887.x>

References

1. Maksimov A. G., Fedyuk V. V., Ivanova N. V., Maksimov N. A. *Animal genetics: collection of problems*. Persianovsky, Don State Agrarian University, 2021. 142 p. (in Russian)
2. Fayzullin R. A., Sayfutdinov M. R. Use of the methods of population genetics in selection of the pigs of large white breed. *Vestnik Mariiskogo gosudarstvennogo universiteta. Seriya: Sel'skokhozyaystvennyye nauki. Ekonomicheskie nauki = Vestnik of the Mari State University. Chapter "Agriculture. Economics"*, 2016, vol. 2, no. 3 (7), pp. 60–64 (in Russian).
3. Kulikov L. V. *History of zootechnics*. 2nd ed. St. Petersburg, Lan' Publ., 2021. 384 p. (in Russian).
4. Plemyashov K. Y., Smaragdov M. G., Romanov M. N. Molecular genetic polymorphism in animal populations and its application in intensive breeding of dairy cattle – a review. *Molekulyarno-geneticheskie tekhnologii analiza ekspressii genov produktivnosti i ustoichivosti k zabolevaniyam zivotnykh: materialy 3-i Mezhdunarodnoi nauchno-prakticheskoi konferentsii*

- v ramkakh Goda nauki i tekhnologii Rossiiskoi Federatsii po tematike "Genetika i kachestvo zhizni", 30 sentyabrya 2021 g.* [Molecular genetic technologies for analysis of gene expression related to animal productivity and disease resistance: proceedings of the 3rd International scientific and practical conference under the Year of Science and Technology of the Russian Federation on the topic "Genetics and Welfare", September 30, 2021]. St. Petersburg, 2021, pp. 368–378 (in Russian).
5. Mukhtarova O. M., Krovikova A. N. Problems of genetics in connection with the requirements of modern animal husbandry. *Innovatsionnaya nauka = Innovation Science*, 2021, no. 4, pp. 85–87 (in Russian).
 6. Kakhikalo V. G., Fenchenko N. G., Nazarchenko O. V., Gritsenko S. A. *Animal breeding*. St. Petersburg, Lan' Publ., 2020. 336 p. (in Russian).
 7. Boroday I. S. On formation and development of genetics as theoretical basis of zootechnical science. *Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta = Tomsk State University Journal*, 2012, no. 359, pp. 75–78 (in Russian).
 8. Kazantseva N. P., Vasil'eva M. I. (comp.). *The gene pool of agricultural animals*. Izhevsk, Udmurt State Agricultural University, 2020. 84 p. (in Russian).
 9. Gainullina K. P. Some aspects of microsatellite markers use in agriculture. *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta = Izvestia Orenburg State Agrarian University*, 2018, no. 5 (73), pp. 232–234 (in Russian).
 10. Aberle K. S., Hamann H., Drögemüller C., Distl O. Genetic diversity in German draught horse breed compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers. *Animal Genetics*, 2004, vol. 35, no. 4, pp. 270–277. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2004.01166.x>
 11. Proskurina N. V., Tikhomirova T. P., Larionova P. V., Shavyrina K. M., Zinov'eva N. A. Analysis of the genetic structure of the herd of pigs of Landrace, Duroc and Yorkshire breeds of Canadian selection on the basis of DNA-microsatellite analysis. *Sovremennye dostizheniya i problemy biotekhnologii sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh: 6-ya Mezhdunarodnaya nauchnaya konferentsiya, 19–20 dekabrya 2006 g.* [Modern achievements and problems of agricultural animal biotechnology: 6th International scientific conference, December 19–20, 2006]. Dubrovitsy, 2006, pp. 155–158 (in Russian).
 12. Zinovieva N. A., Harzinova V. R., Logvinova T. I., Gladyr' E. A., Sizareva E. I., Chinarov Yu. I. Microsatellite profiles as criteria for confirmation of breed purity and for evaluation of heterogeneity degree of parents' pairs in pig breeding. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural Biology*, 2011, vol. 46, no. 6, pp. 47–53 (in Russian).
 13. Lugovoy S. I. Characteristic of Ukraine's local pig breeds genofund for the loci of DNA microsatellites. *Vestnik NGAU = Bulletin of NSAU*, 2013, no. 2 (27), pp. 67–72 (in Russian).
 14. Kharzinova V. R., Kostyunina O. V., Zinovieva N. A. Comparative characteristic of the allele pool of local pig breeds based on microsatellite analysis. *Svinovodstvo = Industrial & Pure-bred pig-breeding*, 2017, no. 1, pp. 5–7 (in Russian).
 15. Glinskaya N. A., Prilovskaya E. I., Kaspировich D. A., Epishko O. A., Cheburanova E. S. Features of SSR-polymorphism of horses. *Vesnik Paleskaga dzyarzhavnaga universiteta. Seryya pryrodaznauchykh navuk = Bulletin of Polesky State University. Series in Natural Sciences*, 2017, no. 1, pp. 8–13 (in Russian).
 16. Cheburanova E. S. Inter-breed differentiation of sheep bred in the Republic of Belarus according to STR-loci. *Zhivotnovodstvo i veterinarnaya meditsina = Animal Agriculture and Veterinary Medicine*, 2021, no. 3 (42), pp. 26–30 (in Russian).
 17. Jost L. Entropy and diversity. *Oikos*, 2006, vol. 113, no. 2, pp. 363–375. <https://doi.org/10.1111/j.2006.0030-1299.14714.x>
 18. Bowling A. T., Ruvinsky A. (eds.). *The genetics of the horse*. Wallington, CABI Publishing, 2000. 527 p. <https://doi.org/10.1079/9780851994291.0000>
 19. Vasilyuk O. Y., Gridiushko I. F., Sheiko I. P., Balnikov A. A. Dendrograms of maternal breed pig lines based on microsatellite analysis. *Zootekhnikeskaya nauka Belarusi: sbornik nauchnykh trudov = Zootechnic Science of Belarus: collection of scientific papers*. Zhodino, 2023, vol. 58, pt. 1, pp. 29–39 (in Russian).
 20. Gridiushko I. F., Balnikov A. A., Sheyko I. P., Vasilyuk O. Y., Gridiushko E. S. Genealogical structure of the Belarusian black-and-white breed based on the microsatellite analysis of the lines bred at gene pool enterprises. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2021, vol. 65, no. 3, pp. 369–379 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-3-369-379>
 21. Balnikov A. A., Kazutova Y. S., Sheiko I. P. Direction of selection and breeding work on the formation of a new competitive factory type of yorkshire pigs using and genetic techniques and methods. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2023, vol. 67, no. 2, pp. 168–176 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2023-67-2-168-176>
 22. Weir B. S. *Genetic data analysis: method for discrete population genetic data*. Sunderland, Sinauer Associates, 1990. 337 p.
 23. Jost L. Gst and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, 2008, vol. 17, no. 18, pp. 4015–4026. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03887.x>

