

ISSN 1561-8323 (Print)  
ISSN 2524-2431 (Online)

**АГРАРНЫЕ НАУКИ**  
**AGRARIAN SCIENCES**

УДК 636.4.082.13  
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-3-369-379>

Поступило в редакцию 27.04.2021  
Received 27.04.2021

**И. Ф. Гридюшко, А. А. Бальников, академик И. П. Шейко,  
О. Я. Василюк, Е. С. Гридюшко**

*Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству,  
Жодино, Республика Беларусь*

**ГЕНЕАЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА БЕЛОРУССКОЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ  
СВИНЕЙ НА ОСНОВЕ МИКРОСАТЕЛЛИТНОГО АНАЛИЗА ЛИНИЙ,  
РАЗВОДИМЫХ В ГЕНОФОНДНЫХ ПРЕДПРИЯТИЯХ**

**Аннотация.** Для оценки генетической структуры и изучения динамики популяционно-генетических процессов в популяциях домашних животных широко используются методы молекулярно-генетического анализа. В частности, высокополиморфные генетические маркеры – микросателлиты, которые являются наиболее распространенными молекулярными маркерами в генетических и геномных исследованиях. Целью исследований стало разработать генеалогическую структуру белорусской черно-пестрой породы на основе микросателлитного анализа линий, разводимых в генофондном предприятии. Исследования проводились на животных, разводимых в ОАО «СГЦ «Заречье». Для микросателлитного анализа хряков белорусской черно-пестрой породы проведено ДНК-тестирование по 9 STR-локусам (SO155, SO355, SO386, SO005, SW72, SW951, SO101, SW240, SW857). У всех изученных линий наибольшее количество эффективных аллелей было в локусе SO005 – 4,00–5,14. Линии, животные которых обладают гетерозиготностью, могут быть использованы в различных схемах разведения, как при чистопородном разведении (в племенном свиноводстве), так и при скрещивании (в промышленном свиноводстве). Полиморфность определяет степень генетической изменчивости в популяциях. Локус относится к полиморфным, когда частота наиболее общего аллеля этого локуса не превышает 95 % ( $p \leq 95$ ). Выявленный полиморфизм локусов в линиях Макет, Тик и Веселый указывает на наличие в них генетической изменчивости, что позволяет их использовать в селекционном и породообразовательном процессах. На основе проведенных исследований разработана генеалогическая структура белорусской черно-пестрой породы, состоящая из одного подкластера и двух ветвей, которая позволяет оценить состояние и степень родства структурных единиц (линий) и отражает перспективу их дальнейшего использования.

**Ключевые слова:** порода, популяция, линия, хряк, локус, аллель, микросателлиты

**Для цитирования.** Генеалогическая структура белорусской черно-пестрой породы свиней на основе микросателлитного анализа линий, разводимых в генофондных предприятиях / И. Ф. Гридюшко [и др.] // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2021. – Т. 65, № 3. – С. 369–379. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-3-369-379>

**Igor F. Gridyushko, Arthur A. Balnikov, Academician Ivan P. Sheyko, Oleg Y. Vasilyuk, Elena S. Gridyushko**

*Research and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Animal Breeding,  
Zhodino, Republic of Belarus*

**GENEALOGICAL STRUCTURE OF THE BELARUSIAN BLACK-AND-WHITE BREED BASED  
ON THE MICROSATELLITE ANALYSIS OF THE LINES BRED AT GENE POOL ENTERPRISES**

**Abstract.** The methods of molecular genetic analysis are widely used to assess the genetic structure and to study the dynamics of population-genetic processes in populations of domestic animals. In particular, these are the highly polymorphic genetic markers – the microsatellites that are the most common molecular markers in genetic and genomic research. The aim of the research was to develop the genealogical structure of the Belarusian black-and-white breed based on the microsatellite analysis of the lines bred at a gene pool enterprise. The research was carried out with the animals bred at the JSC “SGC “Zarechye”. For the microsatellite analysis of boars of the Belarusian black-and-white breed, the DNA testing was carried out at 9 STR-loci (SO155, SO355, SO386, SO005, SW72, SW951, SO101, SW240, and SW857). In all studied lines, the largest number of effective alleles was at the SO005 locus – 4.00–5.14. The lines of animals with heterozygosity can be used in various

breeding schemes, both in purebred breeding (in pedigree pig breeding) and in crossing (in industrial pig breeding). Polymorphism determines the degree of genetic variation in populations. The locus is classified as polymorphic when the frequency of the most common allele of this locus does not exceed 95% ( $p \leq 95$ ). The revealed polymorphism of loci in the lines Maket, Tik, and Veseliy indicates the presence of genetic variability in them, which allows using them in breeding and breed-forming processes. Based on the studies made, the genealogical structure of the Belarusian black-and-white breed, consisting of one subcluster and two branches, has been developed, which makes it possible to assess the state and degree of relation of structural units (lines), and reflects the prospect of their further use.

