

АГРАРНЫЕ НАУКИ**AGRARIAN SCIENCES**

УДК 636.4.082:636.033

<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2025-69-4-342-352>

Поступило в редакцию 04.03.2025

Received 04.03.2025

**Академик И. П. Шейко¹, член-корреспондент Р. И. Шейко², Н. В. Приступа¹,
Е. А. Янович¹, Т. В. Портная¹, А. Ч. Бурнос¹, М. А. Каскасиан¹**

¹Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству,
г. Жодино, Республика Беларусь

²Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь

**СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПАРАМЕТРЫ СВИНЕЙ ПОРОДЫ ЛАНДРАС
В ПЛЕМЕННЫХ ПРЕДПРИЯТИЯХ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ**

Аннотация. Проведено ДНК-тестирование свиней породы ландрас по генам *RYR1*, *ESR*, *PRLR*, *MUC4*, *ECR F18/FUT1*, *H-FABP* (аллельные системы H и D) и по 15 ДНК-микросателлитам. Частота встречаемости предпочтительного генотипа по гену *RYR1*^{NN} составила 100 %. Желательные генотипы *PRLR*^{AA}, *H-FABP*^{HH} и *H-FABP*^{dd} встречались у свиней с частотой 10,0–73,3, 33,3–84,0 и 33,3–40,0 % соответственно. Устойчивых к эшерихиозу животных (генотип *ECR*^{AA}) не выявлено. Большинство свиней породы ландрас в племенных предприятиях были устойчивы к *E. coli* F4 и имели предпочтительный генотип *MUC4*^{CC} – 70,9 %. При анализе популяционно-генетических параметров на основе ДНК-МС у животных выявлено 110 аллелей. Число аллелей для локусов варьировало в пределах от 3 до 10. Наибольший уровень аллельного разнообразия установлен у животных, разводимых в ГП «ЖодиноАгро-ПлемЭлита», – 5,40 аллелей на локус. Точность отнесения к «своей» популяции по результатам Assignment-теста превышает 98 %. Установлен высокий уровень генетического сходства животных породы ландрас изучаемых популяций, коэффициенты генетического сходства составили 0,795–0,874.

Ключевые слова: генотипирование, свиньи, порода, полиморфизм, генотипы, концентрация, частота, аллель, маркеры, локус, ДНК-микросателлиты

Для цитирования. Селекционно-генетические параметры свиней породы ландрас в племенных предприятиях Республики Беларусь / И. П. Шейко, Р. И. Шейко, Н. В. Приступа [и др.] // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2025. – Т. 69, № 4. – С. 342–352. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2025-69-4-342-352>

**Academician Ivan P. Sheiko¹, Corresponding Member Ruslan I. Sheiko², Natalia V. Pristupa¹,
Elena A. Yanovich¹, Talina V. Portnaya¹, Anton Ch. Burnos¹, Margarita A. Kaskasian¹**

¹Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding, Zhodino,
Republic of Belarus

²Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

**SELECTION-GENETIC PARAMETERS OF LANDRACE PIGS AT BREEDING ENTERPRISES
OF THE REPUBLIC OF BELARUS**

Abstract. DNA testing of Landrace pigs was carried out for the genes *RYR1*, *ESR*, *PRLR*, *MUC4*, *ECR F18/FUT1*, *H-FABP* (allele systems H and D) and 15 DNA microsatellites. The frequency of occurrence of the preferred genotype for the *RYR1*^{NN} gene was 100 %. The desired genotypes *PRLR*^{AA}, *H-FABP*^{HH} and *H-FABP*^{dd} were identified in pigs with a frequency of 10.0–73.3 %, 33.3–84.0 % and 33.3–40.0 %, respectively. No animals were identified as being resistant to colibacillosis (*ECR*^{AA} genotype). The majority of Landrace pigs at breeding farms were resistant to *E. coli* F4 and had the preferred genotype *MUC4*^{CC} – 70.9 %. When analyzing population genetic parameters using microsatellite DNA data, 110 alleles were identified in animals. The number of alleles for the loci ranged from 3 to 10. The highest level of allelic diversity was identified in animals bred at SE “ZhodinoAgroPlemElita” – 5.40 alleles per locus. The accuracy of assignment of the studied animals to “their” respective population exceeds 98 %. A high degree of genetic similarity was identified among the Landrace breed animals of the studied populations. The coefficients of genetic similarity ranged from 0.795 to 0.874.

Keywords: genotyping, pigs, breed, polymorphism, genotypes, concentration, frequency, allele, markers, locus, microsatellite DNA

For citation. Sheiko I. P., Sheiko R. I., Pristupa N. V., Yanovich E. A., Portnaya T. V., Burnos A. Ch., Kaskasian M. A. Selection-genetic parameters of Landrace pigs at breeding enterprises of the Republic of Belarus. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2025, vol. 69, no. 4, pp. 342–352 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2025-69-4-342-352>

Введение. В Республике Беларусь важная роль в обеспечении населения полноценными продуктами питания отводится свиноводству. Успех в увеличении производства свинины во многом определяется интенсификацией отрасли, совершенствованием животных, улучшением селекционно-племенной работы с использованием достижений в области биотехнологии. Для постоянного повышения количественных и качественных показателей, обеспечивающих рентабельность животноводства, необходимы новые разработки и внедрение современных технологий, повышение эффективности использования существующих пород, линий и кроссов, создание новых и перспективных, что, в конечном счете, позволит успешно реализовать программы по обеспечению населения страны высококачественными продуктами питания отечественного производства.

