DOI: 10.37925/0039-713X-2025-6-25-29
УДК 636.02/636.03/636.4.033

Измерение уровня генетического разнообразия свиней породы мангалица

А.А. БЕЛОУС, кандидат биолог. наук, зав. лабораторией, e-mail: belousa663@gmail.com,
П.И. ОТРАДНОВ, мл. научный сотрудник, В.Р. ХАРЗИНОВА, кандидат биолог. наук, вед. научный сотрудник, зав. лабораторией, Н.А. ЗИНОВЬЕВА, доктор биолог. наук, профессор, академик РАН, директор,
ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»

Проведен сравнительный генетический анализ трех популяций породы мангалица (Манг1-Манг2 и Манг1-Манг3) российской и зарубежной селекции, показавший генетическое сходство на уровне 64,7% и 66,8% соответственно. Идентифицированы 51 и 35 генов с SNP-маркерами, участвующих в развитии костной, мышечной, репродуктивной, иммунной и сердечно-сосудистой системы, а также в метаболизме аминокислот и липидов. Полученные результаты важны для селекционной работы и оценки генетического разнообразия породы.
Ключевые слова: генетическая дифференциация, FST-анализ, SNP, функциональная аннотация генов, свиньи породы мангалица.

Measuring the level of genetic diversity in Mangalitsa pigs

A.A. BELOUS, candidate of biological sciences, senior researcher, e-mail: belousa663@gmail.com, P.I. OTRADNOV, junior researcher, V.R. KHARZINOVA, candidate of biological sciences, leading researcher, head of laboratory, N.A. ZINOVYEVA, doctor of biological sciences, professor, academician of the RAS, director, Federal Research Center for Animal Husbandry named after academy member L.K. Ernst

A comparative genetic analysis was conducted among three Mangalitsa breed populations (Mang1-Mang2 and Mang1-Mang3), representing both domestic and foreign selection lines. This analysis revealed genetic similarity levels of 64.7% and 66.8%, respectively. A total of 51 and 35 genes containing SNP markers were identified, which are involved in bone, muscle, reproductive, immune, and cardiovascular systems development as well as amino acid and lipid metabolism. These findings are significant for selective breeding work and assessment of genetic diversity within this breed.
Key words: genetic differentiation, FST-analysis, SNP, functional gene annotation, Mangalitsa pigs.

Введение

Свиноводство играет важную роль в сельском хозяйстве и продовольственной безопасности многих регионов мира. Одной из уникальных и исторически значимых пород является венгерская мангалица, получившая свое название от венгерского слова «mangalica», означающего нечто круглое и упитанное.

История породы берет свое начало в середине XIX века, когда австрийский эрцгерцог Йозеф Палатин создал новую породу путем скрещивания местных венгерских пород свиней баконьи и салонтай с европейским диким кабаном и сербской шумидийской породой (сумадия) [1, 3, 5]. Изначально новая порода была названа «белая мангалица», однако впоследствии появились и другие варианты окраски: красная, ласточка и черная [2, 10].

Мангалица отличается от других пород свиней своими уникальными характеристиками. Наиболее яркой особенностью является густая кудрявая шерсть, внешне напоминающая овечью. Такая шерсть придает животным характерный внешний вид и защищает их от неблагоприятных погодных условий, делая возможным успешное разведение даже в регионах с суровым климатом, включая Россию [4, 5]. Кроме того, представители породы обладают высокой мясной продуктивностью. Получаемая свинина при этом характеризуется большим содержанием жиров и насыщенных жирных кислот, что делает ее ценным продуктом питания и предметом повышенного интереса среди гурманов и производителей деликатесов [5, 7, 8].

Популярность породы значительно возросла в период с середины

XIX до середины XX века, достигнув своего пика в 1943 году, когда в Венгрии насчитывалось порядка 30 тыс. особей. Однако последующее изменение рыночных требований и предпочтение потребителями более постного мяса привели к резкому сокращению численности мангалицы. К 1991 году в Венгрии оставалось менее 200 особей, порода находилась на грани исчезновения [1, 3].

