

# ГЕНЕТИКА, РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, БИОТЕХНОЛОГИЯ РАЗМНОЖЕНИЯ И ВОСПРОИЗВОДСТВО

---

УДК 636.424.082.251:575.113.12

О.Я. ВАСИЛЮК, И.Ф. ГРИДЮШКО, И.П. ШЕЙКО, Е.В.ПИЩЕЛКА,  
С.М. КВАШЕВИЧ

## СИСТЕМА СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕРОПРИЯТИЙ ПРИ ЛИНЕЙНОМ РАЗВЕДЕНИИ СВИНЕЙ БЕЛОРУССКОЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ НА ОСНОВЕ ДНК-ТЕХНОЛОГИЙ

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

Белорусская крупная белая порода наиболее распространена среди разводимых в Республике Беларусь плановых пород свиней. В настоящее время, с использованием методов молекулярной биологии, информации о генетических маркерах и их связи с хозяйственно-полезными признаками, появилась возможность вести селекционный процесс в свиноводстве на качественно новом уровне. В связи с этим на племенном предприятии с/х филиал СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» Витебской области проведены исследования с целью разработки системы селекционно-генетических мероприятий по использованию свиней белорусской крупной белой породы при линейном разведении на основе ДНК-технологий. Исходя из полиморфизма генов-маркеров продуктивных качеств, определен генетический потенциал линий и родственных групп хряков белорусской крупной белой породы. На основании анализа результатов исследований построены генетические профили линий и родственных групп свиней белорусской крупной белой породы в базовом предприятии СГЦ «Заднепровский».

**Ключевые слова:** селекция, свиньи, белорусская крупная белая порода, генетическое тестирование, гены: риадинового рецептора (RYR 1), эстрогенового рецептора (ESR), рецепторов ECR 18, H-FABP, инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF - 2), генетический профиль, ДНК-микросателлиты.

O.Y. VASILYUK, I.F. GRIDYUSHKO, I.P. SHEIKO,  
E.V. PISHCHELKA, S.M. KVASHEVICH

## SYSTEM OF BREEDING AND GENETIC MEASURES OF LINEAR BREEDING OF BELARUSIAN LARGE WHITE BREED OF PIGS BASED ON DNA TECHNOLOGIES

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

Belarusian Large White breed is the most widespread among planned pig breeds in the Republic of Belarus. Currently, using methods of molecular biology, information about genetic

markers and their correlation with economically useful traits, it is possible to conduct selection process in pig breeding at a qualitatively new level. In this regard, research was carried out at the breeding enterprise of the agricultural branch of Zadneprovsky SGC Orshanskiy KHP OJSC in the Vitebsk region in order to develop a system of selection and genetic measures for use of Belarusian Large White pigs in linear breeding based on DNA technologies. Based on polymorphism of genes-markers of performance traits, the genetic potential of lines and related groups of boars of Belarusian Large White breed has been determined. Based on analysis of the research results, the genetic profiles of lines and related groups of pigs of Belarusian Large White breed at the base enterprise of Zadneprovsky SGC were constructed.

**Keywords:** selection, pigs, Belarusian large white breed, genetic testing, genes: ryanodine receptor (RYR 1), estrogen receptor (ESR), ECR 18 and H-FABP receptors, insulin-like growth factor 2 (IGF-2), genetic profile. DNA microsatellites.

**Введение.** Белорусская крупная белая порода является одной из крупнейших по численности (30% хряков и 60% маток) среди разводимых в Республике Беларусь плановых пород свиней. Она имеет достаточно высокие воспроизводительные качества, обладает высокой резистентностью молодняка и обеспечивает высокий уровень потребительских качеств при чистопородном разведении и скрещивании [1].

В настоящее время, с использованием методов молекулярной биологии, информации о генетических маркерах и их связи с хозяйственно-полезными признаками, появилась возможность вести селекционный процесс на качественно новом уровне. Выявление предпочтительных с точки зрения селекции вариантов таких генетических маркеров у свиней позволяет, наряду с традиционным отбором по фенотипу, проводить селекцию непосредственно на уровне ДНК (маркер-зависимая селекция). Вследствие отбора животных с предпочтительными генотипами в качестве родительских пар можно ожидать повышение продуктивности их потомков, по сравнению с предыдущим поколением [2].

