

О.Я. ВАСИЛЮК, И.Ф. ГРИДЮШКО, И.П. ШЕЙКО,  
А.А. БАЛЬНИКОВ

## ДЕНДРОГРАММЫ ЛИНИЙ СВИНЕЙ МАТЕРИНСКИХ ПОРОД НА ОСНОВЕ МИКРОСАТЕЛЛИТНОГО АНАЛИЗА

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

Эффективность свиноводства при переводе на промышленную основу возрастает при разведении определённых, изолированных линий породы. Вовлечение в исследование большого числа географически изолированных популяций позволит дать наиболее полную характеристику аллелофонда пород. В статье представлены результаты исследований, целью которых было построение дендрограмм линий свиней материнских пород на основе микросателлитного анализа. Объектом изучения были популяции чистопородных животных пород белорусской крупной белой, белорусской чёрно-пёстрой и белорусского заводского типа свиней породы йоркшир. Выявление генетических связей и различий между линиями с использованием дендрограмм позволит проводить целенаправленную селекционную работу с линиями хряков по их сохранению, совершенствованию и эффективному использованию в пороодообразовательном процессе.

**Ключевые слова:** селекция, заводская линия, белорусская крупная белая, белорусская чёрно-пёстрая породы свиней, белорусский заводской тип породы йоркшир, микросателлиты, микросателлитный анализ.

O.Y. VASILYUK, I.F. GRIDIUSHKO, I.P. SHEIKO, A.A. BALNIKOV

## DENDROGRAMS OF MATERNAL BREED PIG LINES BASED ON MICROSATELLITE ANALYSIS

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

Pig farming efficiency increases under industrial conditions with breeding of certain, isolated breed lines. Involving a large number of geographically isolated populations in the study will make it possible to give the most complete characterization of the allele pool of breeds. The article contains the results of studies aimed at constructing dendrograms of maternal breed pig lines based on microsatellite analysis. The object of the study was the purebred populations of Belarusian Large White, Belarusian Black-and-White, and Belarusian factory type Yorkshire breeds of pigs. Identification of genetic relationships and differences between the lines using dendrograms will enable targeted breeding work with boar lines for their preservation, improvement and effective use in the breed-forming process.

**Keywords:** selection, factory line, Belarusian Large White, Belarusian Black-and-White, Belarusian factory type Yorkshire breed, microsatellites, microsatellite analysis.

**Введение.** Основным методом чистого разведения было и остаётся разведение по линиям. Линия – это группа животных общего происхождения и зоотехнических характеристик, имеющих сходство в типе, уровне продуктивности и реакции на условия среды. Перевод свиноводства на промышленную основу показал, что его эффективность возрастает, если разводятся не породы вообще, а определённые, изолированные их линии [1].

Важной задачей в свиноводстве является разработка приёмов контроля чистопородности племенных животных. Современные технологии промышленного производства свинины основаны на получении эффекта гетерозиса от скрещивания специализированных пород при сочетании чистых линий. В то же время необходимы новые методы оценки гетерогенности подборов родительских пар, направленных на обеспечение стабильной передачи потомству продуктивных признаков при снижении их вариабельности [2]. В этой связи к числу перспективных приёмов можно отнести использование микросателлитов – tandemно расположенных коротких некодирующих повторяющихся последовательностей ДНК, равномерно расположенных по всему геному. Благодаря высокой степени полиморфизма и менделевскому типу наследования микросателлиты представляют собой идеальные ДНК-маркеры у млекопитающих [3]. Исследование по ДНК-микросателлитам позволяет точно оценить гетерозиготность популяции животных (Но и Не), то есть её генетическое разнообразие. С помощью ДНК-микросателлитов можно оценить степень инбридинга (Fis) и тем самым снизить вероятность близкородственного спаривания, а также повысить точность учёта результатов по выявлению происхождения животных (Assignment-тест). Кроме этого, STR-анализ остаётся бесценным генетическим инструментом для установления родства, идентификации и чистопородности животных (по Nei M.), а также для картирования и оценки потоков генов между популяциями (оценка Nm).

