

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«ДОНСКОЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

На правах рукописи

СВЯТОГОРОВА АЛЕКСАНДРА ЕВГЕНЬЕВНА

**ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СОВРЕМЕННЫХ СЕЛЕКЦИОННЫХ МЕТОДОВ
ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ ПРОДУКТИВНЫХ КАЧЕСТВ СВИНЕЙ**

4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

ДИССЕРТАЦИЯ

на соискание учёной степени кандидата сельскохозяйственных наук

Научный руководитель -
Третьякова Ольга Леонидовна
доктор сельскохозяйственных наук, доцент

пос. Персиановский – 2022

ОГЛАВЛЕНИЕ

	стр.
ВВЕДЕНИЕ	4
Актуальность темы исследований	4
Степень разработанности темы исследований	4
Связь темы с планом научных исследований	5
Цель и задачи исследований	5
Научная новизна исследований	6
Теоретическая и практическая значимость работы	6
Методология и методы исследования	7
Основные положения, выносимые на защиту	7
Степень достоверности и апробация результатов исследований	8
Публикации результатов исследований	8
Структура и объём диссертации	8
1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ	9
1.1 Современное состояние и перспективы развития племенного и промышленного свиноводства в Российской Федерации	9
1.2 Современные методы селекции	15
1.3 Молекулярные маркеры, используемые в селекции животных	18
1.4 Гены-маркеры и их использование в селекции свиней	24
2 МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ	33
2.1 Объекты и материалы исследования	33
2.2 Методы исследования	36
3 РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ	43
3.1 Генеалогический анализ свиней породы дюрок	43
3.2 Оценка встречаемости аллелей и генотипов	52
3.3 Связь генов <i>POU1F1</i> , <i>MC4R</i> и <i>LEPR</i> с продуктивностью свиней	55
3.3.1 Ген <i>POU1F1</i> и откормочные, и мясные качества свиней	55
3.3.2 Ген <i>MC4R</i> и откормочные, и мясные качества свиней	58

3.3.3	Ген <i>LEPR</i> и откормочные, и мясные качества свиней	61
3.4	Конструирование селекционных индексов и их использование в системе отбора свиней	65
3.4.1	Индексная оценка хряков-производителей	66
3.4.2	Индекс оценки свиноматок	69
3.4.3	Индексная оценки ремонтного молодняка	72
3.4.4	Индексная система оценки свиней породы дюрок в модуле компьютерной программы «АСС»	75
3.5	Оценка комбинационной способности свиней породы дюрок в системе гибридизации	80
3.5.1	Динамика роста и развития свиней породы дюрок	80
3.5.2	Оценка сочетаемости линий породы дюрок в системе гибридизации	87
	ЭКОНОМИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ	107
	ЗАКЛЮЧЕНИЕ	109
	ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ	111
	ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ	111
	СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ	112
	ПРИЛОЖЕНИЯ	131
	Приложение 1. Сокращения и обозначения	132
	Приложение 2. Схема ДНК-генотипирования	133
	Приложение 3. Генеалогические схемы (2008 г.)	134
	Приложение 4. Генеалогические схемы (2013 г.)	137
	Приложение 5. Генеалогические схемы (2015 г.)	140
	Приложение 6. Целевые стандарты	143
	Приложение 7. Схема индексной селекции	145
	Приложение 8. Ранжирование свиноматок по величине индекса	147
	Приложение 9. Акты внедрения	150

ВВЕДЕНИЕ

В Указе Президента РФ от 06 августа 2014 года поставлена задача ускоренного импортозамещения сельскохозяйственной продукции, что приобрело особую актуальность в наше время. Для достижения этой цели, одной из стратегических задач является развитие животноводства и, в частности, отрасли свиноводства. Особое внимание в развитии отечественного свиноводства уделяется внедрению инновационных методов селекции, использованию генетических ресурсов для создания специализированных пород и линий животных, с групповой генетической однородностью и высокой комбинационной способностью [24]. Решение этих задач не возможно без развития отечественного племенного свиноводства, а также качественного совершенствования породного состава свиней.

Актуальность темы исследований

Очевидна важность использования селекционных приёмов, основанных на сочетании маркерной и индексной селекции. Геномная оценка животных с включением данных в ротационные схемы подбора, позволяет повысить племенную ценность свиней и, соответственно, уровень продуктивности стада. В этой связи необходимость дальнейшего проведения комплексных научных исследований, направленных на совершенствование селекционных методов отбора в свиноводстве остаётся актуальной.

Степень разработанности темы исследований. Отечественные учёные продолжают активно работать над генетическими тестами для использования их в программах маркерной селекции (О. Brein et al, 1993, J. Dvorak et al, 1995, Л. А. Калашникова, Н. В. Рыжова, 2001, Н. А. Лобан и соавт. 2003, И. П. Шейко и соавт, 2004, Н. А. Зиновьева и соавт, 2005, Н. В. Ковалюк, 2005). В этой связи проведение исследований по накоплению данных о генетической структуре породы дюрок и выявлению связи ДНК-маркеров и продуктивных признаков остается не достаточно изучено.

Связь темы исследований с планом научных работ. Исследования по диссертационной работе проводились в соответствии тематического плана НИР ФГБОУ ВО «Донской государственной аграрный университет» по заказу Министерства сельского хозяйства РФ: тема № 06 «Разработать эффективные молекулярно-генетические методы прогнозирования, повышения и реализации генетического потенциала продуктивности, резистентности, устойчивости к заболеваниям сельскохозяйственных животных», № регистрации 01 200 110987; тема № 3 «Разработка инновационных технологий повышения продуктивности и качества продукции свиноводства», № регистрации АААА-А20-120041490031-9.[77]

Цель и задачи исследований

Целью исследований явилось изучение полиморфизма генов-маркеров *POU1F1*, *MC4R* и *LEPR*, установление их связи с продуктивными качествами, использование различных селекционных методов отбора и оценки племенных и качественных показателей свиней породы дюрок.

Для достижения цели исследований нами были поставлены следующие задачи:

- провести генеалогический анализ и охарактеризовать генотипическую структуру стада свиней породы дюрок СЦ «Лозовое» ЗАО «Племзавод-Юбилейный»;
- определить частоты генотипов по генам-маркерам. Выявить аллельные варианты генов *POU1F1*, *MC4R*, *LEPR*, и их связь с откормочными и мясными качествами свиней;
- изучить роль генов-маркеров в качестве критерия оценки продуктивных качеств свиней породы дюрок;
- установить наиболее оптимальные гены – маркеры мясности для селекции свиней породы дюрок;
- разработать схему внутрилинейной селекции с учётом ДНК-маркеров;
- провести корректировку целевых стандартов и коэффициентов веса, составить селекционные индексы отбора и интегрировать их в модуль компьютерной программы «АСС»;
- оценить эффективность инновационных методов селекции.

Научная новизна исследований

Получены новые данные о полиморфизме генов *POU1F1/RsaI*, *MC4R/TagI* и *LEPR/HpaII* в популяциях свиней породы дюрок. Дана оценка частоты встречаемости аллелей для разных половозрастных групп. Проведен сравнительный анализ воспроизводительных, откормочных и мясных качеств свиней гомозиготных и гетерозиготных генотипов. Выявлена взаимосвязь влияния различного аллельного состояния локусов генов *POU1F1/RsaI*, *MC4R/TagI* и *LEPR/HpaII* на продуктивные качества свиней. Установлено влияние полиморфизма генов *POU1F1/RsaI*, *MC4R/TagI* и *LEPR/HpaII* на откормочные и мясные качества свиней породы дюрок.

Предложен способ оценки консолидации линий, позволяющий создать конкурентно-способных животных, соответствующих стандарту отцовских линий, способных стойко передавать потомству высокие продуктивные качества. Разработаны тест-системы для определения полиморфизма генов *POU1F1*, *MC4R* и *LEPR*, влияющие на откормочные и мясные качества свиней (заявка на патент № 2022102203 (004737)). Составлены селекционные индексы оценки племенной ценности животных, разработана система индексной оценки свиней для модуля компьютерной программы «Автоматизация селекции в свиноводстве «АСС»».

Теоретическая и практическая значимость работы

Полученные результаты молекулярно-генетического анализа свиней породы дюрок, которые использованы как инструмент повышения эффективности ведения селекционно-племенной работы. Включение дополнительно информации о генотипах в родословные, позволят повысить оценку племенной ценности животных и включить их в схемы внутрилинейного подбора. Установленная степень влияния полиморфизма генов *POU1F1/RsaI*, *MC4R/TagI* и *LEPR/HpaII*, что позволяет совершенствовать продуктивные качества. Использование животных с локусом G в селекции повышает откормочные и мясные качества. Выявлены лучшие варианты сочетаемости свиней породы дюрок с другими породами. Скорректирована региональная система гибридизации с учетом использования производителей с генотипом

имеющим локусом G. Полученные результаты использованы в научных исследованиях связанных с изучением экспрессии генов, при изучении других пород и линий по откормочной и мясной продуктивности. Информация, изложенная в работе, может быть полезна при разработке тест-систем для ранней диагностики племенной ценности свиней. Результаты диссертационных исследований внедрены в СЦ Лозовое ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Ишимского района Тюменской области.

Методология и методы исследования

Методологической основой послужили работы отечественных и зарубежных учёных в области биологических и сельскохозяйственных наук (Райта, Фишера, Холдена, Четверикова С.С., Дубинина Н.П., Тимофеева-Ресовского Н. В., Ромашова Д.Д., Шмальгаузен И.И., Серебровского А.С., Бальникова А.А., Гончаренко Г.М., Гришкова, А.П. Казутова, Ю.С. Михайлова, Н.В., Chen M., Song, C., Kim K.S., K. Van den Maagdenberg и др.) [2,3,12,15,19,44,45,97,107,115,132,139].

В ходе выполнения научных исследований применяли методы эмпирического и теоретического уровня (наблюдение, описание, сравнение, измерение, тестирование, эксперимент, моделирование, аксиоматический, гипотетический (гипотетико-дедуктивный), формализацию, абстрагирование и др.) Обработку результатов исследований проводили биометрическими методами с использованием стандартных пакетов MS Office Excel «Анализа данных». [22]

Основные положения, выносимые на защиту:

- положительное влияние полиморфизма гена *POU1F1/RsaI*, *MC4R/TagI* и *LEPR/HpaII* на откормочные и мясные качества свиней породы дюрок;
- выявление свиней породы дюрок с локусом G для использования в селекционно-племенной работе;
- включение генов-кандидатов, связанных с откормочной и мясной продуктивностью свиней в схемы внутрилинейного подбора животных;
- система индексной оценки свиней для модуля комплекса компьютерной программы «АСС».

Степень достоверности и апробация результатов исследований

Результаты исследований получены в условиях селекционного центра «Лозовое» ЗАО «Племзавод-Юбилейный Тюменской области на достаточных выборочных совокупностях. В лабораториях «Молекулярной диагностики и биотехнологии сельскохозяйственных животных», «Теоретических основ селекции сельскохозяйственных животных» Донского ГАУ, «Молекулярной генетики» Южного федерального университета на сертифицированном оборудовании с использованием стандартизированных реактивов и общепринятых методик проведен генетический анализ.

Основные положения диссертации доложены и получили положительную оценку на заседаниях XXI-XXIII межвузовского координационного совета по свиноводству, 2013-2015 гг.; на международных научно-производственных конференциях (пос. Персиановский, г. Пенза, г. Тамбов, г. Санкт-Петербург, г. Казань, г. Волгоград, г. Ставрополь, г. Харьков, г. Краснодар 2013-2022), на конкурсах МСХ РФ среди студентов, аспирантов и молодых ученых (пос. Персиановский, 2013, 2014), на конкурсе УМНИК (победитель программы 2014 – 2016 гг.).

Публикация результатов исследований

За период исследований 2013 - 2022 гг. опубликовано 36 научных работы, в том числе по материалам диссертации - 26 научных статей, из них 3 в журналах рецензируемых ВАК Минобрнауки РФ, 1 – в изданиях, цитируемых в международных базах Scopus, Web of Science. Разработаны научно-практические рекомендации по использованию тест-систем для ранней диагностики племенной ценности свиней и системы индексной оценки свиней в модуле комплекса программ «АСС».

Структура и объем диссертации

Диссертация изложена на 152 страницах компьютерного текста, содержит 24 таблицы и 21 рисунок, включает в себя введение, обзор литературы, материал, методику и результаты исследований, обсуждение результатов исследований, выводы и предложения производству, список литературы (насчитывающий 149 источника, в т ч 57 зарубежных), 9 приложений.

1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1 Современное состояние и перспективы развития племенного и промышленного свиноводства в Российской Федерации

Правильная экономическая политика на поставки импортной продукции из ряда стран (ЕС, США, Канады, Бразилии и др.) способствует развитию отечественного свиноводства. По данным аналитического бюро АБ-Центр импорт свинины в 2015-2019 гг., в условиях запрета на ввоз из ряда ключевых стран-производителей показал, что квота не была выбрана даже в условиях нулевой пошлины. [53] Современный Российский рынок в 2020 году характеризуется следующими критериями: производство свинины в убойном весе во всех категориях хозяйств достигло 4 286,7 тыс. тонн, увеличение произошло на 8,9% (на 349,9 тыс. тонн) по сравнению с 2019 г., за пятилетний период показатель увеличился на 39,0% (на 1,204 млн. тонн), за 10 лет - на 83,4% (на 1,949 млн. тонн). Департамент животноводства и племенного дела МСХ РФ отмечает, что наибольший рост наблюдался в промышленном секторе свиноводства (за год на 10,8%, за 5 лет - на 55,3%, за 10 лет - на 195,5%) до 3833,4 тыс. тонн. В хозяйствах населения производство, напротив, сокращается (за год на 4,7%, за 5 лет - на 26,3%, за 10 лет - на 56,4%) до 453,3 тыс. тонн. [52]

В стране образовалась группа компаний-лидеров (ТОП-5), производящих значительную долю свинины на мясной рынок страны, так в 2015 году их доля составила 44,1% от общего объема рынка свинины, в 2016 году - 46,2%, в 2017 году - 48,6%, в 2018 году - 56,0%, в 2019 году - 60,1%, в 2020 году - достигла 66,7%. В РФ отмечается выраженная региональная концентрация производства (рис.1)

В докладе Ковалёва Ю.И. отмечается, что регионами-лидерами являются Белгородская область - 16,8% всей производимой свинины в стране; Курская, Псковская, Воронежская, Липецкая на их долю приходится

42,5% произведенной свинины. Так, в России в 2020 году в 23-х регионах объемы производства превышали объемы потребления. При этом основными регионами-донорами (от 100 тыс. тонн и выше) являются 6 регионов: Белгородская, Курская, Псковская, Воронежская, Липецкая, Тверская области. В 56-ти регионах объемы производства были ниже объемов потребления. Основными регионами-реципиентами остаются - г. Москва и Московская область, г. Санкт-Петербург, Ростовская область. [23,52]

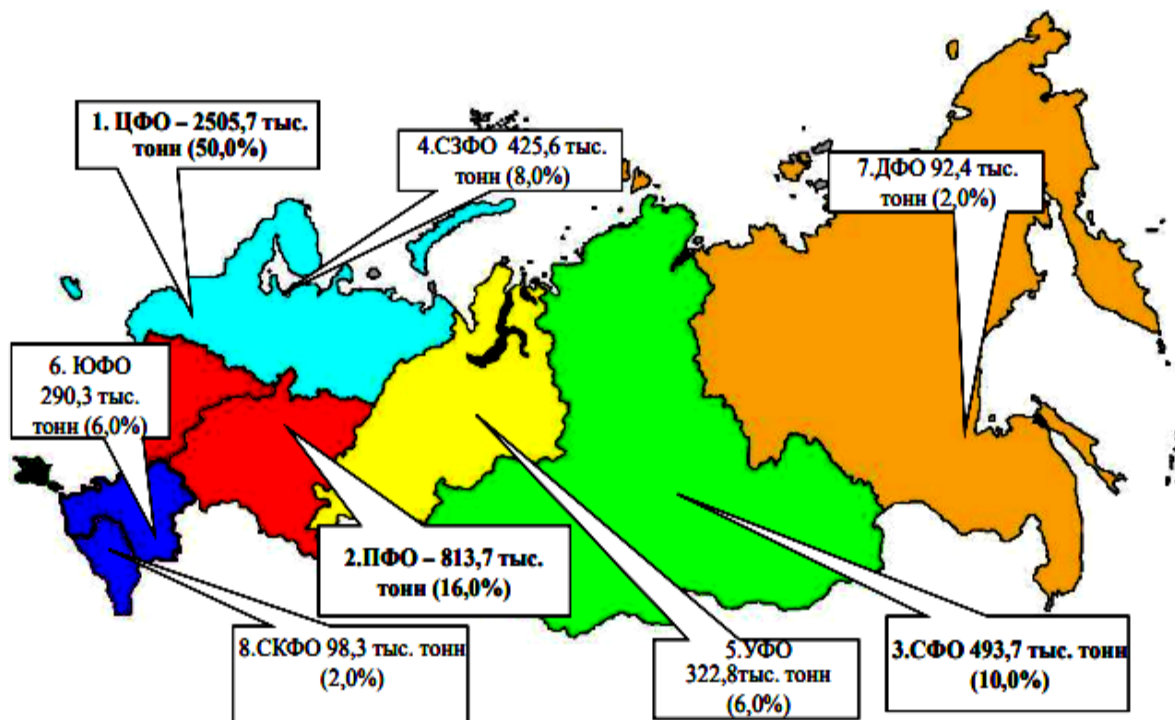


Рисунок 1. Удельный вес производства свиней на убой (хозяйства всех категорий) по федеральным округам Российской Федерации (2019 год)

В последние годы российская продукция становится конкурентоспособной по цене, как на внутреннем, так и на мировых рынках, что приводит к расширению объёмов экспорта. В 2020 году, по отношению к 2019 году, совокупные объёмы (свинина, субпродукты, шпик, товарные свиньи на убой), по расчетам АБ-Центр, базирующихся на данных ФТС РФ, выросли в 2,0 раза и достигли 204,8 тыс. тонн. [23,53] При этом, если в общих поставках ранее преобладали субпродукты, то в 2020 году на долю непосредственно свинины пришлось 63,3% всех объёмов. Ввод новых мощностей по убою и разделке свиней привёл к изменению в структуре

экспорта свинины, так в предыдущие годы доля неразделанной свинины (мясо в полутушах) была определяющей в общем объеме экспорта, то в настоящее время, преобладает доля разделанного мяса. В 2020 году доля экспорта в полутушах составила 30,2% , что более чем 2 раза ниже чем в 2019 году (64,4%) и в 2018 году (72,0%), при этом суммарная доля прочих отрубов, как на кости, так и бескостных, а также тримминга составила 69,8% (в 2019 году - 35,6%, в 2018 году - 28,0%). Следует отметить, что спрос на свинину на мировых рынках, продолжится, так как объем мировой торговли свининой ежегодно возрастает. Прогноз по итогам 2021 года позволяет предположить, что объемы могут превысить 250 тыс. тонн. Таким образом, в среднесрочной и долгосрочной перспективе расширение объемов экспорта становится одним из ключевых показателей российского рынка свинины. [23, 35, 52, 53]

В докладе «Российское свиноводство: итоги 2020 г. и перспективы развития до 2025 г. Ю.И. Ковалев отмечает, что на протяжении 2001-2013 гг. наблюдалась устойчивая тенденция увеличения объема российского рынка свинины. В 2020 году объем российского рынка свинины достиг рекордных значений в 4093,4 тыс. тонн. При этом, душевое потребление значительно увеличилось с 14,9 кг в 2001 году до 28,9 кг в 2020 году. Отношение объема производства к объему потребления свинины в России в 2015 году находилось на уровне 60,0%, в 2020 году показатель достиг 104,7%, так образом, объемы производства превысили объемы потребления. Увеличение цены на свинину связано с ростом цен на корма. Так, в феврале 2021 года цены на комбикорма для свиней в среднем были на 24,4% выше, чем год назад. [22, 23, 35, 52, 53] Как отмечает АБ-Центр изменения цен на свинину отмечается не только на российскому рынку, но и на других национальных рынках крупнейших стран-производителей. [23, 53]

Всё это позволило наметить среднесрочными перспективами развития свиноводства, Ю.И Ковалёв обозначил их: открытие внешних рынков для продукции отечественного свиноводства не только на защищенном

внутреннем рынке РФ, но и на рынках Юго-Восточной Азии; повышение эффективности и конкурентоспособности отрасли всеми имеющимися методами [22, 24].

Таким образом, дальнейшее производство продукции свиноводства высокого качества связано с дальнейшим укреплением и развитие селекционно-генетических центров. Нельзя не отметить, что племенная база свиноводства в России сегодня – это динамично меняющаяся в технологическом и селекционном плане отрасль. Как отмечает С.В. Павлова, Н.А. Козлова, Т.Н. Щавликова, М.А. Ромась, Н.В. Михайлов, О.В. Костюнина, Н.А. Зиновьева, А.А. Заболотная, О.Л. Третьякова, И.Ю. Свинарёв и др. единственно верный путь развития отечественного племенного свиноводства – это развитие собственной племенной базы, которая должна находиться под пристальным вниманием и заботой со стороны государства. Павлова С.В. подчёркивает, что путь, предлагаемый зарубежными фирмами с постоянным завозом импортного поголовья для ремонта родительских стад, – порочен и ведет к зависимости. [9,28, 29, 46, 47, 62]

По данным Департамента животноводства и племенного дела племенная база свиноводства России в 2019 году была представлена 8 породами свиней (61 племенной завод, 58 племенных репродукторов в 42-х регионах РФ). В структуре племенной базы свиноводства поголовье свиноматок крупной белой породы составило 54,08%, по породам: йоркшир – 21,38%, ландрас – 16,47%, дюрок – 6,16%, на остальные разводимые породы свиней отечественной селекции приходится 1,91%. Выявлена тенденция ежегодного снижения числа малочисленных пород, так, в 2011 году в Российской Федерации разводилось 16 пород, доля прочих из них составляла 6,8%. С 2011 по 2018 гг., произошло сокращение числа племенных заводов на 6, а репродукторов на 71. Общее количество маточного поголовья сократилось на 5,5 тыс. гол. и находится на уровне около 100 тыс. гол., по сравнению с более 300 тыс. гол. в 1990 г. Вышеприведенные данные

свидетельствуют о необходимости увеличения численности племенного маточного поголовья и племенных хозяйств, создании структуры племенной сети. [47, 52, 66].