В качестве генетических маркеров признаков продуктивности свиней белорусской крупной белой породы, представляющих практический интерес, изучались: рианодинорый рецептор (RYR 1) – ген-кандидат чувствительности животных к стрессам; эстрогеновый рецептор (ESR) – плодовитости свиней; рецептор ECR 18 – чувствительности к колибактериозу; ген H-FABP – содержание внутримышечного жира; инсулиноподобный фактор роста 2 (IGF - 2) – откормочных и мясных качеств [3-6].

Исследование по ДНК-микросателлитам позволяет точно оценить гетерозиготность популяции животных, то есть 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, а также повысить точность учета результатов по выявлению происхождения животных. К преимуществам

микросателлитного анализа следует отнести высокую точность и достоверность исследований, возможность постановки мультиплексных анализов. Кроме этого, STR-анализ остается бесценным генетическим инструментом для установления родства, идентификации и чистопородности животных, а также для картирования и оценки потоков генов между популяциями [7].

Целью работы являлась разработка системы селекционно-генетических мероприятий по использованию свиней белорусской крупной белой породы при линейном разведении на основе ДНК-технологий.

**Материал и методика исследований.** Объект исследований – активная часть чистопородного селекционного стада свиней белорусской крупной белой породы, разводимых на племенном предприятии с.-х. филиал СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» Витебской областей.

Генетическое тестирование проводилось по генам: риадинового рецептора (RYR 1), эстрогенового рецептора (ESR), рецепторов ECR 18 и H-FABP; инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF - 2). В качестве исходного материала использовались пробы ткани из ушной раковины свиней. Из образцов выделен и оптимизирован ДНК для анализа в лабораториях генетики (РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»), генетики животных (ДНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси») и лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ, Россия) полиморфизма генов методом ПЦР – ПДРФ (полимеразно-цепной реакции полиморфизма длин рестрикционных фрагментов).

Также проведена генетическая экспертиза по ДНК – микросателлитам в лаборатории молекулярной генетики (ВИЖ, Россия).

Индекс мясо-откормочных качеств (ИМОК) определялся по формуле [8]:

$$\text{ИМОК} = 1,3(200-X_1)+0,1(X_2-650)+67(4,1-X_3)+2,1(X_4-97,4)+4(33-X_5)+15(X_6-10,2)$$

где  $X_1$  - возраст достижения живой массы 100 кг (дней);

$X_2$  - среднесуточный прирост (г);

$X_3$  - затраты корма на 1 кг прироста (к.ед.);

$X_4$  - длина туши (см);

$X_5$  - толщина шпика над 6-7 грудными позвонками (мм);

$X_6$ , масса задней трети полутуши (кг).

Материалы исследований обработаны методом вариационной статистики по стандартной компьютерной программе «Биостат».

**Результаты эксперимента и их обсуждение.** Научно-исследовательская работа проводилась в базовом хозяйстве СГЦ «Заднепровский».

Изучена средняя продуктивность хряков породы на линейном уровне в течении последних пяти лет (таблица 1).

Таблица 1 – Продуктивность хряков белорусской крупной белой породы в СГЦ «Заднепровский» в зависимости от их линейной принадлежности

Линии и родственные группы	Многоплодие свиноматок, голов	Откормочные качества			Мясные качества			ИМ ОК баллов
		возраст достижения живой массы 100 кг, дней	среднесуточный прирост, г	затраты корма на 1 кг прироста, к.ед.	толщина шпика, мм	длина туши, см	масса задней трети полу туши, кг	
Драчун 562	11,0	193	685	3,74	24,5	96,3	11,0	82,7
Смык 46706	11,2	191	690	3,72	25,0	95,8	11,0	85,8
Сябр 202065	11,2	196	661	3,84	24,0	96,7	10,9	68,8
Сват 751	10,7	200	652	3,79	24,0	98,3	11,0	70,9
Сябр 903	11,3	196	664	3,81	24,0	96,9	11,0	75,1
Секрет 8549	11,4	205	614	4,07	23,8	97,2	10,9	48,7
Свитанок 3884	11,5	215	568	4,29	23,0	97,9	10,9	50,5
Сват 3487	11,5	213	575	4,25	23,3	97,2	11,0	50,8
Сталактит 8387	12,0	212	551	4,36	23,5	97,1	10,9	48,5
Драчун 90685	11,7	208	561	4,31	24,0	97,5	11,0	48,0
В среднем	11,4	203	622	4,01	24,0	97,1	11,0	63,0

В наших исследованиях был выявлен ряд закономерностей. Так, у животных, в геноме потомков которых наблюдается относительно высокая концентрация аллеля А гена IGF-2 (л. Драчуна 562 (0,75\*\*), л. Смыка 46706 (50,0), л. Сябра 202065 (0,33), л. Свата 751 (0,25), л. Сябра 903 (0,23\*\*) наблюдались более высокие показатели откормочных и мясных качеств, выраженные индексом ИМОК (82,7; 85,8; 68,8; 70,9 и 75,1 баллов, соответственно). С другой стороны, у животных с преобладанием в геноме аллеля G гена IGF-2 (л. Секрета 8549 (0,80\*\*), л. Свитанка 3884 (0,80), л. Свата 3487(0,83), л. Сталактита 8387 (0,87) и л. Драчуна 90685 (0,87\*\*) многоплодие повышается на 2,8 – 8,3% по сравнению с животными линий с более высокой концентрацией аллеля А.