Вовлечение в исследование большого числа географически изолированных популяций позволит дать наиболее полную характеристику аллелофонда пород. Микросателлитные профили могут быть использованы в качестве критерия оценки состояния и степени родства популяций внутри пород и отражать их происхождение [4].

Материнские породы свиней хорошо приспособлены к местным условиям производства, отличаются высоким многоплодием, крупноплодностью, молочностью. В Республике Беларусь плановыми материнскими породами являются: белорусская крупная белая, белорусская

чёрно-пёстрая и белорусский заводской тип свиней породы йоркшир. Эти породы в настоящее время используются в системах промышленного скрещивания и гибридизации [5].

Целью исследований было построение дендрограмм линий свиней материнских пород на основе микросателлитного анализа.

**Материалы и методика исследований.** Научно-исследовательская работа проводилась в сельскохозяйственном филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский комбинат хлебопродуктов», ОАО «СГЦ «Заречье», ОАО «СГЦ «Западный», ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита».

Объектом исследований являлись популяции чистопородных животных пород белорусской крупной белой, белорусской чёрно-пёстрой и белорусского заводского типа свиней породы йоркшир.

Проведена генетическая экспертиза по ДНК-микросателлитам в лаборатории молекулярной генетики и цитогенетики животных Центра биотехнологии и молекулярной диагностики Всероссийского научно-исследовательского института животноводства им. Л.К. Эрнста (ВИЖ, Россия). Исследовали образцы биологического материала (ушной выщип, консервант – 96 % этанол). Микросателлитный анализ проводили по 9 локусам (SO155, SO355, SO386, SW72, SW951, SO101, SW240, SW857, SO005), используя разработанную тест-систему для ДНК-экспертизы свиней.

Биометрическая обработка материалов исследований проведена методами вариационной статистики по П.Ф. Рокицкому [6] на персональном компьютере с использованием пакета программы Microsoft Excel с плагином GenAlEx v. 6.5 (Peakall R., Smouse P.E., 2012) [7].

Изменчивость микросателлитов в изучаемых популяциях свиней оценивали по значениям индекса фиксации Fst [7]. Генетические дистанция и идентичность между исследуемыми генеалогическими структурными единицами породы вычислены по М. Nei [8]. Построение филогенетического дерева осуществляли методом попарного внутригруппового невзвешенного среднего (UPGMA, программного обеспечение Past v. 3.26.7z) [9].

**Результаты эксперимента и их обсуждение.** *Белорусская крупная белая.* В настоящее время в СГЦ «Заднепровский» используются хряки линий: Драчуна 90685, Драчуна 562, Секрета 8549, Свата 751, Свата 3487, Сталактита 8387, Сябра 202065, Сябра 903, Смыка 46706, Свинтанка 3884.

Для оценки генетических различий между линиями использовали ряд критериев: наличие приватных аллелей при парном сравнении линий; значение индексов фиксации Fst при парном сравнении линий; генетические расстояния, рассчитанные по Nei.

Парное сравнение исследуемых линий по числу приватных аллелей

показывает, что наибольшие различия наблюдаются между линиями Секрета 8549 – Смыка 46706 (9), Сябра 903 – Смыка 46706(8) и Сябра 903– Драчуна 562 (8), а наименьшие – между линиями Свата 3487– Драчуна 562(5), Секрета 8549 – Сябра 903 (24), Свата 3487 – Сталактита 8387(24).

Значения индекса фиксации Fst при парном сравнении являются одним из критериев оценки генетических различий между линиями (таблица 1).

Минимальными значениями индекса фиксации Fst при парном сравнении характеризовались линии Сталактита 8387 – Секрета 8549 (Fst =0,0007), Сталактита 8387 – Драчуна 90685 (Fst =0,0015), Сябра 903 – Свата 751(Fst =0,0060), Драчуна 90685 – Свитанка 3884 (Fst =0,0064), Свата 3487 – Секрета 8549 (Fst =0,0065).