Эрнст Л.К., Гохберг Л.М., Павлова С.В., Козлова Н.А., Щавликова Т.Н., Ромась М.А., Свинарёв И.Ю. и др. обращают внимание на необходимость формирования структуры племенной сети, включающей не только племпредприятия нового типа СГЦ (Селекционно-Генетические Центры), в которых разводится от 2-х до 4-х пород, но и племенные заводы, и племрепродукторы. [13, 47, 52, 62, 91] Распределение племенных предприятий по территории страны не равномерно, так в Центральном федеральном округе находится 7 селекционно-генетических центров, с численностью маточного поголовья 43% от всех имеющихся в РФ. В Приволжском федеральном округе 3 СГЦ с количеством свиноматок 30%. В Северо-Западном – 1 центр, численность свиноматок 8,7%. На остальные 5 Федеральных округов приходится только 18,3% племенного маточного поголовья в РФ [47, 52]. Учёные отмечают, что этого не достаточно, для динамичного развития отрасли. Михайлов Н.В., Свинарёв И.Ю., Павлова С.В. подчёркивают, что необходимо восстанавливать племенное свиноводство в Сибирском и Южном федеральном округах. Племенное свиноводство было развито в Краснодарском и Ставропольском краях, Ростовской области [42, 47, 62].

По данным департамента животноводства и племенного дела воспроизводительные качества свиноматок (в том числе первоопоросок), по всем породам и категориям хозяйств составили: многоплодие – 13,4 гол., количество поросят к отъёму 30 дней – 12,1 гол., масса гнезда к отъёму 30 дней – 97,0 кг. Свиноматки СГЦ характеризуются высокими репродуктивными качествами, по сравнению матками племзаводов и племрепродукторов. Воспроизводительная способность свиноматок породы дюрок ниже, что обусловлено её специфичностью, так, в СГЦ – многоплодие 9,7 гол., число поросят к отъёму – 9,1 гол., масса одного поросёнка к отъёму

– 8,9 кг. По племенным заводам показатели выше, и составили: 9,9 гол., 9,3 гол., 8,8 кг соответственно. [47, 48, 52].

При формировании структуры племенной сети необходимо учитывать специфику задач каждой категории племенных предприятий. Учёные и селекционеры практики отмечают, что важной задачей в селекционно-племенной работе является оценка и отбор молодняка в основное стадо. [47]

Главной задачей племенных заводов является совершенствование продуктивных качеств родительских форм. Племенной репродуктор выращивает и реализует высококлассный молодняк для комплектования товарных комплексов. СГЦ осуществляют проверку специализированных линий на сочетаемость, тиражирование и реализацию племенного молодняка.

На этапе становления конкурентоспособного отечественного свиноводства роль СГЦ возрастает, так как увеличивается потребность в ремонтном молодняке для реализации программ гибридизации, организации разведения свиней в племенных заводах и репродукторах. [9, 28, 52, 58, 87, 89, 91]

В связи с вышеизложенным, необходимо углубление связи науки и производства, современное свиноводство нуждается во внедрении инновационных биотехнологических методов селекции, способов точной оценки генотипа, определении маркеров продуктивности и др. [47, 59, 60]. Следует отказываться от работы под диктовку зарубежных фирм, строящих свою деятельность с нашими предприятиями по остаточному принципу.

1.2 Современные методы селекции

Ранние попытки понять явления наследственности, как правило, оказывались тщетными, сложность обоснования сильно затруднялась разграничением «однофакторной» (менделевской) и «многофакторной» (количественной) наследственностью. Заслуга Менделя состоит в том, что он разработал систему экспериментов, позволивших вскрыть основные законы наследственности. Экспериментальная генетика получила широкое развитие благодаря организмам предельной генетической простоты (бактериям, бактериальным вирусам, бактериофагам), что позволило получить представление о генетических механизмах и об их действии в индивидуальном организме. [8, 38, 54]

Фундаментальная связь между частотой генов и частотой генотипов в популяции была открыта в 1908 году английским математиком Х. Харди и немецким врачом В. Вайнбергом. [39, 88] Главная заслуга в разработке теоретического и математического аспектов популяционной генетики безусловно принадлежит С.С. Четверикову, С. Райту, Р. Фишеру, Дж. Холдейну. [6, 88]

Развитие новой методологии исследовательской деятельности расширило и углубило наши представления о структуре и законах организации наследственного аппарата клетки. [84, 89, 90, 110, 111] Теперь ученые располагают такими методами, которые позволяют проводить манипуляции с отдельными клетками живого организма, отдельными хромосомами и отдельными генами. [1, 25, 38, 84, 89, 90, 110, 111] Всё это привело к возникновению новых понятий и направлений современной генетики: клеточная, хромосомная инженерия и генная инженерия. Принципиальное отличие новых методов от традиционных используемых в селекции состоит в целенаправленном расширении границ изменчивости генотипа, в планируемой разнообразии исходного материала. [1, 25, 29, 38, 39, 63, 64, 84] Широкое применение такие методы получили в селекции

растений [31, 39, 119].

Интересным направлением становится селекция на клеточном уровне, когда отбору подвергаются не растения, а клетки, из которых потом воспроизводятся растения. Преимущества клеточной селекции очевидны, так как в объеме одной чашки Петри можно поместить тысячи клеток. Это во много раз повышает возможности отбора. Технология культивирования отдельных клеток или тканей на специальных искусственных средах, содержащих минеральные соли, аминокислоты, гормоны и другие питательные компоненты, то можно вырастить ткани, органы. Самым важным и интересным оказалось то, что отдельные растительные клетки (в отличие от клеток животных) обладают тотипотентностью, т.е. способны к регенерации (формированию) полноценных растений. Эта их способность и была использована для селекции в разных направлениях [33, 71, 119].

Современным методом клеточной селекции у растений является метод гаплоидов (организмы с уменьшенным вдвое числом хромосом). Сейчас разработан метод проращивания пыльцевых зерен на искусственных питательных средах в пробирках и получения из них полноценных гаплоидных растений. Преимущества такого метода состоит в том, что на создание нового сорта методом комбинационной селекции уходит более 10 лет, а метод гаплоидов, сокращает этот период в 2 раза [23, 79].

Находит широкое распространение в селекции метод замещения отдельных хромосом или добавления новых у растений. В клетках каждого диплоидного организма имеются пары гомологичных хромосом (дисомиком). [20] Манипуляции с хромосомами дают возможность заменять одну или обе гомологичные хромосомы, получая новые особенности и свойства [61, 78]. Отечественные и зарубежные учёные путём замещения создают «идеальный» сорт с максимальной выраженностью полезных признаков. Методика замены отдельных хромосом одного вида на хромосомы другого вида, близкого по своему происхождению приводит к созданию замещенных линий. В некоторые случаи применяется внедрение в

геном определенного вида или сорта дополнительной пары хромосом другого вида растений с контролем признака, отсутствующего у первого вида, таким образом, создаются дополненные линии [20, 119, 123].

Рассмотрим, какие новые методы селекции используются для непрерывного совершенствования животных. Основным является крупномасштабная селекция. Она основана на эффективном отборе проверенных выдающихся производителей, создании больших запасов замороженной спермы, отборе и эффективном использовании лучшего маточного поголовья. Методы гормональной суперовуляции и трансплантации, позволяют получать от лучших маток десятки зигот в год и выращивать их в реципиентах, имеющих более низкую племенную ценность. Вся система управляется из единого информационного центра. Такая широкомасштабная селекция направлена повышать продуктивность животных [57, 73, 138].

Создание продовольственного потенциала, как в мире, так и в нашей стране базируется на использовании генетического потенциала растений и животных, полученных в процессе селекции. Другими словами, наше благополучие напрямую связано с уровнем развития и эффективностью селекции, что и определяет ее особую значимость для человечества.

1.3 Молекулярные маркеры, используемые в селекции животных

Исследования, проведенные в области молекулярной генетики позволили составить подробные молекулярные карты генома человека, животных, растений. На картах нанесены важнейшие гены, определяющие свойства и характеристики признаков, устойчивость к заболеваниям и др. Маркерная селекция нашла широкое применение в популяционной генетике, геномике, в филогенетических исследованиях. [1, 2, 4, 5] Полученные знания о маркерах расширяют возможности медицинской диагностики, разработки новых точных методов оценки племенной ценности животных, что позволяет значительно ускорить процесс селекции. [9,10, 16, 85]

ДНК-маркеры – это генетические индикаторы являются третьим поколением генетических маркеров. В прошлом столетии учёные активно изучали белковые маркеры, классические генетические маркеры. Обоснованием теории использования альтернативных генов с различной степенью локализации не оказывающих воздействия на изучаемый трансгрессирующий признак занимался А.С. Серебровский. [9, 10, 63, 65]

Учёные насчитывают более нескольких десятков типов молекулярных маркеров, из них широко используемые ДНК-маркеры, которые делятся на три группы, согласно основному методу анализа: исследуемые с помощью блот-гибридизации, ПЦР, ДНК-чипов. [1, 4, 10, 11, 16, 20, 27, 29, 31, 33] Отличительной особенностью классического генетического маркера от белкового является соответствие гену аллели, которого имеют четко выраженные отличия на уровне фенотипа. В белковом маркере гену соответствуют аллели, которые имеют отличия на уровне белкового продукта. Молекулярный маркер соответствует гену или некодирующему участку генома, разные варианты (аллели) которого отличаются на уровне ДНК. [2,4,5,10,29,65]

Учёными разработаны способы выявления полиморфизма: к первой основан на скрещивании с известными нуклеотидными последовательностями; второй - секвенирование нуклеотидной

последовательности; третий - сравнение длины фрагментов, полученных с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР); четвёртый - обработка ДНК эндонуклеазами рестрикции. [2, 4, 5, 7, 20, 28, 29, 84] За последние годы научным сообществом выделены следующие основные классы молекулярных маркеров (таблица 1).

Таблица 1 - Процесс «эволюции» ДНК-маркеров (классификация).

Название маркера	Поколение	Период
<i>AFLP</i> (<i>amplified fragment length polymorphism</i>) – полиморфизм длины амплифицированных фрагментов. <i>DArT</i> (<i>diversity array technology</i>) – ДНК-чип технология для изучения разнообразия. <i>RAPD</i> (<i>random amplified polymorphic DNA</i>) – случайно амплифицированная полиморфная ДНК.	первое поколение ДНК-маркеров	1980-е годы
<i>RFLP</i> (<i>restriction fragment length polymorphism</i>) – полиморфизм длины рестриционных фрагментов.	ПЦР-маркеры	1990-е годы
<i>SCAR</i> (<i>sequence characterized amplified region</i>) – амплифицированная область, охарактеризованная нуклеотидной последовательностью. <i>SNP</i> (<i>single-nucleotide polymorphism</i>) – однонуклеотидный полиморфизм. <i>SSCP</i> (<i>single strand conformation polymorphism</i>) – полиморфизм конформации одноцепочечной ДНК.	ДНК-чипы	2000-е годы
<i>SSR</i> (<i>simple sequence repeats</i>) – простые повторяющиеся последовательности (микросателлиты). <i>STS</i> (<i>sequence tagged site</i>) – сайт/локус, маркированный нуклеотидной последовательностью.	метод прямого секвенирования генома или его отдельных участков	с 2018 года

В молекулярной генетике так же применяются термины «локус», «аллель», «доминантный», «кодоминантный». По количеству локусов молекулярные маркеры подразделяют на монолокусные и мультилокусные. Монолокусные маркеры наследуются чаще всего по кодоминантному типу, мультилокусные – по доминантному [84].

Среди генетических понятий понятие аллели и локус (участок) гомологичных хромосом позволяет разобраться в ряде сложных генетических явлений (различных вариантов нуклеотидных последовательностей, отличающихся по длине или по нуклеотидным заменам). [4, 7, 9, 20, 65, 84, 95]

Хлесткина Е.К. подчеркивает, что метод анализа маркера позволяет определить тип наследования, если выявляются оба аллеля, то можно говорить о кодоминантном типе наследования изучаемого маркера, если выявляется один аллель – о доминантном наследовании. Она отмечает, что маркеры могут быть с известной локализацией, т.е. встречаться в определенной хромосоме или участке хромосомы, или вблизи конкретного гена. И другая группа, маркеры, о локализации которых ничего не известно (мультилокусные маркеры). [7, 20, 84, 96]

С прогрессивным развитием ДНК-технологий наибольшую востребованность приобрели молекулярные карты отдельных хромосом и геномов количественных признаков (QTL). [96, 124] Дэвид Ботштейн, Р. Уайтом, М. Школьником, Р. Дэвисом в 1980 г. первые разработали монолокусные генетические маркеры на основе анализа полиморфизма ДНК. Массовое распространение работ по картированию генов и локусов количественных признаков (QTL – quantitativetraitloci) произошло с появлением более дешевых и удобных в применении ПЦР-маркеров. [96] Микросателлитные (SSR) маркеры оказались наиболее подходящими и востребованными для картирования. Впервые в качестве маркеров использовать гипервариабельные последовательности, состоящие из простых повторов, предложил в 1989 г. немецкий исследователь Дитхард Таутц. [2, 4, 5, 7, 84, 96] В этот период ПЦР-маркеры широко используют в селекционном процессе, с их помощью проводят отбор по генотипу, тогда как в традиционной селекции отбор индивидуумов для скрещиваний осуществляется на основе анализа фенотипа. [16, 20, 58, 65, 84, 86, 96]

Безусловно, что отбор по генотипу имеет ряд преимуществ перед отбором по фенотипу. Важно отметить, что процесс генотипирования частично или полностью автоматизирован. Методы фенотипической оценки автоматизировать крайне сложно. [10, 12, 28, 58]

Практическая значимость ДНК исследований заключается в том, что образцы для генотипирования можно отобрать практически в любой

удобный момент. Отбор проб на ранних стадиях развития организмов позволяет своевременно выбраковывать из селекционного процесса те особи, которые не отвечают требованиям. При этом экономятся средства на содержание, кормление и уход. [12]

Генетическая информация (генотип) не зависит от изменения условий среды, но на практике отбор ведётся по фенотипу. Сложность оценки истинной ценности животного заключается в том, что фенотип при полном доминировании, внешне гомозиготы не отличается от гетерозигот. В этом случае исследования по ДНК-маркерам позволяют определить истинный генотип. [12]

Гулаева Н.В., Чесноков Ю.В., Шевченко С.Н., Зуева А.А., Менибаев А.И. отмечают, что ДНК-маркеры, разделяют на две основные группы: ОПМ и геномную селекцию. Первый метод предполагает использование ДНК-маркеров, тесно сцепленных с целевым геном, такие исследования и фенотипический анализ являются надежным инструментом проявления внешних данных. Учёные подчёркивают, что большая точность отбора достигается при использовании пары маркеров, расположенных вблизи гена по разные стороны от него. На основе секвенирования гена, выявления различий нуклеотидной последовательности аллелей данного гена, разрабатывается «внутригенный маркер», это позволяет отбирать нужные генотипы с высокой точностью. При отсутствии сцепленного с геном ДНК-маркера используют отдаленные маркеры, при обязательном фенотипировании. Комбинированный подход («тандемный») отбор хорошо зарекомендовал себя при линейной селекции, а также при создании пирамид генов. Во многом успех селекции будет зависеть от использования значительно большего числа маркеров, равномерно распределенных по геному. [12]

Получение информации о нуклеотидных последовательностях генов, тесно сцепленных с ними маркерах, контролирующих данный признак и локализацию их в геноме, позволяет проводить молекулярно-генетический

анализ и отбор одновременно.

Такой подход в 1996 году был предложен Tanksley S.D., Nelson J.C. Снижение стоимости определения нуклеотидных последовательностей и автоматизация процесса открыли возможность массовой реализации программ полногеномного секвенирования [135, 136]. В результате секвенирования получают формальное описание первичной структуры линейной макромолекулы в виде последовательности мономеров в текстовом виде. Размеры секвенируемых участков ДНК обычно не превышают 100 пар нуклеотидов (next-generation sequencing) и 1000 пар нуклеотидов при секвенировании по Сенгеру. В результате секвенирования перекрывающихся участков ДНК получают последовательности участков генов, целых генов, тотальной мРНК или полных геномов организмов.

Хлесткина Е.К. отмечает, что определение аминокислотной или нуклеотидной последовательности ДНК и РНК и сравнение генома разных представителей одного и того же вида позволяют выявлять полиморфные участки генома и разрабатывать маркеры (SNP), равномерно и плотно покрывающие геном. Она свидетельствует о том, что на данный момент многими учёными уже разработаны полногеномные SNP – чипы для автоматического анализа полиморфизма ДНК, некоторых видов сельскохозяйственных животных. [1, 2, 4, 6, 8, 11, 12, 27, 28, 84] Применение методов высокопроизводительного генотипирования сельскохозяйственных животных открыло перспективы селекции на высокую продуктивности и новые характеристики и свойства. [84]

Геномная селекция, как и ОПМ, подразумевает использование ДНК-маркеров и отбор по генотипу. Преимущество геномная селекция заключается в том, что не требуются знания о генах, влияющих на признаки, может применяться при отборе по признакам, имеющим сложный полигенный характер. Метод ОПМ, как правило, эффективен лишь в случае моно- или олигогенного контроля признаков. [12]

Ведущая генетическая компания TOPIGS (Нидерланды) активно

развиваются программы по геномной селекции свиньи. Специалисты компании отмечают, что геномная селекция позволяет сэкономить до 92% средств, затрачиваемых на оценку хряков-производителей, и сократить время оценки с 2 лет до 1 года [12, 51, 84].

Таким образом, проведенный литературный обзор по молекулярным маркерам и их использованию позволил заключить, что ДНК-маркеры – это новое поколение генетических маркеров, отличающихся от прежних большим разнообразием, и частой встречаемостью в геномах. Отечественные и зарубежные учёные отмечают их целесообразность и экономическую оправданность в прикладных областях, в частности в селекции, а их применение в фундаментальных исследованиях позволило выйти на новый уровень понимания организации и эволюции геномов изучаемых объектов. [1, 2, 4, 6, 8, 11, 12, 27, 28, 84]

1.4 Гены-маркеры и их использование в селекции свиней

Рядом учёных выделены гены, которые принимают непосредственное участие в формировании откормочных и мясных качеств свиней. К таким генам относят: ген гипофизарного фактора транскрипции (*POU1F1*); ген рецептора меланокортина-4 (*MC4R*); ген рецептора лептина (*LEPR*). [28] Высокая мясная продуктивность свиней – показатель, к которому стремятся все без исключения производители свинины. Главная задача – добиться получения высоких характеристик по этому показателю в максимально короткий срок уменьшая затраты на ее достижение [17, 30, 97, 99, 105, 109, 114, 128].

В плане генетического маркера большой интерес представляет ген гипофизарного фактора транскрипции *POU1F1* (или *Pit-1*, *GHF-1*), который оказывает влияние на рост и развитие мышц у свиней. Этот ген принадлежит к большой семье домена POU. [102, 103, 110, 116, 149] Гипофизарный фактор транскрипции является регулирующим фактором передней доли гипофиза, который эффективно стимулирует экспрессию гена гормона роста (*GH*) [6, 7, 50, 76, 121], гена пролактина (*PRL*) [30, 102, 103] и гена тиреотропного гормона (*TTG*) в гипофизе [134].

Факторы транскрипции – это группа белков, способных взаимодействовать с характерными участками ДНК, расположенными в регуляторных областях генов, иницируя программы повышения или понижения транскрипции. Факторы транскрипции осуществляют чтение и интерпретацию генетической информации для каждого из генов, что и обеспечивает уникальный способ регуляции в процессе развития организма [6,7].

Исследования, проведенные отечественными и зарубежными учёными позволили выявить присутствие фактора *Pit-1* на ранних стадиях эмбриогенеза в соматотрофах, лактотрофах и тиреотрофах, где он играет важную роль в инициации экспрессии генов, ответственных за синтез

гормонов. [30, 102, 103, 129, 131, 142, 147, 148]

Гетманцева Л.В. в своих публикациях указывает, что фактор *Prop-1* (предвестник *Pit 1*) детерминирует первоначальную закладку сомато-, пролакто- и тиреотрофов, дифференциация которых происходит при участии активатора транскрипции *Pit-1*. Мутации в указанных генах вызывают комбинированный дефицит гормонов роста, пролактина и *ТТГ* [7].

Мутации в гене *POUIF1* связаны с карликовостью, впервые обнаружено у мышей, в 1992 году Radovick и др. выявлено у человека в сочетании с дефицитом гормона гипофиза. [129].

У млекопитающих учёные обнаружили *Pit-1* в трёх вариантах сплайсинга. Основной тип, *Pit1-альфа*, два других – *Pit1-бета* и *Pit-1Г*, все варианты дают биологически активные продукты, каждый избирательно воздействует на промоторные зоны генов мишеней [110].

Формулируя вышеприведенное можно обобщить, что выявлено несколько вариантов гена *POUIF1*, определяемых точечными мутациями. Три мутации - *Pit113H* (С- и D-аллели), *Pit113N* (М- и N-аллели) и *Pit113NL* (G- и H- аллели) локализованы в третьем интроне. По одной мутации *Pit114N* (E- и F-аллели), *Pit115*, *Pit1E6H* (A- и B-аллели) обнаружено в четвертом, пятом интронах и шестом экзоне гена *POUIF1*. Нуклеотидные замены в четвертом интроне и шестом экзоне идентифицируются эндонуклеазами *BstNI* и *HinfI*, соответственно. Аллель В определяет точечная мутация, приводящая к замене аденина на гуанин (A→G) [115, 116, 132, 145].

Исследования, направленные на изучения роли *POUIF1*, показали, что он оказывает влияние на вес при рождении, на скорость роста и состав туши Свиной ген *POUIF1* локализован на хромосоме 13 (SSC13) и является локусом количественных признаков (QTL) для темпа роста и упитанности туши [6, 7, 76].