Следует отметить, что хряки, чье потомство имеет более высокие показатели откормочной и мясной продуктивности, имеют преимущественно зарубежное происхождение.

Дендрограмма линейной принадлежности популяции свиней белорусской крупной белой породы в СГЦ «Заднепровский» представлена на рисунке 1.

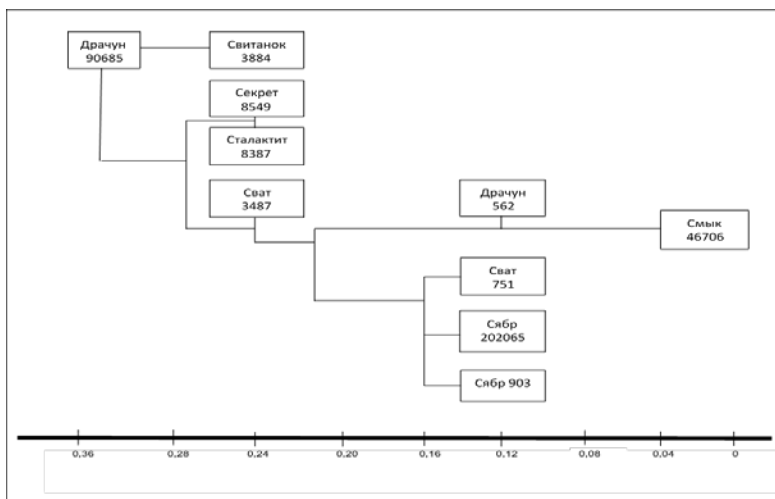


Рисунок 1 – Дендрограмма линейной принадлежности популяции свиней белорусской крупной белой породы в СГЦ «Заднепровский»

Анализ полученных данных показывает, что наибольшей генетической удаленностью характеризовалась линия Смыка 46706, которая была наиболее близка линии Драчуна 562. Хряки линий Сябра 202065 и Свата 751 были наиболее близки линии Сябра 903, с которой они формировали относительно удаленный от других пород кластер. Близким генетическим родством отличаются линии Секрета 8549, Свата 3487 и Сталактита 8387. Отдельную от других линий ветвь формирует линия Свитанка 3884.

Л. Драчуна 562, л. Свата 751 и л. Сябра 903 ведут свое происхождение от животных породы йоркшир польского, л. Смыка 46706 – канадского, л. Сябра 202065 - английского происхождения.

Линия Драчуна 90685, как и Сталактита 8387 несет в себе черты остальных линий, как родоначальниц, от которой произошли другие. Аналогичные данные получены российскими селекционером, которые установили, что в основном популяция свиней крупной белой породы имеет общее происхождение от линий Драчуна и Сталактита. Данные линии были завезены в Беларусь в 60-70-х годах XX столетия.

При генетическом анализе с учетом полиморфизма генов так же можно отметить некоторое отличие животных отцовских и материнских линий и родственных групп.

Частота встречаемости желательного аллеля В гена ESR в геноме свиней белорусской крупной белой породы составляет 0,44 %. Высокая концентрация аллеля В отмечена в геноме животных линий Сталактита 8387 (0,59\*\*), Смыка 46706(0,58) и Свата 3487.

По гену рецептора E.coli F 18 (ECR F18) выявлено, что в геноме животных отцовских линий концентрация желательного аллеля А составляет 0,22 – 0,32<sup>\*\*</sup>, в то время как в материнских – 0,11 – 0,20<sup>\*\*</sup>, что указывает на более высокую толерантность животных отцовских линий к заболеванию колибактериозом. Однако по гену H-FABP потомство животных материнских линий по концентрации предпочтительного аллеля d в их геноме несколько превосходят своих аналогов отцовских линий (0,71 – 0,74 и 0,62 – 0,66<sup>\*\*</sup>, соответственно). Данное обстоятельство указывает, что мясо свиней у животных с желательным сочетанием аллелей гена H-FABP характеризуется большим содержанием внутримышечного жира, и, следовательно, более высокими вкусовыми качествами.

