

АГРАРНЫЕ НАУКИ**AGRARIAN SCIENCES**

УДК 636.424.1:636.082.12

<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2023-67-2-168-176>

Поступило в редакцию 23.01.2023

Received 23.01.2023

А. А. Бальников, Ю. С. Казутова, академик И. П. Шейко*Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству,
г. Жодино, Республика Беларусь***НАПРАВЛЕНИЕ СЕЛЕКЦИОННО-ПЛЕМЕННОЙ РАБОТЫ ПО ФОРМИРОВАНИЮ
НОВОГО КОНКУРЕНТОСПОСОБНОГО ЗАВОДСКОГО ТИПА СВИНЕЙ ПОРОДЫ
ЙОРКШИР С ПРИМЕНЕНИЕМ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПРИЕМОВ И МЕТОДОВ**

Аннотация. Для реализации отечественных современных селекционных программ необходимо применять популяционно-генетические приемы и методы с целью создания новых типов линий с высокими продуктивными качествами, использование которых будет способствовать эффективному ведению племенного животноводства. Применение геномной селекции в отечественных селекционных программах ускоряет генетический прогресс в стадах за счет определения племенной ценности животных в раннем возрасте и тем самым способствует развитию местного животноводства и сокращению зависимости от импорта зарубежного племенного материала. В сообщении представлены данные исследований, целью которых было формирование селекционных стад создаваемого нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир с применением генетических приемов и методов. В рамках исследования проведен анализ генов-маркеров продуктивности и ДНК-тестирование по микросателлитным маркерам исходных генотипов. Установлено, что в популяциях молодняк с предпочтительными генотипами превосходил своих сверстников по продуктивным признакам на 1,95–42,3 % ($p \leq 0,05$). Использование анализа ДНК-МС животных, протестированных в базовых племенных предприятиях, позволило определить их генетическую принадлежность к белорусской популяции породы йоркшир на основе генетического расстояния и частотности аллелей в изучаемых локусах, которые находились в промежутке 5,665–11,084.

Ключевые слова: свиньи, порода йоркшир, селекция, племенные стада, гены маркеры, воспроизводительные откормочные и мясные качества

Для цитирования. Бальников, А. А. Направление селекционно-племенной работы по формированию нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир с применением генетических приемов и методов / А. А. Бальников, Ю. С. Казутова, И. П. Шейко // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2023. – Т. 67, № 2. – С. 168–176. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2023-67-2-168-176>

Arthur A. Balnikov, Yuliya S. Kazutova, Academician Ivan P. Sheiko*Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding,
Zhodino, Republic of Belarus***DIRECTION OF SELECTION AND BREEDING WORK ON THE FORMATION
OF A NEW COMPETITIVE FACTORY TYPE OF YORKSHIRE PIGS USING GENETIC TECHNIQUES
AND METHODS**

Abstract. For modern domestic breeding programs to be implemented, population genetic techniques and methods must be applied in order to create new types of lines with superior performance characteristics, the use of which will contribute to the efficient pedigree livestock farming. Genomic selection use in domestic breeding programs accelerates genetic progress in herds by determining the breeding value of animals at an early age, and thereby contributes to the development of local animal husbandry and to the reduction of dependence on imports of foreign pedigree material. The article contains the data of the studies that were aimed at forming breeding herds of a new competitive factory type of Yorkshire pigs with the use of genetic techniques and methods. The study included the analysis of productivity marker genes and DNA testing by microsatellite markers of the initial genotypes. It was found that in the populations, young animals with preferred genotypes outperformed their peers in productive traits by 1.95–42.3 % ($p \leq 0.05$). The use of the DNA-MS analysis of the animals tested at basic breeding enterprises allowed determining their genetic affiliation with the Belarusian population of the Yorkshire breed on the basis of the genetic distance and allele frequency in the loci under study that were in the range 5.665–11.084.

Keywords: pigs, Yorkshire breed, selection, pedigree herds, marker genes, reproductive, fattening and meat traits

For citation. Balnikov A. A., Kazutova Y. S., Sheiko I. P. Direction of selection and breeding work on the formation of a new competitive factory type of yorkshire pigs using and genetic techniques and methods. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2023, vol. 67, no. 2, pp. 168–176 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2023-67-2-168-176>

Введение. В реализации современных селекционных программ не обойтись без применения популяционно-генетических приемов и методов с целью создания новых типов линий с высокими продуктивными качествами для эффективного процесса разведения и совершенствования отечественного племенного животноводства [1; 2]. Линии создаются в процессе длительной целенаправленной селекционной работы с отдельными животными и родственными группами, которые должны обладать новыми положительными качествами и быть улучшателями в стаде. Конечная цель разведения – консолидация продуктивных качеств всей популяции. Таким образом, создание линий – это целенаправленная работа, основанная на методических принципах подбора родоначальников линий, комплексной системе оценки, отбора и подбора генетического племенного материала в ряде поколений [2]. Для совершенствования продуктивных качеств животных необходимо использовать весь имеющийся в распоряжении специалистов селекционный материал по изменчивости и наследуемости отдельных признаков, целесообразно изучение породных особенностей с применением генетических приемов и методов оценки [3; 4].

