
ГЕНЕТИКА И МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ

GENETICS AND MOLECULAR BIOLOGY

УДК 575.174.015.3

МИКРОСАТЕЛЛИТНЫЕ МАРКЕРЫ В ИССЛЕДОВАНИИ ПОЛИМОРФИЗМА ПОРОД СВИНЬИ ДОМАШНЕЙ (*SUS SCROFA DOMESTICUS*)

**А. О. РЯБЦЕВА¹⁾, С. А. КОТОВА²⁾, А. Е. ГРЕБЕНЧУК²⁾,
А. И. ГАНДЖА³⁾, Н. В. ЖУРИНА³⁾, И. С. ЦЫБОВСКИЙ^{2), 4)}**

¹⁾Государственный комитет судебных экспертиз Республики Беларусь,
ул. Кальварийская, 43, 220073, г. Минск, Беларусь

²⁾Научно-практический центр Государственного комитета судебных
экспертиз Республики Беларусь, ул. Филимонова, 25, 220114, г. Минск, Беларусь

³⁾Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству,
ул. Фрунзе, 11, 222160, г. Жодино, Беларусь

⁴⁾БелЮрОбеспечение, пр. Дзержинского, 1Б, 220069, г. Минск, Беларусь

С использованием 13 тетрануклеотидных и 7 динуклеотидных микросателлитов исследован полиморфизм 6 пород свиней, разводимых в Беларуси, – белорусской мясной (БМ), белорусской крупной белой (БКБ), белорусской черно-пестрой (БЧП), ландрас (ЛР), йоркшир (ИР) и дюрок (ДР). Для названных пород, за исключением ДР, отмечен высокий уровень генетического разнообразия. Все исследованные породы характеризуются низким уровнем инбридинга. В их генофондах выявлены аллели, свойственные только данным породам, что подтверждает важность сохранения локальных пород для поддержания полиморфизма свиньи домашней в целом. Оценка генетических расстояний показала значительный вклад общемировых пород ЛР и ИР, тем не менее эволюционные пути 3 отечественных пород различаются.

Ключевые слова: генетический полиморфизм; микросателлиты; свинья домашняя; породы.

Образец цитирования:

Рябцева АО, Котова СА, Гребенчук АЕ, Ганджа АИ, Журина НВ, Цыбовский ИС. Микросателлитные маркеры в исследовании полиморфизма пород свиньи домашней (*Sus scrofa domestica*). Журнал Белорусского государственного университета. Биология. 2021;2:74–83.
<https://doi.org/10.33581/2521-1722-2021-2-74-83>

For citation:

Rabtsava AA, Kotava SA, Hrebianchuk AY, Gandzha AI, Zhuryna NV, Tsybovsky IS. Microsatellite markers in the study of polymorphism of domestic pig breeds (*Sus scrofa domestica*). Journal of the Belarusian State University. Biology. 2021; 2:74–83. Russian.
<https://doi.org/10.33581/2521-1722-2021-2-74-83>

Сведения об авторах см. на с. 83.

Information about the authors see p. 83.



MICROSATELLITE MARKERS IN THE STUDY OF POLYMORPHISM OF DOMESTIC PIG BREEDS (*SUS SCROFA DOMESTICUS*)

A. A. RABTSAVA^a, S. A. KOTAVA^b, A. Ya. HREBIANCHUK^b,
A. I. GANDZHA^c, N. V. ZHURYN^c, I. S. TSYBOVSKY^{b, d}

^aState Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus,
43 Kalvaryjskaja Street, Minsk 220073, Belarus

^bScientific and Practical Center of the State Forensic Examination Committee
of the Republic of Belarus, 25 Filimonava Street, Minsk 220114, Belarus

^cScientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus
on Animal Husbandry, 11 Frunze Street, Žodzina 222160, Belarus

^dBelJurZabespjachjenne, 1B Dzierżyńska Avenue, Minsk 220069, Belarus

Corresponding author: A. A. Rabtsava (alunchik_90@mail.ru)

Using 13 tetranucleotide and 7 dinucleotide microsatellites, we studied the polymorphism of 6 breeds of pigs – Belarusian large white (BLW), Belarusian meat (BM), Belarusian black motley (BBM), Landrace (LR), Yorkshire (YR) and Duroc (DR), which are bred in Belarus. A high level of genetic polymorphism is shown for all breeds, with the exception of the DR breed. For 6 breeds, a low level of inbreeding is shown. Alleles peculiar only to these breeds were found in the gene pools of all the studied breeds. This fact confirms the importance of preserving local breeds for maintaining polymorphism in domestic pigs as a whole. Estimation of genetic distances reveals a significant contribution of the commercial European breeds of LR and YR, however, the evolutionary paths of all 3 native breeds differ.

Keywords: genetic polymorphism; microsatellites; domestic pig; breeds.

Введение

Свинья домашняя (*Sus scrofa domesticus*) относится к числу наиболее распространенных сельскохозяйственных животных в мире. В Республике Беларусь свиноводство – это традиционная и вторая по значимости отрасль животноводства. По состоянию на 2012 г. Беларусь занимала 10-е место в мире по производству мяса свиней на душу населения [1, с. 164]. Согласно статистическим данным в стране насчитывается 2,9 млн голов свиней, осуществляется разведение домашних свиней высококачественных пород. На долю племенных хозяйств приходится 290 тыс. голов. Общее поголовье свиньи домашней в Республике Беларусь представлено следующим образом: породы отечественной селекции – белорусская крупная белая (около 92 %), белорусская черно-пестрая (2 %), белорусская мясная (5 %); импортные породы – ландрас, дюрок, эстонская беконная, йоркшир, пьетрен и гемпшир (суммарно составляют не более 1 % и используются главным образом в селекционном процессе) [2, с. 127].