**Keywords:** breed, population, line, boar, locus, allele, microsatellites

**For citation.** Gridyushko I. F., Balnikov A. A., Sheyko I. P., Vasilyuk O. Y., Gridyushko E. S. Genealogical structure of the Belarusian black-and-white breed based on the microsatellite analysis of the lines bred at gene pool enterprises. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2021, vol. 65, no. 3, pp. 369–379 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-3-369-379>

**Введение.** Во многих странах мира для оценки генетической структуры, а также изучения динамики популяционно-генетических процессов в популяциях домашних животных широко используются преимущества методов молекулярно-генетического анализа. В частности, в странах ЕС действует программа PiGMa, координирующая оценку генетического разнообразия европейских пород и линий свиней. Основным инструментом в работах европейских исследователей выступают высокополиморфные генетические маркеры – микросателлиты [1–3]. Микросателлиты, или короткие тандемные (простые) повторы, – варьирующие участки (локусы) в ядерной ДНК и ДНК органелл (митохондрий и пластид), состоящие из тандемно повторяющихся мономеров длиной меньше 9 пар оснований и образующие поля менее 1 тысячи пар оснований, являются широко распространенными молекулярными маркерами в генетических и геномных исследованиях. Микросателлиты характеризуются высокой скоростью изменения последовательностей, обусловленной «проскальзыванием» при репликации ДНК и точечными мутациями, обладают высокой степенью полиморфизма. В отличие от сателлитных ДНК микросателлиты локализованы в эухроматиновой части генома. По длине фрагментов судят о количестве коротких тандемных повторов и об аллелях локуса [4; 5].

Наличие объективной генеалогической структуры породы позволит эффективно проводить селекционно-племенную работу, как в отдельно взятом стаде, так и с породой в целом, с целью сохранения и совершенствования ее уникальных породных особенностей (высокая адаптационная способность к технологиям, применяемым в республике, отличные вкусовые качества и технологические свойства свинины) [6–9]. В связи с этим большое значение приобретает разработка генеалогической структуры белорусской черно-пестрой породы на основе микросателлитного анализа линий, разводимых в генофондном предприятии, направленная на их сохранение как основных структурных единиц породы, а также сохранение данной породы свиней как локальной и уникальной породы, разводимой на территории Беларуси, и эффективное использование ее генетического и племенного потенциалов в племенном свиноводстве республики [10–12].

Цель исследований – разработать генеалогическую структуру белорусской черно-пестрой породы на основе микросателлитного анализа линий, разводимых в генофондном предприятии.

**Материалы и методы исследований.** Исследования по генетическому тестированию проводились на свиньях белорусской черно-пестрой породы, которые разводились в ОАО «СГЦ «Заречье». Протестированы шесть основных хряков (по одному из каждой линии). Для сравнения использовали данные генетического тестирования племенных хряков из КСУП «Племзавод «Ленино» и ОАО «СГЦ «Вихра». В качестве биологического материала использовали пробы ушной ткани. Выделение ДНК осуществляли с помощью колонок Nexttec (Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Германия) согласно протоколу фирмы-изготовителя. Исследования в области генетики проведены в лабораторных условиях Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста». Обработку данных капиллярного электрофореза осуществляли путем перевода длин фрагментов в числовое выражение на основании сравнения их подвижности со стандартом ДНК. Биометрическую обработку материалов исследований выполняли с применением методов вариационной статистики по П. Ф. Рокицкому [13] на персональном компьютере с использованием пакета программы Microsoft Excel с плагином GenAIEx v. 6.5 [14].

**Результаты и их обсуждение.** В наших исследованиях для микросателлитного анализа хряков белорусской черно-пестрой породы проведено ДНК-тестирование по 9 STR-локусам (SO155, SO355, SO386, SO005, SW72, SW951, SO101, SW240, SW857). Оценка аллельных закономерностей позволяет определить среднее число аллелей (Na), число эффективных (Ne) и «приватных» (Pr) аллелей в расчете на локус, число информативных аллелей или аллелей с частотой встречаемости более 5 %, а также наблюдаемую гетерозиготность (Ho), ожидаемую гетерозиготность (He) и объективно ожидаемую гетерозиготность (uHe). При этом рассчитываются информационный индекс Шеннона (I) и индекс фиксации (F). Результаты оценки аллельных закономерностей основного стада хряков белорусской черно-пестрой породы, разводимых в СГЦ «Заречье», представлены на рис. 1.

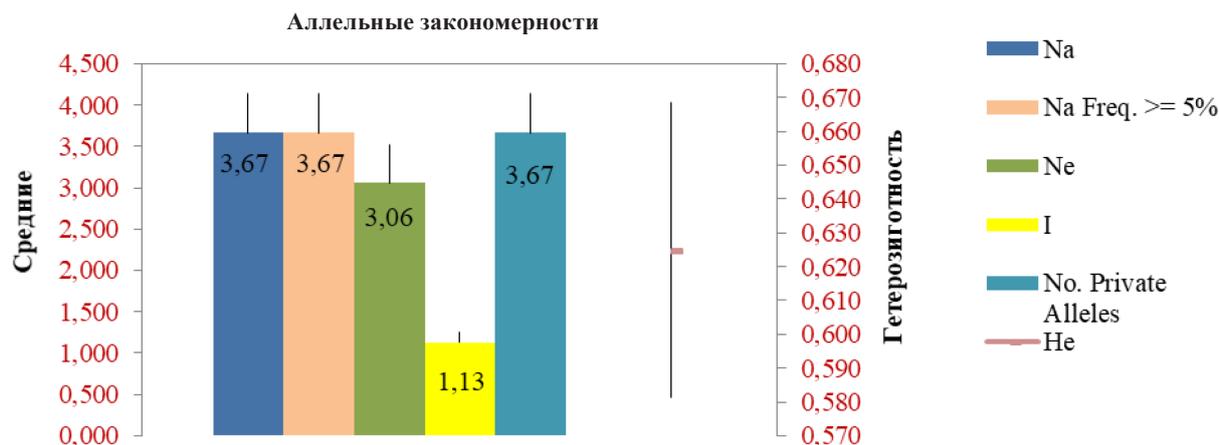


Рис. 1. Оценка аллельных закономерностей у хряков белорусской черно-пестрой породы

Fig. 1. Assessment of the allele regularities of boars of the Belarusian black-and-white breed

Хряки белорусской черно-пестрой породы характеризовались наличием уникальных (приватных Pr) аллелей. В СГЦ «Заречье» «приватные» аллели выявлены у хряка № 4773 линии Макет в локусах SO005 и SO355 и у хряка Слуцк 4363 в локусе SW951. Частота встречаемости их составила 0,125 в локусе SO005 и 0,100 в локусах SO355 и SW951.