Таблица 1 – Индексы фиксации Fst при парном сравнении исследуемых линий хряков

№	Значение индекса фиксации Fst									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	*	0,0264	0,0296	0,0172	0,0064	0,0299	0,0196	0,0438	0,0015	0,0206
2	0,0264	*	0,0196	0,0097	0,0537	0,0285	0,0253	0,0531	0,0274	0,0060
3	0,0296	0,0120	*	0,0077	0,0562	0,0248	0,0196	0,0462	0,0324	0,0048
4	0,0172	0,0097	0,0077	*	0,0235	0,0098	0,0065	0,0780	0,0120	0,0165
5	0,0064	0,0537	0,0562	0,0235	*	0,0654	0,0215	0,1173	0,0287	0,0262
6	0,0299	0,0285	0,0248	0,0098	0,0654	*	0,0336	-0,0082	0,0164	0,0238
7	0,0196	0,0253	0,0196	0,0065	0,0215	0,0336	*	0,0933	0,0007	0,0079
8	0,0438	0,0531	0,0462	0,0780	0,1173	-0,0082	0,0933	*	0,0720	0,0348
9	0,0015	0,0274	0,0324	0,0120	0,0287	0,0164	0,0007	0,0720	*	0,0423
10	0,0206	0,0060	0,0048	0,0165	0,0262	0,0238	0,0079	0,0348	0,0423	*

Выявленные различия подтверждаются данными расчёта генетических дистанций между исследуемыми линиями, приведёнными в числовом выражении (таблица 2).

Таблица 2 – Генетические расстояния между исследуемыми линиями хряков Заднепровского типа крупной белой породы (по Nei, 1983)

№	Генетические расстояния									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	*	0,0392	0,0348	0,0845	0,2693	0,0548	0,0474	0,0337	0,368	0,036
2		*	0,0044	0,1923	0,0081	0,0682	0,0444	0,0277	0,097	0,2113
3			*	0,1879	0,0078	0,0598	0,0487	0,0302	0,104	0,2217
4				*	0,0812	0,2226	0,196	0,0038	0,223	0,0843
5					*	0,0023	0,0788	0,0005	0,119	0,0324
6						*	0,0309	0,3984	0,2290	0,0676
7							*	0,0001	0,2620	0,1417
8								*	0,022	0,0352
9									*	0,0147
10										*

Наиболее генетически удалёнными были линии Смыка 46706 – Свитанка 3884 ( $F_{st}=0,1173$ ), Секрета 8549 – Смыка 46706 ( $F_{st}=0,0933$ ). Линии Свата 751 и Сябра 202065 оказались наиболее генетически близкими линии Сябра 903 и наиболее изолированными от линий Свитанка 3884 и Смыка 46706.

На основе полученных данных построена дендрограмма филогенетического родства линий свиней белорусской крупной белой породы в СГЦ «Заднепровский» (рисунок 1).