В последнее десятилетие генофонды общемировых и локальных пород домашних свиней активно исследуются на основе полиморфизма микросателлитных локусов [3–8], поскольку знание генетической структуры популяций как источника межпородной и внутripородной изменчивости позволяет оценить генетический потенциал конкретной породы, что имеет важное значение для определения стратегий и приоритетов сохранения генетического разнообразия [9; 10]. Генетическая структура современных пород свиней из России, Беларуси, Казахстана и Украины, которые представляют разнообразные географические и климатические зоны в Евразии, остается в значительной степени неизвестной [11].

Активная интеграция в селекционный процесс лучших общемировых пород вызывает серьезную озабоченность генетиков и селекционеров, поскольку приводит к постепенной элиминации локальных пород, что провоцирует снижение генетического разнообразия свиньи домашней в мировом масштабе. Следствием этого стали научные исследования, посвященные изучению генетического разнообразия локальных пород свиньи домашней в различных регионах земного шара [4; 11–16].

Целью настоящей работы было исследование генетического полиморфизма свиньи домашней на основе 20 видоспецифичных микросателлитных маркеров для дальнейшего использования в судебно-экспертной идентификации по делам о правонарушениях в отношении объектов животного мира.

Материалы и методы исследования

Проведено исследование STR-полиморфизма 304 образцов ДНК наиболее распространенных пород домашних свиней, разводимых в Беларуси, – белорусской мясной (БМ, $n = 53$), белорусской крупной белой (БКБ, $n = 50$), белорусской черно-пестрой (БЧП, $n = 20$), йоркшир (ИР, $n = 55$), ландрас (ЛР, $n = 54$) и дюрок (ДР, $n = 72$). Коллекция ДНК предоставлена Научно-практическим центром НАН Беларуси по животноводству.



Для генотипирования образцов использовали 20 микросателлитных (STR) локусов, из которых локусы SW240, SW857, S0101, S0005, S0355, SW951 (из перечня ISAG) и S0710 были с динуклеотидными повторами, а локусы FH2148, FH1727, FH1701, FH2709, FH2478, FH1733, FH3637, FH1900, FH1696, FH1589, FH4219, NLRIP0001, S0766 – с тетрануклеотидной структурой тандема [17–21]. Условия амплификации всех локусов аналогичны приведенным в работе [22].

Идентификацию аллелей проводили путем электрофоретического разделения продуктов ПЦР в генетическом анализаторе 3500 Genetic Analyzer (*Applied Biosystems*, США). Размеры выявленных аллелей (в парах нуклеотидов (п. н.)) в исследуемых локусах определяли с использованием внутреннего стандарта размера GeneScan™ – 600 LIZ™ Size Standard v2.0 (*Applied Biosystems*) на основе специализированной программы *GeneMapper ID-X* (*Applied Biosystems*).

Статистическую обработку результатов генотипирования проводили с помощью программных средств *Arlequin v. 3.5.1.3*, *Cervus v. 3.0.7*, *Gen Glass 2*, *Genetix*, *BioNJ* и *GenAlex 6.5* [23–27].

Результаты и их обсуждение

Ранее нами описан генетический полиморфизм дикого кабана, в том числе в контексте дифференциации от свиньи домашней, на основе 16 видоспецифичных микросателлитных маркеров [22; 28]. В настоящей работе приведены результаты исследования межпородного полиморфизма свиньи домашней в Беларуси.

В ходе молекулярно-генетического исследования полиморфизма 20 микросателлитных маркеров у 6 пород домашних свиней (суммарно 304 образца) в совокупности идентифицировано 238 аллелей (табл. 1). При этом максимальное число аллелей (162; 159 и 160 соответственно) выявлено у пород БМ, БКБ и ЛР, минимальное – у пород БЧП (125) и ДР (127). У породы ИР обнаружено 149 аллелей.

Таблица 1

Аллельный полиморфизм микросателлитных локусов у свиньи домашней

Table 1

Allelic polymorphism of microsatellite loci in domestic pig

Локус	Хромосомная локализация	Тип повтора	N	Диапазон аллелей (п. н.)	Породы, уникальные аллели (п. н.) и их частоты
FH1589	3	GAAA	19	136–204	БЧП (136 – 0,0148; 140 – 0,0016; 204 – 0,0033); ЛР (148 – 0,0016; 190 – 0,0033)
FH1696	1	GAAA	12	345–393	ДР (357 – 0,0082)
FH1701	5	GATA	15	175–231	ДР (175 – 0,0033); БКБ (179 – 0,0016)
FH1733	11	GATA	9	274–310	–
FH1900	1	GATA	7	239–279	–
FH2148	1	GAAA	18	244–376	ДР (244 – 0,0181); ИР (288 – 0,0082); БКБ (360 – 0,0016); ЛР (364 – 0,0066)
FH2478	12	GATA	8	276–304	БМ (292 – 0,0016)
FH2709	2	GAAA	13	114–186	ДР (160 – 0,0099)
FH3637	11	GAAA	14	137–323	ДР (165 – 0,0016; 181 – 0,0016); ИР (213 – 0,0033); БМ (267 – 0,0016); БКБ (303 – 0,0099)
NLRIP0001	17	GAAA	10	337–381	БМ (361 – 0,0094); ЛР (369 – 0,0033; 381 – 0,0033)
S0005	5	AC	26	203–269	ИР (219 – 0,0016; 253 – 0,0033); БЧП (223 – 0,0016); ДР (255 – 0,0016; 261 – 0,0016; 263 – 0,0082; 267 – 0,0197; 269 – 0,0016); БКБ (257 – 0,0016)
S0101	7	GT	8	193–217	ИР (195 – 0,0033); БМ (217 – 0,0016)
S0766	6	GAAA/CA	9	434–464	ИР (440 – 0,0082)