Низкие значения рассчитанного индекса Шеннона, равного 1,13, указывают на высокую генетическую однородность оцененных хряков.

Рассчитанный индекс фиксации на основе полученных данных о гетерозиготности оцененных хряков, равный  $-0,114$ , позволяет сделать вывод, что в линиях имеет место смещение генетического разнообразия, а сами племенные животные основного стада СГЦ «Заречье» отличаются избытком гетерозигот (табл. 1).

Т а б л и ц а 1. Показатели аллельных закономерностей у хряков белорусской черно-пестрой породы

T a b l e 1. Indicators of the allele regularities of boars of the Belarusian black-and-white breed

Количество аллелей (N) ( $M \pm m$ ) Number of alleles (N) ( $M \pm m$ )	Количество аллелей с определенной частотой (Na) ( $M \pm m$ ) Number of alleles with a certain frequency (Na) ( $M \pm m$ )	Количество эффективных аллелей (Ne) ( $M \pm m$ ) Number of effective alleles (Ne) ( $M \pm m$ )	Информационный индекс Шеннона (I) ( $M \pm m$ ) Shannon's information index (I) ( $M \pm m$ )	Наблюдаемая гетерозиготность (Ho) ( $M \pm m$ ) Observed heterozygosity (Ho) ( $M \pm m$ )	Ожидаемая гетерозиготность (He) ( $M \pm m$ ) Expected heterozygosity (He) ( $M \pm m$ )	Объективно ожидаемая гетерозиготность (uHe) ( $M \pm m$ ) Objectively expected heterozygosity (uHe) ( $M \pm m$ )	Индекс фиксации (F) ( $M \pm m$ ) Fixation index (F) ( $M \pm m$ )
4,89 ± 0,11	3,67 ± 0,47	3,06 ± 0,47	1,13 ± 0,12	0,683 ± 0,06	0,625 ± 0,04	0,697 ± 0,05	-0,114 ± 0,09

Наличие гетерозиготных животных с установленным генотипом позволит проводить селекцию по различным направлениям продуктивности и повысить эффективность племенной работы по созданию родственных групп и линий в породе.

На основании данных ДНК-тестирования проведен микросателлитный анализ разводимых линий свиней белорусской черно-пестрой породы в СГЦ «Заречье» по 9 STR-локусам (табл. 2).

Т а б л и ц а 2. Данные микросателлитного анализа разводимых линий в белорусской черно-пестрой породе

Table 2. Data of the microsatellite analysis of the lines bred in the Belarusian black-and-white breed

Линия Line	Показатель Index	Локус Locus								
		SO155	SO005	SW72	SW951	SO386	SO355	SW240	SW857	SO101
Корелич	N	2	6	6	6	6	6	6	6	6
	Na	3	6	3	2	3	4	4	4	4
	Ne	2,667	5,143	2,323	1,385	2,323	2,667	2,057	3,429	3,429
	I	1,040	1,705	0,918	0,451	0,918	1,127	0,983	1,309	1,309
	Ho	1,000	0,833	0,500	0,333	0,500	0,667	0,667	0,833	0,833
	He	0,625	0,806	0,569	0,278	0,569	0,625	0,514	0,708	0,708
	uHe	0,833	0,879	0,621	0,303	0,621	0,682	0,561	0,773	0,773
F	-0,600	-0,034	0,122	-0,200	0,122	-0,067	-0,297	-0,176	-0,176	
Застон	N	4	4	5	5	4	5	5	5	5
	Na	3	5	3	2	3	3	4	4	3
	Ne	2,909	4,571	2,273	1,220	2,462	2,381	3,333	3,333	1,852
	I	1,082	1,560	0,950	0,325	0,974	0,943	1,280	1,280	0,802
	Ho	0,500	0,500	0,600	0,200	0,250	0,400	1,000	1,000	0,400
	He	0,656	0,781	0,560	0,180	0,594	0,580	0,700	0,700	0,460
	uHe	0,750	0,893	0,622	0,200	0,679	0,644	0,778	0,778	0,511
F	0,238	0,360	-0,071	-0,111	0,579	0,310	-0,429	-0,429	0,130	
Макет	N	1	2	2	2	2	2	2	2	2
	Na	1	4	2	2	3	4	3	4	2
	Ne	1,000	4,000	1,600	1,600	2,667	4,000	2,667	4,000	2,000
	I	0,000	1,386	0,562	0,562	1,040	1,386	1,040	1,386	0,693
	Ho	0,000	1,000	0,500	0,500	0,500	1,000	1,000	1,000	1,000
	He	0,000	0,750	0,375	0,375	0,625	0,750	0,625	0,750	0,500
	uHe	0,000	1,000	0,500	0,500	0,833	1,000	0,833	1,000	0,667
F	0,000	-0,333	-0,333	-0,333	0,200	-0,333	-0,600	-0,333	-1,000	
Тик	N	1	1	2	2	2	2	2	2	2
	Na	2	2	2	1	2	3	3	4	3
	Ne	2,000	2,000	1,600	1,000	2,000	2,667	2,667	4,000	2,667
	I	0,693	0,693	0,562	0,000	0,693	1,040	1,040	1,386	1,040
	Ho	1,000	1,000	0,500	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	0,500
	He	0,500	0,500	0,375	0,000	0,500	0,625	0,625	0,750	0,625
	uHe	1,000	1,000	0,500	0,000	0,667	0,833	0,833	1,000	0,833
F	-1,000	-1,000	-0,333	0,000	1,000	-0,600	-0,600	-0,333	0,200	
Слуцк	N	1	8	8	8	8	8	8	8	8
	Na	2	6	3	4	3	4	3	4	4
	Ne	2,000	4,000	2,909	1,707	2,032	3,459	2,844	2,844	3,282
	I	0,693	1,548	1,082	0,822	0,831	1,305	1,072	1,163	1,282
	Ho	1,000	1,000	0,750	0,500	0,125	0,875	0,625	0,625	0,750
	He	0,500	0,750	0,656	0,414	0,508	0,711	0,648	0,648	0,695
	uHe	1,000	0,800	0,700	0,442	0,542	0,758	0,692	0,692	0,742
F	-1,000	-0,333	-0,143	-0,208	0,754	-0,231	0,036	0,036	-0,079	
Веселый	N	2	0	3	3	3	3	3	3	3
	Na	3	0	2	1	3	3	3	4	3
	Ne	2,667	0,000	2,000	1,000	2,571	2,571	2,571	3,600	2,000
	I	1,040	0,000	0,693	0,000	1,011	1,011	1,011	1,330	0,868
	Ho	1,000	0,000	1,000	0,000	1,000	0,333	1,000	1,000	0,333
	He	0,625	0,000	0,500	0,000	0,611	0,611	0,611	0,722	0,500
	uHe	0,833	0,000	0,600	0,000	0,733	0,733	0,733	0,867	0,600
F	-0,600	0,000	-1,000	0,000	-0,636	0,455	-0,636	-0,385	0,333	

