

**Анализ полиморфизма D-петли митохондриальной ДНК свиней породы мангалица**

**Научный руководитель – Зиновьева Наталья Анатольевна**

*Акорян Наре Акоровна*

*Аспирант*

Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, Лаборатория молекулярной генетики животных, Генетика, поселок Дубровицы, Россия

*E-mail: norkan8888@mail.ru*

Высокая степень полиморфности, наследование по материнской линии и отсутствие рекомбинации мтДНК позволяет эффективно использовать ее для оценки демографического происхождения пород. На территории России разводится целый ряд локальных пород свиней, имеющих как отечественное, так и зарубежное происхождение. Одной из таких пород является венгерская мангалица, которая отличается уникальными морфологическим признакам, как одна из древних Европейских пород свиней [1, 2]. Целью настоящей работы явилось изучение биоразнообразия свиней породы венгерская мангалица на основе анализа полиморфизма D-петли мтДНК. Исследования проводили на 38 особях. Для изучения полиморфизма D-петли нами был амплифицирован фрагмент длиной 770 п.о.

Анализ общей выборки изученных свиней показал наличие 989 полиморфных сайтов, большинство мутаций было представлено транзициями, соотношение транзиций к трансверсиям согласно теста Hasegawa-Kishino-Yano, модель (+I) составило  $R=0,756$ . Среднее гаплотипическое разнообразие ( $H_d$ ) и нуклеотидное разнообразие ( $P_i$ ) по выборке в целом фиксировалось на уровне 0,940 и 0,203, соответственно. Сопоставляя полученные данные с результатами оценки материнского биоразнообразия в отечественных локальных породах, и следует отметить, что развитие современного этапа разведения свиней базируется на использовании ограниченного числа высокопродуктивных пород, а именно крупная белая, ландрас, дюрок, пьетрен.

Всего нами было идентифицировано 17 гаплотипов, 15 из которых были наиболее часто встречаемыми, а 3 - встречались только у двух из исследованных особей. Все идентифицированные нами гаплотипы относились к гаплогруппе E мтДНК, что можно рассматривать как указание на историческую связь в процессе пороодообразования мангалицы с кабанями, несущими как азиатские, так и европейские гаплотипы. Анализ структуры филогенетического дерева показал дивергенцию исследованной выборки свиней на две клады, одна из которых была представлена 10 гаплотипами, а вторая - 7 гаплотипами.

Полученные нами данные будут использованы в селекционно-племенной работе со свиньями породы венгерская мангалица в целях поддержания высокого уровня генетического разнообразия.

**Источники и литература**

- 1) Molnár, J. Mitochondrial D-loop analysis reveals low diversity in Mangalica pigs and their relationship to historical specimens // Anim. Breed. Genet. 2012, №87 (3). p. 312–320.
- 2) Marincs, F. Introgression and isolation contributed to the development of Hungarian Mangalica pigs from a particular European ancient bloodline // Genetics, Selection, Evolution. 2013, 45(1):22. p. 45-22.