Генетический прогресс в свиноводстве может быть достигнут только в результате комплексного применения традиционных методов селекции и современных ДНК-технологий [1; 2]. Известно, что большая часть селекционных признаков имеет полигенный характер, т. е. контролируется множеством генов. При этом изменчивость признаков под воздействием факторов внешней среды может достигать 50 %. В то же время имеются гены или группа генов, а точнее аллели этих генов, вклад которых в проявление того или иного признака продуктивности при любых условиях среды более значителен и имеет четко выраженный эффект. Такие гены называются основными генами количественных признаков (Quantitative Trait Loci, QTL). Молекулярно-генетические методы позволяют определить различия между животными по аллельным вариантам локусов ДНК, которые или непосредственно влияют на проявление признака, либо связаны с QTL, что делает возможным картирование этих локусов и проведение отбора животных непосредственно по генотипам, т. е. по генетическим маркерам [3]. Результаты ряда исследований свидетельствуют, что использование ДНК-маркеров в селекции позволяет повысить продуктивность животных до 20 % [4; 5]. В нашей республике потребность селекционной практики в эффективном использовании ДНК-маркирования продуктивных качеств животных возрастает с каждым годом, что обуславливает актуальность научных исследований в данной области.

Генетическая оценка животных стала гораздо эффективнее в связи с открытием семейств повторяющихся последовательностей, дислоцированных по всему геному (минисателлитов и микросателлитов). Благодаря высокой степени полиморфизма, а также относительно равномерному распределению по всему геному, наибольшее применение в геномном анализе сегодня находят микросателлиты (МС). Микросателлиты ДНК являются идеальными генетическими маркерами благодаря высокой полиморфности (в среднем 6–8 аллелей на локус), кодоминантному характеру наследования, постоянству в онтогенезе и известной локализации в геноме. Это позволяет продуктивно использовать этот тип маркеров в программах селекции. Наряду с использованием в качестве инструмента контроля происхождения животных, ДНК-микросателлиты находят практическое применение в выявлении степени генетических различий между различными породами, типами, стадами и генеалогическими группами животных, в характеристике линейной и внутрилинейной структуры стад. Исследования животных по ДНК-микросателлитам позволяет точнее оценить гетерозиготность популяции, т. е. ее генетическое разнообразие. Чем оно выше, тем легче животные адаптируются к окружающей среде, что имеет значение в селекции, в том числе при ввозе животных из-за границы. С помощью ДНК-микросателлитов можно оценить степень инбридинга и тем самым снизить вероятность близкородственного спаривания [6].

Цель работы – определение селекционно-генетических параметров животных породы ландрас, разводимых в племенных предприятиях Республики Беларусь, на основе ДНК-маркеров и ДНК-МС.

Материалы и методы исследования. Объектом исследования являлись свиньи породы ландрас, разводимые в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП», ЧУП «Полесье-Агроинвест» и ОАО «Василишки». У животных взяты пробы ткани (ушной выщип). В лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования

РУП «НПЦ НАН Беларуси по животноводству» проведены ДНК-тестирование животных методом ПЦР–ПДРФ по генам *RYR1*, *ESR*, *PRLR*, *MUC4*, *ECR F18/FUT1*, *H-FABP* (аллельные системы Н и D) и анализ по ДНК-МС. Выбор микросателлитных локусов осуществлен в соответствии с рекомендациями Международного общества генетики животных (International Society of Animal Genetics – ISAG). Стандартную панель маркеров составляют 15 STR-локусов: S0005, S0090, S0101, S0155, S0227, S0228, S0355, S0386, SW24, SW240, SW72, SW857, SW911, SW936 и SW951. После получения микросателлитных профилей сформирована матрица генотипов в формате Microsoft Excel. Статистическая обработка данных проведена по стандартным методикам [7] с использованием программного обеспечения GenAEx (версия 6.5).

Результаты и их обсуждение. Проведено генетическое тестирование свиней породы ландрас в племенных предприятиях ЧУП «Полесье-Агроинвест», ОАО «Василишки», ГП «ЖодиноАгро-ПлемЭлита», с-х филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» по генам *RYR1*, *ESR*, *PRLR*, *MUC4*, *ECR F18/FUT1* и *H-FABP* (аллельные системы Н и D).

В результате генетического тестирования по гену *RYR1* у всех подопытных животных идентифицирован генотип $RYR1^{NN}$ – стрессустойчивые носители. Гетерозиготная форма генотипа $RYR1^{Nn}$ (стрессустойчивые скрытые носители) и стрессчувствительный ген в гомозиготном состоянии $RYR1^{nn}$ у свиней в выше указанных предприятиях не были выявлены. Таким образом, отсутствие генотипов $RYR1^{Nn}$ и $RYR1^{nn}$ у молодняка породы ландрас свидетельствует о резистентности животных к стрессу. Свиньи данных популяций не подвержены проявлению симптомов злокачественной гипертермии, что указывает на отсутствие необходимости проведения у них в дальнейшем полномасштабной молекулярной генной диагностики стрессовой чувствительности. С целью исключения появления стрессчувствительных животных достаточно проведения диагностики ремонтных хрячков.

Улучшение воспроизводительных качеств – одна из основных целей селекции свиней материнских пород. Однако относительно невысокая наследуемость, значительная вариабельность и ограниченное проявление таких репродуктивных признаков свиноматок, как многоплодие, количество и масса живых поросят при рождении и к отъему, молочность, сдерживают результативность традиционной селекции. В связи с этим интерес представляет интеграция в селекционные программы ДНК-маркеров, ассоциированных с локусами количественных признаков репродуктивных качеств свиней (маркерная селекция), которая облегчает реализацию существующего генетического разнообразия в размножающихся популяциях и может быть использована для улучшения желательных признаков.