Геномная селекция – технология, позволяющая улучшить генофонд популяций сельскохозяйственных животных, используя информацию о ДНК-маркерах, ассоциированных с проявлением экономически значимых признаков. Ее применение в отечественных селекционных программах ускоряет генетический прогресс в стадах за счет определения племенной ценности животных в раннем возрасте и тем самым способствует развитию местного животноводства. Только геномная селекция по локальной референтной базе позволяет сократить зависимость от импортного племенного материала [5].

Последние открытия в области ДНК-технологии предоставили возможность оперативнее и точнее вести селекционный процесс в животноводстве. Работы по изучению иммуногенетических маркеров и полиморфных белков свидетельствуют о положительной корреляции отдельных генотипов генов с хозяйственно полезными признаками, но в основном являются спецификой отдельных стад и пород животных. Задача поиска маркеров на уровне ДНК значительно упростилась с появлением метода амплификации фрагментов ДНК с помощью полимеразой цепной реакции (ПЦР). В настоящее время метод геномной диагностики находит все большее применение в селекционной практике для идентификации и маркирования отдельных животных, анализа частоты родословных, определения сходства–различия генотипов, определения степени их гетерозиготности в популяционных исследованиях. Ученые пока не пришли к единому мнению о влиянии генов ESR, MC4R и др. на продуктивность свиней различных генотипов. Таким образом, необходимо проводить дальнейшие исследования по ДНК-генотипированию как помесных, так и чистопородных свиней с целью окончательного выявления влияния генов на их продуктивность. Решение этой проблемы позволит более эффективно вести селекцию свиней, особенно при выведении новых типов, как по продуктивности, так и другим хозяйственно полезным признакам [5–10]. Важным направлением в области генетики является контроль достоверности происхождения и характеристики генетического разнообразия животных на основе STR-маркеров. Анализ ДНК-маркеров позволяет получать информацию о состоянии аллелофонда и генетической структуре пород и популяций сельскохозяйственных животных, оценивать степень генетического родства между ними, выявлять неточности в сведениях о достоверности происхождения индивидуумов [10; 11]. Для этого широко используют микросателлиты или STR (Short Tandem Repeats) – высоко полиморфные короткие tandemные повторы с кодоминантным типом наследования. Информативность результатов исследований микросателлитов повышается с увеличением количества изучаемых локусов и степени их полиморфизма. Поэтому панели микросателлитов, пригодные для исследования одних пород, могут быть менее информативны для других. В связи с этим проведению исследований с использованием микросателлитов должен предшествовать анализ информативности применяемых STR-панелей [12; 13]. Актуальными являются исследования, направленные на разработку эффективных методов селекции и создание конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир, предусмотренного программой ГНТП «Инно-

вационные агропромышленные и продовольственные технологии» на 2021–2025 гг. [14]. Однако на начальных этапах необходимо сформировать селекционные стада создаваемого нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир на основе изучения генов-маркеров, ассоциированных с воспроизводительными, откормочными и мясными качествами, провести ДНК-тестирование микросателлитам.

Цель исследований – формирование селекционных стад создаваемого нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир с применением генетических приемов и методов.

Материалы и методы исследования. Объектом исследований были белорусские популяции создаваемого нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир, разводимых в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» Минской, КСУП «Черняховский-Агро» Гродненской, ЗАО «Витебскагропродукт» ПУ «Племрепродуктор Лепельский» и ЗАО «Витебскагропродукт» филиал «Тростянка» Витебской областей. В процессе выполнения научно-исследовательской работы проводилась оценка племенного молодняка по собственной продуктивности, по возрасту достижения живой массы 100 кг, среднесуточному приросту (г) от рождения до достижения живой массы 100 кг, прижизненным мясным качествам: толщине шпика (мм) и содержанию мяса в теле (%) с использованием прибора Piglog-105 (SFK Technology A/S, Дания). Оценку свиноматок по воспроизводительным качествам проводили с учетом следующих показателей: количество опоросов за период племенного использования, многоплодие (среднее число живых поросят в помете за период племенного использования свиноматки), масса гнезда (кг) и количество поросят (голов) к отъему и сохранность (%) в возрасте 26–30 дней. Плодовитость свиноматки определяли по общему количеству живых поросят, полученных за период племенного использования.

Анализ ДНК проводили в лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству». У исследуемых животных брали биопробы ткани уха, из которых выделяли ДНК методом ПЦР-ПДРФ для выявления генотипов животных, которые затем были сопоставлены с показателями продуктивности по следующим генам-маркерам: ESR, MC4R, MYF4, IGF-2. Выделение ДНК осуществляли с помощью колонок Nexttec (Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Германия) согласно протоколу фирмы-изготовителя. Обработку данных капиллярного электрофореза осуществляли путем перевода длин фрагментов в числовое выражение на основании сравнения их подвижности со стандартом ДНК по 9 и 11 STR-локусам (SO 155, SO 355, SO 005, SW 72, SW 951, SW 240, SW 857, SW 911, SW 936, SO 227, SO 90). Биометрическую обработку материалов исследований проводили методами вариационной статистики на персональном компьютере с использованием пакета программы Microsoft Excel по Е. К. Меркурьевой [15] и с плагином GenAIEx v. 6.5. Для оценки индивидуальной, внутри- и межпопуляционной изменчивости проводили анализ AMOVA (анализ молекулярной вариации). Обработку данных, полученных при изучении переноса генов, эффективного размера популяций, миграционных процессов, внутривидового распределения генетической изменчивости и степени дифференциации популяций осуществляли по Б. Вейру. Изменчивость микросателлитов в изучаемых популяциях свиней оценивали по значениям индекса фиксации Fst и Rst.

