

Луговой С. И. кандидат сельскохозяйственных наук  
Николаевский национальный аграрный университет

## ОЦЕНКИ ВНУТРИ– И МЕЖПОРОДНОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ НЕКОТОРЫХ ЛОКАЛЬНЫХ ПОРОД СВИНЕЙ УКРАИНЫ

*Рецензент – кандидат биологических наук А.Ф.Сагло*

*Инвентаризация генофондов с целью их рационального использования является одним из важнейших первоначальных этапов применения генетических маркеров. Целью наших исследований стало проведение анализа уровня внутри– и межпородной генетической дифференциации локальных пород свиней – дюрок (D), украинской мясной (UM), украинской степной белой (USB) и украинской степной рябой (USR). Материалом исследований выступал генетический полиморфизм 12 локусов микросателлитов ДНК (SW24, S0155, SW72, SW951, S0386, S0355, SW240, SW857, SW0101, SW936, SW911 и S0228). Общая численность исследуемых животных составляла 308 голов. Оценки генетических дистанций свидетельствуют о том, что наиболее генетически дифференцированными являются породы свиней D и USB (генетическая дистанция по M. Nei составляет  $D_N = 0,576$ ), а наименее – породы UM и USR (генетическая дистанция составляет  $D_N = 0,159$ ). Результаты Assignment-теста четырех локальных пород свиней Украины свидетельствуют о высокой степени их генетической дифференциации при достаточном уровне консолидированности. К «не своей» популяции были отнесены 2,2% животных породы D, 7,9% – породы UM, 6,1% – породы USB. Животные породы USR все были отнесены к «своей» популяции. При распределении исследуемого массива животных ( $n = 308$ ) с помощью программы STRUCTURE на два кластера, один из кластеров сформировался практически исключительно из животных породы D. Остальные же три породы вошли во второй кластер. При распределении исследуемого массива животных на три кластера – устойчиво сохраняется кластер образованный животными породы D. Кроме того, отчетливо выделяется кластер образованный породой USB. Третий кластер преимущественно составляют животные породы UM. Однако, среди массива животных этой породы четко прослеживается разделение на два кластера, которые полностью совпадают с принадлежностью животных разным племенным хозяйствам.*

*Ключевые слова: свиньи, порода, структура популяции, украинская мясная, украинская степная белая, украинская степная рябая, дюрок, микросателлит, ДНК, генетическая дифференциация, полиморфизм, генетическая дистанция, анализ главных координат.*

В последнее время все более широко в практике селекционной работы в животноводстве начинают применяться молекулярно-генетические методы. В свою очередь, одним из важнейших первоначальных этапов применения разного рода генетических маркеров для сохранения и рационального использования генофондов является инвентаризация последних с учетом породной и хозяйственной дифференциации, изучение динамики изменений параметров генетической структуры популяций в пространстве и во времени [1, 2].

В Украине генофонд свиней представлен 11 отечественными и зарубежными породами. Соотношение этих пород, по данным В. П. Рыбалко и соавторов [3], приблизительно следующее: крупная белая – 74,8%, ландрас – 12,8%, украинская мясная – 3,7%,

полтавская мясная – 2,7%, украинская степная белая – 1,6%, красная белопоясная – 1,6%, миргородская – 1,0%, крупная черная – 1,0%, дюрок – 0,5%, уэльс – 0,2% и украинская степная рябая – 0,1%.

В связи с вышеизложенным, целью наших исследований стало проведение оценки уровня внутри- и межпородной генетической дифференциации локальных пород свиней – дюрок, украинской мясной, украинской степной белой и украинской степной рябой.

**Материалы и методы.** Материалом исследований выступал генетический полиморфизм локусов микросателлитов ДНК четырех пород – дюрок (*D*), украинская мясная (*UM*), украинская степная белая (*USB*) и украинская степная рябая (*USR*). Исследуемые животные принадлежали племенным заводам ПАО «Племзавод «Степной» Запорожской области (*D*;  $n = 72$ ), СХЧП «Техмет-Юг» Николаевской области (*D*;  $n = 18$ ), ООО «Таврийские свиньи» (*UM*;  $n = 77$ ) и «Аскания-Нова» (*UM* ( $n = 50$ ); *USB* ( $n = 66$ ); *USR* ( $n = 25$ )) Херсонской области. Общая численность исследуемых животных составляла 308 голов.