У всех изученных линий наибольшее количество эффективных аллелей было в локусе SO005 – 4,00–5,14. Индекс Шеннона, рассчитанный по каждому локусу, позволяет установить наиболее эффективные из них, которые указывают на генетическую однородность оцениваемых хряков. Так, для всех линий локусом-маркером может служить локус SW951, для которого индекс рассчитан в пределах 0,325–0,822. Среди линий с наибольшим количеством локусов, по которым рассчитан низкий индекс Шеннона, выделяется линия Застон. Близка по этому показателю к этой линии и линия Тик. Данные линии отселекционированы на высокие мясные качества и имели общую схему выведения.

Линии, животные которых обладают гетерозиготностью, могут быть использованы в различных схемах разведения, как при чистопородном разведении (в племенном свиноводстве), так и при скрещивании (в промышленном свиноводстве). По этому показателю нет равных линиям Макет и Корелич – генофондным линиям, которые являются основой белорусской черно-пестрой породы. У этих линий по семи локусам установлен отрицательный индекс фиксации. Отрицательный индекс указывает на наличие избытка гетерозигот в генотипе хряка.

Полиморфность ( $P$ ) – параметр, определяющий степень генетической изменчивости в популяциях. Локус относится к полиморфным, когда частота наиболее общего аллеля этого локуса не превышает 95 % ( $p \leq 95$ ). Выявленный полиморфизм локусов в линиях Макет, Тик и Веселый менее 95 % указывает на наличие генетической изменчивости в этих линиях, что позволяет их использовать в селекционном и породообразовательном процессах (табл. 3).

Т а б л и ц а 3. Оценка полиморфности локусов различных линий свиней белорусской черно-пестрой породы

Table 3. Assessment of the polymorphism of different lines of pigs of the Belarusian black-and-white breed

Линия Line	Полиморфность локусов, % Loci polymorphism, %
Корелич	100
Застон	100
Макет	88,89
Тик	88,89
Слуцк	100
Веселый	77,78
В среднем по линиям	92,59
Среднестатистическая ошибка	3,70

Минимальная генотипическая изменчивость в линиях Корелич, Застон и Слуцк (мономорфность аллелей 100 %) свидетельствует о последствиях семилетней изолированности данной популяции в породе и этих линий в частности.

$F_{st}$  – индекс фиксации субпопуляционный означает меру генетической дифференциации подразделенной популяции. Для двух субпопуляций изменяется во времени и, таким образом, указывает на степень дивергенции субпопуляций, косвенно оценивает интенсивность потока генов. Значения рассчитанной F-статистики для линий хряков белорусской черно-пестрой породы, разводимых в ОАО СГЦ «Заречье», представлены в табл. 4.

Т а б л и ц а 4. Значения F-статистики попарно оцененных линий

Table 4. Values of F-statistics of the pair-wise assessed lines

Линия Line	Корелич Korelich	Застон Zaston	Макет Maket	Тик Tik	Слуцк Slutsk	Веселый Veselyi
Корелич	0,000					
Застон	0,045	0,000				
Макет	0,110	0,101	0,000			
Тик	0,087	0,083	0,147	0,000		
Слуцк	0,037	0,040	0,100	0,073	0,000	
Веселый	0,117	0,116	0,192	0,183	0,126	0,000

П р и м е ч а н и е: значения F-статистики ниже диагонали.

Note: the value of F-statistics is below the diagonal.

Среди оцененных линий наиболее генетически дифференцированной является линия Веселый. Эта линия имеет среднюю дивергенцию 0,116–0,126 по отношению к линиям Застон, Корелич и Слуцк. Наиболее отдалена линия Веселый от линий Тик и Макет ( $F_{st} = 0,183$  и  $0,192$ ). Второй генетически дифференцированной линией является л. Макет. Установленная средняя дивергенция ( $F_{st} = 0,100$ – $0,147$ ) с линиями Слуцк, Застон, Корелич и Тик указывает на умеренную дифференциацию и возможность использования хряков линии Макет при спаривании с матками этих линий. Генетически близкими являются линии: Слуцк с Корелич и Застон; Корелич–Застон. Эту сочетаемость необходимо учитывать при составлении планов подбора родительских пар для получения ремонтного молодняка.