Результаты и их обсуждение. Современные исследования позволяют в различной степени проводить генетическую оценку и дифференциацию животных в популяции. Большое значение приобретает оценка особей, относящихся к различным популяциям, с использованием маркеров. В результате исследований нами проведен анализ генов-маркеров продуктивности и оценка ДНК-микросателлитов исходных генотипов, используемых в создании нового конкурентоспособного заводского типа свиней.

Наиболее перспективными для использования в селекции являются следующие. По воспроизводительным качествам – ген эстрогенового рецептора (ESR). Ген рецептора пролактина PRLR также является одним из маркеров плодовитости. Пролактин – гормон пептидной природы, выделяемый передней долей гипофиза в ответ на такие факторы, как эстроген. Ген IGF2 расположен на коротком плече 11-й хромосомы и кодирует инсулиноподобный фактор роста 2 по откормочным качествам. Ген MC4R (ген рецептора меланокортина 4) расположен на длинном плече 18-й хромосомы и кодирует нейрональный меланокортиновый рецептор MC4R, который участвует в регуляции пищевого поведения (подавляет аппетит) и энергетического баланса. Ген MYOD1 является одним из генов-кандидатов для определения полиморфизмов, ассоциированных

с интенсивностью роста и развития и, как следствие, с показателями мясной продуктивности. Он играет ключевую роль в миогенезе и связан с развитием мышц у млекопитающих, влияет на дифференцировку мышечных клеток. MYF4 существенно влияет на содержание мяса в туше, площадь «мышечного глазка».

Результаты молекулярно-генетического тестирования хряков белорусской популяции породы йоркшир по гену маркеру ESR представлены в табл. 1.

Таблица 1. Генотип хряков белорусской популяции породы йоркшир по гену маркеру ESR

Table 1. The genotype of the boars of the Belarusian population of the Yorkshire breed according to the gene marker ESR

Количество хряков, голов Number of boars, heads	Частота встречаемости Frequency of occurrence							
	генотипов genotypes						аллелей alleles	
	AA		AB		BB		A	B
	n	%	n	%	n	%		
РУП «Витебское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве»								
17	1	5,9	5	29,4	11	64,7	20,6	79,4
Филиал «Тростянка» ЗАО «Витебскагропродукт»								
13	–	–	3	23,1	10	76,9	11,55	88,45
РУСП «Гродненское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве»								
35	5	14,3	14	40,0	16	45,7	34,3	64,7
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»								
28	4	14,3	19	67,9	5	17,8	48,25	51,75

Установлено, что в популяциях хряков, разводимых в базовых племенных предприятиях, наибольший удельный вес предпочтительного генотипа ESR^{BB} (76,9 %) был у животных, разводимых в ЗАО «Витебскагропродукт» филиал «Тростянка», а наименьший показатель ESR^{BB} (17,8 %) – у хряков, содержащихся в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита».

Проведенное ДНК-тестирование свиноматок белорусской популяции породы йоркшир показало, что частота встречаемости генотипов эстрогенового рецептора (ESR), пролактинового рецептора (PRLR) у маток ($n = 18$), разводимых в ЗАО «Витебскагропродукт» ПУ «Племрепродуктор Лепельский», составила по предпочтительным генотипам ESR^{BB} 67,7 %. Результаты молекулярно-генетического тестирования этих животных по гену маркеру PRLR позволили выявить, что частота встречаемости генотипов PRLR^{AA} составила 55,6 %, PRLR^{AB} – 38,9, PRLR^{BB} – 5,5 %.

Лучшие показатели воспроизводительных качеств характерны для свиноматок с генотипом ESR^{BB}, которые превосходили аналоги с генотипом ESR^{AB} по многоплодию на 1,30 гол. (9,56 %), по количеству поросят и массе гнезда при отъеме – на 0,5 гол. (4,24 %) и на 1,60 кг (1,95 %).

По результатам молекулярно-генетического тестирования свиноматок белорусской популяции породы йоркшир по гену PRLR установлено, что матки с генотипом PRLR^{AB} превосходили по многоплодию аналоги с генотипом PRLR^{AA} на 0,7 гол. (4,90 %).

При изучении частоты встречаемости генотипов и аллелей локусов генов-маркеров откормочной и мясной продуктивности MC4R, MYOD1, MYF4 у белорусской популяции породы йоркшир установлено, что предпочтительными генотипами являются MC4R^{AA}, MYOD1^{CC} и MYF4^{AA}. Частота их встречаемости – 9,1–33,3 %. Частота предпочтительных аллелей составила 33,0–66,9 %.

Анализ ДНК по локусу гена IGF-2 племенных животных белорусской популяции породы йоркшир позволил выявить, что наибольшая частота встречаемости предпочтительных генотипов IGF-2^{QQ} (100 %) была у животных, разводимых в ЗАО «Витебскагропродукт» ПУ «Племрепродуктор Лепельский», а наименьшей частотой QQ (46,1 %) характеризовались особи, разводимые в ЗАО «Витебскагропродукт» филиал «Тростянка».