Только благодаря усилиям энтузиастов и специализированных компаний, таких как испанская фирма Monte Nevado, удалось спасти и возродить породу. Сейчас мангалица вновь набирает популярность и ее разведением занимаются фермеры в Венгрии, Австрии, Германии, Испании, Италии, Сербии, Румынии, Болгарии, Хорватии, Словении, Швейцарии, Великобритании, Канаде, США, во Франции и в других странах [1, 3, 6–8].

Особенно примечательным является тот факт, что в последнее десятилетие наблюдается значительный интерес к разведению мангалицы в России. Небольшие фермерские хозяйства, расположенные преимущественно в центральных и южных регионах страны, начинают осваивать опыт выращивания этой уникальной породы, стремясь удовлетворить запросы рынка на экологически чистые и ценные продукты питания [2, 6–8].

Тем не менее, несмотря на возрождение интереса к породе, сохраняется серьезная проблема, связанная с ограниченностью численности поголовья и потенциальной потерей генетического разнообразия. Современные тенденции в животноводстве часто сопровождаются снижением генетического разнообразия вследствие направленного отбора по узким экономическим показателям и ограниченной базы племенных животных [9, 11]. Это создает риски для долгосрочной устойчивости породы и возможности ее адаптации к различным экологическим и хозяйственным условиям.

Одним из наиболее эффективных инструментов для оценки состояния генетического разнообразия и выявления генетических различий между популяциями является анализ индекса фиксации (FST). Данный метод позволяет количественно охарактеризовать степень генетической дифференциации между группами животных и служит основой для принятия решений по управлению генетическими ресурсами [12, 13]. Проведение подобного анализа особенно актуально для такой ценной и уязвимой породы, как мангалица, учитывая необходимость сохранения ее уникальных характеристик и предотвращения возможной деградации генофонда.

Цель исследования заключается в определении уровня генетического разнообразия и установлении степени генетической обособленности или схожести между зарубежными и российскими линиями свиней породы мангалица посредством анализа индекса FST.

Результаты данного исследования позволят сформировать научную основу для разработки эффективных мер по сохранению и улучшению генетических ресурсов породы. Это также будет способствовать расширению породного состава, задействованного в отечественном свиноводстве, в соответствии с принципами устойчивого развития и экологической ответственности.

Материалы и методы исследований

Работа была выполнена в лаборатории генетических технологий в агро- и аквахозяйстве ФГБНУ ФИЦ ВИЖ имени Л.К. Эрнста с применением инвентаря Центра коллективного пользования научным оборудованием «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста». В исследованиях были использованы образцы (фрагмент уха свиней породы мангалица; n=49) из биоресурсной коллекции ЦКП.

Выделение ДНК проводили с помощью наборов для выделения геномной ДНК серии «ДНК-Экстран» (ЗАО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом фирмы-производителя. Концентрацию двухцепочечной ДНК определяли посредством флуориметра Qubit 2.0 (Invitrogen/Life Technologies, США). Для оценки качества ДНК измеряли соотношение OD260/OD280 (спектрофотометр NanoDrop 8000, Thermo Fisher Scientific, США). Для анализа использовали ДНК с OD260/OD280= 1,6–1,8. Кроме того, качество ДНК оценивали посредством гель-электрофореза в 1%-ном агарозном геле.

Полногеномное генотипирование проводили с использованием высокоплотных ДНК-чипов PorcineHD Genotyping BeadChip (платформа GeneSeek Genomic Profiler, Neogene, США), содержащих 66 763 SNP.

Файлы, содержащие геномную информацию (PED/MAP) по свиньям породы мангалица зарубежной селекции, были взяты с сайта Dryad (https://datadryad.org/stash). В данном исследовании анализировали породу мангалица (n=29 и n=15) со статьи T. Smyser et al. (2024) [16]. Обозначения в статье приняты следующие: Манг1 – мангалица российской селекции (n=49), Манг2 и Манг3 – зарубежной селекции (n=29 и n=15) соответственно группам.