Между субпопуляциями может иметь место некоторый продолжительный поток генов (миграция), ограничивающий дивергенцию. Миграция поддерживает равные частоты аллелей в субпопуляциях. В ограниченных по размеру субпопуляциях генетический дрейф может привести к случайным межсубпопуляционным различиям даже при миграции. На основании рассчитанной F-статистики попарно оцененных линий установлен поток генов в виде оценки Nm (количество мигрантов) (табл. 5). Иммиграция ограничивает степень дивергенции субпопуляций (линий). Если  $Nm < 1$ , то линии имеют тенденцию к дивергенции. При  $Nm > 1$  тенденции к дивергенции нет. В наших исследованиях во всех линиях отсутствуют дивергенции по аллельным частотам. Наиболее достоверно это установлено между линиями Корелич–Слуцк, Застон–Слуцк и Корелич–Застон.

Т а б л и ц а 5. Попарные линейные значения  $F_{st}$  и оценки Nm  
T a b l e 5. P a i r - w i s e l i n e a r v a l u e s o f F - s t a t i s t i c s a n d t h e N m a s s e s s m e n t s

Линия Line		Показатель Index	
		$F_{st}$	Nm
Корелич	Застон	0,045	5,293
Корелич	Макет	0,110	2,031
Корелич	Тик	0,087	2,628
Корелич	Слуцк	0,037	6,563
Корелич	Веселый	0,117	1,881
Застон	Макет	0,101	2,231
Застон	Тик	0,083	2,756
Застон	Слуцк	0,040	6,012
Застон	Веселый	0,116	1,912
Макет	Тик	0,147	1,447
Макет	Слуцк	0,100	2,246
Макет	Веселый	0,192	1,051
Тик	Слуцк	0,073	3,151
Тик	Веселый	0,183	1,113
Слуцк	Веселый	0,126	1,738

Обмен генами (поток генов,  $m$ ) между этими линиями находился на уровне 5,293–6,563. Низкий уровень потока генов установлен между линиями Макет, Веселый и Тик –  $Nm = 1,051$ – $1,447$ . Эти линии наиболее отдалены генетически между собой.

Анализ генетических дистанций между исследуемыми популяциями породы, рассчитанных по М. Nei, показал, что наибольшей генетической близостью характеризуются хряки из СГЦ «Заречье» и п/з «Ленино» – 0,186 (табл. 6).

В племзаводе «Ленино» был сосредоточен генофонд белорусской черно-пестрой породы, что позволяет использовать эту особенность как контроль чистопородности. Установленная закономерность позволяет утверждать, что хряки-производители из СГЦ «Заречье» являются чистопородными и прямыми продолжателями линий, существовавших в породе. Изучение генетической идентичности хряков, используемых в СГЦ «Заречье», в сравнении с генотипами хряков из двух контрольных племенных предприятий показало, что наиболее генетически идентичными являются животные из племзавода «Ленино» – 0,830 (табл. 7).

Т а б л и ц а 6. Генетическое расстояние между стадами хряков белорусской черно-пестрой породы

T a b l e 6. Genetic distance between the herds of boars of the Belarusian black-and-white breed

Случайные кодоминантные данные с координатами XY Random co-dominant data with the XY coordinates			
СГЦ «Заречье» Zarech'e	П/з «Ленино» Lenino	СГЦ «Вихра» Vikhra	Племенные предприятия Breeding enterprises
0,000	–	–	СГЦ «Заречье»
0,186	0,000	–	П/з «Ленино» (контроль)
0,237	0,169	0,000	СГЦ «Вихра» (контроль)

Т а б л и ц а 7. Генетическая идентичность между стадами хряков белорусской черно-пестрой породы

T a b l e 7. Genetic identity between the herds of boars of the Belarusian black-and-white breed

Случайные кодоминантные данные с координатами XY Random co-dominant data with the XY coordinates			
СГЦ «Заречье» Zarech'e	П/з «Ленино» Lenino	СГЦ «Вихра» Vikhra	Племенные предприятия Breeding enterprises
1,000	–	–	СГЦ «Заречье»
0,830	1,000	–	П/з «Ленино» (контроль)
0,789	0,845	1,000	СГЦ «Вихра» (контроль)

Животные из СГЦ «Заречье» и племзавода «Ленино» генетически ближе на 0,041, чем к хрякам из СГЦ «Вихра». Это еще одно подтверждение чистопородности хряков из СГЦ «Заречье».

Белорусская черно-пестрая порода состоит из 5 линий и одной родственной группы хряков. Для оставшихся линий Веселый 1317, Макет 9343, Корелич 913, Тик 3037 и родственной группы Застон 5085, а также для линии Слуцк на основе микросателлитного анализа рассчитаны генетические дистанция и идентичность между исследуемыми генеалогическими структурными единицами породы. Генетические дистанции между линиями, вычисленные по M. Nei, представлены в табл. 8.