Ряд исследований Yu., Rothschild M.F., Tuggle C.K., Schmitz C.B., Wang L. и др. обнаружили три полиморфизма *POUIF1* [143, 144]. Они

показали, что ген *POU1F1* связан с изменением роста и качеством туш у свиней. [133, 143,144,145,146,147,148, 147]

Влияние различных генотипов гена *POU1F1* на толщину крестцового шпика у двухпородных гибридов обнаружила К. Stancekova с соавторами. [133] Аналогичные результаты увидели и польские ученые Zlotnicka, С. Brunsch и др. [7, 114] на гибридах польской крупной белой. Установлено влияние генотипов гена *POU1F1* в двух группах: (пьетрен х WildBoar) и (пьетрен х мейшан) на убойную массу, длину туши и конверсию корма. [7, 95] Костюнина О. В. с соавторами в 2008 году изучала полиморфизм гена *POU1F1* у свиней крупной белой породы и помесей (КБ х ландрас) выявлена тенденция к превосходству свиней с генотипом CD по скороспелости над свиньями генотипа DD [29].

Полиморфизм гена *POU1F1* обусловлен точечной мутацией, приводящей к образованию двух аллелей – *E* и *F*. По данным польских учёных наличие в генотипе свиней аллеля *F* связано с повышенными среднесуточными привесами и наибольшим процентом выхода мяса в туше у пород ландрас и крупная белая польской селекции. [114]

Согласно литературным источникам, однозначного мнения относительно «желательного» генотипа по откормочным и мясным качествам на сегодняшний день не существует, что возможно связано с генетическими особенностями различных пород свиней. [6, с. 56-62; 7, 34, 50, с. 49-55; 51, с. 70-74; 114, с. 15-20; 121, с. 195-200]

Что же касается гена рецептора меланокортина 4, то на сегодняшний день известны пять типов рецепторов меланокортина – *MC1R*, *MC2R*, *MC3R*, *MC4R*, *MC5R*, которые кодируются разными генами и выполняют различные функции. Непосредственное участие в метаболизме жировой ткани принимает рецептор меланокортина-4 (*MC4R*) как одно из звеньев сложной системы пищевого поведения. В ответ на поступление липидов из пищи к клеткам жировой ткани (адипоцитам) происходит синтез и секреция лептина. Главными мишенями действия этого гормона являются рецепторы лептина,

локализованные на стенках клеток некоторых сосудов, например, в гематоэнцефалическом барьере. [131]

Образование комплекса лептин – рецептор лептина оказывает содействие расщеплению гипоталамического проопиомеланокортина (ПОМК) на α -, β -, γ -меланоцитостимулирующие гормоны, аденокортикотропин (АКТГ), β -эндорфин [48] α -меланоцитостимулирующий гормон принадлежит к АКТГ/МСГ-подобным пептидам, которые имеют общее название меланокортины. Меланокортин действует на центры голода и насыщаемости. Меланокортиновые рецепторы имеют в своей структуре участки, которые распознаются протеинкиназами А и С, что указывает на возможность фосфорилирования. Ген *MC4R* экспрессируется в разных участках центральной нервной системы. Экспрессия *MC4R* в структурах нервной системы свидетельствует об их возможном участии в регуляции вегетативных и нейроэндокринных функций. Во время развития эмбриона гены рецепторов меланокортина активно экспрессируются в нервной ткани, что, в свою очередь, указывает на их возможное участие в формировании нервной системы. [6, 28, 100]

Основной функциональной особенностью *MC4R* выступает контроль массы тела и регуляция пищевого поведения. Механизмы этого действия до конца не изучены, но можно заключить, что некоторые особенности данного процесса реализуются при взаимодействии *MC4R* с системой лептина, это заключение было сделано на основании имеющихся литературных данных. [6, 30, 120, 140]

На основе многих научных исследований, проведенных учёными на сегодняшний день в результате мутации, в гене *MC4R* происходит нарушение проведения гормонального сигнала лептина. Среди кандидатов сигнальных молекул, участвующих в регулировании энергетического гомеостаза представляет особый интерес меланокортиновый рецептор-4 (*MC4R*). [7, 10, 28, 29, 30] Изменения в этом обмене считаются необходимыми для пубертатного перехода в репродуктивной функции. Лептин увеличивает

секрецию гонадотропных гормонов, которые необходимы для инициации и поддержания нормальной репродуктивной функции. [7, 30]

Точечная мутации в седьмом экзоне гена *MC4R* приводит к нарушению проведения гормонального сигнала лептина через *MC4R* и, тем самым, влияет на признаки, определяющие откормочную и мясную продуктивность животного [30]. Ген *MC4R* локализован на хромосоме 1 свиньи в участке (SSC1) *q22–q27* [46]. Последовательность гена *MC4R* была представлена в GenBank под регистрационным номером AF087937. Полиморфизм *MC4R* определяли в позиции 1426. Замена одного нуклеотида *G* на *A* приводит при помощи рестриктазы *TaqI*к изменению аминокислотного состава *MC4*-рецептора [9, 106, 128]. В результате происходит нарушение регуляции секреции клеток жировой ткани, что приводит к нарушению липидного обмена. Это непосредственно влияет на процесс формирования признаков, характеризующих откормочные и мясные качества свиней. Было установлено, что в некоторых популяциях свиней однонуклеотидный полиморфизм этого гена достоверно связан с откормочными и мясными качествами, в частности с толщиной спинного сала. [34]

Гетманцева Л.В. с соавторами в 2012 году провели исследования по гену *MC4R* на свиньях крупной белой породы, в своей работе она указывает, что особи гомозиготного генотипа *AA* гена *MC4R* отличались лучшими среднесуточными привесами и большей толщиной шпика, в сравнении с животными с генотипом *GG*. Свиньи генотипа *GG* отличались лучшими мясными качествами, но при этом были менее скороспелы. [6, 7, 30]

Ген рецептора лептина (*LEPR*) (известный как ген *DB*) участвует в регуляции веса тела и пищевого поведения. Лептин – это пептидный гормон, синтезирующийся адипоцитами. Гормон секретируется в кровь и влияет на энергетический обмен и сгорание жиров в организме. При увеличении массы жировой ткани уровень лептина в крови повышается. Его механизм действия заключается в передаче в гипоталамус информации о массе тела и жировом обмене. [7]

Взаимосвязь лептина и специфических рецепторов, расположенных в гипоталамической области, влияет на выработку нервных импульсов в участках головного мозга, ответственных за регуляцию аппетита. [105] Основным органом-мишенью лептина является центральная нервная система, посредством которой лептин осуществляет регуляцию липидного обмена. Избыток лептина приводит к подавлению секреции инсулина, вызывает резистентность скелетных мышц и жировой ткани к его воздействию и повышает уровень глюкозы. [99] Эти физиологические свойства лептина определяют ген лептина (*LEP*) и его рецептор (*LEPR*) в качестве маркерных генов - кандидатов по совершенствованию откормочных и мясных качеств. Гены *LEP* и *LEPR* у свиней были картированы на хромосомах *18q13-21* и *6q33-35*, соответственно. [1, 5, 7, 83, 84, 119]

Полиморфизм *HpaII* сайта рестрикции находится на 6 хромосоме в 4 интроне (*S0228* и *Sw1881*) гена *LEPR* (*AJ223162* и *AJ223163*). Данный полиморфизм приводит к образованию двух аллелей: *A* (с фрагментом 2000 н.п.) и *B* (с фрагментами 1450- и 550 н.п.). [127] В литературе приведены результаты исследований по данному гену двухпородных гибридов (крупная белая х ландрас). В 2009 году Kováčik A., Trakovická, A., Bulla, J., Vobček, B., & Rafayová, A. обнаружили, что наличие генотипа *BB* по гену *LEPR* коррелирует с более высоким выходом постного мяса и низким показателем толщины шпика по сравнению с генотипами *AB* и *AA*. При проведении исследований на двухпородных гибридах по влиянию данного гена на мясные качества свиней, полученные аналогичны результаты. [112, 113]

При проведении комплекса селекционных приёмов можно достичь высоких показателей продуктивности. Следует отметить, что основные признаки, по которым ведётся селекция, имеют количественную изменчивость и на уровень их развития большое влияние оказывают как наследственность, так и факторы внешней среды. Цитогенетические исследования позволяют получить знание о различии в кариотипе свиней,

что становится актуальным в связи с использованием методов отдалённой и линейной гибридизации. Пополнение генофонда домашних свиней генофондом популяций диких животных, животных азиатских пород, позволяет получить гетерозиготный эффект у потомства, проявляющийся в высокой жизнеспособности, крепости конституции. При этом появляется комплекс новых свойств организма и проявления продуктивности. [4, 5, 7, 86, 111]

Проведенные популяционные и гибринологические исследования (Тиханов В.Н., Бобович В.Е.) популяций свиней на разных уровнях их разведения, убедительно показывают близкое закономерное повышение частоты гетерозиготных евро-азиатских структур генома, включающих наиболее изученные информативные локусы EAL, EAE и EAG Sscr — соответственно 4, 9 и 15-я хромосомы. В процессе микроэволюции от диких к домашним аборигенным формам и далее к культурным породным популяциям частота компаундных элементов увеличивается. Закономерное повышение степени гетерозиготности геномных структур евро-азиатского происхождения наблюдается как у животных аборигенных породных популяций, так и у представителей культурных пород, широко завозимых в последнее время в Россию. Максимальным уровнем гетерозиготности характеризуются наиболее распространенные в мире выдающиеся по продуктивности породы, возникшие на основе «компаундных» геномов евро-азиатского происхождения: крупная белая, беркширская, ландрасская и дюрокская. Частота гетерозиготного генотипа Ga/b евро-азиатского генома локуса G превышает в несколько раз частоту гомозиготного генотипа Ga/a у крупной белой, беркширской и ландрасской пород. Экспериментально установлено высокое (значительно превышающее теоретически ожидаемое) участие аллельных и субаллельных структурных элементов азиатского происхождения, что связано с повышением степени гетерозиготности по аллелям евро-азиатского происхождения в геноме представителей изученных высокопродуктивных пород. Это относится и к европейским, и к

американским, и к наиболее продуктивным породам России. [4, 67]

Тихонов В.Н., Бобович В.Е. в качестве движущей силы пороодообразовательного процесса по повышению репродуктивных и мясных признаков, предлагают использовать: действие ассоциаций (включая генетические сцепления) локусов, контролирующих хозяйственно ценные признаки; взаимодействие в геноме аллелей европейского и азиатского происхождения, обуславливающее гетерозисный эффект по признакам продуктивности. При выведении линий ставится задача создания по возможности однородных, но генетически дифференцированных высокопродуктивных, устойчивых групповых генотипов свиней. Отцовские линии должны отличаться высокими откормочными и мясными качествами и средними репродуктивными качествами. Критериями откормочной и мясной продуктивности свиней является количество и качество получаемой от них продукции. [48, 55]

Обзор научных статей показал, что за последние 30-40 лет благодаря использованию прогрессивных методов исследований у свиней существенно увеличилась энергия роста, снизились затраты корма, уменьшилась толщина шпика, увеличилась площадь поясничного «мышечного глазка» увеличилась масса мяса в отрубях, в целом, улучшился генетический статус свиней. И эти изменения касаются в первую очередь мясных свиней. [68, 70]

Свиньи разных пород имеют различную интенсивность роста. Существуют специализированные породы, типы и линии свиней, селекция в которых велась на высокие откормочные качества. В селекционном понимании скороспелость, как признак отбора, определяется возрастом достижения живой массы 100 кг, в днях. Этот признак формируется под влиянием наследственных качеств, условий кормления и содержания. Наследуемость его выше, чем репродуктивных качеств и составляет $h^2 = 0,35 - 0,56$. Лучшие гибридные животные специализированных пород достигают уровня средних суточных приростов более 1000 г. [56, 58]

По мнению Х.Т. Фридман селекция на энергию роста или оплату корма одновременно улучшает оба признака. Серьезная племенная работа по улучшению мясных качеств невозможна без учета взаимосвязей между селекционируемыми признаками. Как считают В.Д. Кабанов и В. Рыбалко скорость роста животных, в большей степени зависит от условий кормления, а мясная продуктивность - от генетических факторов. [81]

Резюмируя вышеизложенное, становится очевидным, что опираясь на знания молекулярных основ наследственности можно управлять процессом совершенствования признаков и свойств организма животных, то есть, существуют возможности повышения продуктивных качеств свиней и проведение эффективной селекции животных.

2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ

2.1 Объекты и материалы исследования

Объектом исследований являлись свиньи породы дюрок селекционного центра «Лозовое» ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Ишимского района Тюменской области. Схема исследований приведена на рисунке 2.

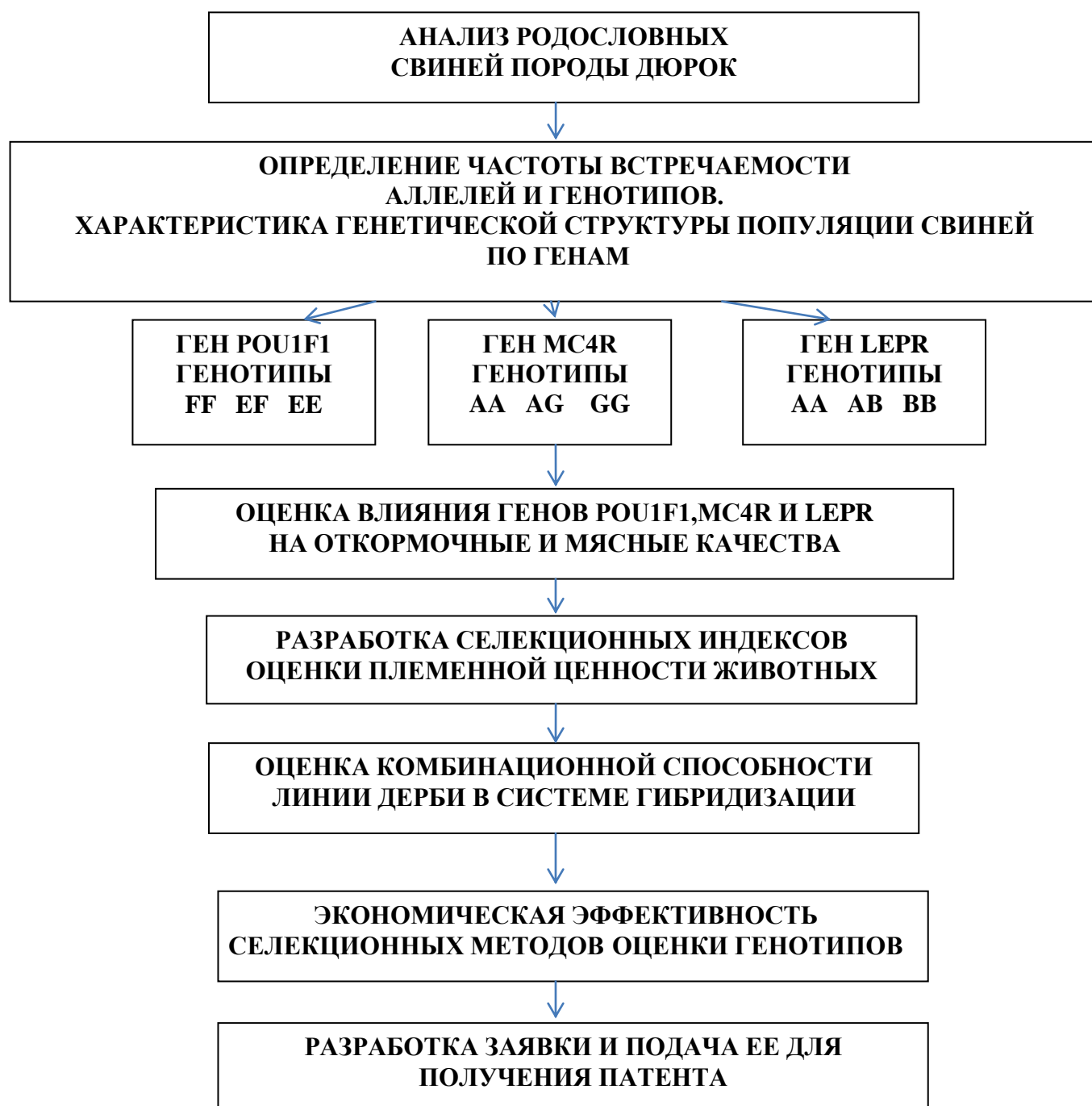
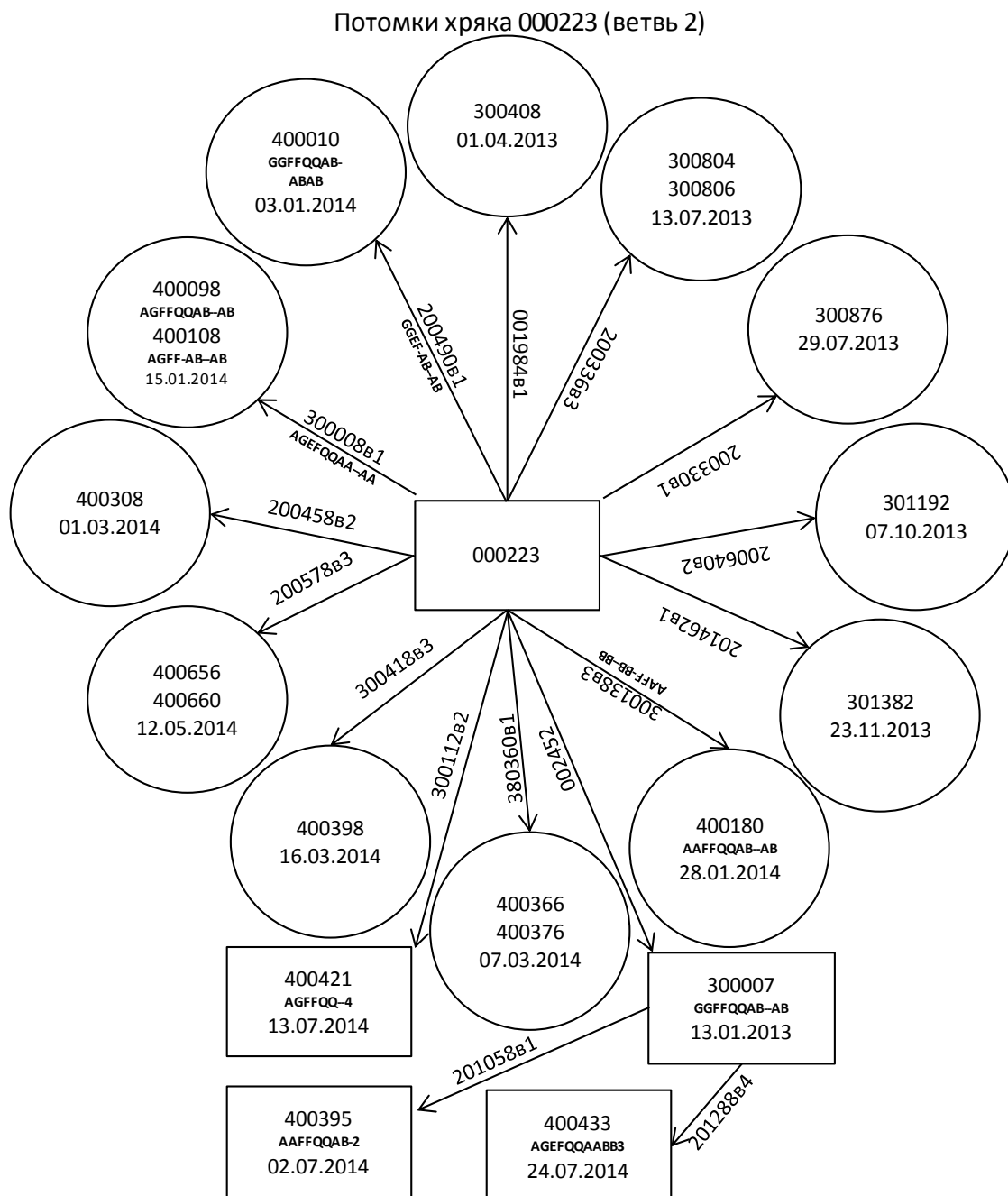


Рисунок 2. Схема исследований

Анализ родословных свиней породы дюрок проводился на основе информации базы данных КП АСС (ООО «Селиком», г. Рязань). Изучали родословные животных и составляли генеалогические схемы (рисунок 3 и приложение 5).



Анализ родословной взрослого поголовья свиней породы дюрок
 Всего получено потомков 20 гол, из них по плану закрепления 3 гол (45%)
 Прогенотипировано 11 гол

Рисунок 3. Генеалогическая схема потомков хряка 000223 породы дюрок

Выбор ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области для проведения экспериментальной части исследований обоснован тем, что предприятие является одним из лучших свиноводческих комплексов в Российской Федерации. В его структуре имеется селекционный центр «Лозовое» на 2000 свиноматок и товарный комплекс на 6000 свиноматок с объемом реализации на убой 150000 голов. В селекционном центре «Лозовое» предусмотрено выведение, совершенствование и воспроизводство специализированных сочетающихся линий для разведения чистопородного кроссированного и ремонтного поголовья. В состав центра входит станция искусственного осеменения, станция контрольного откорма, элеватор для проверки ремонтного молодняка по собственной продуктивности и лаборатория оценки качества мяса.

Оценку ремонтного молодняка по собственной продуктивности проводили в подсосный период, при отъеме, в 2, 4, 6, 8 - месячном возрасте, путём взвешивания. Рост, развитие, откормочные и мясные качества оценивали прижизненно по данным контрольного выращивания. Прижизненную оценку толщины шпика и глубины длиннейшей мышцы спины проводили ультразвуковым прибором «Скангрэйд», прибор учитывает: идентификационный номер животного; номер станка; код, установленный пользователем; вес животного; глубина мышцы в точке P_2 ; толщина шпика в трех точках: P_1 , P_2 и P_3 ; статус супоросности. [58]

Экспериментальные исследования по ДНК-генотипированию свиней были проведены в лаборатории молекулярной генетики ФГБОУ ВО «Южном федеральном университете» и в лаборатории молекулярной диагностики и биотехнологии с.-х. животных в ФГБОУ ВО «Донской государственной аграрный университет» в период 2013-2019 гг. Материалом для исследования служили образцы ткани с ушной раковины свиней площадью 1 см². Для предотвращения деградации ДНК, полученные пробы помещены в фиксирующий раствор 94-96% этанол (спирт этиловый ректифицированный, высшей очистки). Преимуществом спирта является резко выраженное коагулирующее действие. Биологический материал хранился в морозильной камере при температуре -3°C.