Окончание табл. 1
Ending table 1

Локус	Хромосомная локализация	Тип повтора	N	Диапазон аллелей (п. н.)	Породы, уникальные аллели (п. н.) и их частоты
SW240	2	TG	14	93–127	ЛР (93 – 0,001 6); ИР (103 – 0,001 6); ДР (105 – 0,001 6)
SW857	14	AC	11	136–160	БЧП (160 – 0,003 3)
FH4219	1	GAAA	5	71–95	ИР (75 – 0,006 6)
S0355	15	AC	14	235–271	ЛР (241 – 0,001 6); ДР (247 – 0,033); ИР (253 – 0,001 6); БКБ (255 – 0,006 6; 267 – 0,001 6); БМ (261 – 0,006 6)
SW951	10	TG	7	118–134	ИР (122 – 0,019 7); ДР (132 – 0,003 3)
S0710	16	GT	11	334–390	ИР (360 – 0,004 9); ЛР (374 – 0,003 3); БМ (384 – 0,003 3); ДР (390 – 0,011 5)
FH1727	15	GATA	8	210–246	ДР (246 – 0,001 6)

Примечание. N – общее количество аллелей.

Следует отметить, что 12 из 20 микросателлитных локусов характеризовались наличием 10 и более аллелей. Количество аллелей значительно варьировало между локусами: от 5 в локусе FH4219 до 26 в локусе S0005 (см. табл. 1). Среднее число аллелей на локус в обобщенной выборке составило 12. Установлено, что у отдельных пород домашних свиней могут различаться как мажорные аллели в локусах, так и характер распределения аллельных признаков в целом.

Во всех локусах, за исключением FH1733 и FH1900, были выявлены аллели, которые встречались только у одной исследуемой породы (см. табл. 1). Коммерческие породы ДР, ИР и ЛР имели максимальное количество частных аллелей – 16 (12,6 % от общего числа аллелей, выявленных у данной породы), 11 (7,4 %) и 8 (5 %) соответственно, что указывает на специфичность генофонда локальных пород свиней. В большинстве случаев частные аллели встречались с низкими частотами (<0,001 6). В исследовании локальных украинских пород [15] значительное число частных аллелей, как и в настоящем исследовании, показано у местной выборки породы ДР.

В группе автохтонных белорусских пород частные аллели были обнаружены в 11 локусах (наибольшее количество (6 аллелей) – у породы БМ). Вместе с тем максимальные значения частот частных аллелей местных пород находятся на уровне 2–3 %, в связи с чем данные аллели не могут быть маркерами отдельных пород. Небольшое количество частных аллелей у местных пород показано также в исследовании автохтонных украинских пород (за исключением украинской мясной) [15].

При исследовании домашних свиней все 20 изученных локусов были полиморфны у каждой из 6 пород. В совокупной выборке свиной домашней для 19 из 20 локусов значения показателя информационного полиморфизма (*PIC*) находились в пределах от 0,504 5 (S0710) до 0,919 4 (S0005). Согласно работе [29] это соответствует высокому уровню информативности локусов, задействованных в исследовании, что позволяет использовать предложенную панель локусов в качестве инструмента при решении идентификационных задач в судебно-экспертных исследованиях.

Выборка домашних свиней в целом продемонстрировала статистически высокие значения ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности в исследованных локусах (для локусов FH1900 и S0710 эти показатели были ниже) (табл. 2). При анализе средних значений параметров полиморфизма следует учитывать, что локусы S0710, FH4219 и SW951 в проведенных нами исследованиях генетического полиморфизма дикого кабана (неопубликованные данные) проявляют себя как мономорфные (частоты доминирующего аллеля составляют 1,0; 0,997 и 0,984 соответственно). Последнее обстоятельство указывает на перспективность использования данных локусов в первую очередь для дифференциации, а не для идентификации исследуемых образцов.

Анализ *locus by locus*, выполненный в программе *Arlequin v. 3.5.1.3*, показал, что все тестируемые STR-локусы эффективны для выявления генетической дифференциации особей различных пород со значениями F_{ST} , варьирующими от 0,050 7 для локуса S0005 до 0,233 0 для локуса FH4219 (см. табл. 2), среднее значение F_{ST} составило 0,112 95. Примечательно, что 5 локусов с наибольшим дифференцирующим вкладом представлены тетра nukлеотидными, а не динуклеотидными микросателлитами. Значение мультилокусного критерия F_{ST} демонстрирует, что около 11,3 % общего генетического разнообразия объясняются межпопуляционными (межпородными) различиями, а оставшиеся 88,7 % соответствуют различиям между особями внутри отдельных пород. Практически такое же значение ($F_{ST} = 0,122$) получено и при исследовании 12 STR-локусов 5 локальных украинских пород [15].



Таблица 2

Параметры генетического разнообразия микросателлитных локусов

Table 2

Parameters of genetic diversity of microsatellite loci

Локус	F_{ST}	H_e	H_o	PIC
S0005	0,050 7*	0,924 25	0,901 32	0,919 42
SW240	0,059 29*	0,815 35	0,805 92	0,795 43
SW857	0,073 11*	0,843 13	0,805 92	0,824 89
FH1727	0,076 02*	0,734 07	0,694 08	0,695 17
S0355	0,076 93*	0,650 36	0,585 53	0,625 25
FH2709	0,080 52*	0,855 05	0,812 50	0,839 73
NLRIP0001	0,080 69*	0,715 82	0,661 18	0,680 05
FH2478	0,087 98*	0,766 75	0,700 66	0,727 84
FH1733	0,094 15*	0,856 35	0,782 89	0,840 89
S0710	0,101 40*	0,542 86	0,486 84	0,504 53
FH2148	0,102 96*	0,811 03	0,710 53	0,798 29
S0101	0,106 95*	0,652 51	0,595 39	0,611 16
SW951	0,112 72*	0,652 66	0,555 92	0,589 01
S0766	0,126 33*	0,784 64	0,667 76	0,755 50
FH1589	0,129 15*	0,871 96	0,805 92	0,859 20
FH1696	0,156 04*	0,866 97	0,736 84	0,852 40
FH1701	0,159 11*	0,856 13	0,717 11	0,839 85
FH1900	0,161 44*	0,559 24	0,467 11	0,461 71
FH3637	0,190 32*	0,724 56	0,605 26	0,684 34
FH4219	0,233 23*	0,642 99	0,411 18	0,575 50
Среднее значение	0,112 95	0,756 33	0,679 19	0,724 01