Т а б л и ц а 8. Генетические дистанции между линиями в СГЦ «Заречье»

T a b l e 8. Genetic distances between the lines at the JSC “SGC “Zarechye”

Случайные кодоминантные данные с координатами XY Random co-dominant data with the XY coordinates						
Корелич Korelich	Застон Zaston	Макет Maket	Тик Tik	Слуцк Slutsk	Веселый Veselyi	
0,000						Корелич
0,157	0,000					Застон
0,360	0,306	0,000				Макет
0,253	0,255	0,419	0,000			Тик
0,124	0,141	0,300	0,215	0,000		Слуцк
0,198	0,199	0,413	0,352	0,232	0,000	Веселый

Наименьшие генетические расстояния 0,124 и 0,141 установлены между линией Слуцк и линиями Корелич и Застон. Это подтверждает общность происхождения хряков из одной популяции. В 2006 и 2011 гг. проведена комплектация основного стада СГЦ «Заречье» хряками этих линий из СГЦ «Вихра». Линия Веселый находится практически на одном расстоянии с близкими между собой линиями Корелич и Застон – 0,198 и 0,199 соответственно. Обоснование этого в комплектации хряками племенного предприятия из СГЦ «Вихра» в 2006 г. Наиболее обособленными (оригинальными) линиями являются линии Тик и Макет. Эти линии имеют наибольшие генетические дистанции с линией Веселый – 0,352 и 0,413 соответственно. Линия Макет наиболее отдалена от всех изученных линий. Между собой линии Тик и Макет находятся на наибольшем расстоянии – 0,419, что указывает на существующие различия в происхождении.

При оценке степени генетической идентичности линий установлено, что все линии являются отдельными структурными единицами с меньшей или большей степенью идентичности. Генофондными являются линии Макет и Тик, размер идентичности у которых составляет 25,9–34,3 % и 19,3–34,3 % соответственно (табл. 9).

Т а б л и ц а 9. Генетическая идентичность между линиями белорусской черно-пестрой породы, используемыми в СГЦ «Заречье»

Table 9. Genetic identity between the lines of the Belarusian black-and-white breed used at the JSC “SGC “Zarechye”

Случайные кодоминантные данные с координатами XY Random co-dominant data with the XY coordinates						
Корелич Korelich	Застон Zaston	Макет Maket	Тик Tik	Слуцк Slutsk	Веселый Veselyi	
1,000						Корелич
0,855	1,000					Застон
0,698	0,737	1,000				Макет
0,777	0,775	0,657	1,000			Тик
0,883	0,869	0,741	0,807	1,000		Слуцк
0,821	0,820	0,662	0,704	0,793	1,000	Веселый

Линия Слуцк, наиболее широко использованная в схемах скрещивания между линиями, имеет меньшую степень идентичности – 0,741–0,883. В дальнейшем эту линию необходимо ограничено использовать в разведении, однако в 2019 г. она прекратила свое существование. Следующей, подверженной к вырождению, является линия Застон. По этой линии средний процент идентичности составил 18,88. Причина – интенсивное использование в системе воспроизводства предприятия. Из-за ограниченности и малочисленности генеалогической структуры отцовской популяции имеющиеся линии находятся под угрозой снижения своей идентичности и, как следствие, сокращается генофонд породы путем вынужденного ограничения или прекращения использования той или иной линии в пороодообразовательном процессе.

Данные филогенетического анализа по М. Nei в виде дендрограммы представлены на рис. 2.

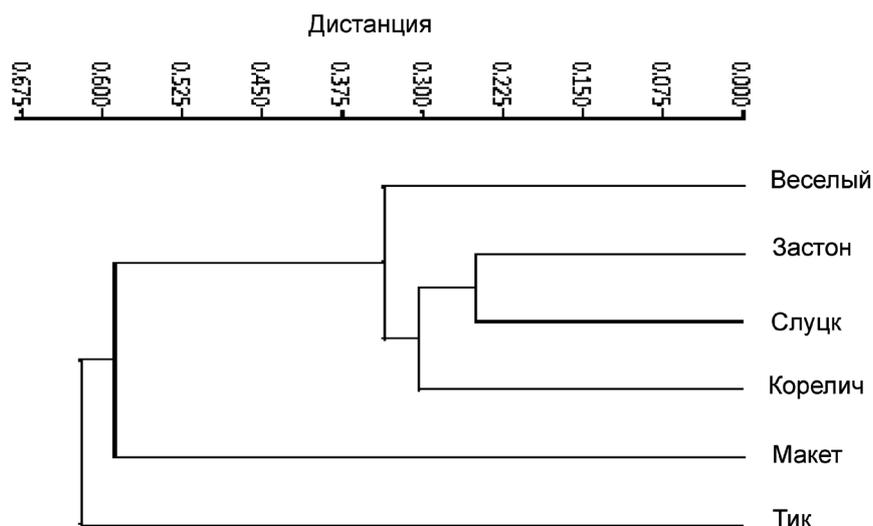


Рис. 2. Дендрограмма филогенетического родства изученных линий свиней белорусской черно-пестрой породы в СГЦ «Заречье» (ось X – генетические дистанции)

Fig. 2. Dendrogram of the phylogenetic relationship of the studied lines of the pigs of the Belarusian black-and-white breed at the JSC “SGC “Zarechye” (the X axis – the genetic distances)

Построение филогенетического дерева осуществляли методом попарного внутригруппового невзвешенного среднего (UPGMA, программного обеспечение Past v. 3.26.7z) на основании микросателлитного анализа по 9 локусам. Разработанная структура генеалогического дерева на основании микросателлитного анализа отражает происхождение изучаемых линий и соответствует генеалогической структуре белорусской черно-пестрой породы. Линии Слуцк, Застон и Корелич, входящие в подкластер Веселый–Корелич–Застон–Слуцк, имеют общее место происхождения – СГЦ «Вихра» и на протяжении 9–13 лет разводились в одном генофондном племенном предприятии – ОАО «СГЦ Заречье». В линии Веселый, завезенной в СГЦ «Заречье» в 2011 г., получено три поколения хряков, которые были закреплены за матками семейств, что и производители линии Корелич. Данный подбор способствовал генетическому сближению этих двух линий. Образованный подкластер имеет двоякую природу происхождения. Изначально все эти линии произошли из одной локальной популяции свиней белорусской черно-пестрой породы. Во-вторых, схемы их разведения пересекались на ограниченном маточном поголовье. Две оставшиеся линии – Макет и Тик – образовали две обособленные ветви, которые генетически дистанцированы от имеющегося подкластера Веселый–Корелич–Застон–Слуцк. Линия Макет обладает наибольшим количеством частных аллелей и происходит из племзавода «Ленино». Линия Тик создана в результате вводного скрещивания белорусской черно-пестрой и породы пьетрен. В 2003 г. в СГЦ «Заречье» получен родоначальник этой линии.