Исследование выполнено на основе данных о полиморфизме 12 локусов микросателлитов ДНК (SW24, S0155, SW72, SW951, S0386, S0355, SW240, SW857, SW0101, SW936, SW911 и S0228), рекомендованных ISAG для оценки уровня генетического разнообразия популяций *Sus Scrofa*.

Лабораторные исследования проводили в условиях и по методике [4] лаборатории молекулярной генетики и цитогенетики животных Центра биотехнологии и молекулярной диагностики Всероссийского научно-исследовательского института животноводства Россельхозакадемии.

Оценку генетических дистанций по М. Nei [5], Assignment-тест и анализ главных координат (*PCoA*) осуществляли с использованием пакета MS Excel 2007 с плагином GenAIEx v. 6.5 [6]. Изучение структуры популяций на основе данных мультилокусных генотипов микросателлитов проводили с помощью программы STRUCTURE v. 2.3.4 [7, 8].

**Результаты и обсуждение.** Оценки генетических дистанций, полученные на основании данных генетического полиморфизма локусов микросателлитов ДНК [9-12], свидетельствуют о том, что наиболее генетически дифференцированными являются породы свиней *D* и *USB* (табл. 1). Наименьший уровень генетической дифференциации отмечен между породами *UM* и *USR* –  $D_N = 0,159$ . Практически сходный уровень генетической дифференциации отмечен между породой *UM* с одной стороны и породами *D* и *USB* с другой ( $D_N = 0,271$  и  $0,272$  соответственно).

### 1. Генетические дистанции по М. Nei между изучаемыми породами свиней

Порода	Порода			
	<i>D</i>	<i>UM</i>	<i>USB</i>	<i>USR</i>
<i>D</i>	0,000			
<i>UM</i>	0,271	0,000		
<i>USB</i>	0,576	0,272	0,000	
<i>USR</i>	0,378	0,159	0,327	0,000

Полученные значения генетических дистанций между изучаемыми породами в значительной мере согласуются с результатами исследований В. Н. Иовенко и соавторов [1], проведенных на основании полиморфизма 5 генетических систем групп крови. В частности, нами был подтвержден высокий уровень генетических дистанций между породой *D* и другими породами свиней. Однако, не обнаружен максимальный уровень генетической дистанции между породами *D* и *USR*, отмеченный ранее В. Н. Иовенко и соавторами. Также несколько различаются и оценки генетических дистанций между

породой *UM* и породами *USB* и *USR*. В. Н. Иовенко и соавторами выявлено, что более высокий уровень дифференциации наблюдается между породами *UM* и *USR*, чем между *UM* и *USB*.

Таким образом, в целом оценки уровня генетической дифференциации между локальными породами свиней проведенные разными методами и в разное время свидетельствуют о значительной консолидированности генофонда, а выявленные незначительные отличия могут свидетельствовать как о разной точности применяемых методов исследований, так и об изменениях в структуре изучаемых популяций.

Результаты анализа главных координат (*PCoA*), проведенного на основании матрицы генетических дистанций (табл. 1) подтверждают вывод о том, что наименее генетически дифференцированными являются породы свиней *UM* и *USR* (рис. 1).

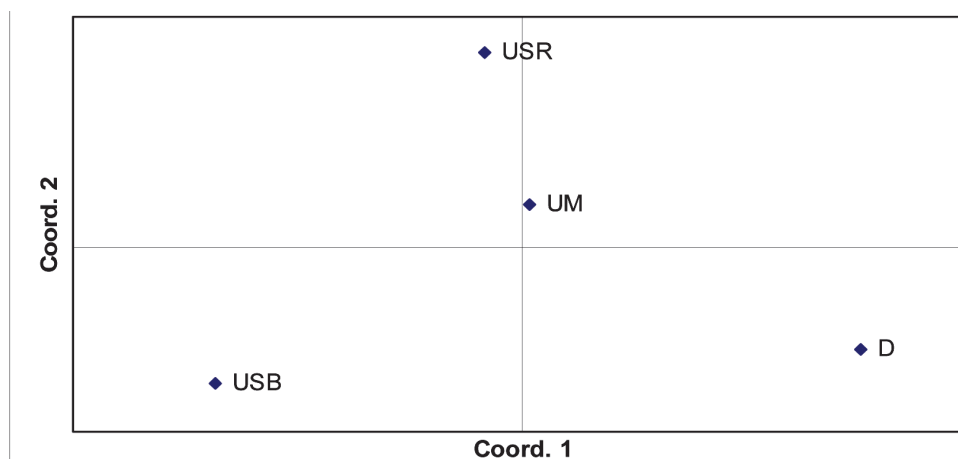


Рис. 1. Результаты анализа главных координат (*PCoA*)

Эти породы генетически являются практически равноудаленными от пород *D* и *USB*.