Установлено, что откормочный молодняк различных генотипов существенно различался по показателям продуктивности. Животные белорусской популяции породы йоркшир, используемые при создании нового конкурентоспособного заводского типа с генотипом AA по гену-маркеру MC4R, превосходили своих сверстников с генотипом AG и GG по возрасту достижения живой

массы 100 кг на 3,3–5,7 суток (2,03–3,45 %), по среднесуточному приросту – на 41,0–75,8 г (4,70–9,04 %) ($p \leq 0,001$). Аналогичная тенденция наблюдалась и по затратам кормов на 1 кг прироста, подсывинки с генотипом АА потребляли меньше корма на 0,3 кг (на 10 %) ($p \leq 0,001$) по сравнению с генотипом GG.

Послеубойная диагностика позволила сопоставить мясные качества с генами маркерами изучаемых показателей (табл. 2).

Т а б л и ц а 2. Мясные качества молодняка свиней различных генотипов по гену-маркеру MYOD1

T a b l e 2. Meat qualities of young pigs of different genotypes according to the marker gene MYOD1

Показатель Index	Генотип хряка Boar genotype		
	CC	AC	AA
<i>n</i>	32	57	34
Убойный выход, %	70,3 ± 0,33*	68,5 ± 0,35*	66,3 ± 0,31
Длина туши, см	101,5 ± 0,39*	98,8 ± 0,49*	95,8 ± 0,42
Толщина шпика над 6–7 грудными позвонками, мм	14,1 ± 0,56*	16,5 ± 0,49*	19,5 ± 0,37
Площадь «мышечного глазка», см ²	59,9 ± 1,89*	51,9 ± 1,68*	42,1 ± 1,23
Масса задней трети полутуши, кг	12,2 ± 0,08*	11,6 ± 0,11*	10,9 ± 0,11
Выход мяса в туше, %	67,2 ± 0,53*	64,4 ± 0,54*	60,8 ± 0,49

П р и м е ч а н и е: * – критерий достоверности $p \leq 0,001$.

N o t e: * – reliability criterion $p \leq 0,001$.

Установлено, что животные белорусской популяции породы йоркшир, используемые при создании нового конкурентоспособного заводского типа с генотипами CC и AC по гену MYOD1, превосходили подсывинков с генотипом АА по убойному выходу на 2,2–4,0 % ($p \leq 0,001$). Туши животных данных генотипов были самыми длинными – на 3,0–5,7 см (3,13–5,94 %) ($p \leq 0,001$) по сравнению с аналогом генотипа АА. Наиболее тонким шпиком отличались подсывинки генотипов CC и AC: шпик был тоньше на 3,0–5,4 мм (15,4–27,7 %) ($p \leq 0,001$).

В изучаемой популяции животных молодняк белорусской популяции породы йоркшир с генотипами CC и AC превосходил генотип АА: по площади «мышечного глазка» – на 9,8–17,8 см² (23,4–42,3 %), по выходу мяса – на 2,8–6,4 п. п. ($p \leq 0,001$). Показатель массы задней трети полутуши был наилучшим у генотипов CC и AC и составил 11,6–12,2 кг, что на 0,7–1,3 кг (6,42–12,0 %) ($p \leq 0,001$) больше, чем у генотипа АА.

В результате анализа данных по гену-маркеру MYF4, влияющему на уменьшение толщины шпика, установлено, что наименьшим слоем хребтового шпика в области холки (26,8–27,8 мм) отличались туши подсывинков йоркшир предпочтительных генотипов MYF4^{AG} и MYF4^{AA}, что на 8,7–9,7 мм (23,8–26,6 %) ($p \leq 0,001$) ниже аналогичных показателей туш животных генотипа MYF4^{GG}. Что касается равномерности распределения шпика вдоль хребта, то минимальное отложение его в области 6–7-го грудных позвонков наблюдалось у животных – носителей предпочтительных генотипов MYF4^{AG} и MYF4^{AA}, что на 5,4–6,1 мм (24,5–27,7 %) ($p \leq 0,001$) тоньше, чем у животных с генотипом GG. Самый тонкий слой шпика на пояснице отмечен у молодняка аналогичных генотипов, у которых данный показатель составил 16,5–17,3 мм, что на 6,6–7,4 мм (27,6–31,0 %) ($p \leq 0,001$) меньше, чем у аналогов с аллелями GG. Минимальные значения толщины шпика (15,8–16,9 мм) в области крестца фиксировались у подсывинков генотипов MYF4^{AG} и MYF4^{AA}, что на 9,3–10,4 мм (35,5–39,7 %) ниже, чем у подсывинков генотипа GG. На хребте у молодняка по гену MYF4 разница между наибольшей и наименьшей толщиной шпика находилась в пределах от 11 и 11,2 мм у лучших генотипов, у худших она была на 2,8–3,0 мм (20,0–21,4 %) больше.