2.2 Методы исследования

Анализ ДНК-генотипирования проводился по 55 животным, в том числе 45 свинок и 10 хрячков. Выделение ДНК проводились двумя способами с помощью *DIAtom™DNA Prep* (ООО «НПФ Генлаб») и ДНК-Экстран-2.

Методика выделения ДНК

с помощью *DIAtom™DNA Prep* (ООО «НПФ Генлаб»)

Набор реагентов *DIAtom™DNA Prep100* основан на использовании лизирующего реагента с гуанидинтиоционатом, который предназначен для лизиса клеток, солюбилизации клеточного дебриса, а также для денатурации клеточных нуклеаз. В присутствии лизирующего реагента ДНК активно сорбируется на *NucleoS-* сорбенте, затем легко отмывается от белков и солей спиртовым раствором. ДНК, элюированная из сорбента ЭкстраГеном™ или чистой водой, может быть напрямую использована по назначению.

Последовательность проведения выделения ДНК

От образца ткани с ушной раковины свиней площадью 1 см² отрезался тонкий кусочек ткани толщиной 1-2 мм и этот кусочек помещался в пробирку типа Эппендорф, объемом 1,5 мл. К ткани добавлялось 400 мкл Лизирующего реагента и производилось перемешивание содержимого пробирки переворачиванием (5-10 раз) (рисунок 4).

Далее пробирки со смесью инкубировались в течение 2 ч при температуре 65°C. В момент, пока происходило инкубирование образцов на термостате, приготавливался рабочий раствор Солевого буфера. Для этого содержимое флакона с 10 - кратным Солевым буфером, переносилось в мерный цилиндр, доводилось бидистиллированной водой до метки 50 мл и 96% этиловым спиртом до необходимых отметок и перемешивалось. Готовый рабочий раствор Солевого буфера хранился в герметично закрытой посуде при температуре 4°C. После термостатирования проводилось центрифугирование пробирки со смесью. В чистую пробирку со смесью добавлялось 20 мкл суспензии сорбента *NucleoS™* (перед использованием *NucleoS™* интенсивно встряхивался на вортексе). Прозрачный супернатант целиком переносился в пробирку с *NucleoS™*-ом.



Рисунок 4. Выделение ДНК из образцов ткани свиней и приготовление реакционной смеси для проведения ПЦР

Пробирка помещалась на ротатор и перемешивалась в течение 10 мин при 10-20 об/мин. Центрифугировалась 10 сек при 5000 об/мин. Осторожно, не задевая осадка, содержащего ДНК, супернатант удалялся с помощью водоструйного насоса. К осадку добавлялось 200 мкл Лизирующего реагента, тщательно перемешивалось на вортексе до полного гомогенного состояния.

В пробирку добавлялось 500 мкл рабочего раствора Солевого буфера для промывания ДНК. Перемешивалось содержимое пробирки переворачиванием пробирки 5-10 раз. Центрифугировалось 10 сек при 5000 об/мин. Затем осторожно удалялся супернатант, не задевая осадка, с помощью водоструйного насоса. Далее в пробирку добавлялось 500 мкл Солевого буфера, перемешивалось содержимое пробирки на вортексе, центрифугировалось 10 сек при 5000 об/мин и осторожно удалялся

супернатант с помощью насоса. Снова проводилось очищение ДНК. После очищения просушивался осадок при температуре 65⁰С в течение 4-5 мин. В эту же пробирку вносилось 60 мкл ЭкстраГена™, чтобы растворить осажденную ДНК.

Полная гидратация (растворение) большого количества ДНК с большим молекулярным весом может протекать медленно. Неполная гидратация ДНК ведет к неточной оценке концентрации ДНК. Содержимое пробирки суспендировалось на вортексе в течение 5-10 сек до получения гомогенной суспензии, потом термостатировалось 4-5 мин при температуре 65⁰С. Еще раз суспендировалось содержимое пробирки на вортексе перед центрифугированием. Центрифугировалось 1 мин при 1000 об/мин. Супернатант с ДНК переносился в чистую пробирку. ДНК хранилась при температуре -20⁰С. (для длительного хранения) или при 4⁰С (для хранения до 2 месяцев). Замораживание выделенной ДНК в ТЭ приведет к выпадению ДНК в осадок.

Методика выделения ДНК с помощью ДНК-Экстран-2

Подготовка реактивов: Лизирующий раствор 2 (если ость осадок) прогрелся на термостате при 60⁰С или выдерживался при комнатной температуре 15-30 минут и обязательно перемешивался плавным переворачиванием до полного растворения осадка.

Внесение образца. Для начала промаркировывалось необходимое количество пробирок объемом 1,5 или 2 мл в соответствии с количеством анализируемых проб и дополнительной пробиркой для отрицательного контроля выделения «ОКО-В». Во все пробирки (кроме «ОКО В») вносилось 5- 10 мг свежей или замороженной ткани. Затем проводился лизис клеток. Для этого в каждую пробирку вносилось 20 мкл Лизирующего раствора и максимально растиралась ткань в микропробирке тефлоновым пестиком. Добавлялось по 280 мкл Лизирующего раствора и 1 мкл 2-меркаптоэтанола. Вносилось в пробирки по 10 мкл раствора Протеиназы К и перемешивалось на вортексе. Затем содержимое пробирки оставлялось на ночь при температуре 56⁰С. Далее производилось осаждение белков. К лизату добавлялось 100 мкл Осаждающего раствора. Перемешивалось содержимое

пробирок на вортексе 20 секунд. Проводилось центрифугирование смеси в течение 5 мин при 13000 об. Для осаждения ДНК в чистые пробирки 1,5-2 мл вносилось по 2 мкл соосадителя ДНК. Супернатант, содержащий ДНК, переносился в полном объеме в пробирки с соосадителем ДНК. Добавлялось 300 мкл Осаждающего раствора и перемешивалось переворачиванием (10-12 раз) до появления видимого осадка ДНК. Затем смесь центрифугировалась при 13000 об/мин 5 мин. Супернатант осторожно сливался и пробирки промокались на фильтровальной бумаге. Чтобы промыть и растворить ДНК, проводилось добавление 400 мкл Промывочного раствора и перемешивание несколько раз переворачиванием. Далее пробирки центрифугировались 2 мин при 13000 об/мин. Супернатант осторожно удалялся и пробирки промокались на фильтровальной бумаге. Открытые пробирки подсушивались на воздухе или в термостате при 37⁰С 10-15мин до полного испарения спирта. К осадку добавлялось 30-50 мкл Элюирующего раствора. Затем содержимое перемешивалось и прогревалось при 65⁰С в течение 5 мин до растворения ДНК. Полученный раствор ДНК хранился при -18⁰С. (Допустимо кратковременное хранение раствора ДНК при +4⁰С.)

Методика амплификации образцов ДНК по гену *POU1F1*

В состав ПЦР смеси входило 5 мкл раствора буфера; 1 мкл дезоксонуклеозидтрифосфата; по 1 мкл прямого и обратного праймера; 0,5 мкл Таq-полимеразы; 11,5 мкл деионизированной воды и 5 мкл ДНК на пробу. Амплификацию фрагмента (1746 п.н., включающего 4, 5, и 6 экзоны) гена *POU1F1* проводили на амплификаторах «Терцик» и Т-100 с использованием прямого и обратного праймеров 5'-AGTGTAGCCAGAGCATCT-3', 5'-ACCACATCTGCACACTCA-3' соответственно, в следующем режиме: предварительная денатурация – 4 мин при 95⁰С; денатурация 95⁰С – 1 мин, отжиг 61⁰С – 1 мин, элонгация 72⁰С – 3 мин (30 циклов), завершающая элонгация при 72⁰С 5 мин.

Для определения полиморфизма гена *POU1F1* 10 мкл ПЦР смеси обрабатывали 0,3 мкл эндонуклеазы рестрикции *RsaI* в 2 мкл буфера фирмы СибЭнзим (Россия) и 7,7 мкл деионизированной воде при 37⁰С течение 2 ч.

Методика амплификации образцов ДНК по гену *MC4R*

В состав ПЦР смеси входило 5 мкл раствора буфера; 1 мкл дезоксонуклеозидтрифосфата; по 0,5 мкл прямого и обратного праймера; 0,5 мкл Таq-полимеразы; 12,5 мкл деионизированной воды и 5 мкл ДНК на пробу. Амплификацию фрагмента (226 п.н.) гена *MC4R* проводили на амплификаторах «Терцик» (рисунок 5) и Т-100 с использованием праймеров 5'- TACCCTGACCATCTTGATTG – 3'; 5'- ATAGCAACAGATGATCTCTTTG-3' в следующем режиме: предварительная денатурация при 94⁰С - 5 минут, 35 циклов: 94⁰С - 30 с, 62⁰С - 30 с, 72⁰С – 30 с; заключительный синтез при 72⁰С - 7 мин.



Рисунок 5. Термостат программируемый для проведения ПЦР-анализа, амплификатор и визуализация электрофореграмм на трансиллюминаторе

Для определения полиморфизма гена *MC4R* 10 мкл ПЦР смеси обрабатывали 0,2 мкл эндонуклеазы рестрикции ТаqI и 0,2 мкл BSA в 2 мкл буфера фирмы СибЭнзим (Россия) и 7,6 мкл деионизированной воде при 64⁰С течение 2 ч.

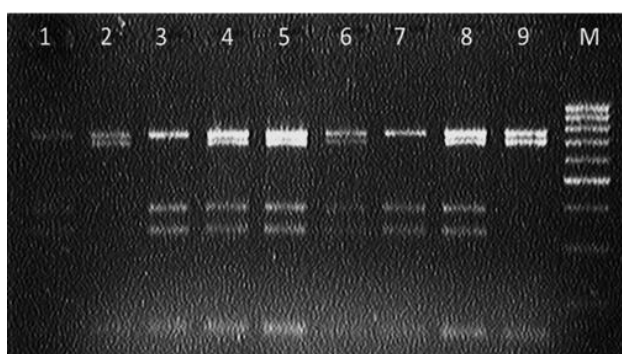
Методика амплификации образцов ДНК по гену *LEPR*

Амплификацию фрагмента (2000 п.н. включающего 4 интрон) гена *LEPR* проводили с использованием прямого и обратного праймеров 5'- GGAAGGCATTTGTTTCAGCAGTAA-3', 5'- CAAGTCCTCTTTTCATCCAGCACTG-3' соответственно, в следующем режиме: предварительная денатурация – 5 мин при 94⁰С; денатурация 94⁰С – 30 с, отжиг 61⁰С – 45 с, элонгация 72⁰С – 2 мин (35 циклов), завершающая элонгация при 72⁰С 10 мин. Для определения полиморфизма гена *LEPR* 10 мкл ПЦР смеси обрабатывали 0,4 мкл эндонуклеазы рестрикции *HpaII* в 2

мкл буфера фирмы СибЭнзим (Россия) и 7,6 мкл деионизированной воде при 37⁰С в течение 2 ч.

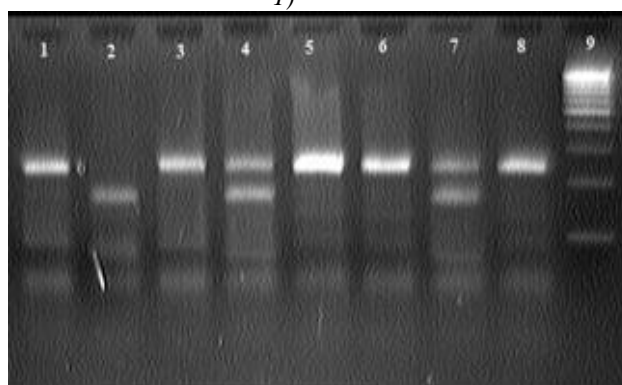
Методика электрофоретического разделения образцов ДНК в геле агарозы

ТВЕ/формаид электрофорез по гену *POU1F1* проводился в 2,5%, по гену *MC4R* в 2%, по гену *LEPR* в 1% геле агарозы, содержащем 1xТВЕ буфер (0,04 М Трис-ацетат, 1мМ ЭДТА) и бромистый этидий с конечной концентрацией в геле - 0,5 мкг/мл. 1xТВЕ буфер также использовался в качестве рабочего буфера для электрофореза. Образцы помещали в лунки геля. Электрофорез проводился при напряженности электрического поля равной 5 В/см. Визуализацию электрофореграмм проводили на трансиллюминаторе в УФ свете (рисунок 6).

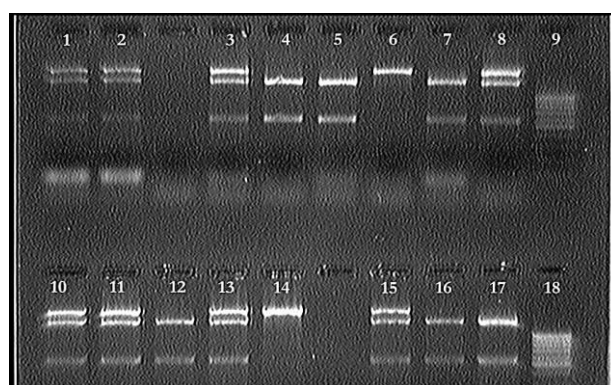


1) ген *POU1F1*: 1,3,7 – генотип FF (322-, 388-, 730 н.п.); 2,9 – генотип EE (710- и 730 н.п.); 4,5,6,8 – генотип EF (322-, 388-, 710- и 730 н.п.); 10 - ДНК-маркер 100 bp (СибЭнзим)).

1)



2)



3)

2) ген *MC4R*: 1,3,5,6,8 – генотип AA (226 н.п.); 2 – генотип GG (156- и 70 н.п.); 4,7 – генотип AG (226-, 156- и 70 н.п.); 9 - ДНК-маркер 100 bp (СибЭнзим)).

3) ген *LEPR*: 1,2,3,8,10,11,13,15 – генотип АВ (2000-, 1450-, 550 н.п.); 4,5,7,12,16,17 – генотип ВВ (1450- и 550 н.п.); 6,14 – генотип АА (2000 н.п.); 9,18 - ДНК-маркер 100 bp (СибЭнзим))

Рисунок 6. Электрофореграммы результатов ПЦР-ПДРФ генов *POU1F1/RsaI*, *MC4R/TaqI* *LEPR/HpaII* в агарозном геле

По результатам молекулярно - генетического исследования определяли наличие и частоту аллелей и генотипов по генам *POUIF1* и *LEPR*. Статистическую обработку данных проводили по стандартным методикам с использованием программного обеспечения MS Excel и STATISTICA 6.0.

Методика популяционно – генетического анализа

Частоту встречаемости аллелей и генотипов определяли по следующим формулам:

$$P_A = \frac{2 \cdot n_1 + n_3}{2 \cdot N} \quad P_{A'} = \frac{2 \cdot n_2 + n_3}{2 \cdot N} \quad P_{AA} = \frac{n_1}{N}, \quad P_{A'A'} = \frac{n_2}{N}, \quad P_{AA'} = \frac{n_3}{N}$$

где P_A – частота аллеля A , $P_{A'}$ – частота аллеля A' , P_{AA} – частота генотипа AA , $P_{A'A'}$ – частота генотипа $A'A'$, $P_{AA'}$ – частота генотипа AA' , n_1 – количество гомозигот AA , n_2 – количество гомозигот $A'A'$, n_3 – количество гетерозигот AA' , N – общее количество животных.

При статистической обработке данных племенного учета и генетико-популяционной характеристике стада свиней применялись методы, изложенные в соответствующих руководствах Н.А. Плохинского (1969), Лакина (1968), Е.К. Меркурьевой (1983), Н.В. Михайлова, В.Д. Кабанова, Г.А. Каратунова (1996), Н.В. Михайлова (2004) и др. При проведении статистической обработки данных применялся «Пакет анализа» табличного редактора MS Excel. Комплектация данного пакета представлена традиционным набором регрессионных методов, позволяющим решать весьма широкий круг задач [42, 44, 58].

3.0 РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

3.1 ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СВИНЕЙ ПОРОДЫ ДЮРОК

В ЗАО «Племзавод-Юбилейный» племенное свиноводческое хозяйство начало свою деятельность в 1992 году, завоз на предприятие наиболее перспективных животных породы дюрок осуществляли из ведущих племенных компаний Дании и Канады. Селекционные программы этих стран отличались по направлению. Так, канадские селекционеры делали упор на высокие откормочные и мясные качества с выраженностью окорока, а датские - на высокую плодовитость, сохранность молодняка, энергию роста и мясные качества. Второй завоз свиней датской селекции в племенной завод «Юбилейный» осуществлялся фирмой ДанБред в 2002 году из 3-х семейств: Дамы, Данной, Дафны и 3-х линий: Дейн, Джайэнт, Рифле. Завоз животных канадской селекции осуществлялся из фирмы Дональд-сон Канада в 2005 году из линии Дерби, из семейств – Лада, Мика, Теста, Юмба, Донна.

По электронной базе данных комплекса компьютерной программы «Автоматизации селекции в свиноводстве «АСС»» проводился генеалогический анализ стада свиней. Проанализированы родословные животных и составлены генеалогические схемы. [69] (Приложение 3)

Структура линий и семейств стада свиней по состоянию на 2008 год представлена в таблице 2.

Выявлено 4 наименования линий, большая доля около 39% хряки-производители Дерби, 29% хряки-производители Джайэнт, 19,3% - Рифле, 13,0% - Дейн. Хряки датской селекции в структуре породы составили 32,3%.

Животные родительского поколения имели возраст достижения 100 кг – 135,1 дней, толщину шпика -10,4 мм. Наилучшие показатели по скороспелости имели хряки линий Дерби № 40409 - 138,82, Дейн №700261, Рифле №600345-146 дней, по толщине шпика – Дейн №700261- 11,1 мм, Джайэнт №600695 - 13,0, Дейн №500381-15,0 мм.

Таблица 2 - Структура стада породы дюрок

№	Кличка животного	Количество голов	%
Линии			
1	Дейн	4	13,0
2	Джайэнт	9	29,0
3	Рифле	6	19,3
4	Дерби	12	38,7
	Всего	31	100
Семейства			
1	Лада	79	22,8
2	Мика	67	19,4
3	Теста	69	20,0
4	Юмба	89	25,7
5	Дама	8	2,3
6	Донна	18	5,2
7	Дафна	16	4,6
	Всего	346	100

В целом, приведенные показатели свидетельствуют о том, что потомки от завезённых животных имели генетический потенциал, который при внутрипородной селекции и отборе исключительно ценных животных, смог оказать существенное влияние на темпы селекционного прогресса в стаде. [26, 62]

Свиноматки из 7 семейств закрепляются за всеми хряками-производителями. Большая доля свиноматок 25,7% относится к семейству Юмба, 22,8% - Лада, 20,0% - Теста, 19,4% - Мика. Свиноматки датской селекции, в общем, составили 17,8% по сравнению с 88,0% канадской селекции. Продуктивность маток, оплодотворенных хряками-производителями, приведена в таблице 3.

Таблица 3 - Количество рождённых живых поросят от свиноматок, оплодотворенных хряками-производителями

Линия	годы		
	2010	2011	2012
Дерби	9,5	9,6	9,7
Дейн	9,7	9,6	9,7
Джайэнт	9,6	10,0	9,9
Рифле	9,7	9,9	9,4

Повышение показателя живых поросят из года в год на 0,1 поросёнка на опорос отмечается в линии Дерби. В линии Джайэнт в 2011 году произошло повышение на 0,4 поросёнка, а в 2012 году на 0,3 поросёнка по сравнению с 2010 годом. По линии Рифле в 2011 году наблюдалось повышение на 0,2 поросёнка, а в 2012 году снижение на 0,3 поросёнка по сравнению с 2010 годом. В результате исследований оказалось, что среди хряков-производителей встречается много особей, имеющих ценные качества по продуктивности оплодотворенных ими свиноматок: Джайэнт №600293, №400845, Дейн №600103. Следует отметить наличие значительной изменчивости в показателях многоплодия хряков – производителей, так разница между лучшим хряком Джайэнт №600293 и худшим Рифле №500177 составила 1,6 голов на один опорос. Среднее значение по количеству живых поросят за один опорос по всем осеменённым хряками свиноматок составило 9,7 гол.

Проведенный анализ продуктивных показателей позволил выявить значительную индивидуальную изменчивость признаков внутри породы. При анализе родословных установлено, что животные не имеют между собой родственных связей, и что в породе нет четко выращенной линейной структуры стада. Большое количество названий линий и семейств, неродственных животных затрудняет работу зоотехников-селекционеров по ведению чистопородного разведения. В этой связи было принято решение начать формирование одной генеалогической линии.

Формирование заводской линии проводилось по классической схеме разведения по методике Малигонова - Либизова под руководством профессоров Донского ГАУ Михайлова Н.В., Третьяковой О.Л. в период с 2008-2013 гг. [45, с. 14-16; 78, с.226-230]. Методика разведения внутри линии сводятся к следующему:

- линия формируется из числа выдающихся животных стада, путем превращения лучших индивидуальных генотипов в "групповые". Внутри линии создаётся заводская структура, состоящая из 4-х ветвей

(родственных групп). Это позволяет обеспечить достаточную консолидацию линии. Свободу подбора пар, без применения инбридинга. Ремонт ветвей линии осуществляется высокоценными в племенном отношении животными, проверенными по качеству потомства;

- линии должны состоять из группы животных обоих полов в количестве достаточном для воспроизведения "в себе". Каждая ветвь линии должна иметь минимум 2-х основных хряков и не менее 10 основных свиноматок;
- основной метод, применяемый при совершенствовании линии однородный внутрилинейный подбор, с применением умеренно-родственного спаривания не ближе 1V-1V. Ротация ветвей в линии проводится по принципиальной системе внутрилинейного подбора.

Все вышеуказанные принципы линейного разведения были применены при формировании линии Дерби в породе дюрок. Схема ротации ветвей приведена в таблице 4.

Таблица 4 - Принципиальная схема подбора

	Ветви			
	I	II	III	IV
Пробанды	1 x 4	2 x 1	3 x 2	4 x 3
F ₁	1 x 3	2 x 4	3 x 1	4 x 2
F ₂	1 x 2	2 x 3	3 x 4	4 x 1
F ₃	1 x 3	2 x 4	3 x 1	4 x 2
Конечная формула	1432	2143	3214	4321

Примечание: F₁- первое поколение, F₂ – второе поколение, F₃- третье поколение.