Примечание. H_e – ожидаемая гетерозиготность; H_o – наблюдаемая гетерозиготность;
* – p -value < 0,000 001.

Параметры межпородной изменчивости исследованных пород домашних свиней приведены в табл. 3. Для каждой из 6 пород установлены высокие показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности. Среднее количество аллелей на локус между породами варьировало незначительно: от 6 у БЧП и ДР до 8 у БКБ, ЛР, ИР (см. табл. 3). Среднее число выявляемых аллелей на локус у отдельных пород было несколько ниже, чем в обобщенной выборке животных.

Таблица 3

Породные параметры генетического разнообразия свиней

Table 3

Breed parameters of genetic diversity of pigs

Параметры	БМ	БКБ	БЧП	ЛР	ИР	ДР
Среднее количество наблюдаемых генотипов на локус	17,75	17,05	10,0	17,15	15,5	10,7
Число полиморфных локусов*	20	20	20	20	20	20
Среднее количество аллелей на локус во всех локусах	7	8	6	8	8	6



Окончание табл. 3
Ending table 3

Параметры	БМ	БКБ	БЧП	ЛР	ИР	ДР
Эффективное число аллелей	3,83	3,92	3,29	3,72	3,41	2,26
PIC	0,696	0,703	0,638	0,686	0,664	0,513
Средняя ожидаемая гетерозиготность	0,739	0,745	0,696	0,731	0,707	0,558
Средняя наблюдаемая гетерозиготность	0,723	0,729	0,658	0,730	0,692	0,553
Количество локусов, отклоняющихся от равновесия Харди – Вайнберга	2	4	2	3	2	8
Количество локусов, отклоняющихся от равновесия Харди – Вайнберга после поправки Бонферрони	0	1	0	0	2	6
F_{IS}/p (rand $F_{IS} \geq \text{obs } F_{IS}$)	0,024/0,113	0,022/0,156	0,057/0,033	0,002/0,466	0,022/0,14	0,009/0,336

*Частота мажорных аллелей составляла менее 0,95.

Автохтонные белорусские породы БЧП, БМ и БКБ демонстрируют такой же уровень полиморфизма, как и разводимые в стране европейские породы ИР и ЛР (0,696–0,745 и 0,707–0,731 соответственно). Показатели генетического полиморфизма белорусского поголовья пород ЛР и ИР сопоставимы со значениями, полученными в исследованиях вьетнамских стад ЛР и ИР, а также поголовья породы ЛР из Германии [30]. Для всех исследованных пород белорусской и зарубежной селекции получены низкие значения коэффициента инбридинга F_{IS} (0,009–0,024) (см. табл. 3), что может объясняться как комплектованием выборок животными из различных хозяйств, так и грамотным выстраиванием стратегий поддержания пород в хозяйствах. Для сравнения: 3 украинские породы – украинская пятнистая степная, украинская мясная и украинская белая степная – также демонстрируют умеренные коэффициенты инбридинга (0,027–0,089), в то время как 2 породы – полтавская мясная и миргородская – имеют более высокие значения (0,184 и 0,178) [15]. Автохтонные хорватские породы черная славонская и турополье характеризуются коэффициентами инбридинга 0,116 и 0,105 соответственно [14].

Специфика судебно-экспертной работы заключается в необходимости исследования биологических образцов неизвестного происхождения. Первоочередным является установление источника происхождения биологического образца (от дикого кабана или свиньи домашней), после чего следует идентификация образца (от данной особи или другой). Достоверность идентификационных исследований рассчитывается на основе частот аллелей в обобщенной выборке домашних свиней, поскольку информация о породной принадлежности образца отсутствует.

В обобщенной выборке домашних свиней 18 из 20 исследованных локусов не соответствовали равновесию Харди – Вайнберга, при этом для 16 из них неравновесное состояние сохранялось после введения поправки Бонферрони. Однако внутривидовой анализ домашних свиней на равновесие Харди – Вайнберга фактически не выявил отклонений: с поправкой Бонферрони у 3 автохтонных пород не соответствовал равновесию только 1 локус у породы БКБ. При наименьшей выборке (20 образцов) порода БЧП удовлетворяла всем критериям генетического полиморфизма. В выборке пород зарубежной селекции отклонялись от равновесия 2 локуса у породы ИР и 6 локусов у породы ДР. Неравновесное состояние 8 из 12 локусов показано также для украинской популяции породы ДР [15].

Генетическое разнообразие породы ДР ($n = 72$) является самым низким среди изученных (гетерозиготность – 0,553; эффективное число аллелей – 2,26), однако соответствует результатам, полученным для домашних свиней другими исследователями [31; 32]. У этой породы 6 из 20 локусов отклоняются от равновесия Харди – Вайнберга. Сниженное генетическое разнообразие породы ДР может быть особенностью ограниченного в размерах белорусского стада, но такие же тенденции установлены и для



украинского поголовья данной породы (при коэффициенте инбридинга F_{IS} , равном 0,111) [15], что может указывать на принадлежность белорусского и украинского поголовья к одной линии породы ДР либо на схожие направления селекционной работы с породой.