Контроль качества данных, выполненный с использованием PLINK v1.90, определил удаление образцов и SNP ниже уровня генотипирования 95%.

Генетическая дифференциация, основанная на попарных значениях индекса фиксирования, была рассчитана между всеми SNP с использованием PLINK 1.9 и SNP. Входящие в 0,1% максимальных значений FST представляли отпечатки селекции.

Для поиска генов-кандидатов, в области которых идентифицированы SNP, использовали специально разработанный программный код на языке программирования R (Патент RU 2025619485 «Структурная аннотация генов сельскохозяйственных животных и объектов товарной аквакультуры»). Функциональные аннотации генов выполняли с привлечением веб-базы DAVID (https://david.ncifcrf.gov/).

Результаты исследований

После контроля качества остались группа Манг1 в сравнении с Манг2 – 20 615 SNP и Манг3 – 10 424 SNP **(рис.).**

При сравнении группы Манг1 и Манг2, у которых генетическое сходство составило 64,7%, идентифицирован 51 ген, из них в 11 находятся SNP – ALGA0024126, ALGA0024130, ALGA0024132, ASGA0019060, ALGA 0024287, ASGA0025083, H3GA001 7558, ASGA0100136, ALGA0104005, ASGA0088966, ASGA0085562, MARC 0046106, ASGA0091528, MARC0029 225, H3GA0056404, MARC0033446, ASGA0049660 и ALGA0083430 на 4-й, 5-й, 6-й, 8-й, 9-й, 11-й, 14-й и 15-й хромосоме. По группе Манг1 и Манг3 генетическое сходство соста-

вило 66,8%. Всего выявлено 35 генов, из которых в четырех находятся обнаруженные SNP – ASGA0004526, ALGA0012364, H3GA0010051 и ASGA0085364 на 1-й, 2-й, 3-й и 9-й хромосоме.

Функциональная аннотация генов представлена в **таблице**.

На основании проведенного попарного сравнительного анализа двух популяций породы мангалица (группы Манг1 и Манг2) были выявлены ключевые гены, играющие важную роль в различных аспектах жизнедеятельности и развития свиней. Полученные данные позволяют сформировать комплексный вывод относительно потенциальных эволюционных и селекционных различий между этими популяциями. Среди значимых генов были выделены следующие:

• гены RSPO2, IBSP, SSP1, MEPE, EVC, которые участвуют в процессах минерализации костей, остеогенезе и образовании биоминеральных тканей. Их активность свидетельствует о возможном существовании различий в строении и плотности костной ткани, что может влиять на прочность скелета и общую механическую выносливость животных;

• ген CD55 связан со структурой сперматозоидов;

• ген ACVR2A регулирует сперматогенез и эякуляцию;

• ген LOC100736569 участвует в процессах, связанных с одиночным оплодотворением (предотвращением полиспермии).

Эти гены предполагают наличие различий в репродуктивном потенциале, уровне фертильности и особенностях полового поведения между популяциями.

• Ген GLS2 контролирует метаболизм активных форм кислорода.

• Ген PSAPL1 регулирует метаболизм липидов.

• Ген LOC100522551 задействован в углеводном обмене.

Данные гены демонстрируют вероятные различия в энергетической эффективности, скорости роста и откорма, а также в устойчивости к стрессу и заболеваниям. По группе иммунитета и защиты организма особенно выделяется ген LSM14A, обеспечивающий иммунный ответ на вирусы. Его участие предполагает различные уровни резистентности к инфекционным агентам и способность противостоять патогенам окружающей среды. Ген MIP, связанный со зрительным восприятием, указывает на возможность различий в поведенческих реакциях и приспособляемости к изменениям условий внешней среды. Обнаруженная дифференциация генов PTGES3 (развитие кожи) и TMEM231 (развитие сосудов), вероятно, свидетельствует о различиях в формировании кожного покрова и кровеносной системы, что может свидетельствовать о наличии некоторых популяционных особенностей в поддержании гомеостаза и терморегуляции.