Результаты общего и попарного Assignment-теста четырех локальных пород свиней Украины (рис. 2, 3) также свидетельствуют о высокой степени генетической дифференциации изучаемых пород при достаточном уровне их консолидированности.

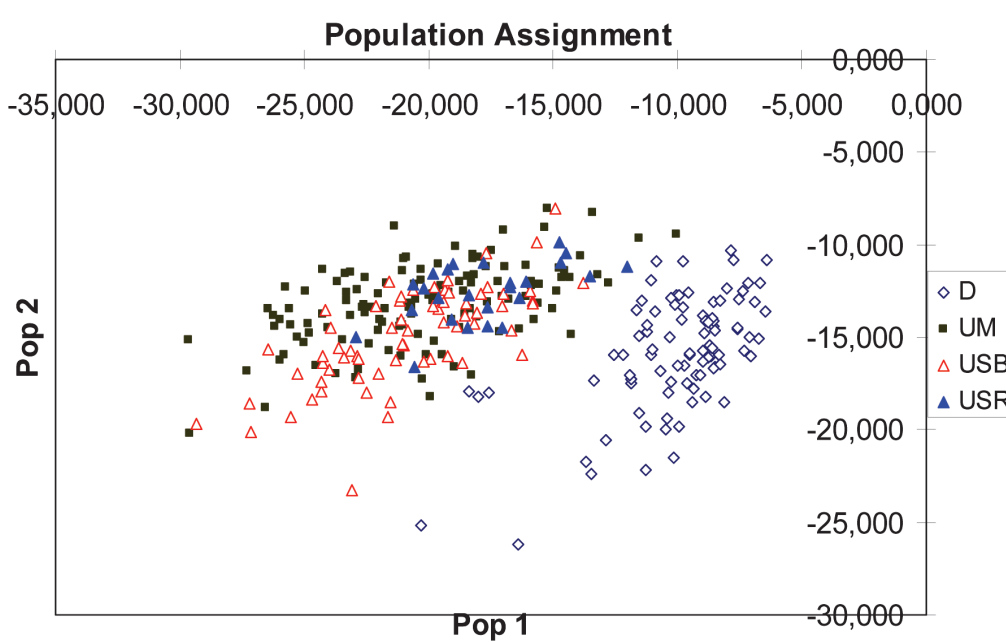
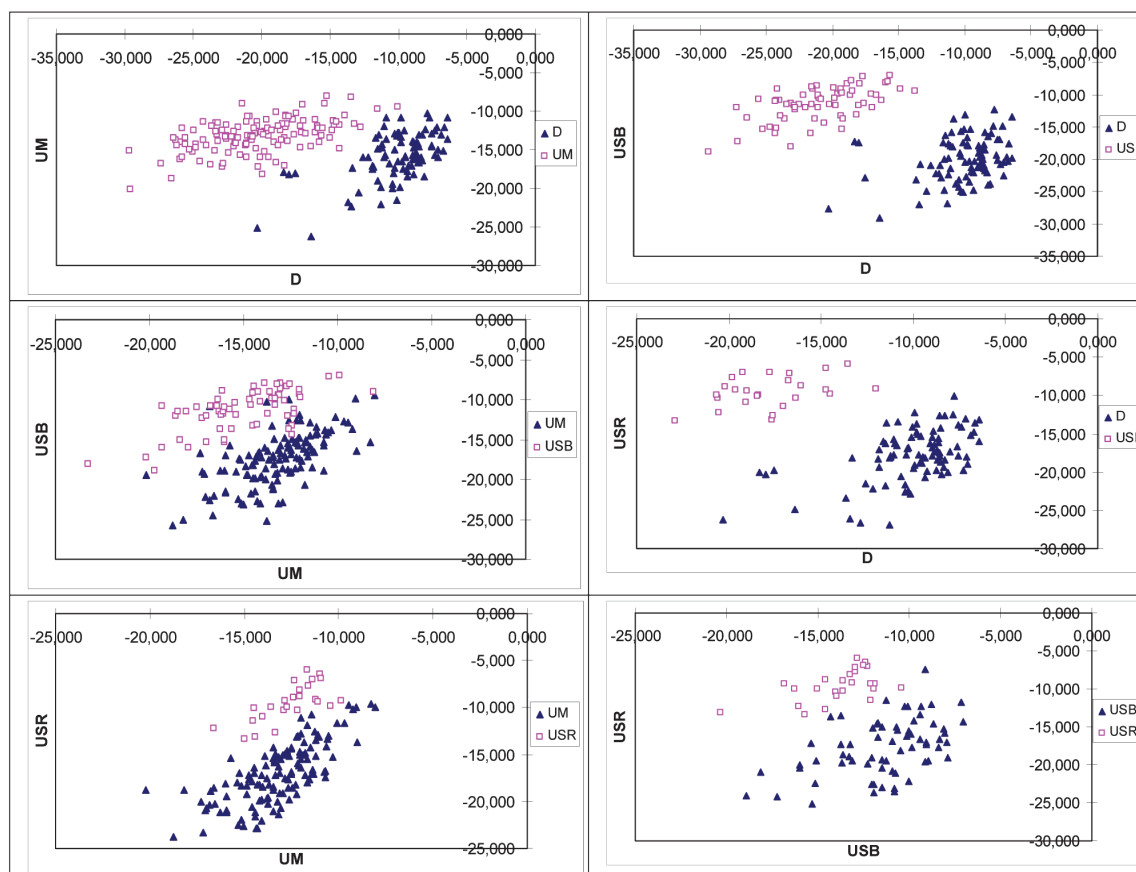