Поиск и использование предпочтительных аллелей генов, обуславливающих плодовитость, имеет большое значение в селекции, так как плодовитость характеризуется низкой величиной наследуемости ($h^2 = 0,01–0,1$). Одним из первых ДНК-маркеров репродуктивных признаков (число живорожденных поросят), рекомендованных для включения в селекционные программы, был ген эстрогенового рецептора (*ESR*). Этот ген кодирует альфа-рецептор гормонов эстрогенов, которые участвуют в регуляции активности репродуктивной системы самок. Ассоциация этого маркера с воспроизводительными признаками подтверждена многочисленными исследованиями как за рубежом, так и в нашей стране [8–10].

Ген пролактинового рецептора (*PRLR*) связан с функционированием репродуктивной системы и оказывает влияние на такие признаки у свиней, как количество и масса зародышей в матке, размер гнезда и выживаемость потомства. Рецептор пролактина является специфическим рецептором гормона передней доли гипофиза – пролактина, который в организме млекопитающих участвует в регуляции роста, метаболизма и размножения. Ген *PRLR* у свиней картирован на хромосоме 16 (SSC16), и его AluI/полиморфизм обуславливает наличие трех генотипов AA, BB и AB [11].

Результаты генетического тестирования свиней породы ландрас по генам *ESR* и *PRLR* представлены в табл. 1.

У животных установлен полиморфизм гена *ESR*, представленный двумя аллелями – ESR^A и ESR^B , идентифицированы генотипы: ESR^{AA} , ESR^{AB} и ESR^{BB} . Предпочтительный с точки зрения селекции генотип ESR^{BB} выявлен только у 4 голов свиней из 93 протестированных. Среди иссле-

двумого массива преобладали животные, носители гомозиготного генотипа ESR^{AA} , ассоциированного с низкими воспроизводительными качествами (82 %). В СГЦ «Заднепровский» генотипы ESR^{BB} и ESR^{AB} не обнаружены, все животные были носителями гомозиготного генотипа ESR^{AA} (100 %). Отсутствие генотипа ESR^{BB} установлено и у свиней в ЧУП «Полесье-Агроинвест».

Таблица 1. Генетическая структура животных породы ландрас по генам ESR и $PRLR$ Table 1. Genetic structure of Landrace animals according to ESR and $PRLR$ genes

Генотип, аллель Genotype, allele	ЧУП «Полесье-Агроинвест» (<i>n</i> = 18) PUE “Polesie-Agroinvest” (<i>n</i> = 18)	ОАО «Василишки» (<i>n</i> = 30) OJSC “Vasilishky” (<i>n</i> = 30)	ГП «ЖодиоАгроПлемЭлита» (<i>n</i> = 25) SE “ZhodinoAgroPlemElita” (<i>n</i> = 25)	СГЦ «Заднепровский» (<i>n</i> = 20) ВНЦ “Zadneprovsky” (<i>n</i> = 20)
<i>ESR</i>				
AA (%)	44,4	66,7	72,0	100,0
AB (%)	55,6	23,3	24,0	—
BB (%)	—	10,0	4,0	—
A	0,72	0,78	0,84	1,00
B	0,28	0,22	0,16	—
<i>PRLR</i>				
AA (%)	55,6	73,3	52,0	10,0
AB (%)	33,3	16,7	40,0	85,0
BB (%)	11,1	10,0	8,0	5,0
A	0,72	0,82	0,72	0,53
B	0,28	0,18	0,28	0,47

При этом концентрации двух других генотипов ESR^{AA} и ESR^{AB} составили 44,4 и 55,6 % соответственно. В данной популяции аллель ESR^A встречался с частотой 0,72, аллель ESR^B – 0,28.

Таким образом, для повышения воспроизводительных качеств свиней необходимо тестировать хряков и маток по гену эстрогенового рецептора, выявлять животных с генотипами ESR^{BB} и ESR^{AB} , активно их использовать в воспроизводстве и создавать резервные популяции свиней с концентрацией аллелей ESR^B 50 % и выше.

Анализ генетической структуры животных породы ландрас по гену $PRLR$ выявил, что частота встречаемости желательного генотипа $PRLR^{AA}$ составила от 10 % у свиней в СГЦ «Заднепровский» до 73,3 % в ОАО «Василишки». Наибольшая частота аллеля $PRLR^A$ наблюдалась у свиней в ОАО «Василишки» – 0,82, в ЧУП «Полесье-Агроинвест» и ГП «ЖодиоАгроПлемЭлита» концентрация данного аллеля составила 0,72. Гетерозиготный генотип $PRLR^{AB}$ встречался с частотой от 16,7 % у животных породы ландрас в ОАО «Василишки» до 85,0 % в СГЦ «Заднепровский». Гомозиготный генотип $PRLR^{BB}$ отличался низкой частотой встречаемости – 5–11,1 %.

В условиях широкого и значимого использования импортного генофонда оценка и профилактика генетических аномалий (и дефектов) в свиноводстве чрезвычайно актуальна. Селекция на высокую продуктивность животных должна, по возможности, включать отбор на генетическую устойчивость к инфекционным и паразитарным заболеваниям, поскольку в идеале высокопродуктивные животные должны быть здоровы и свободны от инфекций и инвазий [12]. Кишечные расстройства находятся среди самых широко распространенных и серьезных проблем, следствием которых являются ежегодные экономические потери. Одной из основных причин, вызывающих смертность поросят в неонатальный период, является колибактериоз, лечение и профилактика которого осложнены из-за широкой вариабельности свойств и множественной устойчивости возбудителя к различным антибактериальным препаратам [13]. Колибактериоз – острая инфекционная болезнь молодняка свиней, характеризующаяся тяжелой интоксикацией и обезвоживанием организма, а также расстройством сердечно-сосудистой и центральной нервной системы [14].