**Заключение.** На основании проведенного анализа данных микросателлитных исследований разработана генеалогическая структура белорусской черно-пестрой породы, состоящая из одного подкластера и двух ветвей. Линии Слуцк, Застон и Корелич, входящие в подкластер Веселый–Корелич–Застон–Слуцк, имеют общее место происхождения – СГЦ «Вихра» и на протяжении 9–13 лет разводились в одном генофондном племенном предприятии – ОАО «СГЦ Заречье». Две линии – Макет и Тик образовали обособленные ветви, которые генетически дистанцированы от имеющегося подкластера. Линия Макет обладает наибольшим количеством частных аллелей и происходит из племзавода «Ленино». Линия Тик создана в результате вводного скрещивания белорусской черно-пестрой и породы пьетрен в 2003 г. в СГЦ «Заречье».

Разработанная генеалогическая структура породы позволяет оценить состояние и степень родства структурных единиц (линий) и отражает перспективу их дальнейшего использования. Для сохранения генофонда белорусской черно-пестрой породы необходимо усилить селекционно-племенную работу с линиями, входящими в подкластер Веселый–Корелич–Застон–Слуцк, а возрождение породы осуществлять через линии Макет и Тик.

#### Список использованных источников

1. Nidup, K. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites: a mini-review / K. Nidup, C. Moran // *Genomics and Quantitative Genetics*. – 2011. – Vol. 2. – P. 5–18.
2. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers / M. SanCristobal [et al.] // *Animal Genetics*. – 2006. – Vol. 37, N 3. – P. 189–198. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2005.01385.x>
3. Genetic characterization of local criollo pig breeds from the americas using microsatellite markers / A. M. Revidatti [et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2014. – Vol. 92, N 11. – P. 4823–4832. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-7848>
4. Genetic polymorphism of microsatellite loci and their association with reproductive traits in Ukrainian meat breed pigs / S. I. Lugovoy [et al.] // *Cytology and Genetics*. – 2018. – Vol. 52, N 5. – P. 360–367. <https://doi.org/10.3103/s0095452718050079>
5. Микросателлитные профили как критерии определения чистопородности и оценки степени гетерогенности подборов родительских пар в свиноводстве / Н. А. Зиновьева [и др.] // *Сельскохозяйственная биология*. – 2011. – Т. 46, № 6. – С. 47–53.
6. Популяционно-генетическая характеристика свиней пород крупная белая, ландрас и дюрок с использованием микросателлитов / В. Р. Харзинова [и др.] // *Зоотехния*. – 2018. – № 4. – С. 2–7.
7. Genetic diversity of ukrainian local pig breeds based on microsatellite markers / S. S. Kramarenko [et al.] // *Regulatory Mechanisms in Biosystems*. – 2018. – Vol. 9, N 2. – P. 177–182. <https://doi.org/10.15421/021826>
8. Харзинова, В. Р. Локальные породы свиней: сравнительная характеристика аллелофонда на основе анализа микросателлитов / В. Р. Харзинова, О. В. Костюнина, Н. А. Зиновьева // *Свиноводство*. – 2017. – № 1. – С. 5–7.

9. Взаимосвязь полиморфизма генов-маркеров ESR, IGF-2, H-FABP с воспроизводительными и мясными качествами свиней материнских пород / О. Я. Васильюк [и др.] // Зоотехническая наука Беларуси. – Жодино, 2018. – Т. 53, Ч. 1. – С. 48–61.
10. Гридюшко, И. Ф. Продуктивность селекционных стад белорусской черно-пестрой породы свиней, созданных в базовых племенных предприятиях / И. Ф. Гридюшко, Е. С. Гридюшко // Зоотехническая наука Беларуси. – Жодино, 2014. – Т. 49, Ч. 1. – С. 68–75.
11. Анализ генетической характеристики свиней материнских пород отечественной селекции с использованием ДНК-маркеров / Н. А. Лобан [и др.] // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства: сб. науч. тр. – Горки, 2019. – Вып. 22, ч. 1. – С. 100–106.
12. Харзинова, В. Р. Паттерн генетического разнообразия у локальных и коммерческих пород свиней на основе анализа микросателлитов / В. Р. Харзинова, Н. А. Зиновьева // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2020. – Т. 24, № 7. – С. 747–754. <https://doi.org/10.18699/vj20.669>
13. Рокицкий, П. Ф. Биологическая статистика / П. Ф. Рокицкий. – Изд. 3-е, испр. – Минск, 1973. – 320 с.
14. Peakall, R. GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update / R. Peakall, P. E. Smouse // Bioinformatics. – 2012. – Vol. 28, N 19. – P. 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