Рис. 2. Результаты Assignment-теста четырех локальных пород свиней Украины

По результатам Assigment-теста к «не своей» популяции были отнесены 2,2% животных породы *D*, 7,9% – породы *UM*, 6,1% – породы *USB*. Свиньи породы *USR* все были отнесены к «своей» популяции. Причем, все отнесенные к «не своей» популяции животные пород *D* и *UM* принадлежали к одному из двух племенных хозяйств, в которых разводят данные породы. Очевидно, это свидетельствует о различиях в программах генетического усовершенствования стад, а также и о разнице в культуре ведения селекционно-племенной работы в разных субъектах племенного дела.

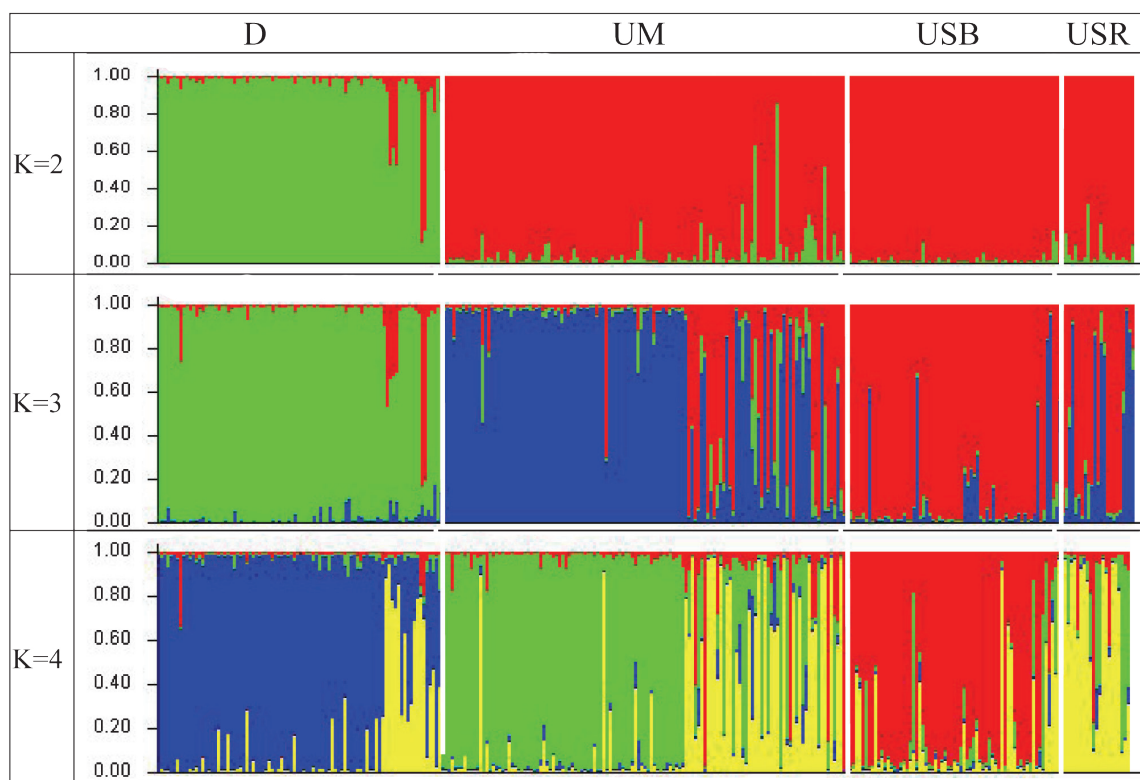
Анализ мультилокусных генотипов позволяет определить генетическое происхождение, не полагаясь на информацию о фактическом происхождении индивидов выборки [13].