Информация об авторах

Шейко Иван Павлович – академик Национальной академии наук Беларуси, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, первый заместитель генерального директора, Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Минская обл., Республика Беларусь). <https://orcid.org/0000-0002-4684-9830>. E-mail: belniig@tut.by

Information about the authors

Ivan P. Sheiko – Academician of the National Academy of Sciences of Belarus, Dr. Sc. (Agriculture), Professor, First Deputy Director General, Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Minsk Region, Republic of Belarus). <https://orcid.org/0000-0002-4684-9830>. E-mail: belniig@tut.by

Янович Елена Анатольевна – кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории гибридизации в свиноводстве, Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Минская обл., Республика Беларусь). <https://orcid.org/0009-0005-8229-9150>. E-mail: yanovichhelen@mail.ru

Приступа Наталья Владимировна – кандидат сельскохозяйственных наук, заведующий лабораторией гибридизации в свиноводстве, Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Минская обл., Республика Беларусь). <https://orcid.org/0009-0000-5597-4695>. E-mail: natali.pristupa.77@mail.ru

Кошман Иван Владимирович – научный сотрудник лаборатории гибридизации в свиноводстве, Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Минская обл., Республика Беларусь). E-mail: ivan.kotoff2013@yandex.by

Шейко Руслан Иванович – член-корреспондент Национальной академии наук Беларуси, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, главный научный сотрудник лаборатории генетики животных, Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: R.I.Sheyko@igs.by

Путик Анжелика Анатольевна – старший преподаватель кафедры биологии и методики преподавания биологии, БГПУ имени Максима Танка (ул. Советская, 18, 220030, Минск, Республика Беларусь) <https://orcid.org/0009-0000-9272-6893>. E-mail: a.a.put@mail.ru

Elena A. Yanovich – Ph. D. (Agriculture), Leading Researcher of Laboratory for Hybridization in Pig Breeding, Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Minsk Region, Republic of Belarus). <https://orcid.org/0009-0005-8229-9150>. E-mail: yanovichhelen@mail.ru

Natalia V. Pristupa – Ph. D. (Agriculture), Head of Laboratory for Hybridization in Pig Breeding, Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Minsk Region, Republic of Belarus). <https://orcid.org/0009-0000-5597-4695>. E-mail: natali.pristupa.77@mail.ru

Ivan V. Koshman – Researcher of Laboratory for Hybridization in Pig Breeding, Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Minsk Region, Republic of Belarus). E-mail: ivan.kotoff2013@yandex.by

Ruslan I. Sheiko – Corresponding Member of the National Academy of Sciences of Belarus, Dr. Sc. (Agriculture), Professor, Chief Researcher of Laboratory for Animal Genetics, Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: R.I.Sheyko@igs.by

Anzhelika A. Putik – Senior Lecturer of Department of Biology and Methods of Teaching Biology, Belarusian State Pedagogical University named after Maxim Tank (18, Sovetskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: a.a.put@mail.ru