В исследованных популяциях создаваемого типа породы йоркшир установлены 55 аллелей по 11 микросателлитным локусам. Исследования по генетическому тестированию молодняка белорусской популяции породы йоркшир, разводимого в базовых племенных предприятиях на основе микросателлитного анализа по 11 STR-локусам (SO 005, SO 090, SO 155, SO 227, SO 355, SW 240, SW 72, SW 857, SW 911, SW 936, SW 951), выполняли с использованием методик ВИЖ. Обработку данных капиллярного электрофореза осуществляли путем перевода длин фрагментов в числовое выражение на основании сравнения их подвижности со стандартом ДНК. Наибольшей

вариабельностью характеризовались локусы SO 005 (9 аллелей), SW 240, SW 857 и SW 936 (7 аллелей), а наименьшей – SO 155 и SO 227 (3 аллеля), остальные локусы занимали промежуточное положение (4–6 аллелей).

Анализ встречаемости аллелей у животных различных популяций породы йоркшир по изучаемым локусам микросателлитов ДНК показал, что наибольшее число аллелей (N_a) было у животных, разводимых в РУП «Витебское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве», – $4,909 \pm 0,563$ (табл. 3).

Т а б л и ц а 3. Генетическое разнообразие популяции свиней породы йоркшир, разводимых в племенных предприятиях республики

Table 3. Genetic diversity of the population of Yorkshire pigs bred in breeding enterprises of the republic

Показатель Index	Популяция Population				Среднее по популяциям
	Филиал «Тростянка»	Племрепродуктор Лепельский	Витебское племпредприятие	ЖодиноАгроПлемЭлита	
Среднее число аллелей	$3,273 \pm 0,273$	$3,364 \pm 0,244$	$4,909 \pm 0,563$	$4,273 \pm 0,449$	$4,043 \pm 0,235$
Среднее число информативных аллелей	$2,636 \pm 0,152$	$3,182 \pm 0,263$	$3,545 \pm 0,340$	$3,727 \pm 0,407$	$3,390 \pm 0,192$
Среднее число эффективных аллелей в популяции, N_e	$2,226 \pm 0,154$	$2,529 \pm 0,268$	$2,695 \pm 0,271$	$2,752 \pm 0,345$	$2,605 \pm 0,162$
Индекс Шеннона, I	$0,900 \pm 0,069$	$0,965 \pm 0,096$	$1,130 \pm 0,117$	$1,077 \pm 0,118$	$1,035 \pm 0,059$
Приватные аллели, Pr	–	$0,091 \pm 0,091$	$0,818 \pm 0,226$	$0,182 \pm 0,122$	$0,319 \pm 0,095$

Различия между другими популяциями составляли 12,8–33,3 %. Характерно, что в отношении уровня аллельного разнообразия у различных популяций (N_e) эффективного числа аллелей на один локус больше отмечено у животных в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» ($N_e = 2,752 \pm 0,345$). При анализе животных, участвующих в создании нового конкурентоспособного заводского типа, разводимого в различных хозяйствах, установлено наибольшее количество «приватных» аллелей у животных РУП «Витебское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве» ($Pr = 0,818 \pm 0,226$), а среднее по всем популяциям количество приватных аллелей $Pr = 0,319 \pm 0,095$. Низкие значения рассчитанного индекса Шеннона для популяции, равного 1,035, указывают на высокую генетическую однородность оцененных хряков.

В результате проверки соотношения различных частот генетического равновесия Харди–Вайберга установлено, что в популяциях создаваемого заводского типа породы йоркшир, разводимых в племенных предприятиях, от равновесного состояния отклоняется наибольшее число локусов в изучаемых популяциях (10 из 11 исследуемых). В то же время у свиней в популяции, принадлежащей ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», по локусу SW 72 отмечено генетическое равновесие 0,017 ($p < 0,01$), что может быть обусловлено ассоциированностью с каким-либо признаком, находящимся под влиянием отбора и подбора. Анализ частот популяционного разнообразия показал, что у животных, разводимых в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», была наибольшая вариация частот в локусах – от 0,017 до 0,998, а наименьшая (0,198 до 0,762) – у свиней в филиале «Тростянка», что может быть связано с наличием приватных аллелей в данных локусах.

В табл. 4 приведены результаты анализа генетического разнообразия исследуемых популяций свиней породы йоркшир, используемых при создании нового конкурентоспособного заводского типа.

Наблюдаемая степень гетерозиготности в исследуемых популяциях породы йоркшир находилась в пределах от $0,513 \pm 0,069$ у животных, разводимых в ЗАО «Витебскагропродукт» филиал «Тростянка», до $0,636 \pm 0,065$ у животных РУП «Витебское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве».

На основании результатов исследований установлен высокий уровень наблюдаемой гетерозиготности, который повлиял на отрицательное значение коэффициента инбридинга (Fis), а значит, животные различных популяций характеризовались смещением генетического разнообразия в сторону небольшого избытка гетерозигот. Наибольшей величиной значения отрицательного инбридинга отличались животные, полученные в филиале «Тростянка» ЗАО «Витебскагро-

Таблица 4. Показатели генетического разнообразия животных различных популяций породы йоркшир на основе 11 STR-локусов

Table 4. Indicators of genetic diversity of animals from different populations of the Yorkshire breed based on 11 STR loci