Филогенетические отношения между породами оценивали на основе генетических расстояний (D_A) по методу Нея (1972) [33]. Значения D_A между каждой парой пород свиней приведены в табл. 4.

Таблица 4

Генетические расстояния (D_A),
установленные между породами свиней

Table 4

Genetic distances (D_A) established between pig breeds

Порода	Порода					
	БМ	БКБ	БЧП	ЛР	ИР	ДР
БМ	0	0,165	0,262	0,076	0,286	0,355
БКБ		0	0,213	0,226	0,101	0,561
БЧП			0	0,275	0,314	0,445
ЛР				0	0,337	0,341
ИР					0	0,673
ДР						0

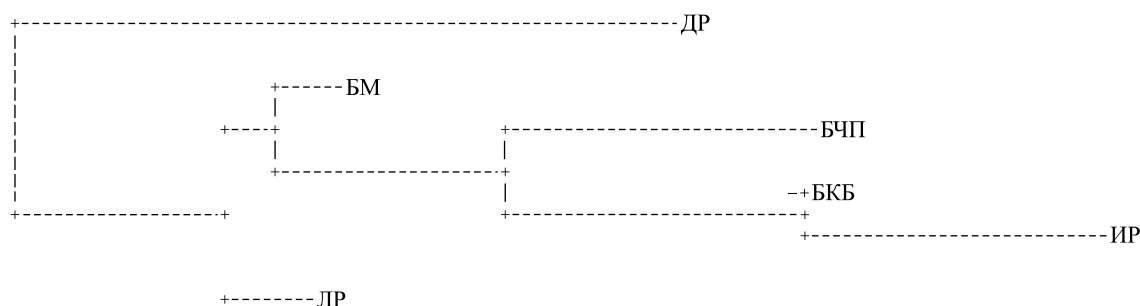
Наибольшее значение D_A по Нею было установлено между породами ИР и ДР (0,673). В целом порода ДР показала самые большие расстояния по сравнению со всеми белорусскими локальными и коммерческими европейскими породами свиней. Минимальные значения D_A установлены для пород БМ и ЛР (0,076), а также БКБ и ИР (0,101). В то же время порода БЧП дистанцируется от обеих коммерческих европейских пород значительно сильнее, что может быть обусловлено периодом народной селекции на первоначальном этапе ее формирования.

На рисунке представлена дендрограмма, построенная методом попарного внутригруппового невзвешенного среднего (*unweighted pair-group method using arithmetic averages*, UPGMA) из матрицы D_A (см. табл. 4). Эволюционный анализ проводился в программе *BioNJ* [34].

На дендрограмме европейские породы – коммерческие и локальные – образуют единый кластер. Порода ДР имеет североамериканское происхождение, в связи с чем заметно дистанцируется от всех европейских пород. Среди автохтонных пород БЧП генетически ближе к БКБ, чем к БМ, а БКБ проявляет высокий уровень сходства с европейской породой ИР.

Многоуровневая структура дендрограммы, на наш взгляд, определяется тем, что современные отечественные породы свиней имеют сходные предковые популяции – выборки из послевоенных помесей. При этом в данных выборках в разной степени уже присутствовал генетический вклад европейской крупной белой и (или) других европейских пород. Известно, что местные состоятельные земледельцы завозили в свои поместья иностранные породы из Англии и Германии уже со второй половины XIX в. и даже скрещивали их с аборигенными свиньями в крестьянских хозяйствах [35, с. 46]. Интенсивная племенная работа по улучшению аборигенного свиноводства с использованием европейской крупной белой породы проводилась также до Второй мировой войны [2, с. 126].

----- 0,05 -----



Филогенетический анализ пород домашних свиней, разводимых на территории Беларуси

Phylogenetic analysis of domestic pig breeds bred on the territory of Belarus



Таким образом, оценка генетических расстояний показала, что в формировании отечественных пород свиньи домашней выявляется генетический вклад европейских пород ЛР и крупной белой (ИР), тем не менее эволюционные пути 3 отечественных пород различаются. В настоящее время белорусские породы БМ, БКБ и БЧП имеют собственные генетические характеристики.

Заключение

Анализ массивов генотипов, полученных генотипированием 20 микросателлитов, показал, что генофонды всех исследованных пород свиней различаются между собой практически во всех локусах. В генофондах автохтонных белорусских пород выявлены аллели, свойственные только данным породам, как это показано для других локальных пород [13–15; 29], что подтверждает важность сохранения разнообразия пород для поддержания полиморфизма свиньи домашней в целом. В отличие от дикого кабана у всех пород домашних свиней локусы S0710, FH4219 и SW951 являются полиморфными.

Автохтонные и европейские импортные породы свиней, разводимые в Беларуси, обладают сопоставимым уровнем генетического полиморфизма. У американской породы ДР отмечено самое низкое генетическое разнообразие. Высокое генетическое разнообразие местных пород в сочетании с низкими уровнями инбридинга может быть следствием сложной истории скрещивания, в котором участвовало множество пород-основателей [11] в связи с тем, что в послевоенные годы свиноводство Беларуси характеризовалось многопородностью, обусловленной вынужденным завозом племенных животных из всевозможных источников, включая репарационные поставки из Германии [35, с. 47].

Экспериментально установлено, что на основе полиморфизма STR-локусов возможно формирование панелей локусов для дифференциации пород свиньи домашней.