**Рис. 3. Результаты попарного Assigment-теста четырех локальных пород свиней Украины**

Это осуществляется на основе моделирования алгоритма кластеризации, который идентифицирует подгруппы на основании присущих им характерных частот аллелей. Эта процедура, реализованная в компьютерной программе STRUCTURE [7, 8], распределяет индивидов на  $K$  групп, где число  $K$  выбирается заранее. Этой величиной можно варьировать в независимых запусках алгоритма.

При распределении исследуемого массива животных ( $n = 308$ ) на два кластера ( $K = 2$ ) установлено, что один из кластеров практически полностью сформировался из животных породы *D*. Остальные же три породы вошли во второй кластер (рис. 4).



**Рис. 4. Результаты оценки структуры популяции**  
*(Каждый индивид представлен тонкой вертикальной линией, которая разделена на  $K$  цветных сегментов. Данные сегменты представляют оцененную долю отношения индивида к каждому из  $K$  кластеров. Белые линии разделяют особей разных пород. Породы помечены в верхней строке)*

При распределении исследуемого массива животных на три кластера ( $K = 3$ ) установлено, что устойчиво сохраняется кластер образованный животными породы *D*. Кроме того, (за исключением незначительного количества индивидов) отчетливо выделяется кластер образованный породой *USB*. Третий кластер преимущественно составляют животные породы *UM*. Однако, среди массива животных этой породы четко прослеживается разделение на два кластера, в одном из которых индивиды сочетают в себе признаки всех трех кластеров. Следует отметить, что это распределение животных породы *UM* полностью совпадает с их принадлежностью к разным племенным хозяйствам. Животные породы *USB* при данном распределении преимущественно сочетают в себе признаки, на основании которых сформирован кластер породы *USB*.

При распределении исследуемого массива животных на четыре кластера, что соответствует количеству изучаемых пород, установлено, что большей частью сохраняется кластер образованный животными породы *D*. Достаточно устойчивыми оказались и кластеры, сформированные породой *USB* и частью животных породы *UM*. Также, необходимо отметить произошедшее обособление в отдельный кластер животных породы *USB*. Более того, характерные особенности этого кластера отмечены и среди животных пород *USB* и *UM* и частично даже породы *D*. Эта некоторая генетическая общность пород *USB*, *USB* и частично *UM*, на наш взгляд, обусловлена тем, что все эти животные принадлежат одному племенному хозяйству и, соответственно, нельзя исключать некоторого обмена наследственным материалом между ними. Особенно, если учесть очень ограниченную численность животных локальных пород и опасность возникновения инбредной депрессии.

Некоторая общность генетических характеристик пород *USB* и *D*, вероятнее всего, может быть обусловлена наличием в родословных их животных каких-либо уникальных общих предков, например беркширской породы.

Количественно мерой принадлежности каждого индивида к той или иной популяции является коэффициент Q. Наибольший удельный вес животных отнесенных к «своей» популяции при  $Q \geq 0,9$  нами был отмечен в породе D – 67,8%, а наиболее низким (44,0%) этот показатель был среди животных USB породы (табл. 2).