Одним из генов, обуславливающих предрасположенность свиней к колибактериозу в первые недели жизни, является ген $MUC4$, в основе полиморфизма которого лежит точковая мутация

G→C. При этом предполагается, что желательным с точки зрения устойчивости к колибактериозу является аллель MUC4^C. При генетическом тестировании свиней породы ландрас выявлен полиморфизм гена MUC4, представленный двумя аллелями – MUC4^C и MUC4^G, идентифицированы генотипы: MUC4^{CC}, MUC4^{CG} и MUC4^{GG} (табл. 2).

Т а б л и ц а 2. Генетическая структура молодняка породы ландрас по генам MUC4 и ECR F18/FUT1

Table 2. Genetic structure of young Landrace pigs according to MUC4 and ECR F18/FUT1 genes

Генотип, аллель Genotype, allele	ЧУП «Полесье-Агроинвест» (n = 18) PUE "Polesie-Agroinvest" (n = 18)	ОАО «Василишки» (n = 30) OJSC "Vasilishky" (n = 30)	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» (n = 25) SE "ZhodinoAgroPlemElita" (n = 25)	СГЦ «Заднепровский» (n = 20) БНЦ "Zadneprovsky" (n = 20)
<i>MUC4</i>				
CC (%)	88,9	46,7	96,0	60,0
CG (%)	11,1	50,0	4,0	40,0
GG (%)	–	3,3	–	–
C	0,94	0,72	0,98	0,80
G	0,06	0,28	0,02	0,20
<i>ECR F18/FUT1</i>				
AA	–	–	–	–
AG	27,8	36,7	32,0	20,0
GG	72,2	63,3	68,0	80,0
A	0,14	0,18	0,16	0,10
G	0,86	0,82	0,84	0,90

Большинство животных были устойчивы к *E. coli* F4 и имели предпочтительный генотип MUC4^{CC} – 70,9 %. Установлен низкий уровень встречаемости генотипа MUC4^{GG}. Концентрация аллеля MUC4^G составила от 0,02 в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» до 0,28 в ОАО «Василишки». Только одно животное, содержащееся на племенной ферме «Сандыковщина» в ОАО «Василишки», оказалось чувствительно к данному заболеванию.

Практический интерес для свиноводства представляет изучение возможности применения в селекционном процессе гена рецептора *E. coli* (ECR F18/FUT1), связанного с возникновением колибактериоза у поросят первых двух месяцев жизни и после отъема, в качестве маркера для создания резистентных к данному заболеванию популяций свиней. Предполагается, что соответствующие полиморфные белки рецептора, кодируемые аллелями А и G данного гена, имеют различную адгезивную способность к *E. coli*, что влияет на устойчивость (аллель ECR^A) или чувствительность (аллель ECR^G) свиней к колибактериозу [15; 16].

В исследуемых популяциях животных, устойчивых к эшерихиозу (генотип ECR^{AA}), не выявлено (табл. 2). Частота встречаемости гетерозиготного генотипа AG составила 20,0 % в СГЦ «Заднепровский», 27,8 % в ЧУП «Полесье-Агроинвест»; 32,0 % в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и 36,7 % в ОАО «Василишки». Из всех протестированных животных 65 голов, или 69,9 % были чувствительны к колибактериозу и имели генотип ECR^{GG}. Установлено, что наиболее высокой частотой встречаемости аллеля ECR^G, детерминирующего чувствительность свиней к колибактериозу, характеризовалась популяция свиней в СГЦ «Заднепровский» (0,90), в которой 80,0 % животных являлись носителями генотипа ECR^{GG} (чувствительны) и 20 % – ECR^{AG} (предрасположены). Концентрация аллеля ECR^G у животных в других племенных предприятиях находилась в пределах от 0,82 до 0,86.

Отсутствие животных с генотипом ECR^{AA} свидетельствует о необходимости в проведении интенсивной селекции свиней на увеличение количества особей в популяциях с данным генотипом.

В качестве маркеров признаков мясной продуктивности и качества мяса свиней рассматриваются гены семейства связывающих белков жирных кислот (*FABP*). Ген этого семейства H-FABP

представляет большой интерес в качестве гена-кандидата содержания внутримышечного жира – важнейшего показателя, определяющего качество мяса, а также в качестве возможного генетического маркера снижения содержания жира в туше свиней.

При диагностике гена *H-FABP* (аллельная система H) установлено, что из протестированного массива 50,5 % животных имели предпочтительный по содержанию внутримышечного жира генотип H-FABP^{HH} (табл. 3).

Наиболее высокая частота встречаемости желательного генотипа выявлена у молодняка в ГП «Жоди́ноАгроПлемЭлита» – 84,0 %, концентрация аллеля H-FABP^H составила 0,92. В других хозяйствах преобладали животные – носители гетерозиготного генотипа H-FABP^{Hh}.

Частота встречаемости данного генотипа варьировала от 16,0 до 55,6 %. Животные с гомозиготным генотипом H-FABP^{hh} встречались в ЧУП «Полесье-Агроинвест» (11,1 %) и в ОАО «Василишки» (16,7 %).

В результате анализа генетической структуры животных по гену H-FABP (аллельная система D) установлено, что концентрация предпочтительного генотипа H-FABP^{dd}, влияющего на меньшую толщину шпика, в среднем по хозяйствам составила 36,6 %.