Библиографические ссылки

1. Данкверт СА, Холманов АМ, Осадчая ОЮ. *Производство мяса в мире*. Москва: Экономика; 2016. 495 с. (Животноводство стран мира).
2. Шейко ИП, Смирнов ВС, Шейко РИ. *Свиноводство*. Минск: ИВЦ Минфина; 2013. 375 с.
3. SanCristobal M, Chevalet C, Haley CS, Joosten R, Rattink AP, Harlizius B, et al. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. *Animal Genetics*. 2006;37(3):189–198. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2005.01385.x.
4. Kim TH, Kim KS, Choi BH, Yoon DH, Jang GW, Lee KT, et al. Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite loci analysis. *Journal of Animal Science*. 2005;83(10):2255–2263. DOI: 10.2527/2005.83102255x.
5. Nidup K, Moran C. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites: a mini review. *Genomics and Quantitative Genetics*. 2011;2:5–18.
6. Ollivier L. European pig genetic diversity: a minireview. *Animal*. 2009;3(7):915–924. DOI: 10.1017/S1751731109004297.
7. Hulsegge I, Calus M, Hoving-Bolink R, Lopes M, Megens H-J, Oldenbroek K. Impact of merging commercial breeding lines on the genetic diversity of Landrace pigs. *Genetics Selection Evolution*. 2019;51:60. DOI: 10.1186/s12711-019-0502-6.
8. Šalamon D, Margeta P, Klišanić V, Menčík S, Karolyi D, Mahnet Ž, et al. Genetic diversity of the Banija spotted pig breed using microsatellite markers. *Journal of Central European Agriculture*. 2019;20(1):36–42. DOI: 10.5513/JCEA01/20.1.2467.
9. Caballero A, Toro MA. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics*. 2002;3(3):289–299. DOI: 10.1023/A:1019956205473.
10. Столповский ЮА, Захаров-Гезехус ИА. Проблема сохранения генофондов domesticiрованных животных. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017;21(4):477–486. DOI: 10.18699/VJ17.266.
11. Traspoz A, Wenjiang Deng, Kostyunina O, Jiuxiu Ji, Shatokhin K, Lugovoy S, et al. Population structure and genome characterization of local pig breeds in Russia, Belorussia, Kazakhstan and Ukraine. *Genetics Selection Evolution*. 2016;48:16. DOI: 10.1186/s12711-016-0196-y.
12. Qiao R, Li X, Han X, Wang K, Lv G, Ren G, et al. Population structure and genetic diversity of four Henan pig populations. *Animal Genetics*. 2019;50(3):262–265. DOI: 10.1111/age.12775.
13. Vrtková I, Stehlík L, Putnová L, Kratochvilová L, Falková L. Genetic structure in three breeds of pigs populations using microsatellite markers in the Czech Republic. *Research in Pig Breeding*. 2012;6(2):83–87.
14. Gvozdanović K, Margeta V, Margeta P, Djurkin Kušec I, Galović D, Dovč P, et al. Genetic diversity of autochthonous pig breeds analyzed by microsatellite markers and mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Animal Biotechnology*. 2019;30(3):242–251. DOI: 10.1080/10495398.2018.1478847.
15. Kramarenko SS, Lugovoy SI, Kharzinova VR, Lykhach VY, Kramarenko AS, Lykhach AV. Genetic diversity of Ukrainian local pig breeds based on microsatellite markers. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2018;9(2):177–182. DOI: 10.15421/021826.
16. Cherel P, Glénisson J, Pires J. Tetranucleotide microsatellites contribute to a highly discriminating parentage test panel in pig. *Animal Genetics*. 2011;42(6):659–661. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2011.02187.x.
17. Rohrer GA, Alexander LJ, Keele JW, Smith TP, Beattie CW. A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics*. 1994;136(1):231–245.
18. Yaemmeeklin W, Jirasupphachok J, Koykul W, Suwattana D. Efficacy of microsatellite markers in parentage control in swine. *The Thai Journal of Veterinary Medicine*. 2009;39(3):259–265.
19. Chen K, Knorr C, Bornemann-Kolatzki K, Ren J, Huang L, Rohrer GA, et al. Targeted oligonucleotide-mediated microsatellite identification (TOMMI) from large-insert library clones. *BMC Genetics*. 2005;6:54. DOI: 10.1186/1471-2156-6-54.
20. Robic A, Dalens M, Woloszyn N, Milan D, Riquet J, Gellin J. Isolation of 28 new porcine microsatellites revealing polymorphism. *Mammalian Genome*. 1994;5(9):580–583. DOI: 10.1007/BF00354935.
21. Alexander LJ, Troyer DL, Rohrer GA, Smith TPL, Schook LB, Beattie CW. Physical assignments of 68 porcine cosmid and lambda clones containing polymorphic microsatellites. *Mammalian Genome*. 1996;7(5):368–372. DOI: 10.1007/s003359900106.