В третьем поколении произойдет объединение всех ветвей, которые участвуют в плане подбора, а их наследственная формула станет идентичной. С генетической точки зрения линейное разведение есть комбинация отбора и инбридинга. В зоотехнической терминологии метод линейного разведения означает систематическое соединение в процессе репродукции методов чистого разведения со скрещиванием, что на практике реализуется в программе разведения. [45, с.14-16; 89, с.387-391]

В процессе создания линии было проведено поглощение свиноматок датской селекции хряками – производителями линии Дерби. При этом в

создаваемой линии увеличилась доля генов, передаваемых от животных канадской селекции. Цель создания линии заключалась в оптимальном сочетании высоких откормочных и мясных качеств с хорошей воспроизводительной способностью. Важность этой задачи определялась ещё и тем, что в системе получения товарных гибридов хряки породы дюрок, используются на заключительном этапе гибридизации. То есть линия должна обладать комбинационной способностью. В результате проведенной работы по формированию линии в неё вошли 9 родственных групп, из которых формировали ветви. В каждую ветвь отбирали линейных свиноматок. План формирования внутрилинейной структуры приведен в таблице 5.

Таблица 5 - План формирования внутрилинейной структуры
в породе дюрок

1 ветвь		2 ветвь		3 ветвь		4 ветвь	
Родственная группа хряков №1091, №47106		Родственная группа хряков №1209, №7002		Родственная группа хряков №37209		Родственная группа хряков №1096	
хрячки	свинки	хрячки	свинки	хрячки	свинки	хрячки	свинки
1	2	3	4	5	6	7	8
100485	002384	000223	100344	000663	002644	001517	100274
100767	002452	200253	100582	300037	101002	200409	100606
300013	101026	300007	100754	300039	101500	300043	100608
200945	101088	300029	100806	300057	101972	300145	100774
200953	101244	300031	100900	201195	200124	300181	100988
201177	101376		101050		200130	300241	101214
	200330	000879	101142	100263	200488		101522
200703	200344	001139	101154	100749	200578	001541	200092
000653	200376	200879	101604	200085	200630	100029	200096
000847	200448	100881	101676	200415	200770	200129	200718
	200450	200309	101690	200455	200816	000747	200856
	200452	200407	101972	000683	200838		200858
	200490	000671	200006		200904		200886
	200726		200028		200950		201022
	200814		200042		200954		201034
	200844		200048		201058		201078
	200916		200158		201108		201194
	200920		200302		201314		201196
	200936		200458		201316		201288
	200960		200466		201334		201306
	200968		200594		201336		201438

1 ветвь		2 ветвь		3 ветвь		4 ветвь	
Родственная группа хряков №1091, №47106		Родственная группа хряков №1209, №7002		Родственная группа хряков №37209		Родственная группа хряков №1096	
хрячки	свинки	хрячки	свинки	хрячки	свинки	хрячки	свинки
1	2	3	4	5	6	7	8
	200984		200634		201406		201454
	200988		200638		201512		201480
	201004		200640		201526		300040
	201008		200796		300068		300042
	201164		300036		300070		300248
	201170		300064		300138		300272
	201268		300074		300142		300418
	201270		300078		300176		
	201284		300102		101142		
	201292		300112		101154		
	201338		300114		300118		
	201422		200174		300146		
	201434		101602		300148		
	201442				300150		
	201448						
	201456						
	201458						
9	38	12	32	11	35	10	28

Ветви внутри линии разводятся как замкнутые популяции путём ротационного скрещивания. В этом случае линия всё более дифференцируется генетически, сохраняя свою способность размножения без опасности инбредной депрессии. Такая схема при планомерной селекции приводит к концентрации их аддитивно и неаддитивно обусловленных качеств. Линия, таким образом, становится одним из компонентов разведения, направленного на проявление гетерозиса при сочетании её с другими линиями [2, 87, с.11-13].

К хрякам подбирали лучших свиноматок, оцененных по индексу товарной массы гнезда. При подборе свиноматок к хрякам не допускалось использования близкородственного спаривания. Генеалогические схемы приведены в приложении 4, родство между отцом и матерью особи идёт через одного предка. В дальнейшем осуществлено спаривание полусибсов. С

каждым последующим поколением родство между особью и предком становится всё меньше. В некоторых родословных можно проследить, что линейное разведение от предка идёт через одного сына, или двух сыновей.

Генеалогический анализ стада свиней породы дюрок позволил выделить группы животных от хряков-производителей, так доля Дерби составила 39%, Джайэнт - 29%, Рифле - 19,3%, Дейн - 13,0% в структуре стада. Это связано с тем, что формирование велось за счёт постоянного завоза животных различной селекционной направленности. Для превращения достоинств отдельных выдающихся животных в групповое, нами был предложен метод линейного разведения. Путем поглощения малочисленных групп была создана одна линия Дерби, которая состоит из 4-х ветвей с равномерным распределением хряков и свиноматок 7 семейств.

Отечественные и зарубежные учёные отмечают, что при формировании заводских линий с завезёнными производителями проявляется их влияние на повышение жизнеспособности популяции. При этом такая генная иммиграция не нарушает неаддитивные комбинации, сформировавшиеся и закреплённые в данном стаде. [91, с. 52-138; 93, с. 14-25; 101, с.169-173]

Результативность применения данного метода накопления лучших генов и совершенствованием продуктивных качеств свиней подтверждено изменением показателей роста и развития ремонтного молодняка (таблица 6).

Таблица 6 - Результаты контрольного выращивания молодняка.

Период, год	Пол	Показатели			
		Возраст достижения 100 кг, дней	Толщина шпика над 6-7 груд.позвонками, мм	Средне-суточный прирост, г	Затраты корма на 1кг прироста, к. ед.
2011	хрячки n=13	154,0	14,0	985,0	2,9
	свинки n=168	154,0	14,0	966,0	2,9
2012	хрячки n=6	150,8	13,1	1003,5	2,38
	свинки n=26	152,7	12,9	1009,5	2,76
2013	хрячки n=7	152,0	12,5	900,0	2,6
	свинки n=38	154,0	13,1	87,0	2,7

В 2011 году период начала формирования заводской линии в породе дюрок. Показатели роста и развития молодняка между хрячками и свинками отличались незначительно, колебания отмечены только по приросту массы тела за сутки на 19 г. В последующие периоды наблюдалось уменьшение возраста достижения живой массы 100 кг, так у хрячков на 3,2 дня, а у свинок - на 1,3 дня (2012 г.). В 2013 году соответственно на 2 дня у хрячков, у свинок показатель вернулся к уровню 2011 года (154 дня). Отмечено снижение толщины шпика, затрат корма, у хрячков: с 14 мм до 12,5 мм; с 2,9 до 2,6 к .ед.; у свинок: с 14 мм до 13,1 мм; с 2,9 до 2,7 к .ед. Наблюдалось увеличение прироста массы за сутки в 2012 году по сравнению с 2011 г. на 18,5 г. у хрячков, на 43,5 г. у свинок. В 2013 году показатель среднесуточного прироста снизился в связи с тем, что молодняк предназначен для ремонта стада и воспроизводства были изменены программы кормления. Приоритет стал отдаваться сбалансированности кормов по белку, витаминам и макро, микро элементам, необходимым для гармоничного развития животных, особенно репродуктивного аппарата.

Полученные результаты совпадают с высказанными ранее данными других исследователей о большем генетическом разнообразии в последующих поколениях. [15, с.2-5]

Таким образом, генеалогический анализ стада свиней породы дюрок позволил выделить группы животных различного происхождения. Доля этих групп в структуре стада составила: Дерби - 39%, Джайэнт - 29%, Рифле - 19,3%, Дейн - 13,0%. Это связано с тем, что формирование велось за счёт постоянного завоза животных различной селекционной направленности. Для превращения достоинств отдельных выдающихся животных в групповое, предложен метод линейного разведения. Формирование линии проходило путем поглощения малочисленных групп в одну линию Дерби, которая состоит из 4-х ветвей с равномерным распределением хрячков и свиноматок 7 семейств.

Результаты контрольного выращивания молодняка показали, что за одно поколение (смена поколений в свиноводстве 3 года) произошло снижение возраста достижения живой массы 100 кг - у хрячков на 2 дня, толщины шпика на уровне 6-7 грудных позвонков на 1,5 мм, затрат корма на 0,3 к. ед.

В 2012 году у свинок показатель возраста достижения живой массы 100 кг снизился на 1,3 дня, повысился среднесуточный прирост на 43,5 г., что насторожило специалистов по поводу нормального развития репродуктивных органов, так как ремонтные свинки предназначены для замены взрослых свиноматок стада. При высокой скорости изменения линейных промеров тела и избыточном наборе массы в раннем возрасте у некоторых свинок были обнаружены проблемы не проявления признаков охоты, нарушение полового цикла и др. При вскрытии ветеринарными специалистами отмечены: недоразвитие яичников, склеротическое перерождение, сращение стенок рогов и др. Подобные аномалии могут быть следствием скармливания высококонцентратных рационов. При нарушении воспроизводства уменьшается экономический результат всего производственного процесса на предприятии. В этой связи Третьяковой О.Л., Свинарёвым И.Ю., Пирожковым Д.А., Крючковой Н.С. и специалистами предприятия было принято решение, перевести ремонтных свинок на умеренный рацион кормления. Для нормального развития репродуктивных органов и стимуляции половых функций у свинок были предприняты меры по организации активного моциона, увеличения интенсивности и длительности освещения, дозированного общения с хряками-пробниками, обязательной фиксацией проявления признаков первой охоты.

Знание о процессах, происходящих в популяции на генетическом уровне, расширяет реальную возможность интенсификации селекционного процесса и позволяет разработать и использовать новые, научно-обоснованные методы повышения племенных и продуктивных качеств животных. [10, с.199-201; 15, с.8-10; 16, с.29-31; 39, с. 12-50; 63, с. 15-20]

3.2 ОЦЕНКА ВСТРЕЧАЕМОСТИ АЛЛЕЛЕЙ И ГЕНОТИПОВ

Исследования процессов, нарушающих равновесие популяции, то есть меняющих генные частоты является актуальным, так как позволяет рассмотреть систематические факторы, к которым относятся миграция, мутация и отбор. Миграциями называют включение из другого региона некоторого числа особей в популяцию (стадо). В практическом животноводстве этот процесс осуществляется путём закупок или введения в стадо новых животных [5, с. 179-186; 25, с. 25-30; 33, с. 117-128; 51, с. 70-74].

Знание механизмов наследственности и прежде всего представление об изменении генотипического строения популяции даёт толчок развитию различных методов селекции и планомерного внедрения их на предприятие. Прежде всего, необходимо детально и качественно изучить, каким образом, генотипы взаимосвязаны с наиболее продуктивными качествами в линии «групповым генотипе», в дальнейшем следует применить селекционные приёмы с учётом генов-маркеров. Многие исследователи [50, с.49-55; 51, с.70-74; 86, с.386-391] подчёркивают, что при линейном разведении целесообразно начинать систематическое исследование по генотипированию животных, что позволит создать в формируемой линии определённые аллели и их частоты. В связи с этим нами были разработаны схемы проведения генотипирования в поколениях (Приложение 5).

Метод ДНК-диагностики основан на различии аллельных вариантов генов, связанных с продуктивными качествами животных. Так, *MC4R* -ген рецептора меланокортина 4 связан с откормочной и мясной продуктивностью свиней, что позволяет использовать данный ген в качестве маркера. Это обусловлено особенностями комплекса сопряженных физиологических реакций, находящихся под его контролем. Экспрессия (работа) гена *MC4R* определяет структурные особенности белков (*MC4*-рецепторов) [40, с.60-64; 41, с. 90-91; 54, с.274-276].

У свиней известна связь различных альтернативных аллельных

вариантов (полиморфизм) гена рецептора меланокортина 4 со скоростью роста, толщиной шпика и потреблением корма. Вследствие точечной замены происходит образование аллеля *A*, который блокирует гормональный сигнал и аллель *G*, являющийся проводящим сигналом. В то же время происходит формирование трёх генотипов:

- *AA* (гомозиготный по аллелю *A*, то есть от обоих родителей получен аллель *A*)
- *GG* (гомозиготный по аллелю *G*, то есть от обоих родителей получен аллель *G*)
- *AG* (гетерозиготный, то есть от одного из родителей получен аллель *A*, а от другого аллель *G*).

В 2013 году была проанализирована генеалогия всех животных по 7-ми рядам предков, в 4-х ветвях при внутрилинейном разведении. В каждой ветви процентное соотношение хряков соблюдалось в пределах 21-29%. Проведен анализ продуктивности хряков и свиноматок по 13 признакам. Выделено племенное ядро для получения хряков и свинок для дальнейшего воспроизводства в ветвях. Установлены гены-маркеры и проведена их привязка к показателям продуктивности. Проведено закрепление пар с учётом желательных генов, к каждой свиноматке индивидуально подобрано: 1 основной хряк и 2-3 заменяющих хряка. Выделены конкретные свиноматки для получения продолжателей линий, как хрячков, так и свинок. На основании проведенных исследований были составлены генеалогические схемы линии Дерби с нанесением на них информации о генах и генотипах (приложение 5).

Генотипирование животных проведено по 7 генам: *MC4R*, *PRLR*, *POU1F1*, *IGF2*, *RYR*, *LEPR*, *LIF*, исследовали 106 голов, из них 16 хрячков и 90 свинок. Определены генотипы потомков в количестве 125 голов.

Таким образом, разработанные схемы генотипирования и план внутрилинейного подбора позволяют накапливать в стаде желательные гены.

Следует отметить, что исследования, проведенные Гетамнцевой Л.В.,

Леоновой М.А., Бакоевым Ф.С., Святогоровой А.Е., Широковой Н.В. сотрудниками Донского государственного аграрного университета показали, что гетерозиготный генотип AG выступает в качестве «желательного» генотипа, связанного с лучшими откормочными качествами (скороспелость, среднесуточные приросты) у свиней породы крупная белая и породы ландрас (датской селекции). У двухпородных гибридов ландрас датский х ландрас канадский лучшие откормочные и мясные качества имели носители генотипа GG . [4, с. 34-37, с.199-201; 31, с.172-175]

Однако исследований на породе дюрок не проводилось.

В целом биологический характер действия данных аллелей можно представить следующим образом:

- Аллель A – связана с нарушением проведения сигнала. В результате чего, свиньи генотипа AA имеют большую предрасположенность к отложению жира.
- Аллель G способствует нормальному проведению сигнала. Соответственно свиньи генотипа GG предрасположены к меньшей толщине шпика и лучшим мясным качествам.

При этом следует отметить, что блокировка проведения гормонального сигнала через рецепторы $MC4R$ (т.е. аллель A и генотип AA) способствует распространению гормонального сигнала на другие рецепторы. Это может привести к повышению секреции гонадотропинов. Наличие у свиноматок генотипа AA по гену $MC4R$ может быть связано с повышением воспроизводительных качеств.

1. Определена генотипическая структура стада: по гену гипофизарного фактора транскрипции выявлено три генотипа FF , EF , EE ; по гену рецептора меланокортина-4 – три AA , AG , GG ; по гену рецептора лептина – два AB , BB – у хрячков и три AA , AB , BB у свинок. Обосновано включение результатов молекулярно-генетического анализа по генам $POU1F1$, $MC4R$ и $LEPR$ в генеалогические схемы, что позволяет вести целенаправленную селекцию на повышение откормочных и мясных

качеств по схеме внутрелинейного подбора.

Таким образом, проведенный анализ выявил необходимость информативности генов-маркеров на генеалогических схемах с пометкой о генах и аллелях. Учет информации о генотипической конструкции линии позволяет использовать в селекционной работе со стадом не только традиционные, но и молекулярно-генетические методы.

3.3 СВЯЗЬ ГЕНОВ *POU1F1*, *MC4R* И *LEPR* С ПРОДУКТИВНОСТЬЮ СВИНЕЙ

Генотипирование ремонтного молодняка свиней необходимо рассматривать с точки зрения объема информации и возможности её использования для оценки племенной ценности производителей. Практическая цель таких исследований заключается в возможности предсказания продуктивности последующих потомков. Цель учёных и селекционеров состоит в том, чтобы повысить выход продукции, получив инструмент в виде определённой системы тестов по генам маркерам проводить подбора пар для каждой конкретной популяции.

3.3.1 Ген *POU1F1* и откормочные, мясные качества свиней

Анализ взаимосвязи гена гипофизарного фактора проводился путём генотипирования и результатов оценки контрольного выращивания молодняка. Учитывали скороспелость (возраст достижения живой массы 100 кг), толщину шпика над 6-7 грудными позвонками, длину туловища и среднесуточный прирост.[1, с.1173-1195; 7, с.70-85; 43, с.16-19; 83, с.77-81; 94, с.255-262; 118, с.159-166] Данные измерений были обработаны биометрическими методами. В ходе исследований были определены генотипы *FF*, *EF* и *EE*. Нами обнаружено, что аллель *F* имеет большую частоту по сравнению с частотой аллеля *E*. Так, встречаемость аллель *F* у свинок составила 0,63, аллеля *E* - 0,37; у хрячков частота встречаемости аллелей составила 0,65 и 0,35 соответственно. Доля свинок с частотой

встречаемости генотипа *FF* составила 44,4 %, частота генотипа *EF* - 37,8 %, *EE* – 17,8 %. Несколько иная картина распределения генотипов наблюдается у хрячков, так частота генотипа *FF* - 50 %, *EF* - 30 % и *EE* – 20 %. [7, с.60-85; 56, с.10-13]

Таким образом, наибольшая частота отмечается по генотипу *FF* как у свинок, так и у хрячков (рисунок 7).

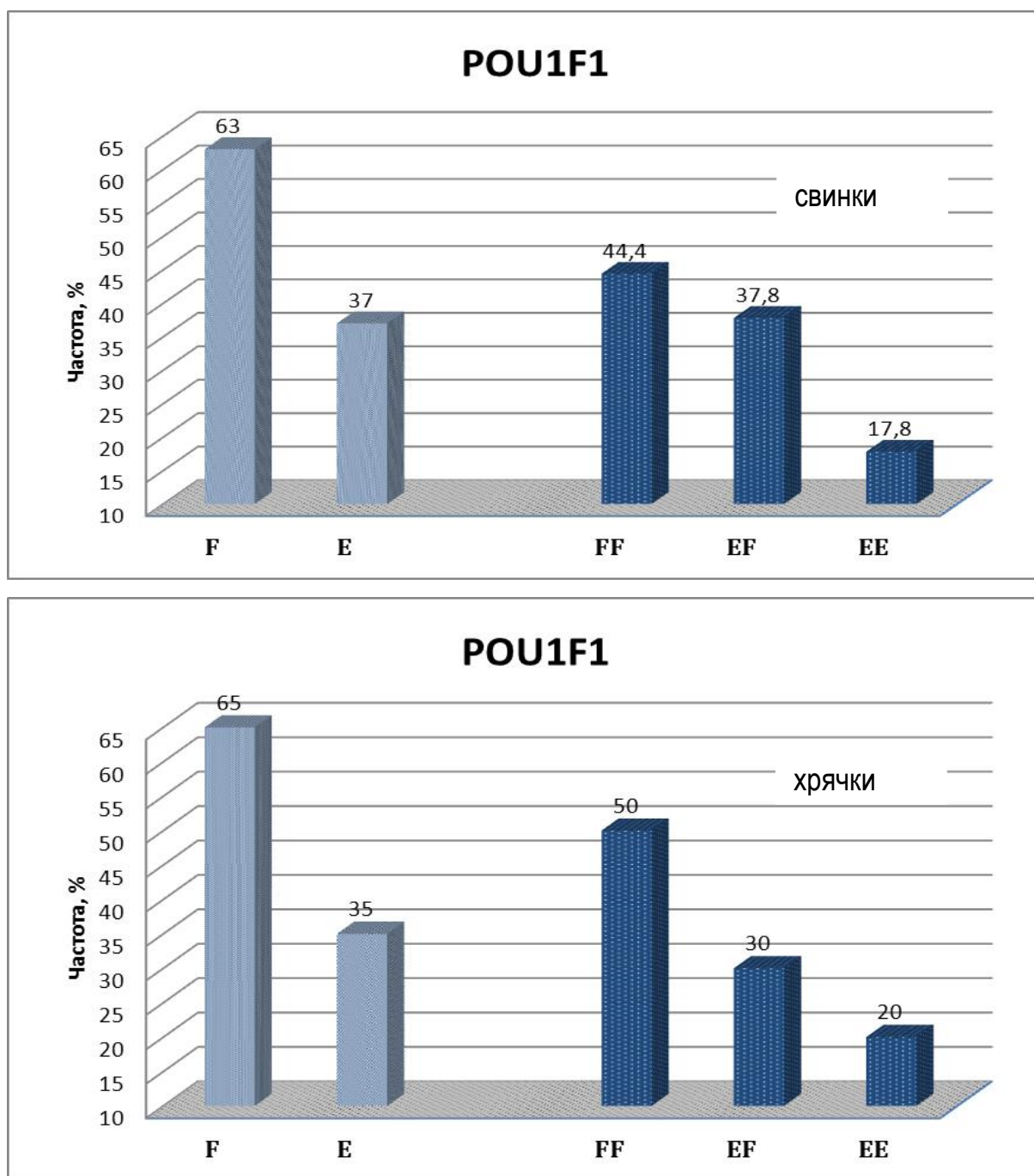


Рисунок 7. Встречаемость аллелей и генотипов гена *POU1F1*

Польские учёные провели исследования [118, с.159-166] на гибридах

(ландрас х крупная белая) согласно результатам их работы, генотипом *FF* был ассоциирован с высокими показателями массовой доли мяса в туше и среднесуточного прироста, а генотип *EE* – с наибольшим значением показателя толщины шпика. Стоит отметить, что по данному направлению для определения генотипов, способствующих повышению продуктивности, необходимо проводить дополнительные исследования на различных породах свиней.

Результат наших исследований по гену гипофизарного фактора транскрипции в зависимости от генотипов по откормочным и мясным качествам породы дюрок, показал наличие достоверного влияния гена *POU1F1* на скороспелость, толщину шпика на уровне 6-7 грудными позвонками, длину туловища и среднесуточный прирост (таблица 7).