Т а б л и ц а 3. Частота встречаемости генотипов и аллелей гена *H-FABP* у животных породы ландрас (аллельные системы H и D)

Table 3. Frequency of occurrence of genotypes and alleles of the *H-FABP* gene in Landrace animals (allele systems H and D)

Генотип, аллель Genotype, allele	ЧУП «Полесье-Агроинвест» (<i>n</i> = 18) PUE “Polesie-Agroinvest” (<i>n</i> = 18)	ОАО «Василишки» (<i>n</i> = 30) OJSC “Vasilishky” (<i>n</i> = 30)	ГП «Жоди́ноАгроПлемЭлита» (<i>n</i> = 25) SE “ZhodinoAgroPlemElita” (<i>n</i> = 25)	СГЦ «Заднепровский» (<i>n</i> = 20) BHC “Zadneprovsky” (<i>n</i> = 20)
<i>H-FABP</i> (аллельная система H)				
HH (%)	33,3	36,7	84,0	45,0
Hh (%)	55,6	46,7	16,0	55,0
hh (%)	11,1	16,7	–	–
<i>H</i>	0,61	0,60	0,92	0,73
<i>h</i>	0,39	0,40	0,08	0,27
<i>H-FABP</i> (аллельная система D)				
DD (%)	11,1	16,7	12,0	–
Dd (%)	55,6	46,7	48,0	65,0
dd (%)	33,3	36,6	40,0	35,0
<i>D</i>	0,39	0,40	0,36	0,33
<i>d</i>	0,61	0,60	0,64	0,67

Большинство животных (53 %) являлось носителями гетерозиготного генотипа H-FABP^{Dd}, по откормочным и мясным качествам приближенного к генотипу H-FABP^{dd}. Учет аллельных вариантов показал, что во всей исследуемой выборке явным приоритетом располагает аллель *d*, который был закреплен практически с одинаковой частотой (0,60–0,67).

Проведен анализ популяционно-генетических параметров животных породы ландрас, разводимых в ГП «Жоди́ноАгроПлемЭлита» (*n* = 44), ЧУП «Полесье-Агроинвест» (*n* = 48) и филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» (*n* = 40) на основе ДНК-МС. В исследуемых популяциях в 15 использованных микросателлитах идентифицировано 82, 71 и 67 аллелей соответственно (табл. 4).

Число аллелей для локусов варьировало в пределах от 3 до 10 аллелей на локус. Наибольшее число аллелей было отмечено для локусов S0228 (8 аллелей, ГП «Жоди́ноАгроПлемЭлита»), S0005 (8 аллелей ГП «Жоди́ноАгроПлемЭлита», 9 аллелей СГЦ «Заднепровский», 10 аллелей ЧУП «Полесье-Агроинвест»). Всего было выявлено 110 аллелей.

Таблица 4. Показатели генетической изменчивости свиней породы ландрас по 15 локусам ДНК-МС

Table 4. Indicators of genetic variability of Landrace pigs for 15 MS DNA loci

Показатель Indicator	Племенное предприятие Breeding enterprise		
	ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» SE “ZhodinoAgroPlemElita”	ЧУП «Полесье-Агроинвест» PUE “Polesie-Agroinvest”	СГЦ «Заднепровский» ВНЦ “Zadneprovsky”
Количество аллелей (N)	82	71	67
Количество аллелей с определенной частотой (Na)	5,40	4,73	4,47
Количество эффективных аллелей (Ne)	2,99	2,48	2,73
Ожидаемая гетерозиготность (He)	0,646	0,532	0,610
Наблюдаемая гетерозиготность (Ho)	0,662	0,549	0,612
Индекс фиксации (Fis)	–0,019	–0,018	0,001
Полиморфное информационное содержание локуса (PIC)	0,654	0,537	0,618

В среднем уровень аллельного разнообразия был выше у свиней, разводимых в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» – 5,40 аллелей на локус. Показатель эффективного числа аллелей варьировал от 2,48 в ЧУП «Полесье-Агроинвест» до 2,99 аллелей в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита».

Важным параметром в вопросах динамики генетического состава популяций является гетерозиготность, которая играет положительную роль в адаптации популяций к изменяющимся условиям окружающей среды, а также в микроэволюционном процессе. Поэтому ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических исследованиях. В связи с этим нами была дана оценка наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанная по 15 STR-локусам. Фактическая степень гетерозиготности у животных породы ландрас варьировала от 0,549 (ЧУП «Полесье-Агроинвест») до 0,662 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»). Величина показателя индекса фиксации у свиней в СГЦ «Заднепровский» составила 0,001, что свидетельствует о том, что популяция находится в равновесном состоянии. Отклонения от равновесного состояния отмечены у свиней в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и ЧУП «Полесье-Агроинвест», у которых наблюдается избыток гетерозигот, о чем свидетельствуют отрицательные значения коэффициентов внутривнутрипопуляционного инбридинга F_{is} – –0,019 и –0,018 соответственно.

Одной из характеристик аллелофонда популяций животных является наличие «приватных» аллелей, т. е. аллелей, специфичных для каждой из исследуемых групп свиней. У животных из ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» отмечено 17 уникальных («приватных») аллелей, в ЧУП «Полесье-Агроинвест» – 9 аллелей, в СГЦ «Заднепровский» – 5 аллелей. Большинство приватных аллелей характеризовалось низкой частотой встречаемости (менее 5 %). «Приватные» аллели, превышающие данный порог, были выявлены лишь в локусах S0005 – аллели 213 (0,341) и 247 (0,073), S0101 – аллель 208 (0,057), S0355 – аллели 271 (0,148) и 263 (0,138), S0228 – аллели 236 (0,114) и 244 (0,068), SW240 – аллели 106 (0,057) и 118 (0,455), SW857 – аллель 156 (0,114), SW951 – аллель 127 (0,057). Это дает основание рассматривать эти аллели в качестве маркерных для данных популяций свиней.

Установлено, что большая часть использованных локусов ДНК-МС у животных породы ландрас находится в состоянии генетического равновесия. Существенные отклонения распределения генотипов ДНК-МС от равновесия Харди–Вайнберга отмечаются для локусов SW240 (ЧУП «Полесье-Агроинвест», СГЦ «Заднепровский»), S0386 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», СГЦ «Заднепровский»), SW951 (ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», ЧУП «Полесье-Агроинвест»). Если рассматривать в разрезе хозяйств, то наибольшее число отклонений от равновесного состояния отмечено у свиней породы ландрас, разводимых в СГЦ «Заднепровский» (в 4 случаях из 15).