Анализ результатов тестирования свиней белорусской крупной белой породы по ДНК-микросателлитам также показал генетическую близость линий Драчуна 90685, Сталактита 8387, Свитанка 3884, Свата 3487, Секрет 8549 и генетическую удаленность от них линий Драчуна 562, Смыка 46706, Сябра 202065, Свата 751 и Сябра 903.

Таким образом, животных породы с учетом полиморфизма генов-маркеров продуктивных качеств и их продуктивности, а также на основе микросателлитного анализа принято решение дифференцировать на материнские и отцовские линии с отдельной селекцией и различными стандартами (таблица 2).

Таблица 2 – Дифференцирование хряков белорусской крупной белой породы на отцовские и материнские линии

Отцовские линии	Материнские линии
Драчун 562	Секрет 8549
Смык 46706	Свитанок 3884
Сябр 202065	Сват 3487
Сват 751	Сталактит 8387
Сябр 903	Драчун 90685

Основное направление в селекции в материнских линиях – повышение резистентности молодняка и многоплодия маток, в отцовских – улучшение откормочных и мясных качеств.

Селекционно-генетические мероприятия по использованию свиней белорусской крупной белой породы при линейном разведении на основе ДНК-технологий.

Проведенные исследования позволили разработать «Систему селекционно-генетических мероприятий по использованию свиней белорусской крупной белой породы при линейном разведении на основе ДНК-технологий», включающую:

#### 1. Генетическое тестирование:

– проведение генетического тестирования свиней белорусской крупной белой породы по главным генам-маркерам продуктивных качеств:

рианодинового рецептора (RYR 1), эстрогенового рецептора (ESR), рецепторов ECR 18, H-FABP, инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2);

–определение частотности аллелей и генотипов генов-маркеров продуктивных качеств свиней белорусской крупной белой породы;

– построение генетических профилей линий и родственных групп свиней белорусской крупной белой породы.

#### 2. Тестирование по ДНК-микросателлитам

–проведение тестирования по ДНК-микросателлитам свиней белорусской крупной белой породы;

–построение дендрограмм породной принадлежности свиней белорусской крупной белой породы с учетом их линейной принадлежности.

#### 3. Проведение анализа результатов тестирования свиней белорусской крупной белой породы по главным генам-маркерам продуктивных качеств и ДНК-микросателлитам

–определение статуса животного в зависимости от содержания в геноме предпочтительных генотипов и аллелей генов-маркеров продуктивных качеств, выявленного микросателлитным анализом их происхождения, а также их продуктивности;

–с учетом проведенных мероприятий проведение дифференциации хряков белорусской крупной белой породы на отцовские и материнские направления продуктивности.

Животных линий, в геноме которых преобладают предпочтительные аллели генов, детерминирующих откормочные и мясные качества, имеющих высокую долю кровности породы йоркшир, а также имеющих высокие показатели откормочной и мясной продуктивности следует определять как отцовские.

Хряков линий, в геноме которых преобладают предпочтительные аллели и генотипы, определяющие воспроизводительные качества, происхождения свое они ведут от родоначальников линий породы и имеющих высокие показатели материнских качеств определять как материнские.

#### 4. Разработка планов подбора родительских пар при чистопородном разведении на линейном уровне с учетом направления продуктивности, генетических профилей и происхождения.

Выполнение данной системы селекционно-генетических мероприятий позволит создать единую систему разведения и использования племенных животных в базовых племпредприятиях, повысить эффективность использованию линий свиней белорусской крупной белой породы.

**Заключение.** В качестве примера исследований использовалось ведущее базовое предприятие с/х филиал СГЦ «Заднепровский» ОАО

«Оршанский КХП» Витебской областей, в котором был определен генетический потенциал линий и родственных групп хряков белорусской крупной белой породы, исходя из полиморфизма генов-маркеров продуктивных качеств.

На основании проведенного анализа результатов исследований построены генетические профили линий и родственных групп свиней белорусской крупной белой породы в базовом хозяйстве СПЦ «Заднепровский».

Животных породы с учетом полиморфизма генов-маркеров продуктивных качеств и их продуктивности принято решение дифференцировать на материнские и отцовские линии с отдельной селекцией и различными стандартами. Отцовские линии: Драчуна 562, Смыка 46706, Сябра 202065, Свата 751 и Сябра 903; материнские: Секрета 8549, Свитанка 3884, Свата 3487, Сталактита 8387 и Драчуна 90685.