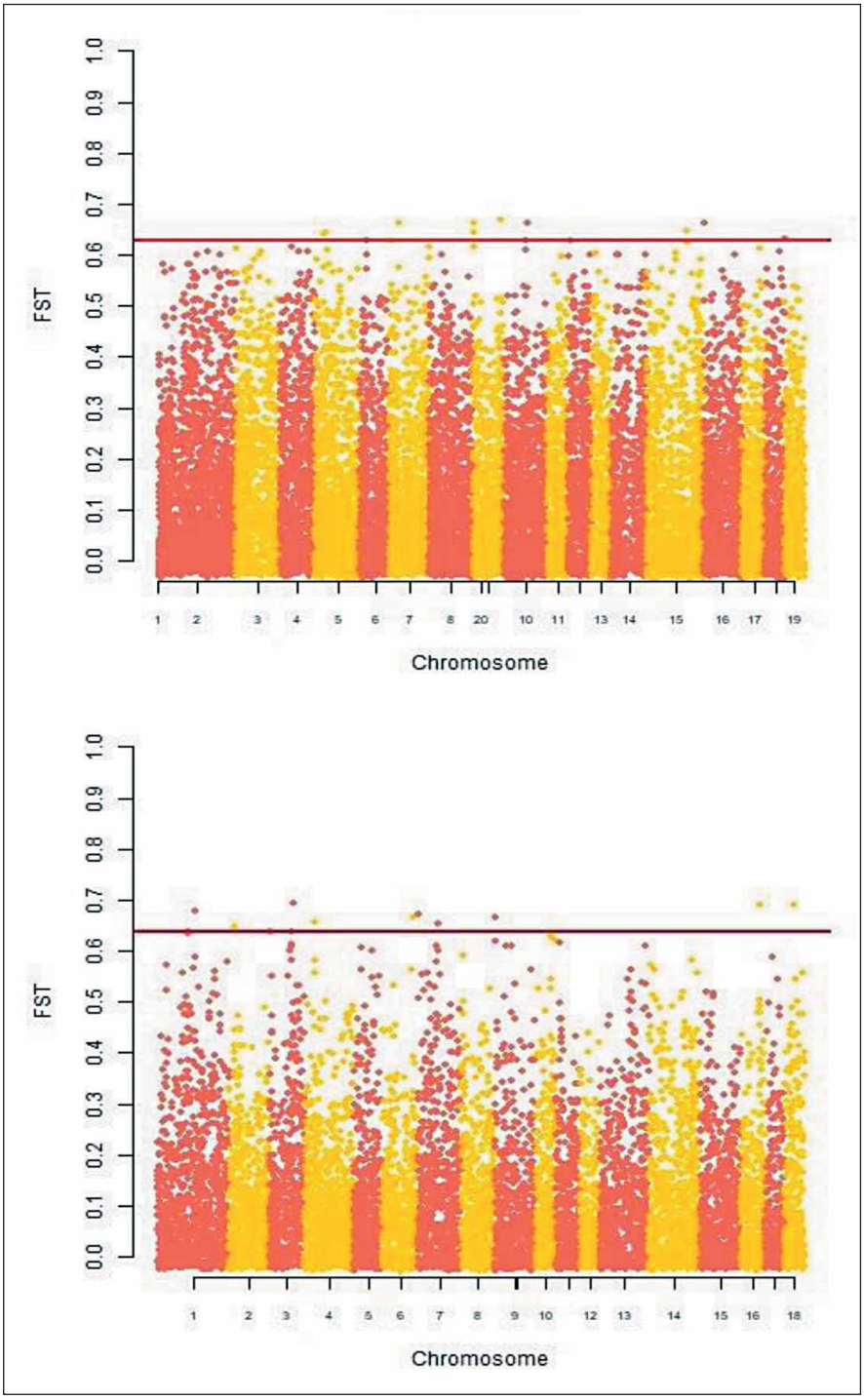

Рис. Генетическая дифференциация по значениям FST изучаемых пород свиней (сверху вниз): 1) Манг1 и Манг2; 2) Манг1 и Манг3

На основании комплексного анализа попарного сравнения группы Манг1 и Манг3 выявлено семь функциональных генов, охватывающих широкий спектр жизненно важных процессов и оказывающих значительное влияние на фенотипические проявления, физиологическое состояние и продуктивные качества животных.