С целью изучения генетического разнообразия каждой особи и популяции, из которой она происходила, и оценки вероятности отнесения данной особи или к своей собственной популяции, или к иной использован Assignment-тест. Точность отнесения к «своей» популяции по исследованным животным превышает 98 %. Для животных ЧУП «Полесье-Агроинвест» этот показатель составил 100 % (табл. 5).

Т а б л и ц а 5. Результаты Assignment-теста для свиней породы ландрас на основании мультилокусных генотипов для 15 локусов ДНК-МС

Table 5. Assignment test results for Landrace pigs based on multilocus genotypes for 15 MS DNA loci

Племенное предприятие Breeding enterprise	Отнесено к: Related to:	
	собственной популяции own population	чужой популяции foreign population
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	46 (95,8 %)	2 (4,2 %)
ЧУП «Полесье-Агроинвест»	44 (100 %)	–
СГЦ «Заднепровский»	39 (97,5 %)	1 (2,5 %)
В целом	129 (98 %)	3 (2 %)

В табл. 6 представлены коэффициенты генетических расстояний (правая верхняя часть таблицы) и генетического сходства (левая нижняя часть таблицы) между животными породы ландрас трех хозяйств, рассчитанные по данным полиморфизма микросателлитных локусов. Определены достаточно высокие коэффициенты генетического сходства между животными ЧУП «Полесье-Агроинвест», ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» и СГЦ «Заднепровский» – 0,795–0,874 и незначительные генетические дистанции – 0,135–0,230.

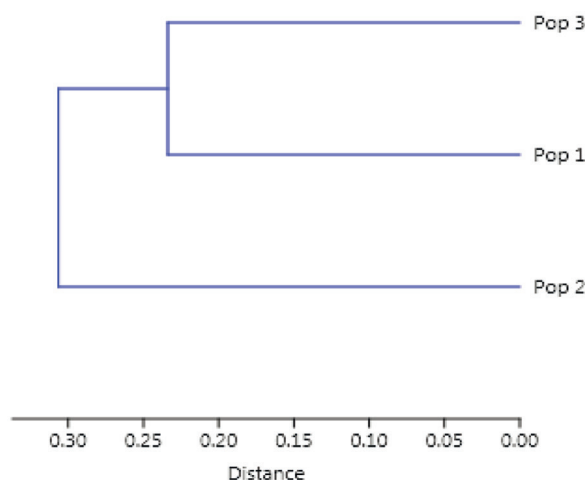
Т а б л и ц а 6. Генетические расстояния между животными породы ландрас

Table 6. Genetic distances between Landrace breed animals

Племенное предприятие Breeding enterprise	ЧУП «Полесье-Агроинвест»	ГП «Жодино-АгроПлемЭлита»	СГЦ «Заднепровский»
	Генетические расстояния		
ЧУП «Полесье-Агроинвест»	–	0,187	0,135
ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»	0,830	–	0,230
СГЦ «Заднепровский»	0,874	0,795	–
	Генетическое сходство		

Результаты проведенного кластерного анализа изученных популяций животных представлены на рисунке.

Установлен высокий уровень генетического сходства животных породы ландрас данных популяций, которые образуют единый кластер, включающий в себя подкластер, образуемый животными



Дендрограмма филогенетического родства животных породы ландрас: СГЦ «Заднепровский» (Pop 1), ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» (Pop 2), ЧУП «Полесье-Агроинвест» (Pop 3)

Dendrogram of the phylogenetic relationship of Landrace breed animals: BHC “Zadneprovsky” (Pop 1), SE “ZhodinoAgroPlemElita” (Pop 2), PUE “Polesye-Agroinvest” (Pop 3)

популяций СГЦ «Заднепровский» и ЧУП «Полесье-Агроинвест», что согласуется с данными племенного учета и селекционно-племенной работой в хозяйствах. Популяция свиней породы ландрас ГП «ЖодиоАгроПлемЭлита» образует отдельную ветвь.

Проведенный молекулярно-генетический анализ позволил изучить аллелофонд животных породы ландрас, разводимых в СГЦ «Заднепровский», ЧУП «Полесье-Агроинвест» и ГП «ЖодиоАгроПлемЭлита». Результаты исследований свидетельствуют о целесообразности использования микросателлитных маркеров для характеристики генетического разнообразия животных, наряду с другими применяемыми методами.

Заключение. В данной работе представлены селекционно-генетические параметры свиней породы ландрас, разводимых в племенных предприятиях ЧУП «Полесье-Агроинвест», ОАО «Василишки», ГП «ЖодиоАгроПлемЭлита», филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП», полученные на основе анализа генетической структуры свиней по генам *RYR1*, *PRLR*, *ECR F18/FUT1*, *IGF2*, *MUC4*, *H-FABP* (аллельные системы Н и D) и по 15 ДНК-МС. Частота встречаемости предпочтительных генотипов по генам *RYR1*^{NN}, *PRLR*^{AA}, *MUC4*^{CC}, *H-FABP*^{HH} и *H-FABP*^{dd} составила 100,0, 50,5, 70,9, 50,5 и 36,6 % соответственно. Устойчивых к эшерихиозу животных (генотип *ECR*^{AA}) не выявлено. При анализе популяционно-генетических параметров на основе ДНК-МС у свиней породы ландрас выявлено 110 аллелей. Наибольший уровень аллельного разнообразия установлен у животных, разводимых в ГП «ЖодиоАгроПлемЭлита» – 5,40 аллелей на локус. Популяция свиней в СГЦ «Заднепровский» находится в равновесном состоянии ($F_{is} = 0,001$). Отклонения от равновесного состояния отмечены у животных в ГП «ЖодиоАгроПлемЭлита» ($F_{is} = -0,019$) и ЧУП «Полесье-Агроинвест» ($F_{is} = -0,018$). Точность отнесения животных к «своей» популяции по результатам Assignment-теста превышает 98 %. Установлен высокий уровень генетического сходства свиней данных популяций.