Популяция Population	Степень гетерозиготности Degree of heterozygosity		Разница H_o-H_e «+/-» – избыток/дефицит гетерозигот Difference H_o-H_e “+/-” – excess/deficiency of heterozygotes
	Фактическая, H_o Actual, H_o	Ожидаемая, H_e Expected, H_e	
Филиал «Тростянка»	$0,629 \pm 0,051$	$0,529 \pm 0,033$	$-0,184 \pm 0,046$
Племрепродуктор Лепельский	$0,513 \pm 0,069$	$0,554 \pm 0,049$	$0,097 \pm 0,073$
Витебское племпредприятие	$0,636 \pm 0,065$	$0,577 \pm 0,054$	$-0,093 \pm 0,038$
ЖодиноАгроПлемЭлита	$0,609 \pm 0,059$	$0,579 \pm 0,053$	$-0,056 \pm 0,046$

продукт» ($-0,184 \pm 0,046$), а наименьшей – в ЗАО «Витебскагропродукт» ПУ «Племрепродуктор Лепельский» с положительным минимальным значением ($0,097 \pm 0,073$).

Наблюдаемый уровень гетерозиготности (H_o) среди животных изучаемых популяций находился в пределах от 51,3 до 63,6 %.

В своих исследованиях по определению генетической принадлежности особей к различным популяциям с учетом происхождения (вероятность идентификации к популяции) мы использовали Assignment-тест, который показывает, насколько далеко находится друг от друга каждая особь в той или иной популяции при условии независимого наследования локуса и генетического разнообразия. Анализ, проведенный по 11 локусам ДНК-МС, показал высокую идентичность особей в популяциях. Они расположены в одной плоскости и на небольшом расстоянии друг от друга. На более вероятную популяцию указывают наименьшие величины присвоения животных к имеющимся популяциям, используемым при создании нового конкурентоспособного заводского типа породы йоркшир, полученные на основании преобразования логарифмических вероятностей в положительные значения. Среди животных, протестированных из ЗАО «Витебскагропродукт» филиал «Тростянка», 11 из 12 находятся в промежутке 5,665–8,911, ЗАО «Витебскагропродукт» ПУ «Племрепродуктор Лепельский» 12 из 17 были в промежутке 7,206–9,291, у животных РУП «Витебское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве» 12 из 16 находились в промежутке 6,665–13,003, ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» из 30 животных 22 были в промежутке 5,493–11,084.

Анализ, проведенный по 11 локусам ДНК-МС, показал высокую идентичность особей в четырех популяциях. Животные, протестированные в изучаемых популяциях, находятся в одной плоскости, это характеризует их как единство племенного стада породы йоркшир. Генетические дистанции между исследуемыми популяциями свиней в виде матрицы генетического сходства различных племенных стад друг с другом, используемых при создании в белорусском заводском типе свиней породы йоркшир, разводимых в РУП «Витебское племпредприятие», ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ЗАО «Витебскагропродукт» филиал «Тростянка», ЗАО «Витебскагропродукт» ПУ «Племрепродуктор Лепельский» показаны в табл. 5. Наибольшее генетическое сходство было отмечено между популяциями ПУ «Племрепродуктор Лепельский» и филиал «Тростянка» и ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и филиал «Тростянка» (0,126 и 0,127). Таким образом, наибольшая удаленность между исследуемыми популяциями отмечена между ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и РУП «Витебское племпредприятие» (0,08).

Относительно близкое родство между животными, разводимыми в различных хозяйствах, обусловлено, по-видимому, использованием в селекционных программах животных, происшедших от одного корня и со схожей генетической структурой.

Проведенные исследования привели к разработке дендограммы филогенетического родства свиней различного происхождения в белорусской популяции свиней породы йоркшир, используемой при создании нового конкурентоспособного заводского типа. В ее основу положены генетические дистанции между исследуемыми группами свиней в виде матрицы генетического сходства различных популяций друг с другом. Наибольшее генетическое сходство отмечено между животными популяций ЗАО «Витебскагропродукт», ПУ «Племрепродуктор Лепельский» и ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита». Животные остальных племенных стад могут относиться к различному корню происхождения.

Таблица 5. Генетическое расстояние между животными белорусской популяции породы йоркшир, разводимыми в племенных предприятиях Республики Беларусь, рассчитанное по (Nei)

Table 5. Genetic distance between animals of the Belarusian population of the Yorkshire breed bred in breeding enterprises of the Republic of Belarus, calculated according to (Nei)

Племенные предприятия Республики Беларусь	Филиал «Тростянка»	Племрепродуктор Лепельский	Витебское племпредприятие	ЖодиноАгроПлемЭлита
Филиал «Тростянка»	*			
Племрепродуктор Лепельский	0,126	*		
Витебское племпредприятие	0,254	0,229	*	
ЖодиноАгроПлемЭлита	0,127	0,075	0,08	*

Установлено, что популяция РУП «Витебское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве», используемая при создании нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир, находится на удаленном расстоянии, что видно из построенного генеалогического древа и образования отдельной ветки, это может указывать на различия в их происхождении с различиями в направлении селекции.

Заключение. Сформированы селекционные стада создаваемого нового конкурентоспособного заводского типа свиней породы йоркшир, изучены гены-маркеры, ассоциированные с продуктивными качествами, проведено ДНК-тестирование по микросателлитным маркерам исходных генотипов. Установлено, что в популяциях молодняк с предпочтительными генотипами превосходил своих сверстников по продуктивным признакам на 1,95–42,3 % ($p \leq 0,05$).