Так, ген ALX4 задействован в развитии волосяного фолликула, мышечных органов, пищеварительного тракта и постэмбриональный онтогенез, в частности во внешний вид и структуру шерсти.

Гены ACCS и ACCSL участвуют в процессе метаболизма аминокислот,

что крайне важно для синтеза белков, энергетического обмена и общего питания организма.

Ген LHCGR – ключевой регулятор развития фолликулов яичника и матки, отвечающий за половое созревание самок и их репродуктивную функцию.

Ген ARNT2 активируется в условиях гипоксии, обеспечивая адекватную адаптацию к недостатку кислорода, а также играет центральную роль в эмбриональном развитии мозга, в том числе формируя основы когнитивных способностей.

Ген FAXDC2 принимает активное участие в биосинтезе липидов, влияя на жировой обмен, отложение подкожного жира и качество мясной продукции.

Ген HAND1 взаимосвязан с важнейшим фактором ангиогенеза, формирования сердечных камер, межжелудочковой перегородки и всей сердечно-сосудистой системы.

Заключение

Проведенный анализ FST трех популяций породы мангалица (группы Манг1 и Манг2, а также группы Манг1 и Манг3) российской и зарубежной селекции позволил выявить ряд существенных генетических различий, отражающих глубокие селекционные изменения между исследованными группами.

Количественный анализ показал, что между группами Манг1 и Манг2 установлено генетическое сходство на уровне 64,7% с идентификацией 51 гена, причем в 11 из них обнаружены SNP-маркеры, локализованные на 4-й, 5-й, 6-й, 8-й, 9-й, 11-й, 14-й и 15-й хромосоме. Между группами Манг1 и Манг3 зафиксировано генетическое сходство 66,8% с выявлением 35 генов, из которых четыре содержат SNP-маркеры на 1-й, 2-й, 3-й и 9-й хромосоме.

Идентифицированные гены охватывают широкий спектр важнейших биологических процессов, критичных для жизнедеятельности и продуктивности свиней.

Структурные и опорно-двигательные аспекты: гены RSPO2, IBSP, SSP1, MEPE, EVC, ALX4 ответственны за минерализацию костей, остеогенез, образование биоминеральных тканей, онтогенез мышц и пищеварительного тракта. Указанные различия могут оказывать влияние на прочность скелета, физическую выносливость и общее физическое развитие животных.

Таблица. Функциональная аннотация выявленных генов по веб-базе DAVID

№ хромосомы	Ген	GOTERM_BP*
Группа Манг1 и Манг2		
4	**RSPO2**	GO:0030282, GO:0035115, GO:0035116
5	MIP	GO:0007601
	GLS2	GO:0072593
	PTGES3	GO:0043588
6	GABARAPL2	GO:0006995
	TMEM231	GO:0001944
	LOC100522551	GO:0005975
	LSM14A	GO:0051607
8	PSAPL1	GO:0019216
	EVC	GO:0003416
	PKD2	GO:0001892
	SPP1	GO:0001503
	MEPE	GO:0031214
	IBSP	GO:0001503, GO:0030282
9	CD55	GO:0097225
	LOC100736569	GO:0007338
15	ACVR2A	GO:0007283, GO:0030501, GO:0042713
Группа Манг1 и Манг3		
2	ALX4	GO:0001942, GO:0007517, GO:0009791, GO:0048565
	ACCS	GO:0006520
	ACCSL	GO:0006520
3	LHCGR	GO:0001541, GO:0060065
7	ARNT2	GO:0001666, GO:0001701, GO:0007420
16	FAXDC2	GO:0008610
	HAND1	GO:0001525, GO:0001707, GO:0001947, GO:0003144, GO:0003218, GO:0003219, GO:0055010, GO:0060411, GO:0060485, GO:0060536

*GOTERM_BP – запись в базе данных онтологии генов (Gene Ontology, https://geneontology.org/) согласно биологическому процессу, в котором участвует продукт гена.

