

Исследование митохондриальной ДНК у племенных свиней РФ

Научный руководитель – Колосов Юрий Анатольевич

Бакоев Некруз Фарходович

Аспирант

Донской государственной аграрный университет, Благовещенск, Россия

E-mail: nekruz82@bk.ru

Бакоев Н.Ф., Гетманцева Л.В.

ФБНУ ФНЦ Всероссийский институт животноводства им. Л.К. Эрнста, г. Подольск, пос. Дубровицы, Россия

В течение миллиардов лет митохондриальный геном развивался по мере того, как происходила адаптация организмов к окружающей среде и селекционному давлению. Как результат, мутации стали фиксированными, и различные митохондриальные линии кластеризовались в группы, известные как гаплогруппы мтДНК. Несмотря на то, что гаплогруппы не указывают на конкретную породу, они могут быть связаны с направлением продуктивности свиней в системах разведения. Все это указывает на перспективность исследований мтДНК у племенных свиней РФ.

Исследования проводили на свиньях крупной белой породы (КБ, n=49) и ландрас (Л, n=39), разводимых в одном из племенных хозяйств РФ. После проверки качества сиквенсов оставили фрагмент длиной 638 п.н., который, в соответствии с референсной последовательностью (в NCBI под номером NC000845.1), расположен в интервале 87-724 п.н. Для редактирования и выравнивания последовательностей, расчета генетического разнообразия и построения деревьев использовали программы BioEdit v7.2.6, DnaSP 5.10 и MEGA 7. Гаплогруппы определяли по NCBI: А - КТ279758, В - КТ261429, С - КТ279759, D - КТ279760 и Е - КТ261430. Для сравнительного анализа использовали дополнительные данные из NCBI.

У исследуемой группы свиней установлено 23 полиморфных сайта (21 - у свиней Л и 18 - у КБ). В целом у исследуемого поголовья определили 10 гаплотипов. У свиней КБ установили только два гаплотипа (Н9 и Н10), при чем 48 животных имели гаплотип Нар-10 и только одна особь - Нар-9. Свиньи породы ландрас обладали значительно большим разнообразием. У 39 свиней Л определено восемь гаплотипов, наибольшие частоты имели Нар-1 и Нар-4. Разнообразие гаплотипов у свиней Л составило 0,839 и свиней КБ - 0,041. В отличие от свиней КБ, которые имели низкое количество нуклеотидных замен на сайт (k=0,735), свиньи Л имели высокое количество (k=8,640). Нуклеотидное разнообразие в целом по исследуемой группе составило 0,013, в основном за счет свиней породы Л. Построение филогенетического дерева показало принадлежность гаплотипов, определенных у свиней Л и КБ к гаплогруппам А, С, Д, Е.

По данным базы NCBI был проведен поиск идентичных последовательностей. В результате были выбраны 75 последовательностей из базы NCBI, представляющих коммерческие (крупная белая, йоркшир, ландрас и дюрк) и китайские породы свиней, разводимые в различных странах. Гаплотипы изучаемых нами свиней крупной белой породы имели сходные последовательности D-петли со свиньями различных пород, но практически все из них имели азиатское происхождение. Свиньи породы ландрас в нашей группе показали наибольшее сходство по D-петле со свиньями коммерческих (дюрк и ландрас), локальных и европейских пород (мангалица и иберийские свиньи) и дикого кабана.

Исследования проведены в рамках выполнения задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации ГЗ №АААА-А18-118021590138-1.