Список использованных источников

1. Использование ДНК-технологий в селекции сельскохозяйственных животных / И. П. Шейко, Т. И. Епишко, Р. И. Шейко, О. П. Курак // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. тр. / науч. ред. В. К. Пестис. – Гродно, 2005. – Т. 4, ч. 3: Зоотехния. – С. 97–101.
2. Максимов, Г. В. Применение генетических тестов в свиноводстве / Г. В. Максимов, О. Н. Полозюк // Животноводство России. – 2012. – № 3. – С. 29–30.
3. Методы маркер-зависимой селекции / Н. Зиновьева, Е. Гладырь, Г. Державина, Е. Кунаева // Животноводство России. – 2006. – № 3. – С. 29–31.
4. Зиновьева, Н. А. Проблемы биотехнологии и селекции сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Л. К. Эрнст. – Дубровицы, 2006. – 326 с.
5. Шейко, И. П. Генетические методы интенсификации селекционного процесса в свиноводстве / И. П. Шейко, Т. И. Епишко. – Жодио, 2006. – 197 с.
6. Популяционно-генетическая характеристика свиней пород крупная белая, ландрас и дюрок с использованием микросателлитов / В. Р. Харзинова, Т. В. Карпушкина, Т. Е. Денискова [и др.] // Зоотехния. – 2018. – № 4. – С. 2–7.
7. Вейр, Б. Анализ генетических данных / Б. Вейр. – М., 1995. – 319 с.
8. Шейко, И. П. Влияние гена эстрогенового рецептора на продуктивность свиноматок белорусской мясной и крупной белой пород / И. П. Шейко, Н. В. Журина, Т. И. Епишко // Зоотехническая наука Беларуси. – 2007. – Т. 42, ч. 1. – С. 159–165.
9. Полиморфизм локуса рецептора эстрогена в популяциях свиней разных генотипов и его ассоциация с репродуктивными признаками свиноматок / В. Н. Балацкий [и др.] // Современные проблемы интенсификации производства свинины в странах СНГ: сб. науч. тр. XVII Междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству, Ульяновск, 7–10 июля 2010 г. / ред.: А. В. Дозоров [и др.]. – Ульяновск, 2010. – Т. 2: Разведение, селекция, генетика и воспроизводство свиней. – С. 42–47.
10. Kaminski, S. Simultaneous identification of ryanodine receptor 1 (RYR1) and estrogen receptor (ESR) genotypes with the multiplex PCR-RFLP method in Polish Large White and Polish Landrace pigs / S. Kaminski, A. Rusc, K. Wojtasik // Journal of Applied Genetics. – 2002. – Vol. 43, N 3. – P. 331–335.
11. Гетманцева, Л. В. Использование ДНК-маркеров в селекции свиней / Л. В. Гетманцева, Е. А. Карпенко, Д. В. Чекотин // Перспективное свиноводство: теория и практика. – 2012. – № 1. – С. 4.
12. Максимович, В. В. Инфекционные болезни свиней / В. В. Максимович. – Витебск, 2007. – 373 с.
13. Роль генов-маркеров *ECRF18/FUT1*, *MC4R*, *ESR*, *RYR1* в селекции свиней / Ф. Ф. Зиннатова, Ш. К. Шакиров, А. М. Алимов, Ф. Ф. Зиннатов // Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии. – 2015. – № 3. – С. 188–191.

14. Лобан, Н. А. Влияние полиморфизма гена рецептора *E. coli* на проявление колибактериоза и признаки продуктивности свиней / Н. А. Лобан, О. Я. Василук // Ветеринарная медицина Беларуси. – 2004. – № 2. – С. 6–7.
15. Шмаков, Ю. И. Изучение связи полиморфизма гена рецептора *E. coli* F18/FUT1 с локусами количественных признаков свиней / Ю. И. Шмаков, Н. А. Зиновьева // Свиноводство. – Дубровицы, 2004. – Т. 2. – С. 81–86.
16. ДНК-тестирование свиней по генам *MUC4*, *ECR F18/FUT1* и изучение их полиморфизма / М. А. Ковальчук, А. И. Ганджа, Н. В. Журина [и др.] // Зоотехническая наука Беларуси. – 2016. – Т. 51, № 1. – С. 86–98.