Таблица 7 – Откормочные и мясные качества ремонтного молодняка породы дюрок по гену *POU1F1*

Показатели	Генотип					
	<i>FF</i>		<i>EF</i>		<i>EE</i>	
	Хрячки	Свинки	Хрячки	Свинки	Хрячки	Свинки
Скороспелость, дн	150,2±3,50	167,7± 2,39	141,3± 1,33*	161,6± 2,51	142,0± 6,0	154,5± 3,29*
Толщина шпика, мм	11,9±1,57	15,1± 0,73	10,6± 0,67	13,5± 0,66	11,4± 1,7	12± 1,04**
Длина туловища, см	117,2±2,21	115,5± 0,54	115,3± 1,73	116,1± 0,82	116,6± 2,2	118,8± 1,52**
Среднесуточный прирост, г	933,6±48,58	741,1± 23,54	992,7± 29,63	779,8± 21,15	991,5± 8,5	889,1± 35,59*

Примечание: $P > 0,95$, $*P > 0,99$, $**P > 0,99$; Хрячки ($n=10$ гол), Свинки ($n=45$ гол)

В ходе научного эксперимента по изучению взаимосвязи гена *POU1F1* с откормочными качествами было выявлено достоверное влияние генотипа *EF* на показатель возраста достижения живой массы 100 кг. Так хрячки этого генотипа превосходят по скорости роста на 9 дней хрячков генотипа *FF*. Установлено, что аллель *E* в гетерозиготном состоянии *EF/ POU1F1* связан с лучшими показателями толщины шпика над 6-7 грудными позвонками и превосходит генотип *FF* на 1,3 мм, по среднесуточному приросту на 59,1 г.

Исследования по группе свинок показали, что у свинок породы дюрок необходимо закрепить генотип *EE*, так как он связан в большей степени с показателем скороспелости. Выявлено достоверное предпочтение генотипа *EE* на 13 дней по сравнению со свинками других генотипов, по толщине шпика на 3,1 мм, по длине туловища на 3,3 см, по среднесуточному приросту на 148 г. [56, с.10-13; 76, с.64-68]

Таким образом, ДНК генотипирование ремонтного молодняка по гену гипофизарного фактора транскрипции позволило установить наибольшую частоту встречаемости генотипа *FF* и аллеля *F*. Выявлено достоверное превосходство генотипа *EF* у хрячков и генотипа *EE* у свинок по показателю скороспелости, которые необходимо закрепить в данной популяции для повышения откормочных качеств. [76, с.64-68]

3.3.2 Ген *MC4R* и откормочные, мясные качества свиней

Новые генетические знания расширяют возможности применения в селекционной работе новых методов, позволяющих получать животных с высокими задатками продуктивности, резистентности к заболеваниям. Поэтому исследования по определению частоты генотипов в стаде и их связи с продуктивными показателями является важным для корректировки селекционных программ. На основании проведенного нами анализа ДНК-генотипирования свиней по гену *MC4R* выявлено три генотипа *AA*, *AG* и *GG*. Изучаемые животные породы дюрок были распределены на группы в зависимости от аллелей данного гена. Так, частота аллеля *A* составила 0,70, а аллеля *G* оказалась низкой, и составила 0,30 - у хрячков. У свинок наблюдается аналогичная тенденция аллель *A* - 0,66 и аллель *G* 0,34. [55, с.105-106]

Таким образом, была установлена наибольшая частота генотипа *AA* у хрячков и *AG* у свинок. Частота генотипа *AG* определена на уровне 51,1 %, генотипа *AA* - 40,0 %, *GG*- 8,9 %. У хрячков частота генотипа *AA* составила 50,0 %, *AG* - 40,0 % и *GG* - 10,0% (рисунок 8).

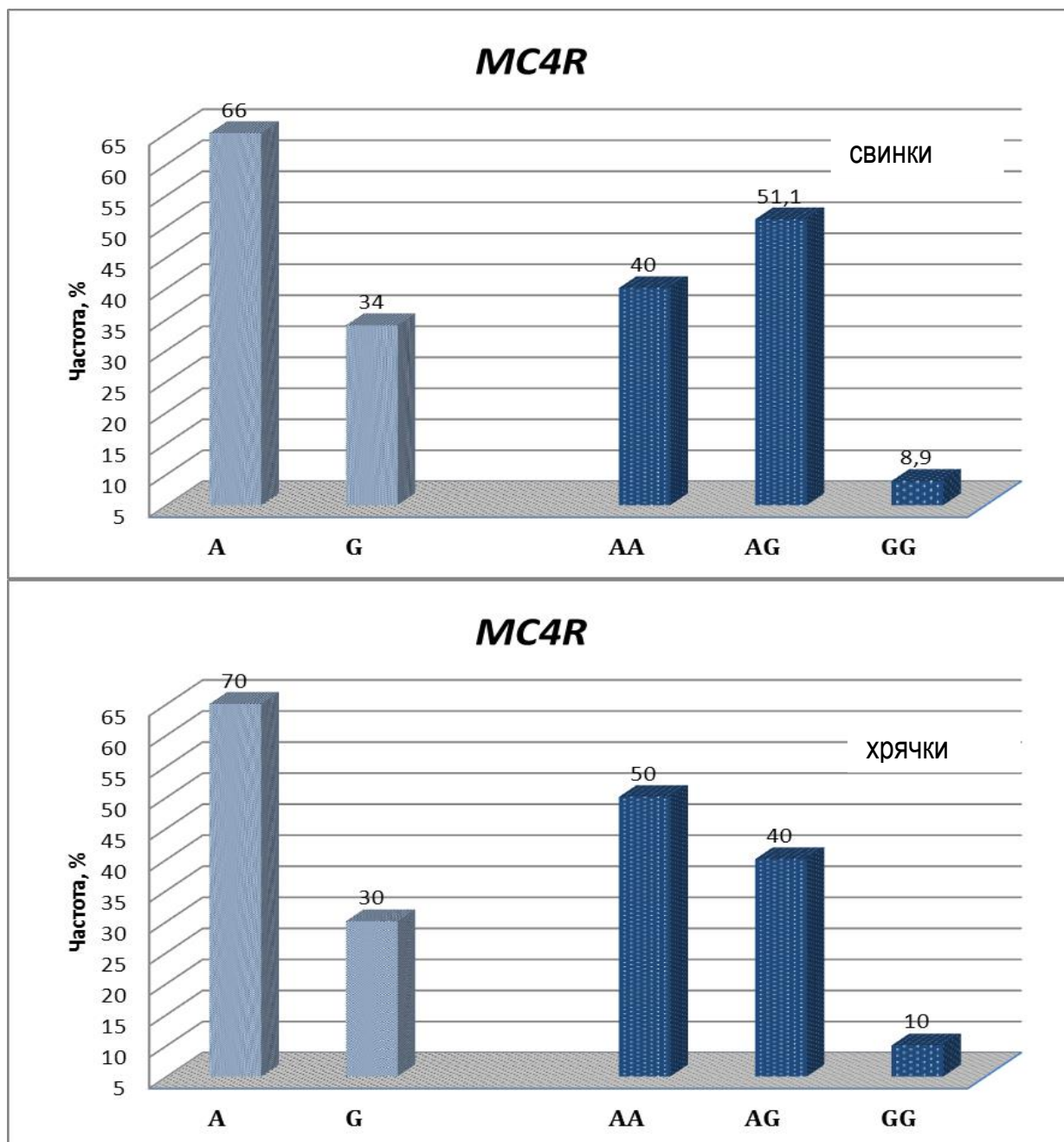


Рисунок 8. Встречаемость аллелей и генотипов гена *MC4R*

Дальнейшие исследования проводились по определению влияния различных генотипов на откормочные и мясные качества молодняка породы дюрок. Результаты приведены в таблице 8. Установлено, что животные с генотипом *AA* превосходили аналогов *AG* и *GG* – генотипов. Наибольшая разница показателей по гену *MC4R*, в зависимости от генотипов, наблюдается по показателям: скороспелости, длины туловища и среднесуточного привеса. [28, с.49-51; 30, с. 1006-1015; 55, с.105-106]

Таблица 8 - Откормочные и мясные качества
ремонтного молодняка породы дюрок по гену *MC4R*

Показатели	Генотип					
	<i>GG</i>		<i>AG</i>		<i>AA</i>	
	Хрячки	Свинки	Хрячки	Свинки	Хрячки	Свинки
Скороспелость, дн	146±2,24	167,3± 5,56	144,8± 5,85	163,4± 2,24	146,8± 2,15	161,6± 2,87
Толщина шпика, мм	9,5±1,35*	13,0± 1,29*	12,1± 1,15	14,5± 0,67	11,2± 1,40	14,5± 0,75
Длина туловища, см	119±2,36*	115,8± 1,03	114,8± 1,53	110,9± 4,67	117,4± 2,04	116,8± 0,76**
Среднесуточный прирост, г	1050± 38,82**	756± 56,97	957,8± 46,75	769,6± 21,49	949,6± 36,33	806,8± 28,62

Примечание: $P > 0,95$, $*P > 0,99$, $**P > 0,99$; Хрячки ($n=10$ гол), Свинки ($n=45$ гол)

Скороспелость у свинок породы дюрок генотипа *AA* меньше на 6 и 4 дней по сравнению со свинками генотипов *GG* и *AG*, длина туловища больше на 1 и 5,9 см и среднесуточный привес выше на 50,8 и 37,2 г, соответственно. В то же время, у свинок генотипа *GG* отмечается низкий показатель толщины шпика на 1,5 мм по сравнению с аналогами по генотипу *AA* и генотипу *AG*. [55, с.105-106]

Таким образом, у свинок «желательным» в селекционном плане выступает генотип *AA* для наиболее быстрого роста и получения большего содержания мышечной массы.

Аналогичные исследования проведены на хрячках породы дюрок. У хрячков наблюдается существенное превосходство откормочных и мясных показателей по гену *GG*. Согласно проведенному анализу, высокие показатели продуктивности наблюдаются у хрячков с генотипом *GG* по гену *MC4R*. Так, по толщине шпика преобладание по отношению к генотипам *AG* и *AA* составляет на 2,6 и 1,7 мм, по длине туловища - на 4,2 и 1,6 см и по среднесуточному привесу – на 92,2 и 100,4 г, соответственно.

Также, следует отметить зависимость между генотипами и скороспелостью, но она не имеет достаточный уровень достоверности. Отсутствие различий по показателю скороспелости, вероятно, связано с

небольшой выборкой животных. Дальнейшие исследования корреляционных связей позволят расширить знания о взаимосвязях генотипов и продуктивных качеств.

Следовательно, можно заключить, что у хрячков по гену *MC4R* наиболее ценным в селекционном плане является генотип – *GG*. Также отмечено влияние гена *MC4R* на толщину шпика, длину туловища и среднесуточный привес в исследуемой выборке хрячков. [55, с.105-106]

3.3.3 Ген *LEPR* и откормочные и мясные качества свиней

Решение задач в каждом отдельном случае по выяснению, как наследуются интересующие нас количественные признаки и их обусловленность отдельными генами, несомненно, связано с менделевскими закономерностями. Каждый ген вносит определённую равную долю в выражение признака, или же отдельные гены усиливают эффект других генов. Так же может, проявляется совместное действие многих генов, то есть взаимодействие и взаимозависимость. [1, 5, 11, 14, 38, 63, 65, 67, 112, 123, 125,137]

Следующим этапом заключался в исследовании гена *LEPR* и его связи с непрерывными признаками, характеризующими мясную продуктивность свиней породы дюрок. Образцы для генотипирования брались от молодняка, предназначенного для ремонта стада. Результаты исследований по выборке свиней обоих полов. Для нас представляли интерес частоты генотипов, которые представлялись в виде гистограмм по классам (рисунок 9).

Определены три генотипа по гену *LEPR* - *AA*, *AB* и *BB*. Частота аллеля *B* была выше, чем аллеля *A*, как у свинок, так и хрячков и составила 0,73 и 0,27 и 0,71 и 0,29, соответственно. [32, с.612-614; 41, с.90-91; 43, с.16-19]

Анализа генетической структуры показал, что у свинок частота генотипа *BB* определена на уровне 53,8 %, генотипа *AB* - 38,5 %, *AA* - 7,7 %. У хрячков выделено наличие двух генотипов - *AB* и *BB* с частотой встречаемости 58,8%

и 41,2% соответственно. В данной выборке хрячков генотип AA отсутствовал.
[32, с.612-614]

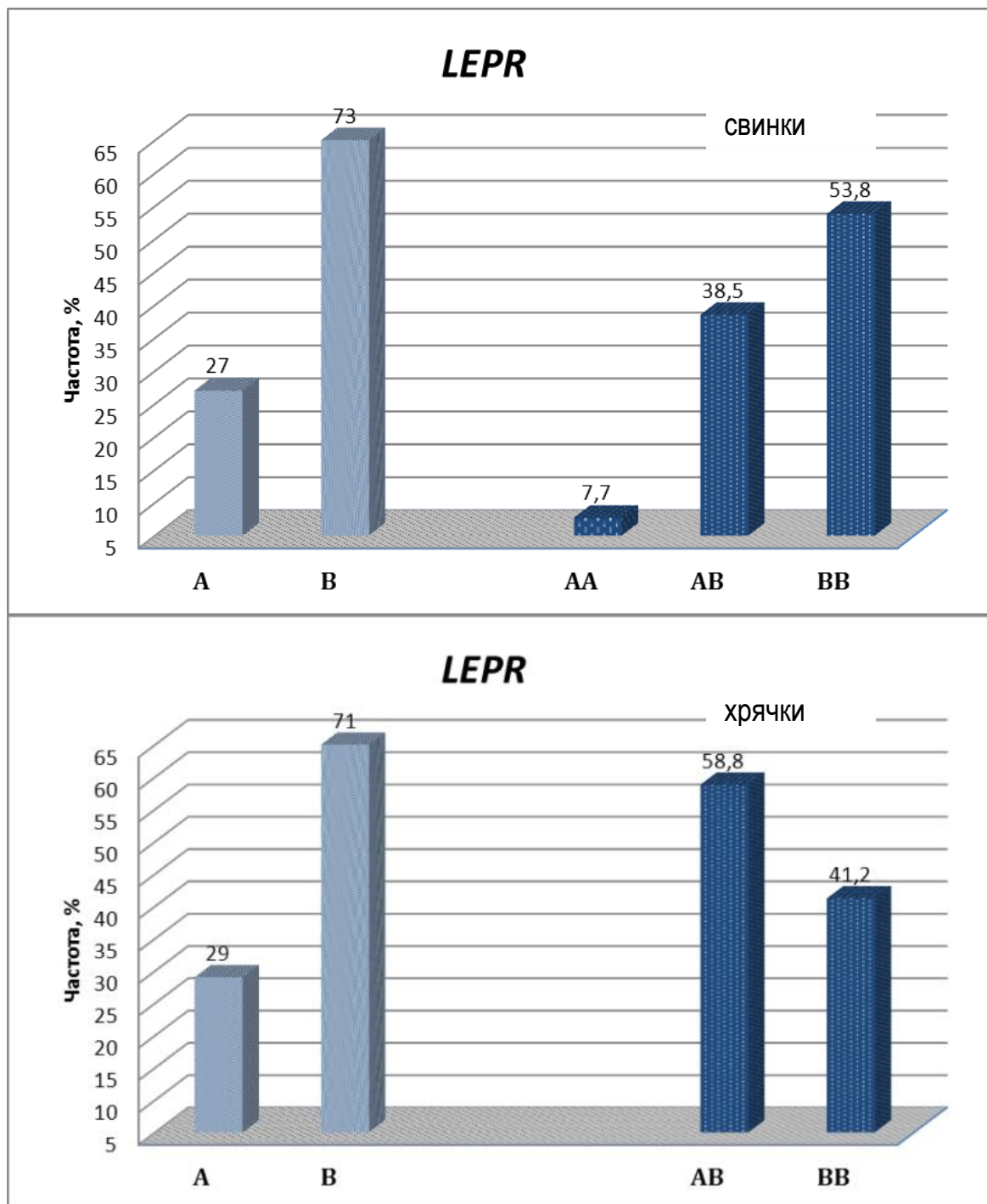


Рисунок 9. Встречаемость аллелей и генотипов гена *LEPR*

Таким образом, генотипы по гену *LEPR* и их связь с показателями продуктивности имеют некоторые половые отличия, так у свинок наиболее распространен генотип *BB*, у хрячков – генотип *AB*.

Следует отметить, что полученные нами данные не противоречат данным других исследователей. Аналогичные исследования проводились Óvilo C, Oliver, A., Noguera, J. L., Clor, A., Barragán, C., Varona, L. на гибридах свиней (иберийская х ландрас) испанской селекции. Обнаружена низкая частота аллеля *A*, которая составила 0,08. Генотип *AA* у данной популяции, также отсутствовал [127]. Словацкие исследователи Kováčik A., Trakovická, A., Bulla, J., Bobček, B., & Rafayová, A. свидетельствуют о наибольшей частоте аллеля *B* по отношению к аллелю *A* у двухпородных гибридов (крупная белая х ландрас), она составила 0,71 и 0,29 соответственно [113, с. 397-401; 130, с. 340-349; 146, с.229-233]. Также, высокой частотой обладал генотип *BB* по отношению к частоте генотипов *AB* и *AA*, она составляет 56%, 32% и 14%, соответственно. Проводя сравнение полученных нами данные с исследованиями других ученых, можно отметить, низкую наследуемость генотипа *AA* гена *LEPR* у свиней не зависимо от породы. Оценка влияния различных генотипов гена *LEPR* на откормочные и мясные качества молодняка породы дюрок приведена в таблице 9.

Таблица 9 - Откормочные и мясные качества ремонтного молодняка породы дюрок по гену *LEPR*

Показатели	Генотип					
	<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>	
	Хрячки	Свинки	Хрячки	Свинки	Хрячки	Свинки
Скороспелость, дн	-	170± 4,63	151,7± 2,91	158,8± 6,38*	151,9± 2,53	162,6± 3,71
Толщина шпика, мм	-	16± 2,14	12,3± 0,47	12,4± 1,75**	12,6± 0,71	14,9± 1,06
Длина туловища, см	-	112± 1,12	116,4± 1,08	116,4± 1,81**	117± 0,95	117± 1,07
Среднесуточный прирост, г	-	695± 58,26	815,5± 39,23	875,4± 68,60*	850,4± 25,50	787,4± 43,59

Примечание: $P > 0,95$, $*P > 0,99$, $**P > 0,99$; Хрячки ($n=10$ гол), Свинки ($n=45$ гол)

Установлено, что генотип *AB* по гену *LEPR* связан с изменением показателей скороспелости, толщины шпика, длины туловища и

среднесуточным приростом, так свинки с данным генотипом превосходят аналогов с генотипами *AA* по скороспелости на 11 дней, толщине шпика – на 3,6 мм, длине туловища – на 4,4 см, среднесуточному приросту – на 180,4 г; сверстниц с генотипом *BB* на 4 дня, 2,5 мм, 0,6 см и 88 г, соответственно. [71, с. 53-57; 41, с. 90-91]

Анализ зависимости откормочных и мясных качеств хрячков породы дюрок от генотипов гена *LEPR* показал, что достоверного влияния данного гена на показатели скорости роста, формированию шпика и среднесуточному приросту не установлено. Однако выявлено превосходство генотипа *BB* над аналогами генотипа *AB* по показателям длины туловища и среднесуточного прироста на 0,6 см и 34,9 г, соответственно.

Следует отметить, что испанские исследователи также отмечают связь генотипа *BB* с более высокими мясными показателями продуктивности у двухпородных гибридов (иберийская х ландрас) [127, с. 465-480].

Таким образом, в целях совершенствования линии свиней породы дюрок в направлении повышения мясных качеств необходимо в качестве маркера по гену *LEPR* у свинок накапливать генотип *AB*, а у хрячков генотип *BB*.

Изменение генетического строения популяции направлено на улучшение продуктивных качеств стада методом отбора. Цель отбора – оставить в стаде особи, которые способны внести максимальный вклад в следующее поколение. Этот процесс повторяется от поколения к поколению планомерно именно в этом и заключается селекционная работа со стадом.

3.4 КОНСТРУИРОВАНИЕ СЕЛЕКЦИОННЫХ ИНДЕКСОВ И ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СИСТЕМЕ ОТБОРА СВИНЕЙ

Важность оценки наследственных качеств определяет успех племенной работы в животноводстве. По данным Михайлова Н.В., Колосова Ю.А., Третьяковой О.Л. набор аддитивных наследственных задатков, который может передаваться потомству и составляет племенную ценность особи. В процессе развития зоотехнической науки учёными было предложено большое количество методов, среди, которых большой популярностью в последние годы пользуется оценка животных по комплексу признаков (индексам). Это наиболее эффективный метод отбора выдающихся особей.

В наших исследованиях разработка селекционных индексов начиналась с выбора относительных весов признаков, включенных в состав и величины их наследуемости. По методикам, изложенным в работах Колосова Ю.А., Святогорова Н.А., Третьяковой О.Л. были определены признаки, входящие в состав индекса [59, с. 232-235; 78, с.226-230; 79, с. 220-228], что выразилось в следующей формуле индекса (I):

$$I = K_1X_1 + K_2X_2 + \dots + K_nX_n,$$

где: K_i- коэффициенты веса; X_i- величина признака.

В результате совместной работы сотрудников лаборатории по разработке теоретических основ селекции животных Донского ГАУ и программистов «Селиком» г. Рязань был разработан алгоритм компьютерной программы. Алгоритм позволяет провести оценку особи по всем показателям, накопленным в базе данных от момента рождения и в процессе всего жизненного цикла автоматически. [26,с. 5-10; 44, с. 78-82; 57, с.34-38]. В 2017 году разработка была реализована в модуле «Индексной селекции» пакета программ АСС.