22. Rębała K, Rabtsava AA, Kotova SA, Kipen VN, Zhurina NV, Gandzha AI, et al. STR profiling for discrimination between wild and domestic swine specimens and between main breeds of domestic pigs reared in Belarus. *Plos One*. 2016;11(11):e0166563. DOI: 10.1371/journal.pone.0166563.
23. Schneider S, Roessli D, Excoffier L. *ARLEQUIN ver. 2.000: a software for population genetics data analysis*. Geneva: Genetics and Biometry Laboratory, Department of Anthropology and Ecology, University of Geneva; 2000. 111 p.
24. Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology*. 1998;7(5):639–655. DOI: 10.1046/j.1365-294x.1998.00374.x.
25. Piry S, Alapetite A, Cornuet J-M, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A. GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity*. 2004;95(6):536–539. DOI: 10.1093/jhered/esh074.
26. Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F. *GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations*. Montpellier: Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II; 2004.
27. Peakall R, Smouse PE. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes*. 2006;6(1):288–295. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.
28. Рябцева АО, Цыбовский ИС, Котова СА. Микросателлитные маркеры в исследовании полиморфизма дикого кабана (*Sus scrofa*) и свиньи домашней (*Sus scrofa domesticus*), обитающих на территории Республики Беларусь. *Молекулярная и прикладная генетика*. 2018;25:56–66.
29. Takezaki N, Nei M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*. 1996;144(1):389–399.
30. Thuy NTD, Melchinger-Wild E, Kuss AW, Cuong NV, Bartenschlager H, Geldermann H. Comparison of Vietnamese and European pig breeds using microsatellites. *Journal of Animal Science*. 2006;84(10):2601–2608. DOI: 10.2527/jas.2005-641.
31. Fan B, Wang Z-G, Li Y-J, Zhao X-L, Liu B, Zhao S-H, et al. Genetic variation analysis within and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite markers. *Animal Genetics*. 2002;33(6):422–427. DOI: 10.1046/j.1365-2052.2002.00898.x.
32. Chang WH, Chu HP, Jiang YN, Li SH, Wang Y, Chen CH, et al. Genetic variation and phylogenetics of Lanyu and exotic pig breeds in Taiwan analyzed by nineteen microsatellite markers. *Journal of Animal Science*. 2009;87(1):1–8. DOI: 10.2527/jas.2007-0562.
33. Nei M. Genetic distance between populations. *The American Naturalist*. 1972;106(949):283–292.
34. Gascuel O. BIONJ: an improved version of the NJ algorithm based on a simple model of sequence data. *Molecular Biology and Evolution*. 1997;14(7):685–695. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a025808.
35. Гильман ЗД. *Свиноводство и технология производства свинины*. Минск: Ураджай; 1995. 367 с.

References

1. Dankvert SA, Kholmanov AM, Osadchaya OYu. *Proizvodstvo myasa v mire* [World meat production]. Moscow: Ekonomika; 2016. 495 p. (Zhivotnovodstvo stran mira). Russian.
2. Sheiko IP, Smirnov VS, Sheiko RI. *Svinovodstvo* [Pig breeding]. Minsk: Information and Computing Center of the Ministry of Finance of the Republic of Belarus; 2013. 375 p. Russian.
3. SanCristobal M, Chevalet C, Haley CS, Joosten R, Rattink AP, Harlizius B, et al. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. *Animal Genetics*. 2006;37(3):189–198. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2005.01385.x.
4. Kim TH, Kim KS, Choi BH, Yoon DH, Jang GW, Lee KT, et al. Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite loci analysis. *Journal of Animal Science*. 2005;83(10):2255–2263. DOI: 10.2527/2005.83102255x.
5. Nidup K, Moran C. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites: a mini review. *Genomics and Quantitative Genetics*. 2011;2:5–18.
6. Ollivier L. European pig genetic diversity: a minireview. *Animal*. 2009;3(7):915–924. DOI: 10.1017/S1751731109004297.
7. Hulsege I, Calus M, Hoving-Bolink R, Lopes M, Megens H-J, Oldenbroek K. Impact of merging commercial breeding lines on the genetic diversity of Landrace pigs. *Genetics Selection Evolution*. 2019;51:60. DOI: 10.1186/s12711-019-0502-6.
8. Salamon D, Margeta P, Klišanić V, Menčík S, Karolyi D, Mahnet Ž, et al. Genetic diversity of the Banja spotted pig breed using microsatellite markers. *Journal of Central European Agriculture*. 2019;20(1):36–42. DOI: 10.5513/JCEA01/20.1.2467.
9. Caballero A, Toro MA. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics*. 2002;3(3):289–299. DOI: 10.1023/A:1019956205473.
10. Stolpovskiy YuA, Zakharov-Gezekhus IA. The problem of conservation of gene pools of domesticated animals. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2017;21(4):477–486. DOI: 10.18699/VJ17.266. Russian.
11. Traspov A, Wenjiang Deng, Kostyunina O, Jiuxiu Ji, Shatkhin K, Lugovoy S, et al. Population structure and genome characterization of local pig breeds in Russia, Belorussia, Kazakhstan and Ukraine. *Genetics Selection Evolution*. 2016;48:16. DOI: 10.1186/s12711-016-0196-y.
12. Qiao R, Li X, Han X, Wang K, Lv G, Ren G, et al. Population structure and genetic diversity of four Henan pig populations. *Animal Genetics*. 2019;50(3):262–265. DOI: 10.1111/age.12775.
13. Vrtková I, Stehlík L, Putnová L, Kratochvílová L, Falková L. Genetic structure in three breeds of pigs populations using microsatellite markers in the Czech Republic. *Research in Pig Breeding*. 2012;6(2):83–87.
14. Gvozdanović K, Margeta V, Margeta P, Djurkin Kušec I, Galović D, Dovč P, et al. Genetic diversity of autochthonous pig breeds analyzed by microsatellite markers and mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Animal Biotechnology*. 2019;30(3):242–251. DOI: 10.1080/10495398.2018.1478847.
15. Kramarenko SS, Lugovoy SI, Kharzinova VR, Lykhach VY, Kramarenko AS, Lykhach AV. Genetic diversity of Ukrainian local pig breeds based on microsatellite markers. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. 2018;9(2):177–182. DOI: 10.15421/021826.
16. Cherel P, Glénisson J, Pires J. Tetranucleotide microsatellites contribute to a highly discriminating parentage test panel in pig. *Animal Genetics*. 2011;42(6):659–661. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2011.02187.x.
17. Rohrer GA, Alexander LJ, Keele JW, Smith TP, Beattie CW. A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics*. 1994;136(1):231–245.
18. Yaemmeklin W, Jirasupphachok J, Koykul W, Suwattana D. Efficacy of microsatellite markers in parentage control in swine. *The Thai Journal of Veterinary Medicine*. 2009;39(3):259–265.
19. Chen K, Knorr C, Bornemann-Kolatzki K, Ren J, Huang L, Rohrer GA, et al. Targeted oligonucleotide-mediated microsatellite identification (TOMMI) from large-insert library clones. *BMC Genetics*. 2005;6:54. DOI: 10.1186/1471-2156-6-54.