References

1. Sheiko I. P., Epishko T. I., Sheiko R. I., Kurak O. P. Use of DNA technologies in breeding farm animals. *Sel'skoe khozyaistvo – problemy i perspektivy: sbornik nauchnykh trudov* [Agriculture – Problems and Prospects: Collection of Scientific Papers]. Grodno, 2005, vol. 4, iss. 3, pp. 97–101 (in Russian).
2. Maksimov G. V., Polozyuk O. N. Application of genetic tests in pig breeding. *Zhivotnovodstvo Rossii* [Animal Husbandry in Russia], 2012, no. 3, pp. 29–30 (in Russian).
3. Zinovieva N., Gladyr' E., Derzhavina G., Kunaeva E. Marker-assisted selection methods. *Zhivotnovodstvo Rossii* [Animal Husbandry in Russia], 2006, no. 3, pp. 29–31 (in Russian).
4. Zinovieva N., Ernst K. *Problems of biotechnology and selection of agricultural animals*. Dubrovitsy, 2006. 326 p. (in Russian).
5. Sheiko I. P., Epishko T. I. *Genetic methods of intensification of the selection process in pig breeding*. Zhodino, 2006. 197 p.
6. Kharzinova V. R., Karpushkina T. V., Deniskova T. E., Kostyunina O. V., Zinovieva N. A. Population-and-genetic characteristics of white large, landrace and duroc breeds of pig using microsatellites. *Zootekhniya* [Animal Science], 2018, no. 4, pp. 2–7 (in Russian).
7. Veir B. *Genetic data analysis*. Moscow, 1995. 319 p. (in Russian).
8. Sheyko I. P., Zhurina N. V., Epishko T. I., Kurak O. P., Koval'tchuk M. A., Epishko O. A. Effect of ESR-gene at productivity of sows of belarusian meet and big white breeds. *Zootekhnikeskaya nauka Belarusi* [Zootechnical Science of Belarus], 2007, vol. 42, iss. 1, pp. 159–165 (in Russian).
9. Balatsky V. N. [et al.]. Polymorphism of the estrogen receptor locus in pig populations of different genotypes and its association with reproductive traits of sows. *Sovremennye problemy intensifikatsii proizvodstva svininy v stranakh SNG: sbornik nauchnykh trudov XVII Mezhdunarodnoi nauchno-prakticheskoi konferentsii po svinovodstvu, Ulyanovsk, 7–10 iyulya 2010 g.* [Current problems of intensification of pork production in the CIS countries: collection of scientific papers of the XVII International scientific and practical conference on pig breeding, Ulyanovsk, July 7–10, 2010]. Ulyanovsk, 2010, vol. 2, pp. 42–47 (in Russian).
10. Kaminski S., Rusc A., Wojtasik K. Simultaneous identification of ryanodine receptor 1 (RYR1) and estrogen receptor (ESR) genotypes with the multiplex PCR-RFLP method in Polish Large White and Polish Landrace pigs. *Journal of Applied Genetics*, 2002, vol. 43, no. 3, pp. 331–335.
11. Getmanceva L. V., Karpenko E. A., Checotin D. V. The use of DNA-markers in breeding pigs. *Perspektivnoe svinovodstvo: teoriya i praktika* [Prospective Pig Breeding: Theory and Practice], 2012, no. 1, pp. 4 (in Russian).
12. Maksimovich V. V. *Infectious diseases of pigs*. Vitebsk, 2007. 373 p. (in Russian).
13. Zinnatova F. F., Shakirov Sh. K., Alimov A. M., Zinnatov F. F. The role of marker genes *ECRF18/FUT1*, *MC4R*, *ESR*, *RYR1* in breeding pigs. *Voprosy normativno-pravovogo regulirovaniya v veterinarii* [Issues of Legal Regulation in Veterinary Medicine], 2015, no. 3, pp. 188–191 (in Russian).
14. Loban N. A., Vasilyuk O. Ya. The influence of *E. coli* receptor gene polymorphism on the manifestation of colibacillosis and productivity traits in pigs. *Veterinarnaya meditsina Belarusi* [Veterinary Medicine of Belarus], 2004, no. 2, pp. 6–7 (in Russian).
15. Shmakov Yu. I., Zinovieva N. A. Study of the association of the *E. coli* F18/FUT1 receptor gene polymorphism with quantitative trait loci in pigs. *Svinovodstvo* [Pig farming]. Dubrovitsy, 2004, vol. 2, pp. 81–86 (in Russian).
16. Kovalchuk M. A., Gandzha A. I., Zhurina N. V., Kurak O. P., Simonenko V. P., Letkevich L. L., Kirillova I. V. DNA-testing of pigs by *MUC4* and *ECR F18/FUT1* genes and study of polymorphism. *Zootekhnikeskaya nauka Belarusi* [Zootechnical Science of Belarus], 2016, vol. 51, iss. 1, pp. 86–98 (in Russian).

Информация об авторах

Шейко Иван Павлович – академик, д-р с.-х. наук, профессор, первый заместитель генерального директора. НППЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: belniig@tut.by. ORCID: 0000-0002-4684-9830.

Шейко Руслан Иванович – член-корреспондент, д-р с.-х. наук, профессор, гл. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: R.I.Sheyko@igs.by.

Information about authors

Sheiko Ivan P. – Academician, D. Sc. (Agrarian), Professor, First Deputy Director General. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: belniig@tut.by. ORCID: 0000-0002-4684-9830.

Sheiko Ruslan I. – Corresponding Member, D. Sc. (Agrarian), Professor, Chief Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: R.I.Sheyko@igs.by.

Приступа Наталья Владимировна – канд. с.-х. наук, заведующая лабораторией. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: natali.pristupa.77@mail.ru. ORCID: 0009-0000-5597-4695.

Янович Елена Анатольевна – канд. с.-х. наук, вед. науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: yanovichhelena@mail.ru. ORCID: 0009-0005-8229-9150.

Портная Талина Владимировна – канд. с.-х. наук, вед. науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: talina_portnaya@mail.ru.

Бурнос Антон Чеславович – канд. с.-х. наук, вед. науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: zbroshki@mail.ru.

Каскасиан Маргарита Александровна – мл. науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: morgozanina@gmail.com.

Pristupa Natalia V. – Ph. D. (Agrarian), Head of the Laboratory. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: natali.pristupa.77@mail.ru. ORCID: 0009-0000-5597-4695.

Yanovich Elena A. – Ph. D. (Agrarian), Leading Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: yanovichhelena@mail.ru. ORCID: 0009-0005-8229-9150.

Portnaya Talina V. – Ph. D. (Agrarian), Leading Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: talina_portnaya@mail.ru.

Burnos Anton Ch. – Ph. D. (Agrarian), Leading Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: zbroshki@mail.ru.

Kaskasian Margarita A. – Junior Researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: morgozanina@gmail.com.