## 2. Удельный вес животных, отнесенных к «своей» популяции, при разных значениях коэффициента Q, %

Порода	Значение коэффициента		
	$\geq 0,5$	$\geq 0,8$	$\geq 0,9$
D, в целом	86,7	72,2	67,8
$D_1$	100,0	87,5	83,3
$D_2$	33,3	11,1	5,6
UM, в целом	68,5	59,8	48,0
$UM_1$	96,1	85,7	79,2
$UM_2$	26,0	14,0	0,0
USB	86,4	72,7	60,6
USR	68,0	52,0	44,0

Примечание:  $D_1, D_2, UM_1, UM_2$  – популяции свиней пород дюрок и украинская мясная, разводимые в разных племенных заводах

Однако, значения данного показателя существенно варьируют в зависимости от принадлежности животных одной и той же породы разным хозяйствам. Например, в популяции  $D_1$  данный показатель составил 83,3%, в то же время как в популяции  $D_2$  – всего 5,6%. Аналогичная ситуация отмечена и среди животных двух племенных заводов породы UM – 79,2 и 0,0% соответственно.

Таким образом, среди животных локальных пород свиней Украины отмечается высокий уровень как межпородной, так и внутривидовой генетической дифференциации.

**Выводы.** 1. Все исследованные локальные породы свиней характеризуются высоким уровнем межпородной генетической дифференциации. Среди исследованных пород наиболее генетически своеобразной и консолидированной является порода дюрок.

2. Генофонд животных в пределах одной и той же породы имеет существенные различия, обусловленные особенностями селекционной работы в каждом конкретном племенном хозяйстве.

3. Наличие в племенных стадах животных, имеющих нетипичные для данной породы генотипы микросателлитов ДНК, свидетельствует о необходимости внедрения и систематического ведения в субъектах племенного дела генетического мониторинга качества племенных (генетических) ресурсов.

## БИБЛИОГРАФИЯ

1. Иовенко В. Н. Генофонд овец и свиней юга Украины по иммуногенетическим маркерам / В. Н. Иовенко, В. В. Герасименко, А. Г. Плахотников. – Новая Каховка : Пиел, 2007. – 140 с.

2. Генофонды сельскохозяйственных животных: генетические ресурсы животноводства России / отв. ред. И. А. Захаров. – М. : Наука, 2006. – 462 с.

3. Рыбалко В. П. Отечественные породы свиней Украины, их создатели и современные кураторы / В. П. Рыбалко, В. М. Нагаевич // Таврійський науковий вісник : зб. наук. праць Херсонського ДАУ. – Херсон : Гринь Д.С., 2011. – Вип. 76. – Ч. 2. – С. 3–6.

4. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / [Н. А. Зиновьева, А. Н. Попов, Л. К. Эрнст и др.]. – Дубровицы : ВИЖ, 1998, – 47 с.

5. Nei M. Genetic distance between populations / M. Nei // The American Naturalist. – 1972. – Vol. 106. – P. 283-292.

6. Peakall R. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update / R. Peakall, P. E. Smouse // *Bioinformatics*. – 2012. – V. 28. – P. 2537—2539.
7. Pritchard J. K. Inference of population structure using multi-locus genotype data / J. K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly // *Genetics*. – 2000. – Vol. 155. – P. 945—959.
8. Evanno G. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study / G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet // *Molecular Ecology*. – 2005. – Vol. 4. – P. 2611—2620.
9. Луговой С. И. Характеристика генофонда локальных пород свиней Украины по локусам микросателлитов ДНК / С. И. Луговой // *Вестник Новосибирского ГАУ*. – Новосибирск, 2013. – № 2 (27). – С. 67—72.
10. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості української м'ясної породи свиней за локусами микросателітів ДНК / С. І. Луговий // *Збірник наукових праць Вінницького НАУ. Серія: Сільськогосподарські науки*. – 2013. – Вип. 2 (72). – С. 109—114.
11. Луговий С. І. Характеристика алелофонду свиней української степової рябої породи за локусами микросателітів ДНК / С. І. Луговий // *Зоотехнічна наука : історія, проблеми, перспективи : матеріали III міжнар. наук.-практ. конф., (Кам'янець-Подільський, 22—24 травня 2013 р.) / Подільський державний аграрно-технічний університет*. – Кам'янець-Подільський : видавець ПП Зволейко Д. Г., 2013. – С. 193—194.
12. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості свиней породи дюрок за локусами микросателітів ДНК / С. І. Луговий // *Вісник Житомирського національного агроєкологічного університету*. – 2013. – Вип. № 1. (35) – Т. 2 – С. 105—113.
13. Rosenberg N. A. The genetic structure of human populations / N. A. Rosenberg, J. K. Pritchard, J. L. Weber [et al.] // *Science*. – 2002. – Vol. 298. – P. 2381—2385.