Проведено тестирование по ДНК-микросателлитам и построена дендрограмма породной принадлежности популяции свиней белорусской крупной белой породы с учетом их линейной принадлежности.

Анализ полученных данных показывает, что наибольшей генетической удаленностью характеризовалась линия Смыка 46706, которые в свою очередь была наиболее близка линии Драчуна 562, с которой она формировала общий кластер. Хряки линий Сябр 202065 и Сват 751 были наиболее близки линии Сябра903, с которой они формировали относительно удаленный от других пород кластер. Близким генетическим родством отличаются линии Секрета 8549, Свата 3487 и Сталактита 8387. Отдельную от других линий ветвь формирует линия Свитанка 3884.

Разработана система селекционно-генетических мероприятий по использованию свиней белорусской крупной белой породы при линейном разведении на основе ДНК-технологий, включающая:

1. Генетическое тестирование животных белорусской крупной белой породы;
2. Тестирование животных породы по ДНК-микросателлитам;
3. Проведение анализа результатов тестирования свиней белорусской крупной белой породы по главным генам-маркерам продуктивных качеств и ДНК-микросателлитам;
4. Разработку планов подбора родительских пар при чистопородном разведении на линейном уровне с учетом направления продуктивности, генетических профилей и происхождения.

Данная система может служить основанием для разработки селекционной стратегии предприятий, занимающихся разведением племенных свиней белорусской крупной белой породы.



## Литература

1. Лобан, Н. А. Крупная белая порода свиней – методы совершенствования и использования. / Н. А. Лобан. – Минск : ПЧУП Бизнесофсет, 2004. – 110 с.
2. Эрнст, Л. К. Биологические проблемы животноводства в XXI веке / Л. К. Эрнст, Н. А. Зиновьева. – Москва : РАСХН, 2008. – 501 с.
3. Лобан, Н. А. Оценка стрессустойчивости и плодовитости свиней методами молекулярной генной диагностики / Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, Н. А. Зиновьева // Интенсификация производства продуктов животноводства : материалы науч.-практ. конф. – Жодино, 2002. – С. 48-51.
4. Шейко, И. П. Селекция на повышение многоплодия свиноматок крупной белой породы методом молекулярной диагностики / И. П. Шейко, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк // Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2006. - № 3. – С. 77-82.
6. Арсиенко, Р. Ю. Исследования полиморфизма гена H-FABP во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками свиней / Р. Ю. Арсиенко, Е. А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2002. – С. 94-96.
4. Молекулярная генная диагностика в свиноводстве Беларуси./ Н. А. Лобан [и др.]. – Дубровицы, 2005. – 42 с.
7. Микросателлитные профили как критерии определения чистопородности и оценки степени гетерогенности подборов родительских пар в свиноводстве / Н. А. Зиновьева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2011. - № 6 – С. 47-53.
8. Способ оценки сочетаемости родительских пар свиней по мясо-откормочным качествам потомков: пат. 17677 ВУ: С1 МПК А 01 К 67/02 / И. П. Шейко, Н. А. Лобан, О. Я. Василюк, И. С. Маликов; заявитель и патентообладатель Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству. – № а20100713; заявл. 11.05.2010; опубл. 30.10.2013. Афиц. бюл. № 3 (1 ч.).

*Поступила 9.02.2021 г.*

УДК 636.2.082.26(477):62-873.8

С.Л. ВОЙТЕНКО<sup>1</sup>, П.П. ДЖУС<sup>1</sup>, Е.В. СИДОРЕНКО<sup>1</sup>,  
М.А. ПЕТРЕНКО<sup>2</sup>

### **ЖИВАЯ МАССА ТЕЛОК РАЗНЫХ ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИХ ЛИНИЙ СЕРОЙ УКРАИНСКОЙ ПОРОДЫ КАК ФАКТОР ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЕЕ КОНСОЛИДИРОВАННОСТИ И ЭФФЕКТИВНОСТИ СКРЕЩИВАНИЯ**

*<sup>1</sup>Институт разведения и генетики животных имени М. В. Зубца  
Национальной академии аграрных наук Украины,  
с. Чубинское, Украина*

*<sup>2</sup>Полтавский государственный аграрный университет,  
г. Полтава, Украина*

В динамике 2002–2019 годов установлено некоторое увеличение поголовья скота серой украинской породы на фоне незначительного повышения молочности коров с первым отелом и выхода телят на 100 коров, а также снижения интенсивности роста молодняка.