## References

1. Nidup K., Moran C. Genetic diversity of domestic pigs as revealed by microsatellites: a mini-review. *Genomics and Quantitative Genetics*, 2011, vol. 2, pp. 5–18.
2. SanCristobal M., Chevalet C., Haley C. S., Joosten R., Rattink A. P., Harlizius B., Groenen M. A. M., Amigues Y., Boscher M.-Y., Russell G., Law A., Davoli R., Russo V., Desautels C., Alderson L., Fimland E., Bagga M., Delgado J. V., Vega-Pla J. L., Martinez A. M., Ramos M., Glodek P., Meyer J. N., Gandini G. C., Matassino D., Plastow G. S., Siggins K. W., Laval G., Archibald A. L., Milan D., Hammond K., Cardellino R. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 2006, vol. 37, no. 3, pp. 189–198. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2005.01385.x>
3. Revidatti M. A., Delgado Bermejo J. V., Gama L. T., Landi Periaty V., Ginja C., Alvarez L. A., Vega-Pla J. L., Martínez A. M., BioPig Consortium. Genetic characterization of local criollo pig breeds from the americas using microsatellite markers. *Journal of Animal Science*, 2014, vol. 92, no. 11, pp. 4823–4832. <https://doi.org/10.2527/jas.2014-7848>
4. Lugovoy S. I., Kharzinova V. R., Kramarenko S. S., Lykhach A. V., Kramarenko A. S., Lykhach V. Y. Genetic polymorphism of microsatellite loci and their association with reproductive traits in Ukrainian meat breed pigs. *Cytology and Genetics*, 2018, vol. 52, no. 5, pp. 360–367. <https://doi.org/10.3103/s0095452718050079>
5. Zinovieva N. A., Harzinova V. R., Logvinova T. I., Gladyr' E. A., Sizareva E. I., Chinarov Yu. I. Microsatellite profiles as criteria for confirmation of breed purity and evaluation of heterogeneity degree of parents' pairs in pig breeding. *Sel'skohozyaistvennaya biologiya = Agricultural Biology*, 2011, vol. 46, no. 6, pp. 47–53 (in Russian).
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. *Zootehniya*, 2018, no. 4, pp. 2–7 (in Russian).
7. Kramarenko S. S., Lugovoy S. I., Kharzinova V. R., Lykhach V. Y., Kramarenko A. S., Lykhach A. V. Genetic diversity of Ukrainian local pig breeds based on microsatellite markers. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 2018, vol. 9, no. 2, pp. 177–182. <https://doi.org/10.15421/021826>
8. Kharzinova V. R., Kostyunina O. V., Zinovieva N. A. Comparative characteristics of the allele pool of local pig breeds based on microsatellite analysis. *Svinovodstvo [Pig breeding]*, 2017, no. 1, pp. 5–7 (in Russian).
9. Vasilyuk O. Y., Sheiko I. P., Gridyushko I. F., Gridyushko E. S., Loban N. A. Correlation of esr, igf-2, h-fabp marker genes' polymorphism with reproductive and meat traits of pigs of maternal breeds. *Zootekhnicheskaya nauka Belarusi [Zootechnical science of Belarus]*. Zhodino, 2018, vol. 53, part 1, pp. 48–61 (in Russian).
10. Gridyushko I. F., Gridyushko E. S. Performans of breeding herds of Belarusian black-motley breed of pigs that were created at the basic pedigree enterprises]. *Zootekhnicheskaya nauka Belarusi [Zootechnical science of Belarus]*. Zhodino, 2014, vol. 49, part 1, pp. 68–75 (in Russian).
11. Loban N. A., Pischelka E. V., Kazutova Yu. S., Kostyunina O. V., Zinovyeva N. A., Kharzinova V. R., Loban E. N. Analysis of the genetic characteristics of mother-breed pigs of domestic selection using DNA markers. *Aktual'nye problemy intensivnogo razvitiya zhivotnovodstva [Actual problems of intensive development of animal husbandry]*. Gorki, 2019, no. 22, part 1, pp. 100–106 (in Russian).
12. Kharzinova V. R., Zinovieva N. A. The pattern of genetic diversity of different breeds of pigs based on microsatellite analysis. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2020, vol. 24, no. 7, pp. 747–754 (in Russian). <https://doi.org/10.18699/vj20.669>
13. Rokisky P. F. *Biological statistics*, 3<sup>rd</sup> ed., rev. Minsk, 1973. 320 p. (in Russian).
14. Peakall R., Smouse P. E. GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*, 2012, vol. 28, no. 19, pp. 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

**Информация об авторах**

*Гридюшко Игорь Фёдорович* – канд. с.-х. наук, вед. науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.

*Бальников Артур Анатольевич* – канд. с.-х. наук, доцент, заведующий лабораторией. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: balnart@mail.ru.

*Шейко Иван Павлович* – академик, доктор с.-х. наук, профессор, первый заместитель генерального директора. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: belniig@tut.by.

*Василук Олег Ярославович* – канд. биол. наук, вед. науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.

*Гридюшко Елена Станиславовна* – канд. с.-х. наук, вед. науч. сотрудник. НПЦ НАН Беларуси по животноводству (ул. Фрунзе, 11, 222160, Жодино, Республика Беларусь). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.

**Information about the authors**

*Gridushko Igor F.* – Ph. D. (Agrarian), Leading researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.

*Balnikov Arthur A.* – Ph. D. (Agrarian), Associate professor, Head of the Laboratory. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: balnart@mail.ru.

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

*Vasiluk Oleg Ya.* – Ph. D. (Biology), Leading researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.

*Gridushko Elena S.* – Ph. D. (Agrarian), Leading researcher. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Breeding (11, Frunze Str., 222160, Zhodino, Republic of Belarus). E-mail: lab.breed.selec.pig@yandex.by.