Репродуктивная сфера: гены CD55, ACVR2A, LHCGR, LOC100736569 определяют особенности половой зрелости, фертильность, структуру сперматозоидов и овуляцию, что потенциально объясняет различия в плодовитости и репродуктивном поведении между популяциями.

Метаболизм и питательная ценность: гены GLS2, PSAPL1, LOC100522551, ACCS, ACCSL, FAXDC2 влияют на метаболизм аминокислот, липидов и углеводов, что имеет прямое отношение к росту, откорму, качеству мяса и способности животных адаптироваться к различным рационам кормления.

Иммунитет и защитные реакции: активность гена LSM14A отражает различия в иммунной защите и устойчивости к патогенным микроорганизмам, что может определять восприимчивость к заболеваниям и стрессоустойчивость.

Сенсорные и адаптационные механизмы: участие гена MIP в зрительном восприятии указывает на возможные различия в поведенческих реакциях и способности приспосабливаться к изменениям окружающей среды.

Сердечно-сосудистая и кожная система: гены PTGES3, TMEM231, HAND1 обеспечивают функционирование кожных покровов, поддержание гомеостаза, терморегуляции и нормального кровообращения, что отражается на общем состоянии здоровья животных.

Наблюдаемые генетические различия, вероятно, обусловлены длительным процессом селекции, нап-

равленным на усиление определенных хозяйственно ценных признаков, природной дивергенцией вследствие географической изоляции популяций и адаптацией к локальным условиям среды обитания.

Полученные результаты обладают высокой научной и практической ценностью, так как предоставляют уникальную базу знаний для дальнейшей селекционной работы, мониторинга генетического разнообразия и разработки инновационных методов управления качеством потомства. Результаты могут использоваться для:

• разработки стратегий эффективного разведения и увеличения продуктивности породы мангалица;

• предсказания и контроля проявлений целевых признаков в будущих поколениях;

• сохранения и рационального использования уникальных генетических ресурсов породы.

Таким образом, проведенный анализ представляет собой важный этап в понимании генетической архитектуры породы мангалица и открывает перспективные направления для дальнейших исследований и практических приложений в области животноводства.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект №23-46-00014

Литература

1. Белоусов Д.А., Шляхтин Г.А. Возрождение редкой породы свиней. Животноводство России, 2018. №12. С. 34–38.

2. Волков Н.И., Иванов М.П. Особенности разведения свиней породы мангалица в условиях российского климата. Российский ветеринарный журнал. Серия зоотехническая, 2020. №4. С. 21–26.

3. Горелова Е.В., Сергеева Л.Н. Исторические аспекты происхождения и распространения породы свиней мангалица. Вестник сельскохозяйственной науки, 2017. №3. С. 45–51.

4. Дмитриев Ю.С. Экстерьерные особенности свиней породы мангалица. Научные труды Кубанского государственного аграрного университета, 2019. Т. 25. №1. С. 112–118.

5. Зайцев Г.Н., Петров А.Л. Продуктивные качества свиней породы мангалица. Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана, 2016. Т. 234. С. 123–129.

6. Карпенко Л.М., Сидорова И.Ю. Современное состояние и перспективы разведения свиней породы мангалица в России. Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета, 2021. №58. С. 101–107.

7. Козлов А.Г., Федоров В.Д. Мясные качества свиней породы мангалица и их значение для производства деликатесов. Мясная индустрия, 2019. №6. С. 32–37.

8. Кузнецов В.Ф., Смирнова Т.Е. Развитие отрасли свиноводства и роль редких пород в современных экономических условиях. Экономика сельскохозяйственных и перерабатывающих предприятий, 2020. №8. С. 45–50.