Автоматизация оценки животных по селекционным индексам позволяет получить большой объём информации и отобрать лучших животных по отношению к средней по стаду. Это способствует

максимальному эффекту отбора, позволяет дать объективную оценку племенной ценности животного. В селекционном плане индекс учитывает уровень достигнутой продуктивности. [62, с.15-20] Следует отметить, что с помощью индексов продуктивность животных выражается в баллах, что позволяет анализировать и сравнивать показатели. [5,74, 75, 78, с.226-230]

3.4.1 Индексная оценка хряков-производителей

В вышеизложенных разделах мы касались важности оценки племенной ценности животных в процессе формирования в популяции новых свойств или качеств. Особое значение в этом вопросе принадлежит оценке хряков-производителей, так как они оказывают большее селекционное давление на стадо. В связи с этим нами были разработаны два селекционных индекса отбора хряков-производителей породы дюрок. Ключевыми показателями в процессе воспроизводства является процент оплодотворяемости свиноматок и выход товарной массы. При разработке первого индекса оценки хряков-производителей – J_1 эти показатели были включены в его состав. Выход товарной массы от свиноматки определяли расчётным путём по составленному индексу. Оценку свиноматок проводили по результатам опороса и отъёма поросят. Разработанный индекс оценки хряков-производителей (J_1) имеет следующий вид:

1. Индекс выхода товарной продукции

$$J_1 = 0,56J_{(ТМГ)} + 6,09(X_2 - 87,0)$$

где - $J_{(ТМГ)}$ – индекс товарной массы гнезда;

X_2 – процент оплодотворяемости, %

Таким образом, хряки-производители оцениваются по оплодотворяющей способности свиноматок и по выходу товарной массы от свиноматки, то есть выходу товарной продукции.

Второй индекс разрабатывался для оценки хряков-производителей по количеству рождённых поросят на опорос. Таким образом, индекс J_2

включает показатели многоплодия осемененных этим хряком свиноматок и процент их оплодотворяемости. Формула индекса имеет вид:

2. Индекс воспроизводства

$$J_2 = 35,0 (X_1 - 10,2) + 6,55(X_2 - 87,0)$$

где – X_1 - многоплодие слученных с хряком свиноматок;

X_2 – процент оплодотворяемости.

По второму индексу хряки-производители оцениваются по оплодотворяющей способности свиноматок и многоплодию, что характеризует показатели воспроизводства.

Хряков-производителей оценивают по результатам 10 опоросов. [44, с. 78-82; 57, с.34-38; 58, с. 70-85; 78, с.226-230] Результаты оценки хряков-производителей приведены в таблице 10.

Таблица 10 – Индексная оценка хряков-производителей

Кличка и номер хряка	$J_{ТМГ}$	% оплодотворяемости	J_1	J_2
Дерби 000223	-2,8	94,5	21,6	45,6
Дерби 000663	68,54	89,8	32,6	42,8
Дерби 001517	55,16	97,6	72,7	83,4
Дерби 100485	76,12	94,3	64,2	61,8
Дерби 100767	84,48	97,7	89,6	98,0
Дерби 200253	6,64	89,3	-4,9	11,6
Дерби 200409	92,84	100	108,2	127,1
Дерби 200945	173,56	100	153,0	130,6
Дерби 200953	196,46	100	165,8	148,1
Дерби 201177	139,76	100	134,3	43,1
Дерби 201195	-157,94	82	-140,8	-74,7

*Примечание: J (ТМГ) – индекс товарной массы гнезда, Индекс оценки свиноматки;
 J_1 – индекс выхода товарной продукции; J_2 – индекс воспроизводства.*

Лучшими хряками-производителям по выходу товарной продукции (J_1) являются Дерби №200953, Дерби №200945, Дерби №201177, Дерби №200409 имеющие величину индекса выше 100 баллов. Пять хряков-производителей Дерби №000223, №000663, №001517, №100485, №100767 имеют величину

индекса выше среднего значения. Следует отметить, что хряки Дерби №200253 и Дерби №201195 имеют отрицательные значения индекса.

При анализе результатов оценки наблюдается высокая разница в величине селекционных индексов J_1 и J_2 . Это происходит от того, что индексы имеют различное целевое назначение для определения продуктивности хряков–производителей. [57, с.34-38; 58, с. 70-85; 78, с.226-230]

В ходе исследований было выявлено, что некоторые хряки-производители по первому индексу имели отрицательное или низкое значение, а по второму положительное или более высокое значение, так Дерби №200253 имел J_1 -4,9 балла, J_2 - 11,6 балла; Дерби №201195 - J_1 - 140,8 балла, J_2 - 74,7 балла; Дерби №000223 - J_1 - 21,6 балла, J_2 - 45,6 балла; Дерби №000663 J_1 -32,6 балла, J_2 - 42,8 балла. На величину первого индекса повлияла оценка свиноматок по выходу товарной массы гнезда, так она составила: 6,64; -157,9; -2,8; 68,5 балла.

Второй индекс J_2 учитывает показатели воспроизводительной способности свиноматок (процент оплодотворяемости, количество живых поросят на опорос). В результате были выделены лучшие хряки-производители по (J_2): Дерби №200963, Дерби №200945, Дерби №200409. Проведенный анализ позволил сделать рекомендации по отбору потомства лучших хряков-производителей для использования в селекционных целях при совершенствовании выхода товарной продукции.

Для повышения эффективности отбора животных по племенной ценности нами был рассчитан коэффициент корреляции между индексами. Корреляция оценки хряков по первому индексу J_1 и по второму индексу J_2 , составила $r = 0,91$, что свидетельствует о высокой степени связи между ними. Такая высокая величина подтверждает достоверность оценки хряков–производителей по селекционным индексам. [57, с.34-38; 58, с. 70-85; 78, с.226-230]

Оценку и отбор хряков-производителей проводят при переводе проверяемых в основное стадо на основании данных о всех случаях и опоросах осеменённых семенем хряков свиноматок. Оценка проводится по каждому хряку по информации, находящейся в базе данных КП «АСС».

Решение о приоритетности оценки по первому индексу или второму индексу принимается зоотехником-селекционером по рекомендации учёных курирующих научную работу на предприятии в соответствии с целями селекции. [44, с. 78-82; 57, с.34-38; 58, с. 70-85; 72, с.98-108; 78, с.226-230]

3.4.2 Индексная оценка свиноматок

Разработку селекционных индексов для оценки свиноматок проводили с расчёта степени наследуемости селекционируемых признаков, а так же с установления связи между ними. Основными критериями для построения индекса является изменчивость признаков, разница между средними показателями по стаду и ведущей (селекционной) группой, целевые стандарты, экономическое значение. [17, с.22-24; 90, с.279-280]

При совместной работе со специалистами селекционной службы СЦ «Лозовое» ЗАО «Племзавод-Юбилейный» были разработаны целевые стандарты (уровень планируемой продуктивности). Руководством предприятия они были утверждены. (Приложение 6)

Важно отметить, что порода дюрок является специализированной отцовской породой в системе гибридизации. Поэтому при конструировании индекса для свиноматок основной вес в структуре индекса отдавался массе гнезда в 21 день, массе гнезда к отъему. Чтобы включить признаки в линейную модель, необходимо было рассчитать множественный коэффициент корреляции товарной массы гнезда с селекционируемыми признаками: X_1 - многоплодие, X_2 - молочность, X_3 – число поросят к отъему, X_4 – масса гнезда к отъему. С помощью регрессионного анализа вычислен коэффициент детерминации, который составил 0,64, что свидетельствует о том, что признаки на 64% детерминируют товарную массу гнезда.

Показатели расчёта селекционного индекса свиноматок приведены в таблице 11.

Таблица 11 – Показатели расчёта для индекса свиноматок, в %

Селекционируемые признаки	Доля признака в структуре индекса, %	Целевой стандарт
X_1 – многоплодие, гол.	16	11
X_2 – молочность, кг	22	68
X_3 – число поросят при отъеме, гол.	28	10,5
X_4 – масса гнезда при отъеме, кг*	34	88,5

Примечание: массу гнезда при отъеме пересчитывали на возраст 30 дней, определяли расчётным путём.

При составлении индекса были приняты условия: средние значения селекционируемых признаков принимаются за «ноль», то есть точку отсчёта; утверждённые целевые стандарты принимаются за 100 баллов. [68]

В селекционном центре среднее многоплодие по породе дюрок составляет 10,8 голов, а порода специализируется на мясные качества, то необходимости в повышении этого показателя нет. Поэтому было принято решение стабилизировать этот показатель на уровне 11 поросят на опорос.

После расчёта всех показателей формула индекса оценки товарной массы гнезда для свиноматок стала иметь следующий вид:

$$J = K_1 (X_1 - 9,5) + K_2 (X_2 - 65,3) + K_3 (X_3 - 10,3) + K_4 (X_4 - 81),$$

где: X_1 - многоплодие, гол; X_2 - молочность, кг; X_3 - число поросят в 30 дн. гол; X_4 - масса гнезда в 30 дн. кг

Свиноматок оценивали по индексу после опороса и отъема поросят в 28 дней с корректировкой массы гнезда на возраст 30 дней. Свиноматок первоопросок по результатам этой оценки переводят в основное стадо или выделяют в ведущую группу. [57, с. 34-38; 59, с.232-235]

В таблице 12 приведена опись основных свиноматок с показателями продуктивности. Свиноматки оценены по селекционному индексу (Приложение 7).

Таблица 12 – Индексная оценка свиноматок

Кличка	Инд. номер	Признаки				J _{ТМГ}
		Многоплодие, гол	Молочность, кг	Кол-во поросят в 30 дней	Масса в пересчёте на 30 дней	
Теста	101602	14	71,5	10,5	90,3	350,3
Мика	201196	13	68	11	88,0	261,8
Теста	100754	12,2	75,2	10,5	92,4	230,1
Донна	201170	13	67	10	84,0	227,4
Донна	101690	13	64	10	81,0	208,1
Донна	100608	12	74,6	10,3	90,6	204,8
Донна	101244	12,5	67,5	10	84,0	190,5
Донна	100988	11,5	76	10,5	92,4	179,3
Донна	100274	12,2	70,2	9,5	83,8	170,0
Донна	200838	12,5	63,5	10	81,5	164,9
Целевой стандарт		11	68	10,5	88,5	100
Донна	100606	11,5	67,5	9,5	81,9	96,4
Донна	200006	11	65,5	10,5	84,0	70,1
Донна	200886	9	80	12	106,0	69,4
Донна	200048	10	71	10	85,0	12,9
Среднее значение		10,80	61,20	9,50	77,0	0
Донна	100806	10,2	64,2	10,2	81,6	-9,1
Донна	200984	9	73	11	90,2	-26,1
Донна	201108	9	67	10	81,7	-92,6

Анализируя результаты индексной оценки свиноматок, следует выделить таких как №101602, №201196, №100754, №201170, №101690, №100608, №101244, №100988, которые в несколько раз превышают целевой стандарт, установленный для породы, и имеют показатели индекса выше 100 баллов. Это высокоценные животные, которых необходимо интенсивно использовать в селекционной работе и плане воспроизводства отбирать от них ремонтный молодняк.

Следует подчеркнуть, что селекционный индекс товарной массы гнезда для породы дюрок имеет важное значение, так как порода выступает основной на заключительном этапе получения продукции.

3.4.3 Индексная оценка ремонтного молодняка

Одним из этапов племенной работы со стадом является ремонт молодняком, полученным от выдающихся родителей, способный превосходить их показатели продуктивности. Только при таких условиях в каждом последующем поколении можно ожидать сдвиг средних показателей в сторону увеличения. Поэтому, одним из условий отбора молодняка для ремонта основного стада являлся выбор поросят от свиноматок, имеющих высокую оценку по индексу $J_{\text{ТМГ}}$ товарной массы гнезда. Процесс выбора молодняка на ремонт стада осуществляется в несколько этапов:

- Первый – осуществляют при переводе в группу доращивания. Учитывают индекс матери, живую массу поросёнка в 30 дней (не менее 8,4 кг), конституциональные и экстерьерные особенности.
- Второй – в возрасте четырёх месяцев, обращают внимание на индекс матери, живую массу (должна отвечать требованиям класса «Элита»), конституцию и экстерьер.
- Третий – в возрасте шести месяцев, отбирают по индексу матери, индивидуальной живой массе (не ниже класса «Элита»), конституции и экстерьеру, длине туловища.
- Четвёртый – проводят по результатам контрольного выращивания. Принимают во внимание живую массу, длину туловища, толщину подкожного жирового слоя, глубину длиннейшей мышцы, выход постного мяса (прибор). На основании этих показателей проводится расчёт индекса.

На ремонт отбирают молодняк, получивший величины индекса выше средних значений по стаду. Ремонтных хрячков закрепляют за проверенными высокопродуктивными свиноматками в соответствии с целями и задачами селекции. Ремонтных свинок соответственно - за проверенными по продуктивности хряками-производителями, согласно, схемы ротации ветвей. [47; 57, с.34-38; 59, с. 232-235; 77, с.97-103, 79, с.220-228]

Чтобы осуществить четвёртый этап отбора ремонтного молодняка были установлены целевые стандарты и разработаны индексы оценки молодняка. В таблице 13 приведены показатели для расчёта весовых коэффициентов в селекционных индексах. Наибольший удельный вес отдавался тем признакам, которые имеют экономическое значение (среднесуточный прирост, затраты корма, длина туловища, толщина шпика).

Таблица 13 – Показатели для расчёта индекса

Цель / Удельный вес признака в структуре оценки, %	Селекционируемые признаки				
	X ₁ возраст достижения живой массы 100 кг, дн	X ₂ средней суточный прирост, г	X ₃ затраты корма на 1 кг прироста, корм. ед.	X ₄ длина туловища, см	X ₅ толщина шпика, мм
Целевой стандарт	146	1065	2,7	119	11
J ₄	25	40	35	-	-
J ₅	15	35	50	-	-
J _к	18	27	-	25	30

Примечание: J₄- индекс оценки ремонтного молодняка в возрасте 4 месяца, J₅- индекс оценки ремонтного молодняка в возрасте пяти месяцев, J_к- индекс оценки ремонтного молодняка на контрольном выращивании.

Индексы составлялись отдельно для хрячков и свинок. Так же были приняты условия, что за точку отсчёта «ноль» принимаются средние по стаду признаки, а за 100 баллов показатели целевого стандарта. [57, с.34-38; 59, с. 232-235; 77, с.97-103, 79, с.220-228] В результате расчётов были разработаны следующие формулы индексов:

J₄ индекс оценки хрячков в возрасте 4-х месяцев.

$$J_4 = 5,0 (151,0 - X_1) + 0,348 (X_2 - 950,0) + 43,75 (3,5 - X_3)$$

где: – X₁ скороспелость, дн; X₂- средний суточный прирост, г; X₃ - затраты корма, корм. ед.

J₄ индекс оценки свинок в возрасте 4-х месяцев.

$$J_4 = 1,38(164,0 - X_1) + 0,289(X_2 - 927,0) + 39,0(3,6 - X_3)$$

где: – X₁ скороспелость, дн; X₂- средний суточный прирост, г; X₃ - затраты корма, корм. ед.

J₅ индекс оценки хрячков в возрасте 6-ти месяцев

$$J_5 = 3,0 (151,0 - X_1) + 0,304 (X_2 - 950,0) + 62,56 (3,5 - X_3)$$

где: – X_1 скороспелость, дн; X_2 - средний суточный прирост, г;
 X_3 - затраты корма, корм. ед.

J₅ индекс оценки свинок в возрасте 6-ти месяцев

$$J_5 = 0,83 (164,0 - X_1) + 0,254 (X_2 - 927,0) + 55,56 (3,6 - X_3)$$

где: – X_1 скороспелость, дн; X_2 - средний суточный прирост, г;
 X_3 - затраты корма, корм. ед.

J_к - комплексный индекс оценки хрячков на контрольном выращивании.

$$J_K = 3,6(151,0 - X_1) + 0,23 (X_2 - 950,0) + 5,11(X_4 - 114) + 15,0 (X_5 - 13)$$

где: X_1 - скороспелость, дн.; X_2 среднесуточный прирост, г.;
 X_4 - длина туловища, см; X_5 толщина шпика, мм

J_к - комплексный индекс оценки свинок на контрольном выращивании.

$$J = 1,0(X_1 - 164,0) + 0,20(X_2 - 927,0) + 4,88(X_4 - 114) + 10,0 (X_5 - 14)$$

где: X_1 - скороспелость, дн.; X_2 среднесуточный прирост, г.; X_4 - длина туловища, см; X_5 - толщина шпика, мм.

Комплексный индекс **J_к** - разработан для селекции на откормочную и мясную продуктивность. Эта индексная оценка ремонтного молодняка является решающей при отборе его в основное стадо. Только применение всех трёх индексов **J₄**, **J₅** **J_к** оценки позволяет провести выбор качественного поголовья, соответствующего целям селекционной работы. В различные возрастные периоды индексы ориентированы на приоритетное развитие различных признаков. Так, индекс **J₄** рассчитан на быстрый рост, высокий среднесуточный прирост, и низкие затраты корма. Индекс **J₅** - в большей степени составлен на снижение затрат корма (доля этого показателя в структуре индекса составляет 50 %). Индекс **J_к** – направлен на комплексное повышение откормочных и мясных качеств. [47; 57, с.34-38; 59, с. 232-235; 77, с.97-103, 79, с.220-228]

3.4.4 Индексная система оценки свиней породы дюрок в модуле компьютерной программы «АСС»

В работе на предприятии оперативность принятия решений играет важную роль. В селекционной работе оценка племенной ценности особи позволяет провести отбор и подбор выдающихся животных. Чтобы осуществлять эту работу постоянно необходимо обрабатывать большой объём информации. Это возможно только при применении автоматизированных систем учёта на предприятии. Программный комплекс «АСС» внедрён в селекционном центре «Лозовое» с 2008 года. Комплекс постоянно пополняется новыми модулями как селекционного, так и технологического процессов. Для реализации разработанного алгоритма индексной оценки свиней нами совместно со специалистами племенной службы СЦ «Лозовое», программистами «Селиком» был разработан модуль «Индексной оценки». [73, с.454-465; 75, с.16-20;]

Модуль решает задачу получения оперативной информации и позволяет проводить расчёты индексов по базе данных. Такая оценка осуществляется на протяжении всего технологического цикла. Хряки-производители оцениваются по результатам опоросов, осеменённых ими свиноматок. Свиноматки по результатам собственных опоросов. Ремонтный молодняк оценивают в 4-6-8 месяцев, отбор проводит по величине индекса. Расчёт осуществляется по введённым в модуль программ КП АСС формулам и позволяет проводить автоматизированную оценку животных.

Применение новой системы обеспечивает анализ качественных и количественных показателей зоотехнической и племенной работы, что связано с экономическими показателями производства продукции свиноводства. Главным конкурентным преимуществом системы является механизм сбора, обработки, оценки и анализа информации, функционирующей по принципу «однократного ввода данных и многократного использования».

На рисунке 10 приведены окна задач «Анализ продуктивности», «Индексная оценка».



Рисунок 10. Модуль «Индексной оценки»

В меню селекционных индексов отбора животных осуществляется выбор необходимого индекса оценки. После выбора и оценки животных на экран выводится результат, в виде таблицы оценки ранжированный по величине индекса (рисунок 11). Результаты можно вывести на печать.

Хряков оценивают в течение 1 года по результатам не менее чем 10 опоросов
Порода: Дюрок

№ п/п	Инд.№ животного	Кличка	Возраст	Пр. групп	Кол. опоросов	Многоплодие	Крупноплод	Молочность	Кол. поросят 30дн	Вес гнезда 30дн	% оплодотв.	Сред. сут. прив.	Сел. индекс
1	601051	ДЕРБИ	28m13	ПР	14	11.36	1.42	71.26	11.36	93.92	96.67	229	49.2
2	400421	ДЕРБИ	56m21	ПР	17	10.18	1.48	68.71	10.65	90.00	97.78	232	31.5
3	700377	ДЕРБИ	21m19	ПР	10	10.80	1.37	72.54	11.10	95.00	94.74	239	29.9
4	700517	ДЕРБИ	19m30	ПР	13	11.62	1.48	68.48	10.08	89.71	95.92	248	24.5
5	600253	ДЕРБИ	35m16	ПР	12	9.75	1.55	70.51	11.17	92.36	93.02	223	1.6

Рисунок 11. Окно «Результаты»

Обработка данных в машине занимает несколько минут и в результате мы получаем оценку племенной ценности каждого хряка-производителя. Так, Дерби №601051 оценённый по результатам 14 опоросов, оплодотворяемость составила 96,7%, среднее многоплодие 11,4 поросят, в среднем суточный прирост поросят от рождения до отъёма составил 229 г, масса гнезда к отъёму в 30 дней составила 94 кг, селекционный индекс 49,2 балла. Дерби №400421 имеет результаты 17 опоросов, оплодотворяемость составила 97,8%, среднее многоплодие 10,2 поросят, среднесуточный прирост поросят - 232 г, масса гнезда к отъёму в 30 дней - 90 кг, селекционный индекс 31,5 балла. Дерби №700377 оценённый по результатам 10 опоросов, оплодотворяемость составила 95%, среднее многоплодие 10,8 поросят, среднесуточный прирост поросят 239 г, масса гнезда к отъёму в 30 дней составила 95 кг, селекционный индекс 29,9 балла. Дерби №700517 оценённый по результатам 13 опоросов, оплодотворяемость составила 96%, среднее многоплодие 11,6 поросят, среднесуточный прирост поросят 248 г, масса гнезда к отъёму в 30 дней составила 89,7 кг, селекционный индекс 24,5 балла. Это позволяет оперативно решить вопрос использования хряков в селекционном процессе.