**Луговой С.И.** Оцінки внутрі– і міжпородної генетичної диференціації деяких локальних порід свиней України

*Інвентаризація генофондів з метою їх раціонального використання – є одним з найважливіших первинних етапів застосування генетичних маркерів. Метою наших досліджень стало проведення аналізу рівня внутрішнь– і міжпородної генетичної диференціації локальних порід свиней – дюрок (D), української м'ясної (UM), української степової білої (USB) і української степової рябої (USR). Матеріалом досліджень виступав генетичний поліморфізм 12 локусів микросателітів ДНК (SW24, S0155, SW72, SW951, S0386, S0355, SW240, SW857, SW0101, SW936, SW911 і S0228). Загальна чисельність досліджуваних тварин становила 308 голів. Оцінки генетичних дистанцій свідчать про те, що найбільш генетично диференційованими є породи свиней D і USB (генетична дистанція за М. Nei становить  $D_N = 0,576$ ), а найменш – породи UM і USR (генетична дистанція становить  $D_N = 0,159$ ). Результати Assignment-тесту чотирьох локальних порід свиней України свідчать про високий ступінь їх генетичної диференціації при достатньому рівні консолідованості. До «не своєї» популяції були віднесені 2,2% тварин породи D, 7,9% – породи UM, 6,1% – породи USB. Всі тварини USR породи були віднесені до «своєї» популяції. При розподілі досліджуваного масиву тварин ( $n = 308$ ) за допомогою програми STRUCTURE на два кластери, один із кластерів сформувався практично виключно з тварин породи D. Інші ж три породи увійшли до другого кластеру. При розподілі досліджуваного масиву тварин на три кластери – стійко зберігається кластер утворений тваринами породи D. Крім того, чітко виділяється кластер утворений породою USB. Третій кластер переважно становлять тварини породи UM. Однак, серед масиву тварин цієї породи чітко простежується поділ*

на два кластери, які повністю збігаються з приналежністю тварин до різних племінних господарств.

*Ключові слова:* свині, порода, структура популяції, українська м'ясна, українська степова біла, українська степова ряба, дюроч, мікросателіт, ДНК, генетична диференціація, поліморфізм, генетична дистанція, аналіз головних координат.

**S.I.Lugovoy.** Assessment of intra - and international genetic differentiation of some local breeds of pigs in Ukraine

*Inventory gene pools for their rational use are one of the most important initial stages of genetic markers. The aim of our study was to evaluate the level of intra- and interbreed genetic differentiation of local breeds of pigs – Duroc (D), Ukrainian Meat (UM), Ukrainian White Steppe (USB) and Ukrainian Speckled Steppe (USR). Material studies performed genetic polymorphism of 12 DNA microsatellite loci (SW24, S0155, SW72, SW951, S0386, S0355, SW240, SW857, SW0101, SW936, SW911 and S0228). The total number of test animals was 308 goals. Estimates of genetic distances indicate that the most genetically differentiated breeds of pigs are D and USB (genetic distance is  $D_N = 0,576$ ), and the least – UM and USR breeds (genetic distance is  $D_N = 0,159$ ). Assignment-test results of four local breeds of pigs Ukraine indicate a high degree of genetic differentiation with an adequate level of consolidation. By «not own» the population were classified as 2,2% of the animals D breed, 7,9% – UM breed, 6,1% – USB breed. Animals of USR breed have all been attributed to «their» population. When allocating an array of animals studied ( $n = 308$ ) into two clusters, one of the clusters formed almost exclusively of animals D breed. The remaining three breeds were included in the second cluster. When allocating an array of animals studied into three clusters – remains stable cluster formed animals D breed. Furthermore, clearly distinguished cluster formed USB breed. The third cluster mainly comprise animals of UM breed. However, among the array of animals of this breed can clearly be seen on the separation of the two clusters that coincide with different tribal affiliation animal farms.*

*Key words:* pig, breed, population structure, Ukrainian Meat, Ukrainian Steppe White, Speckled Ukrainian Steppe, Duroc, microsatellite, DNA, the genetic differentiation, polymorphism, genetic distance, principal coordinate analysis.