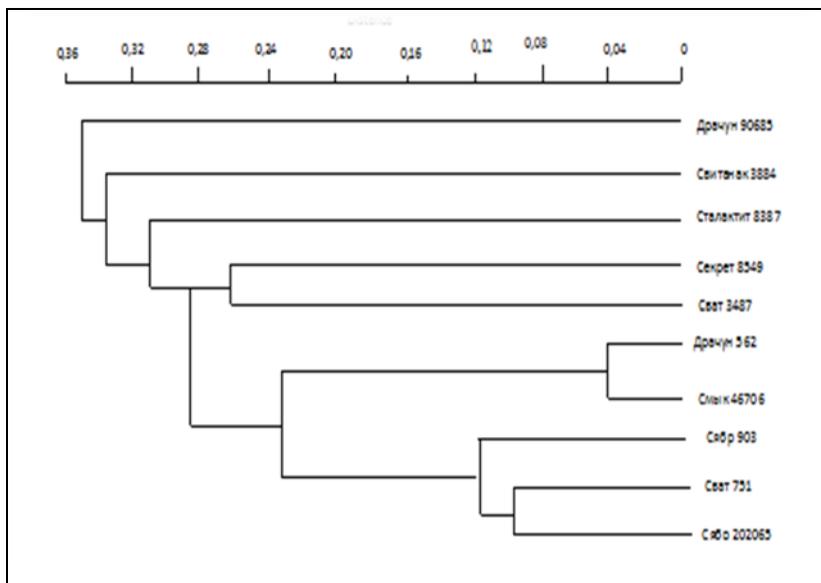


Рисунок 1 – Дендрограмма филогенетического родства линий свиней белорусской крупной белой породы в СГЦ «Заднепровский»

Анализ полученных результатов показывает, что наибольшей генетической удаленностью характеризовалась линия Смыка 46706, которая, в свою очередь, была наиболее близка линии Драчуна 562. Хряки линий Сябра 202065 и Свата 751 были наиболее близки линии Сябра 903, с которой они формировали относительно удалённый от других пород подкластер. Близким генетическим родством отличаются линии Секрета 8549 и Свата 3487. Отдельные от других линий ветви формируют линии Свитанка 3884, Сталактита 8387 и Драчуна 90685.

Рассчитанные генетические дистанции, а также формирующаяся кластерная структура генеалогического древа позволяют сделать вывод о наибольшей генетической удалённости линий Смыка 46706 и Драчуна 562. Линия Свитанка 3884, по всей видимости, отличается несколько

иным происхождением.

Таким образом, можно предположить, что между линиями Секрета 8549 и Сталактита 8387, Драчуна 562 и Смыка 46706 происходил более интенсивный обмен генами в процессе кроссирования, что проявилось в уменьшении генетических различий между ними. При этом селекционная работа с линией Смыка 46706 в последнее время ведётся относительно изолировано от линии Драчуна 562.

*Белорусская чёрно-пёстрая порода.* Исследования проводились в ОАО «СГЦ «Заречье» на пяти линиях белорусской чёрно-пёстрой породы (Весёлого 1317, Застона 5085, Корелича 913, Макета 9343 и Тика 3037).

Парное сравнение исследуемых линий по числу частных аллелей показало, что наибольшие различия наблюдаются между линиями Макета 9343 – Корелича 913 (6), Макета 9343 – Весёлого 1317 (6), а наименьшие – между линиями Тика 3037 – Застона 5085 (2).

Значения индекса фиксации  $F_{st}$  при парном сравнении являются одним из критериев оценки генетических различий между линиями (таблица 3).

Таблица 3 – Индексы фиксации  $F_{st}$  при парном сравнении исследуемых линий хряков белорусской черно-пёстрой породы в СГЦ «Заречье»

Линия хряков	Значение индекса фиксации $F_{st}$				
	Корелич 913	Застон 5085	Макет 9343	Тик 3037	Весёлый 1317
Корелич 913	*				
Застон 5085	0,050	*			
Макет 9343	0,088	0,081	*		
Тик 3037	0,090	0,073	0,115	*	
Весёлый 1317	0,057	0,062	0,107	0,102	*

Минимальными значениями индекса фиксации  $F_{st}$  при парном сравнении характеризовались линии Корелича 913 – Застона 5085, Корелича 913 – Весёлого 1317, Застона 5085 – Весёлого 1317. Наиболее генетически удалёнными были линии Макета 9343, Тика 3037 и Весёлого 1317. Линии Застона 5085 и Весёлого 1317 наиболее генетически близки линии Корелича 913 и наиболее изолированы от линий Макета 9343 и Тика 3037.

Выявленные различия подтверждаются данными расчёта генетических дистанций между исследуемыми линиями, приведёнными в числовом выражении (таблица 4).

Таблица 4 – Генетические расстояния между исследуемыми линиями хряков белорусской чёрно-пёстрой породы (по Nei, 1983)

Линия хряков	Генетические расстояния				
	Корелич 913	Застон 5085	Макет 9343	Тик 3037	Весёлый 1317
Корелич 913	*	0,173	0,313	0,280	0,172
Застон 5085		*	0,277	0,225	0,201
Макет 9343			*	0,389	0,343
Тик 3037				*	0,304
Весёлый 1317					*

На основе полученных данных построена дендрограмма филогенетического родства линий свиней белорусской чёрно-пёстрой породы в СГЦ «Заречье» (рисунок 2).