В исследованных популяциях были установлены 55 аллелей по 11 микросателлитным локусам. Наибольшей вариабельностью характеризовались локусы SO 005 (9 аллелей), SW 240, SW 857 и SW 936 (7 аллелей), а наименьшей – SO 155 и SO 227 (3 аллеля). Анализ встречаемости аллелей у животных различных популяций породы йоркшир по изучаемым локусам ДНК-микросателлитов показал, что наибольшее число аллелей (N_a) было у животных, разводимых в РУП «Витебское племпредприятие» «Центр селекции и генетики в свиноводстве», – $4,909 \pm 0,563$. Характерно, что в отношении уровня аллельного разнообразия у различных популяций (N_e) эффективного числа аллелей на один локус больше отмечено у животных в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» ($N_e = 2,752 \pm 0,345$). В среднем по всем популяциям количество частных аллелей составляло $Pr = 0,319 \pm 0,095$. Наблюдаемая степень гетерозиготности в исследуемых популяциях породы йоркшир находилась в пределах 0,513–0,636, а ожидаемая – 0,529–0,579. На более вероятную популяцию указывают наименьшие величины присвоения животных к имеющимся популяциям, полученные на основании преобразования логарифмических вероятностей в положительные значения с применением Assignment-теста. Использование анализа ДНК-МС животных, протестированных в базовых племенных предприятиях, позволило определить их генетическую принадлежность к белорусской популяции породы йоркшир на основе генетического расстояния и частотности аллелей в изучаемых локусах, которые находились в промежутке 5,665–11,084.

Список использованных источников

1. Погодаев, В. А. Продуктивность свиноматок в процессе выведения южной мясной (беконной) породы свиней / В. А. Погодаев, А. Д. Пешков, Е. И. Пурская // Зоотехния. – 2012. – № 4. – С. 21–22.
2. Филенко, В. Ф. Принципы и методы формирования генеалогической структуры стада новой южной мясной (беконной) породы свиней / В. Ф. Филенко, Е. И. Растоваров, В. И. Гузенко // Вестн. Мичуринского гос. аграр. ун-та. – 2011. – № 2–1. – С. 185–188.
3. Головкова, И. А. Хозяйственно полезные признаки свиней крупной белой породы разных генеалогических групп / И. А. Головкова, Н. И. Татаркина // Вестн. Красноярского ГАУ. – 2021. – № 10 (175). – С. 121–127.
4. Кахикало, В. Г. Эффективность массового отбора крупной белой породы по воспроизводительным качествам / В. Г. Кахикало, О. В. Назарченко, С. В. Литвиненко // Главный зоотехник. – 2018. – № 1. – С. 4–9.
5. Зиновьева, Н. А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // Достижения науки и техники АПК. – 2011. – № 9. – С. 19–20.
6. Семенов, В. В. Воспроизводительные и откормочные качества свиней различных генотипов / В. В. Семенов, И. Г. Рачков // Свиноводство. – 2007. – № 2. – С. 31–32.
7. Способы повышения мясной продуктивности свиней / С. И. Кононенко [и др.] // Изв. Горского гос. аграр. ун-та. – 2014. – Т. 51, № 2. – С. 90–94.
8. Are polymorphisms in non-coding regions of porcine MyoD genes suitable for predicting meat and fat deposition in the carcass? / J. Kuryl [et al.] // Anim. Sci. Papers Rep. – 2002. – Vol. 20, N 4. – P. 245–254.

9. An association between the MyoD gene polymorphisms and carcass traits in two- and three-breed crossbred pigs / P. Urbanski [et al.] // *Anim. Sci. Papers and Rep.* – 2006. – Vol. 24, N 4. – P. 297–303.
10. Программа генетической экспертизы племенной продукции животных Российской Федерации, ее недостатки и совершенствование / С. Е. Тяпугин [и др.] // *Зоотехния*. – 2021. – № 9. – С. 2–4.
11. Relations between the polymorphism in the coding and 5'-flanking regions of the porcine MYODI and MYF5 genes and productive traits in pigs / P. Urbanski [et al.] // *J. Anim. Feed Sc.* – 2006. – Vol. 15, N 2. – P. 225–235. <https://doi.org/10.22358/jafs/66895/2006>
12. Statistical model and testing designs to increase response to selection with constrained inbreeding in genomic breeding programs for pigs affected by social genetic effects / T. T. Chu [et al.] // *Genetics, Selection, Evolution*. – 2021. – Vol. 53, N 1. – P. 1–16. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00598-8>
13. Population genetic structure and diversity of the East Balkan Swine (*Sus scrofa*) in Bulgaria, revealed by mitochondrial DNA and microsatellite analyses / K. Ishikawa [et al.] // *Anim. Sci. J.* – 2021. – Vol. 92, N 1. – Art. e13630. <https://doi.org/10.1111/asj.13630>
14. Программа по совершенствованию племенных и продуктивных качеств свиней породы йоркшир / И. П. Шейко [и др.]. – Жодино, 2022. – 20 с.
15. Меркурьева, Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных / Е. К. Меркурьева. – М., 1970. – 424 с.