20. Robic A, Dalens M, Woloszyn N, Milan D, Riquet J, Gellin J. Isolation of 28 new porcine microsatellites revealing polymorphism. *Mammalian Genome*. 1994;5(9):580–583. DOI: 10.1007/BF00354935.
21. Alexander LJ, Troyer DL, Rohrer GA, Smith TPL, Schook LB, Beattie CW. Physical assignments of 68 porcine cosmid and lambda clones containing polymorphic microsatellites. *Mammalian Genome*. 1996;7(5):368–372. DOI: 10.1007/s003359900106.
22. Rębała K, Rabtsava AA, Kotova SA, Kipen VN, Zhurina NV, Gandzha AI, et al. STR profiling for discrimination between wild and domestic swine specimens and between main breeds of domestic pigs reared in Belarus. *Plos One*. 2016;11(11):e0166563. DOI: 10.1371/journal.pone.0166563.
23. Schneider S, Roessli D, Excoffier L. *ARLEQUIN ver. 2.000: a software for population genetics data analysis*. Geneva: Genetics and Biometry Laboratory, Department of Anthropology and Ecology, University of Geneva; 2000. 111 p.
24. Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology*. 1998;7(5):639–655. DOI: 10.1046/j.1365-294x.1998.00374.x.
25. Piry S, Alapetite A, Cornuet J-M, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A. GENECLASS2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity*. 2004;95(6):536–539. DOI: 10.1093/jhered/esh074.
26. Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F. *GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations*. Montpellier: Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II; 2004.
27. Peakall R, Smouse PE. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes*. 2006;6(1):288–295. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.
28. Rabtsava AA, Tsybovsky IS, Kotova SA. Microsatellite markers in the study of polymorphism of the wild boar (*Sus scrofa*) and domestic pig (*Sus scrofa domesticus*), inhabiting the territory of the Republic of Belarus. *Molekulyarnaya i prikladnaya genetika*. 2018;25:56–66. Russian.
29. Takezaki N, Nei M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*. 1996;144(1):389–399.
30. Thuy NTD, Melchinger-Wild E, Kuss AW, Cuong NV, Bartschlagel H, Geldermann H. Comparison of Vietnamese and European pig breeds using microsatellites. *Journal of Animal Science*. 2006;84(10):2601–2608. DOI: 10.2527/jas.2005-641.
31. Fan B, Wang Z-G, Li Y-J, Zhao X-L, Liu B, Zhao S-H, et al. Genetic variation analysis within and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite markers. *Animal Genetics*. 2002;33(6):422–427. DOI: 10.1046/j.1365-2052.2002.00898.x.
32. Chang WH, Chu HP, Jiang YN, Li SH, Wang Y, Chen CH, et al. Genetic variation and phylogenetics of Lanyu and exotic pig breeds in Taiwan analyzed by nineteen microsatellite markers. *Journal of Animal Science*. 2009;87(1):1–8. DOI: 10.2527/jas.2007-0562.
33. Nei M. Genetic distance between populations. *The American Naturalist*. 1972;106(949):283–292.
34. Gascuel O. BIONJ: an improved version of the NJ algorithm based on a simple model of sequence data. *Molecular Biology and Evolution*. 1997;14(7):685–695. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a025808.
35. Gil'man ZD. *Svinovodstvo i tekhnologiya proizvodstva svininy* [Pig breeding and pork production technology]. Minsk: Uradzhaj; 1995. 367 p. Russian.

Получена 16.02.2021 / исправлена 06.04.2021 / принята 03.05.2021.
Received 16.02.2021 / revised 06.04.2021 / accepted 03.05.2021.

Авторы:

Алина Олеговна Рябцева – заместитель начальника отдела исследования и учетов объектов животного происхождения и волокнистой природы управления генотипоскопических экспертиз главного управления специальных экспертиз центрального аппарата.

Светлана Александровна Котова – кандидат химических наук; ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярно-биологических исследований.

Александра Евгеньевна Гребенчук – младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-биологических исследований.

Алла Ивановна Ганджа – кандидат сельскохозяйственных наук, доцент; заведующий лабораторией молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования.

Наталья Владимировна Журина – кандидат сельскохозяйственных наук; ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования.

Иосиф Станиславович Цыбовский – кандидат биологических наук; научный руководитель лаборатории молекулярно-биологических исследований²⁾, ведущий специалист⁴⁾.

Authors:

Alina A. Rabtsava, deputy head of the department of research and accounting of objects of animal origin and fibrous nature, department of genotyposcopic examination, general directorate of special examination, central office.

alunchik_90@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0001-5550-9873>

Sviatlana A. Kotava, PhD (chemistry); leading researcher at the laboratory of molecular biological research.

svetlkotova@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0002-6521-7732>

Alexandra Ya. Hrebanchuk, junior researcher at the laboratory of molecular biological research.

iamsanya94@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0002-1224-3275>

Alla I. Gandzha, PhD (agricultural science), docent; head of the laboratory of molecular biotechnology and DNA testing.

animalgen@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0003-4730-2017>

Natallia V. Zhuryna, PhD (agricultural science); leading researcher at the laboratory of molecular biotechnology and DNA testing.

molgenetics@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0003-3616-7913>

Iosif S. Tsybovsky, PhD (biology); scientific supervisor at the laboratory of molecular biological research^{b)} and leading specialist^{d)}.

tsybovsky@yahoo.com

<https://orcid.org/0000-0002-8611-8215>