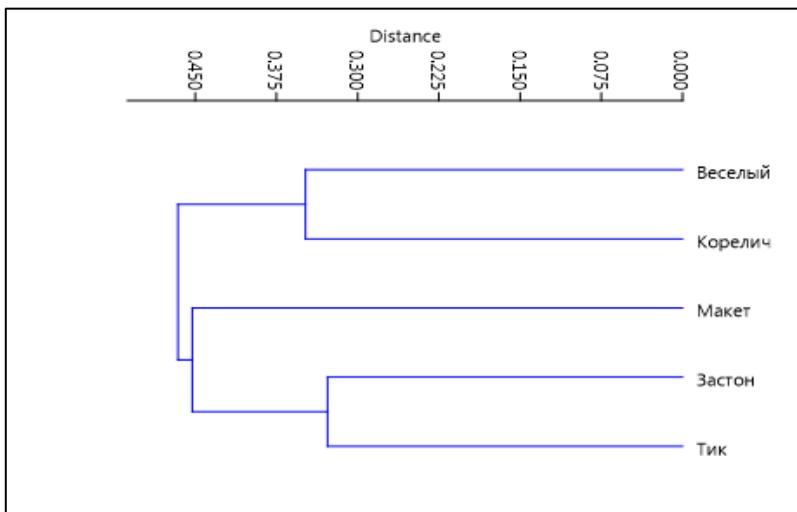


Рисунок 2 – Дендрограмма филогенетического родства линий свиней белорусской чёрно-пёстрой породы в СГЦ «Заречье»

Разработанная структура генеалогического дерева на основании микросателлитного анализа отражает происхождение изучаемых линий и соответствует генеалогической структуре белорусской черно-пёстрой породы.

Анализ полученных результатов показывает, что наибольшей генетической удалённостью характеризовалась линия Макета 9343, которая формирует отдельную от других линий ветвь. Линия Макета обладает наибольшим количеством частных аллелей и происходит из племзавода «Ленино». Линии Корелича 913 и Весёлого 1317, Застона 5085 и

Тика 3037 формируют два равноудалённый подкластера.

Линии Корелича 913 и Веселого 1317, составляющие один подкластер, имеют общее место происхождения и на протяжении 9-13 лет селекционная работа в ОАО «СГЦ Заречье» способствовала генетическому сближению этих двух линий.

Две линии – Застона 5085 и Тика 3037 – образовали второй подкластер, который генетически дистанцирован от подкластера Весёлого 1317 – Корелича 913. Данные линии созданы в результате вводного скрещивания белорусской чёрно-пёстрой и породы пьетрен, что на протяжении более пятнадцати лет позволяет сохранять их генетическую близость. Эта подтверждённая закономерность позволяет использовать хряков линий Застона 5085 и Тика 3037 в селекционно-племенной работе по совершенствованию откормочных и мясных качеств у получаемого племенного молодняка.

*Белорусский заводской тип породы йоркшир.* Исследования проводились в ОАО «СГЦ «Западный» и ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», где используются 8 линий хряков породы йоркшир (Друга 0133, Дюшеса 3962, Фактора 1328, Фаянса 1672, Чемпиона 3743, Фарада 3423, Друга 7133, Доброго 2313).

Генетические дистанции между исследуемыми группами свиней в виде матрицы генетического сходства различных линий друг с другом в белорусском заводском типе свиней породы йоркшир, разводимых в СГЦ «Западный», варьировали от 24,2 до 59,6 % (таблица 5).