References

1. Pogodaev V. A., Peshkov A. D., Purskaya E. I. Efficiency of sows in the process of raising the south meat (bacon) breed of pigs productivity. *Zootekhnika*, 2012, no. 4, pp. 21–22 (in Russian).
2. Filenko V. F., Rastovarov E. I., Guzenko V. I. Principles and methods of formation of family structure of the herd of new south meat (bacon) pig breeds. *Vestnik Michurinskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta* = *Bulletin of Michurinsky State Agrarian University*, 2011, no. 2–1, pp. 185–188 (in Russian).
3. Golovkova I. A., Tatarikina N. I. Large white pigs of different genealogical groups economically useful features. *Vestnik Krasnodarskogo GAU* [Bulletin of the Krasnodar State Agrarian University], 2021, no. 10 (175), pp. 121–127 (in Russian).
4. Kakhikalo V. G., Nazarchenko O. V., Litvinenko S. V. The effectiveness of mass selection of sows of large white breed according to the reproductive traits. *Glavnyi zootekhnik* = *Head of Animal Breeding*, 2018, no. 1, pp. 4–9 (in Russian).
5. Zinov'eva N. A., Gladyr E. A. Genetic expertise of agricultural animals: application of the test systems based on microsatellites. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK* = *Achievements of Science and Technology of AIC*, 2011, no. 9, pp. 19–20 (in Russian).
6. Semenov V. V., Rachkov I. G. Reproductive and fattening qualities of pigs of various genotypes. *Svinovodstvo* = *Pig breeding*, 2007, no. 2, pp. 31–32 (in Russian).
7. Kononenko S. I., Semenov V. V., Vorsina L. V., Lozovoy V. I. Methods for increasing efficiency of pigs meat productivity. *Izvestiya Gorskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta* [Izvestia of the Gorsky State Agrarian University], 2014, vol. 51, no. 2, pp. 90–94 (in Russian).
8. Kuryl J., Kapelanski W., Cieslak D., Pierzchala M., Grajewska S., Bocian M. Are polymorphisms in non-coding regions of porcine MyoD genes suitable for predicting meat and fat deposition in the carcass? *Animal Science Papers and Reports*, 2002, vol. 20, no. 4, pp. 245–254.
9. Urbanski P., Kapelanski W., Wyszynska-Koko J., Bocian M., Pierzchala M., Kuryl J. An association between the MyoD gene polymorphisms and carcass traits in two- and three-breed crossbred pigs. *Animal Science Papers and Reports*, 2006, vol. 24, no. 4, pp. 297–303.
10. Tyapugin S. E., Novikov A. A., Serdyuk G. N., Semak M. S., Kalashnikova L. A. The need to improve the system of genetic expertise of breeding products in the Russian Federation. *Zootekhnika*, 2021, no. 9, pp. 2–4 (in Russian).
11. Urbanski P., Pierzchala M., Kamyczek M., Rozycki M., Kuryl J. Relations between the polymorphism in the coding and 5'-flanking regions of the porcine MYODI and MYF5 genes and productive traits in pigs. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 2006, vol. 15, no. 2, pp. 225–235. <https://doi.org/10.22358/jafs/66895/2006>
12. Chu T. T., Henryon M., Jensen J., Ask B., Christensen O. F. Statistical model and testing designs to increase response to selection with constrained inbreeding in genomic breeding programs for pigs affected by social genetic effects. *Genetics, Selection, Evolution*, 2021, vol. 53, no. 1, pp. 1–16. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00598-8>
13. Ishikawa K., Doneva R., Raichev E. G., Peeva S., Doichev V. D., Amaike Yo., Nishita Yo., Kaneko Ya., Masuda R. Population genetic structure and diversity of the East Balkan Swine (*Sus scrofa*) in Bulgaria, revealed by mitochondrial DNA and microsatellite analyses. *Animal Science Journal*, 2021, vol. 92, no. 1, art. 13630. <https://doi.org/10.1111/asj.13630>
14. Sheiko I. P., Balnikov A. A., Kazutova Yu. S., Yanel I. P. *Program for improving the breeding and productive qualities of Yorkshire pigs*. Zhodino, 2022. 20 p. (in Russian).
15. Merkur'yeva E. K. *Biometrics in breeding and genetics of farm animals*. Moscow, 1970. 424 p. (in Russian).

Информация об авторах

Бальников Артур Анатольевич – канд. с.-х. наук, доцент, заведующий лабораторией. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222163, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by. ORCID: 0000-0002-6854-3576.

Казутова Юлия Сергеевна – науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222163, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by. ORCID: 0000-0001-7463-2666.

Шейко Иван Павлович – академик, д-р с.-х. наук, профессор, первый заместитель генерального директора. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222163, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: belniig@tut.by. ORCID: 0000-0002-4684-9830.

Information about the authors

Balnikov Arthur A. – Ph. D. (Agrarian), Associate Professor, Chief of the Laboratory. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Breeding (11, Frunze Str., 222163, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by. ORCID: 0000-0002-6854-3576.

Kazutova Yuliya S. – Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Breeding (11, Frunze Str., 222163, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by. ORCID: 0000-0001-7463-2666.

Sheiko Ivan P. – Academician, D. Sc. (Agrarian), Professor, The First Deputy Director General. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Breeding (11, Frunze Str., 222163, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: belniig@tut.by. ORCID: 0000-0002-4684-9830.