9. Лебедев Н.К., Попов И.Б. Проблемы снижения генетического разнообразия в современном животноводстве// Агропромышленный комплекс: состояние, проблемы, перспективы//Материалы Всероссийской научно-практической конференции. 2018. С. 124–129.

10. Морозова О.Р., Иванова Е.В. Цветовая классификация свиней породы мангалица и ее влияние на коммерческий успех. Сборник научных трудов Всероссийского НИИ животноводства, 2017. Вып. 12. С. 87–93.

11. Kristensen T.N., Hoffmann A.A., Pertoldi C., Stronen A.V. What can livestock breeders learn from conservation genetics and vice versa? Frontiers in Genetics, 2015. Vol. 6. Art. 38. DOI: 10.3389/fgene.2015.00038.

12. Харзинова В.Р., Акопян Н.А., Доцев А.В., Денискова Т.Е., Сермягин А.А., Карпушкина Т.В., Соловьева А.Д., Брем Г., Зиновьева Н.А. Генетическое разнообразие и филогенетические взаимосвязи пород свиней, разводимых в России, на основе анализа полиморфизма D-петли мтДНК. Генетика, 2022. Т. 58. №8. С. 920–932. DOI: 10.31857/S0016675822080045.

13. Коновалова Е.Н., Костюнина О.В., Романенкова О.С., Волкова В.В. Генетический дефект остеопетроза КРС: создание диагностического ДНК-теста и анализ частоты встречаемости животных-носителей мутации в российских популяциях. Проблемы биологии продуктивных животных, 2019. №3. С. 20–26. DOI: 10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2019.3.20-26.

14. Коновалова Е.Н., Романенкова О.С., Костюнина О.В. Мутации гена миостатина у крупного рогатого скота абердин-ангусской и бельгийской голубой пород российской популяции. Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии, 2020. №1. С. 311–314. DOI: 10.17238/issn2072-6023.2020.1.311.

15. Отаров А.И., Каюмов Ф.Г., Третьякова Р.Ф. Оценка мясной продуктивности и качества мяса бычков разных генотипов в предгорной и горной зонах Кабардино-Балкарской Республики. Животноводство и кормопроизводство, 2021. №104(2). С. 56–64.

16. Smyser T., Pfaffelhuber P., Giglio R., DeSaix M., Davis A., Bowden C., Tabak M., Manunza A., Bâlteanu V., Amills M., Lacolina L., Walker P., Lessard C., Piaggio A. Probabilistic genetic identification of wild boar hybridization to support control of invasive wild pigs (Sus scrofa). Dryad, 2024. DOI: 10.5061/dryad.tqjq2bw48.

ЛЕНТА НОВОСТЕЙ

С 1 сентября в России заработали поправки к ветеринарным правилам по борьбе с АЧС

Изменения утверждены приказом Министерства сельского хозяйства России от 14 ноября 2024 года №690 и будут действовать до 1 марта 2027 года. Ключевым нововведением стало расширение оснований для подозрения на АЧС. Теперь поводом к ним является скармливание свиньям пищевых отходов и продукции охоты, полученной от диких кабанов. Ранее данный пункт касался только продукции, ввезенной из неблагополучных по АЧС регионов. Также уточнены правила отбора контрольных проб у свиней для профилактики заболевания и установлены новые ограничения для охотничьих хозяйств после выявления очагов инфекции. Срок ограничения на ввоз свиней после снятия карантина в хозяйстве сокращается с восьми до пяти месяцев.

Обновленные ветеринарные правила автоперевозок свиней нацелены на усиление мер биобезопасности. В частности, транспорт должен быть крытым и вентилируемым наружным воздухом с водонепроницаемым полом, не допускающим попадания продукции жизнедеятельности животных на дорогу. Обязательно должны быть емкости для хранения подстилочного материала, воды и корма, исключающие вытекание содержимого.

Кроме того, для перевозки свиней разных полов с разницей в весе свыше 20 кг должны использоваться перегородки для предотвращения контакта животных. Также регламентировано оформление ветеринарных документов, температура и режим перевозки кормов.