Таблица 5 – Генетические расстояния между исследуемыми линиями хряков белорусского заводского типа породы йоркшир в ОАО «СГЦ «Западный» (по Nei, 1983)

Линии	Друг 6805	Дюшес 3962	Фактор 1573	Фаянс 1672
Друг 6805	*			
Дюшес 3962	0,242	*		
Фактор 1573	0,356	0,596	*	
Фаянс 1672	0,277	0,341	0,479	*

Наибольшее генетическое сходство было отмечено между линиями Дюшеса 3962 и Друга 6805 (0,242), Фаянса 1672 и Друга 6805 (0,227). Таким образом, наибольшая удалённость линий свиней отмечена между линиями Дюшеса 3962 и Фактора 1328 (0,596), Фаянса 1672 и Фактора 1328 (0,479). Относительное близкое родство между различными линиями обусловлено, по-видимому, использованием в селекционных программах животных, происходящих от одного корня с разветвлённой генеалогической структурой. Это свидетельствует о родстве животных породы йоркшир, разводимых в ОАО «СГЦ «Западный».

Анализ генетического расстояния показал, что изменчивость

аллелофонда животных из ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» невысокая. Наибольшие различия отмечены между новыми линиями Доброго 2313 и Друга 7133 (0,288), а несколько меньшие – между линиями Доброго 2313 и № 1131 (0,271) (таблица 6).

Таблица 6 – Генетическое расстояние между исследованными линиями свиней белорусского заводского типа породы йоркшир в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», (Nei 1983)

Линии	№ 1131	Друг 6805	Добрый 2313
№ 1131	*		
Друг 7133	0,247	*	
Добрый 2313	0,271	0,288	*

Относительное близкое родство между линиями Друга 7133 и №1131 (24,7 %) можно объяснить большой вероятностью использования хряков сходного происхождения. Незначительное генетическое расстояние между линиями свиней белорусского заводского типа породы йоркшир из ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» указывает на формирование общего кластера по породному принципу и на общность предков внутри популяции.

Проведенные исследования позволили разработать дендрограммы филогенетического родства и происхождения свиней различной линейной принадлежности в белорусском заводском типе свиней породы йоркшир, разводимых в ОАО «СГЦ «Западный» и ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» (рисунок 3 и 4).

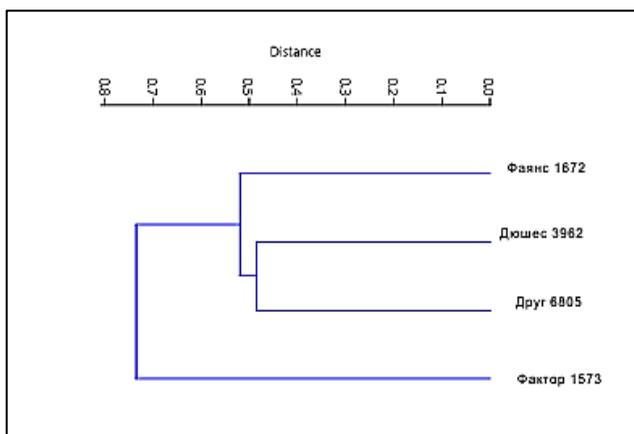


Рисунок 3 – Дендрограмма филогенетического родства линий белорусского заводского типа породы йоркшир в ОАО «СГЦ «Западный»

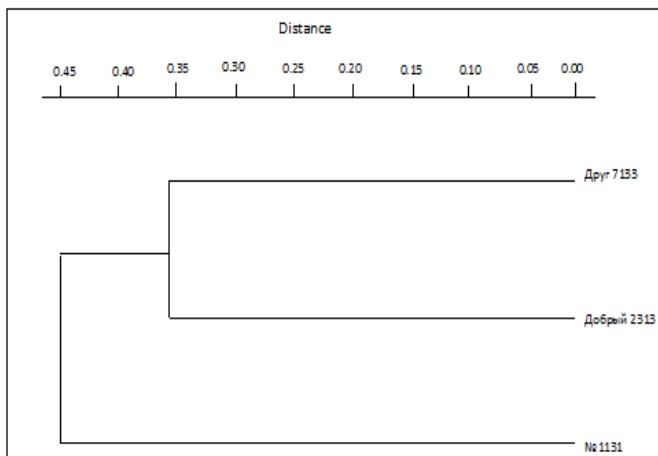


Рисунок 4 – Дендрограмма филогенетического родства линий свиней белорусского заводского типа породы йоркшир в ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита»

Наибольшее генетическое сходство было отмечено между животными линий Дюшеса 3962 и Друга 6805 из ОАО «СГЦ «Западный». В ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита» на основе анализа генетической структуры установлено родство линий Друга 7133 и Доброго 2313. Животные остальных линий по результатам исследований имеют генетически отдаленных родоначальников.

Разработанные дендрограммы филогенетического родства свиней материнских пород на основе микросателлитного анализа показали достаточно широкое разнообразие генетической структуры изучаемых линий. Выявлены генетические связи и различия между линиями, что позволит с учётом установленных генетических дистанций проводить целенаправленную селекционную работу с линиями хряков по их сохранению и совершенствованию, а также эффективному использованию в пороодообразовательном процессе.

**Заключение.** Построены дендрограммы линий свиней белорусской крупной белой, белорусской чёрно-пёстрой пород и белорусского заводского типа породы йоркшир на основе микросателлитного анализа.

Разработанные дендрограммы филогенетического родства свиней материнских пород на основе микросателлитного анализа показали достаточно широкое разнообразие генетической структуры изучаемых линий. Выявлены генетические связи и различия между линиями, что позволит с учётом установленных генетических дистанций проводить

целенаправленную селекционную работу с линиями хряков по их сохранению и совершенствованию, а также эффективному использованию в породообразовательном процессе.

#### Литература

1. Новицкий, Игорь. Племенная работа в пользовательных стадах разной специализации / И. Новицкий // СельхозПортал.рф [Электрон. ресурс]. – 2016-2023. – Режим доступа: <https://сельхозпортал.рф/articles/plemennaya-rabota-v-polzovatelnyh-s/>. – Дата доступа: 4.07.2016 г.
2. Зиновьева, Н. А. Проблемы биотехнологии и селекции сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьева, Л. К. Эрнст. – Изд. 2-е, доп. – Москва, 2005. – 329 с.
3. Исследование полиморфизма гена эстрогенового рецептора как маркера плодовитости свиней / Н. А. Зиновьева [и др.] // Свиноводство : науч. тр. ВИЖа. – Дубровицы, 2000. – Вып. 62, т. 2. – С. 50-57.
4. Использование методов молекулярной генной диагностики для повышения откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой пород / Н. А. Попков [и др.] // Весці НАН Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2008. – № 4. – С. 70-74.
5. Лобан Н. А. Крупная белая порода свиней – методы совершенствования и использования / Н. А. Лобан. – Минск : ПЧУП Бизнесофсет, 2004. – 110 с.
6. Арсенико, Р. Ю. Исследования полиморфизма гена H-FABP во взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками свиней / Р. Ю. Арсенико, Е. А. Гладырь // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных : материалы междунар. науч. конф. – Дубровицы, 2002. – С. 94-96.
7. 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. – Жодино, 2002. – С. 18.
8. Рокицкий, П. Ф. Биологическая статистика / П. Ф. Рокицкий. – Изд. 3-е, испр. – Минск : Вышэйшая школа, 1973. – 320 с.

*Поступила 2.03.2023 г.*

УДК 636.4.082.12(476)

О.Я. ВАСИЛЮК, И.Ф. ГРИДЮШКО, Е.В. ОРЛОВСКАЯ,  
И.П. ШЕЙКО

### **ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОФИЛИ СВИНЕЙ БЕЛОРУССКОЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ В ПЛЕМЕННЫХ ПРЕДПРИЯТИЯХ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ**

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

В настоящее время поголовье свиней белорусской крупной белой породы заметно сократилось. Для решения проблемы сохранения и дальнейшего развития данной породы на племенных предприятиях республики следует использовать более современные методы селекционной и генетической оценки свиней,