Аналогичным образом проводится оценка свиноматок по индексу $J_{ТМГ}$. После запуска оценки проводится сортировка животных. На экране появляется результат, в виде таблицы с ранжированной величиной индекса. В результате были выделены лучшие свиноматки, имеющие величину индекса от 31,8 до 78,5 баллов. Так, Донна №601171 по 4 опоросам имеет многоплодие 13 поросят с массой поросёнка по рождению 1,38 кг, молочность 62,15, количество поросят к отъёму 10,2 гол., масса гнезда к отъёму в 30 дней составила 81,4 кг, селекционный индекс 31,8 балла. Донна №601938 по 3 опоросам имеет многоплодие 9,3 поросят, масса 1 поросёнка при рождении 1,63 кг, молочность 72,8 кг,

количество поросят к отъёму 11,7 гол., масса гнезда к отъёму в 30 дней - 95,3 кг, селекционный индекс 62,2 балла. Донна №601238 по 4 опоросам: многоплодие 11,7 гол., масса 1 поросёнка при рождении 1,44 кг, масса гнезда в пересчёте на 30 дней 69,7 кг, количество поросят к отъёму - 11,5 гол., масса гнезда к отъёму - 91,4 кг, селекционный индекс 78,5 балла. Программа позволит получить подробную информацию по каждому опоросу свиноматки по развёрнутой схеме «Анализ продуктивности», «свиноматки», «полная информация». [75, с.16-20]

Ремонтный молодняк оценивают аналогичным образом. Осуществляют выбор индекса оценки в окне «Селекционные индексы отбора». После выбора, сортировки на экране появляется результат, в виде таблицы оценки ранжированный по величине индекса. Высокие показатели селекционного индекса получены у свинок: Донна №800780 – индекс 151,8 балла, скороспелость -156 дней, длина туловища – 122 см, среднесуточный прирост – 786 г, толщина шпика – 7 мм, глубина мышцы – 79 мм, выход мясной массы – 64%. Донна №800532 – индекс 132,1 балла, по показателям 155 дней, 119 см, 909 г, 12 мм, 75 мм, 62% соответственно. Донна №800118 – 128,1 балла, Мика №801364 – 115,7 балла, Донна №800458 – 107,6 балла, Донна №800536 – 102,6 балла.

Следует отметить, что внедрение информационных технологий, новых модулей программного комплекса позволило включить и контролировать новые факторы, селекционные и технологические показатели производственного процесса. Автоматизированный учёт и контроль физиологических и технологических процессов позволил выявить нарушения и оперативно реагировать по их устранению. Значительно расширились возможности селекционеров по работе с большим объёмом информации, позволяющей более точно установить племенную ценность животных, на базе нескольких пород создать новый источник генетической изменчивости, который можно использовать для производства товарной продукции.

Как отмечают В.Ф. Федоренко, Н.П. Мишуров, Т.Н. Кузьмина, А.И. Тихомиров, С.В. Гуськова, И.Ю. Свиначев, В.А. Бекенёв, Ю.А. Колосов, В.И. Фролова, И.В. Большакова и др. организация селекционно-племенной работы на базе использования собственных генетических ресурсов является стратегической задачей отрасли. Использование собственных ресурсов позволяет повысить производство животноводческой продукции, снизить технологическую импортозависимость и минимизировать риск заноса инфекционных заболеваний на территорию страны. [48, с. 59-61] Особое значение уделяется совершенствованию отечественной племенной базы, характеризующейся высокими производственными показателями, адаптивностью. В этой связи важно продолжить создание специализированных мясных пород, типов и линий сельскохозяйственных животных. [47; 48, с. 59-61]

Анализируя мировой опыт и результативность внедрения КП АСС на свиноводческом комплексе «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области на протяжении 15 лет работы, можно сделать вывод о том, что программное обеспечение на всех этапах производственного процесса объединено в локальную сеть, что позволяет формировать единую базу данных. Это в свою очередь способствует легкому и быстрому получению и сравнению информации о животных по любым критериям и параметрам. Создание и внедрение новых модулей расширяет функциональные возможности программного комплекса АСС позволяет вести глубокий генетический анализ, оценку племенной ценности животных, проводить целенаправленный отбор и подбор по внутрилинейной программе разведения, а для промышленного комплекса оптимизировать программы получения товарных гибридов.

3.5 ОЦЕНКА КОМБИНАЦИОННОЙ СПОСОБНОСТИ СВИНЕЙ ПОРОДЫ ДЮРОК В СИСТЕМЕ ГИБРИДИЗАЦИИ

3.5.1 Динамика роста и развития свиней

Результаты внедрения автоматизированной индексной оценки животных позволили повысить показатели продуктивности в последующих поколениях. Нами проведен анализ динамика показателей откормочных и мясных качеств при селекции по индексам и организации внутрелинейного подбора пар с учётом их племенной ценности. Результаты приведены в виде графиков (рисунок 12).

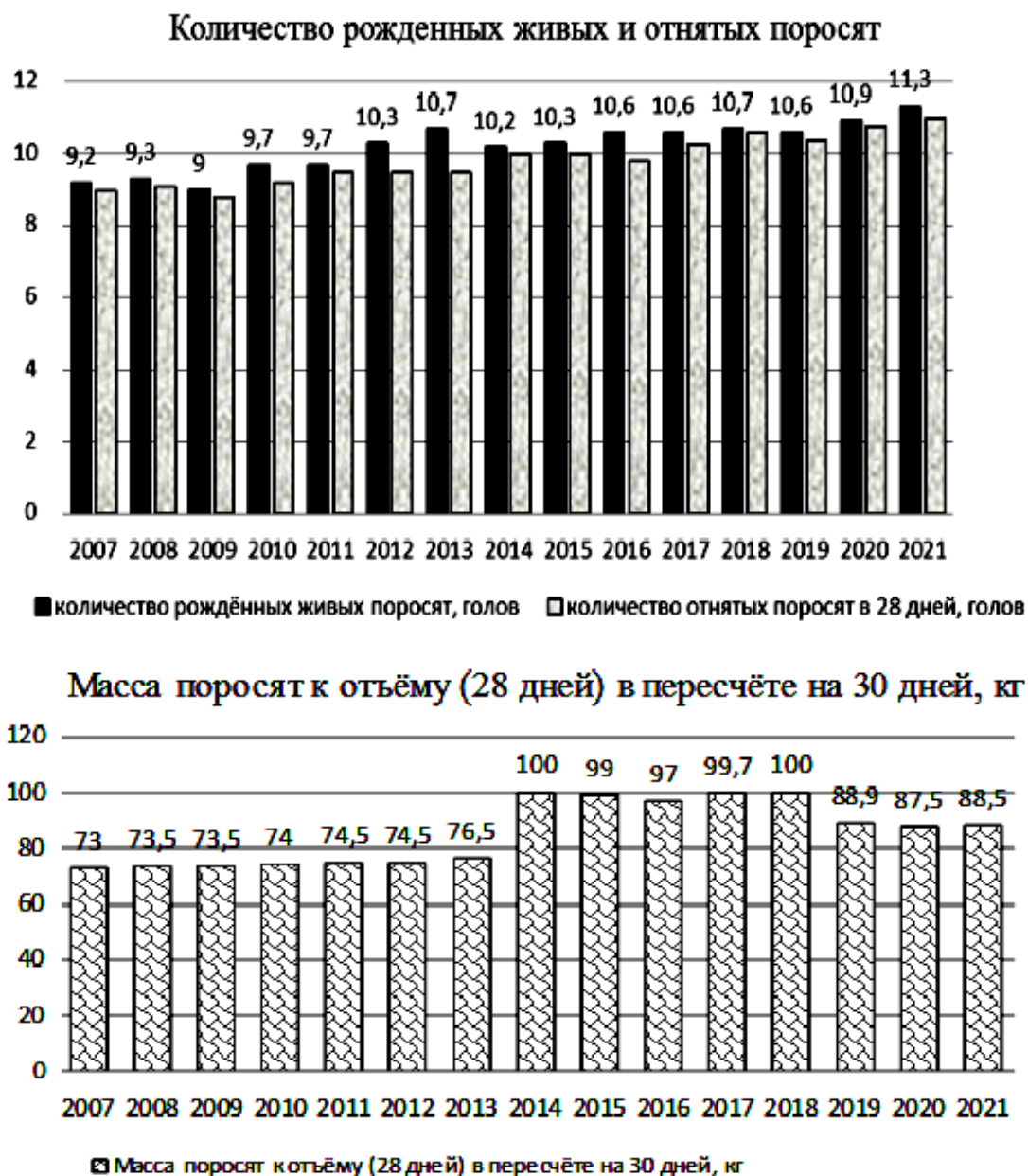


Рисунок 12. Динамики воспроизводительных признаков.

Графический способ представления данных наглядно позволяет проследить происходящие в породе изменения, так отбор хряков по индексу J_2 (воспроизводство) позволил увеличить многоплодие на 2,8 гол. с 9,2 гол. в 2007 году до 11,3 гол. в 2021 году. За 15 летний период селекции произошло повышение показателя сохранности поросят к отъему на 2,6 гол. с 8,8 гол в 2007 году до 11,03 гол в 2021 г. Так же отмечается увеличение на 21 кг показателя молочности свиноматок с 44 кг до 65 кг соответственно. Повысилась масса гнезда к отъёму на 15,5 кг с 73 кг в 2007 году до 88,5 кг в 2021 году. Следует отметить, что повышение наблюдалось с 2007 года по 2013 год. Средние значения признаков по стаду в 2014 году достигли запланированного целевого стандарта, что потребовало корректировки селекционных индексов с учётом новых требований.

В литературных источниках отмечается, что увеличение многоплодия у мясных пород приводит к снижению откормочных и мясных качеств. [66, с.3-15; 78, с. 226-230; 81;88, с.102-210; 122, с. 10-37]

Проведя анализ показателя затрат корма на 1 кг прироста живой массы (в физическом весе) эти предположения не отмечены, наблюдалось снижение расхода корма на 0,9 кг, то есть данный показатель в 2007 г. составлял 3,5 кг, а в 2021 г. находится на уровне 2,6 кг корма. Наши данные согласуются с исследованиями Левшина А.Д. по изучению связи продуктивности и затрат кормов чистопородных и гибридных подсвинков. [35, с.291-293; 57, с. 34-38; 71, с.53-57]

При анализе изменений в породе дюрок важно было проследить, как меняются показатели на контрольном выращивании молодняка. Изменение толщины шпика у ремонтного молодняка при использовании системы индексной селекции приведено на рисунке 13.

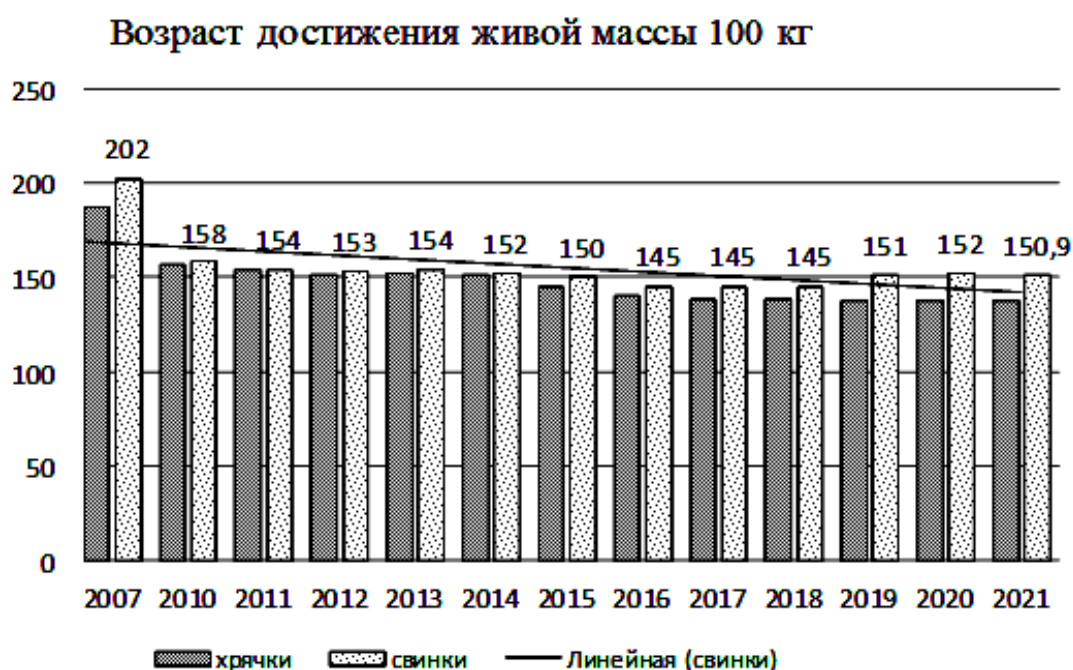
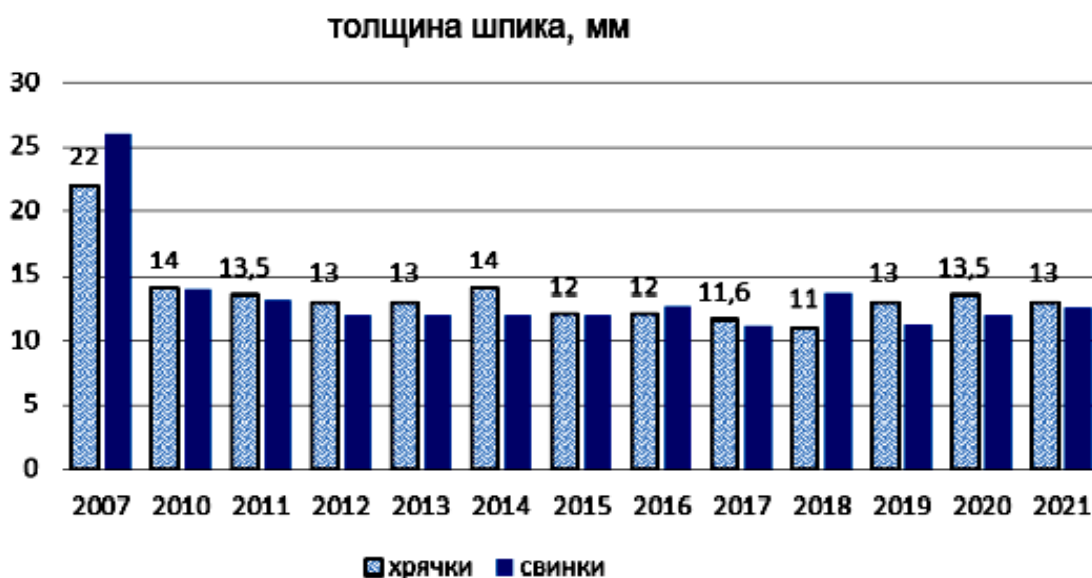


Рисунок 13. Динамики толщины шпика и возраста достижения 100 кг

Следует отметить, что у предков завезённых животных, толщина шпика составляла 13 мм у хрячков, и 12 мм у свинок. Родительское поголовье имело показатели выше 14 и 13 соответственно, у потомков первого поколения, полученных в условиях хозяйства, произошло значительное повышение толщины шпика 22 мм у хрячков и 26 мм у свинок, что возможно связано с различными климатическими условиями. В этой связи племенную работу начали вести на снижение толщины шпика. Для этого внедрили индексную

систему отбора и подбор пар по индексу (товарной массы), что позволило снизить шпик у хрячков на 9,0 мм (с 22 мм до 13,0 мм), у свинок на 14,0 мм (с 26 мм до 12,0 мм).

Рассматривая изменения скорости роста и развития подсвинков, можно сделать вывод, что при увеличении интенсивности роста животных, снижается образование подкожной жировой ткани. Обзор прикладных исследований, проведенных учёными (Зацаринин А.А., Медведев В.А., Михайлов Н.В., Костылев Э.В., Левшин А.Д.) по изменению откормочных и мясных качеств у чистопородных и гибридных свиней выявил обнаруженную тенденцию, что у чистопородных животных интенсивный процесс осаливания начинается в более позднем возрасте, чем у животных универсальных мясных пород. Как считают многие ученые, такие свиньи способны давать мясные туши при убое при достижении живой массы 120 кг и более килограмм. [36, с. 52-55; 46, с. 667-687]

Качественное совершенствование животных без углубления и улучшения методики племенной работы не возможно, поэтому нами был изучен вопрос изменений роста и развития свиней породы дюрок при длительном (15 лет) разведении «в себе». Завезённое из Канады в 2005 году поголовье хрячков имело запись в родословной по скороспелости 160 дней, у свинок – 161 день. Их потомки имели в 2007 году несколько худшие показатели по скороспелости: хрячки 190 дней, свинки 205 дней. Только после длительной планомерной работы по индексной оценке и подбору животных наметилась тенденция к снижению этого показателя в 2010 году, где он составил 158 дней у хрячков и свинок.

В 2021 году наблюдается снижение возраста достижения 100 кг у хрячков собственной селекции на 9 дней (с 154 дней до 134 дней), у свинок на 3,1 день (с 154 дней до 150,9 дней) по сравнению с 2011 годом. Линия выравнивания позволяет наблюдать снижение скороспелости у ремонтного молодняка при колебаниях этого показателя по годам. [57, с. 34-38; 59, с. 232-235; 68, с. 1-12; 72, с. 98-108; 75, с. 16-20]

Исследования по изучению роста и развития молодняка проводили многие учёные. Они отмечают, что рост и развитие – различные стороны процесса формирования организма, рост это количественная, а развитие – качественная стороны. [43, 49, 89] Основываясь на высказанных ранее предположения, мы провели изучение показателей скорости роста, среднесуточного прироста массы и длины туловища, определив их взаимообусловленность.

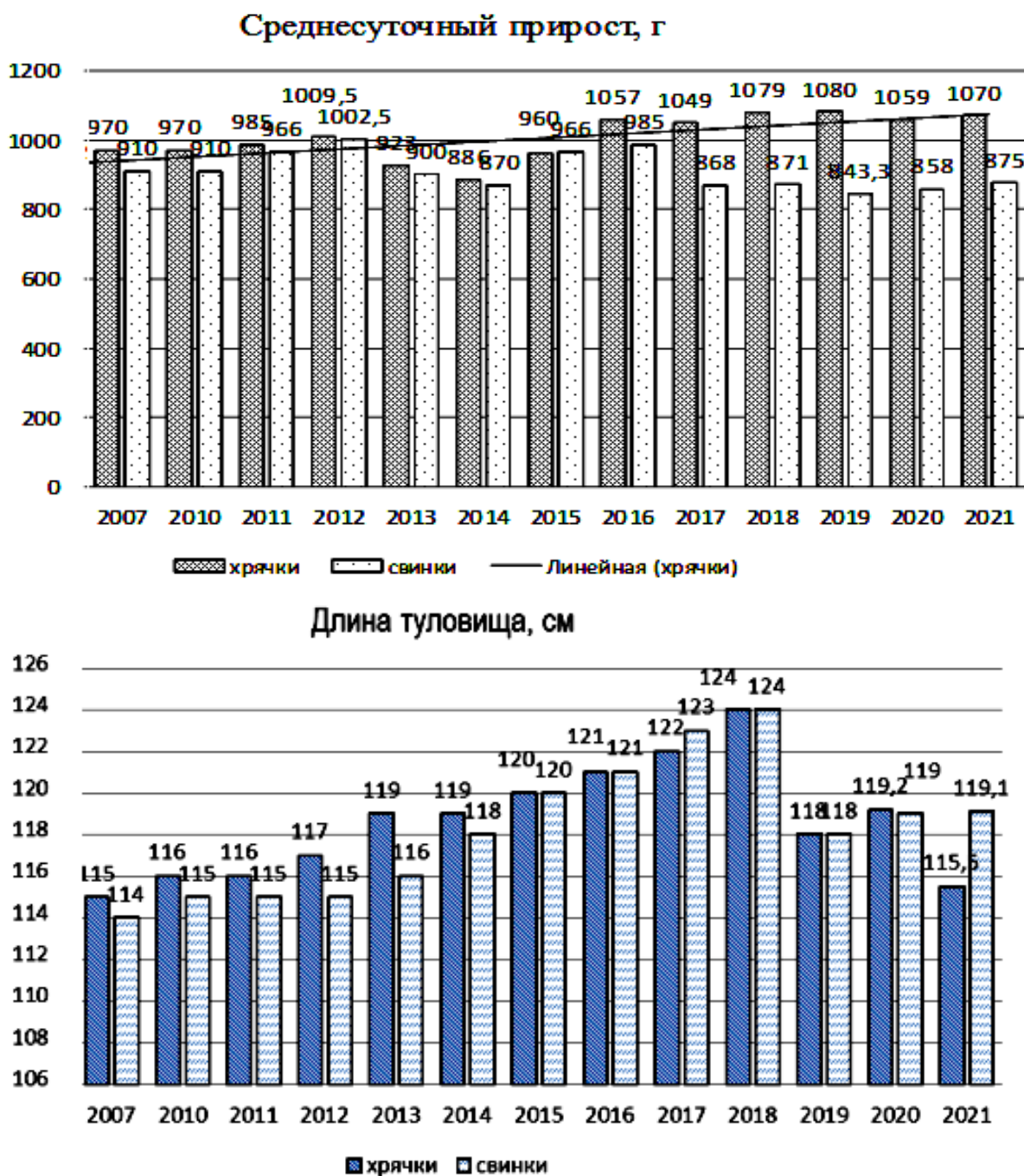


Рисунок 14. Динамика среднесуточного прироста и длины туловища

На рисунке 14 отмечена общая тенденция повышения среднесуточного прироста у ремонтного молодняка по сравнению с прародительским поколением. Метод выравнивания позволил сгладить колебания отдельных периодов.

Потомки завезённого поголовья в 2007 году имели среднесуточный прирост: хрячки – 950 г, свинки – 905 г. В последующие годы наблюдалось увеличение прироста, так в 2012 году он достиг показателя около 1010 г. С 2013 г. по 2016 г. отмечалось снижение. Однако с 2017 года показатель опять начал увеличиваться и составил 1049 г. у хрячков, 868 г. у свинок. В 2018 году показатели находились на уровне 1079 г, у хрячков и 871 г. у свинок. Среднесуточный прирост в 2021 г. у хрячков достиг 1070 г. у свинок 875 г. Следует отметить, что изменчивость показателя прироста живой массы по периодам при использовании метода сглаживания, выявляется трендом увеличения этого показателя.

Анализируя показатель длины туловища ремонтного молодняка в период с 2007 г. по 2018 г. можно отметить его увеличение на 9 см у хрячков и на 10 см у свинок. В период с 2019 по 2021 г. наблюдалось снижение показателя на 5 см. Возможно, такие изменения связаны со скоростью роста молодняка, так в 2007 году скороспелость составила: у хрячков 190 дней, у свинок 205 дней. Интенсивность роста молодняка в 2018 г. (скороспелость 134 дня у хрячков и 145 дней у свинок) связана с суточными приростами массы тела, которые в этот период были более килограмма. [57, с. 34-38]

Глубина длиннейшей мышцы спины является основным селекционируемым показателем, характеризующим выход постного мяса в туши. Учитывать этот показатель в селекционной работе начали с 2017 г. Мясные качества оценивали по длине туловища и глубине длиннейшей мышцы спины при достижении подсвинками живой массы 100 кг. Рисунок 15 иллюстрирует динамику длиннейшей мышцы спины у ремонтного молодняка.

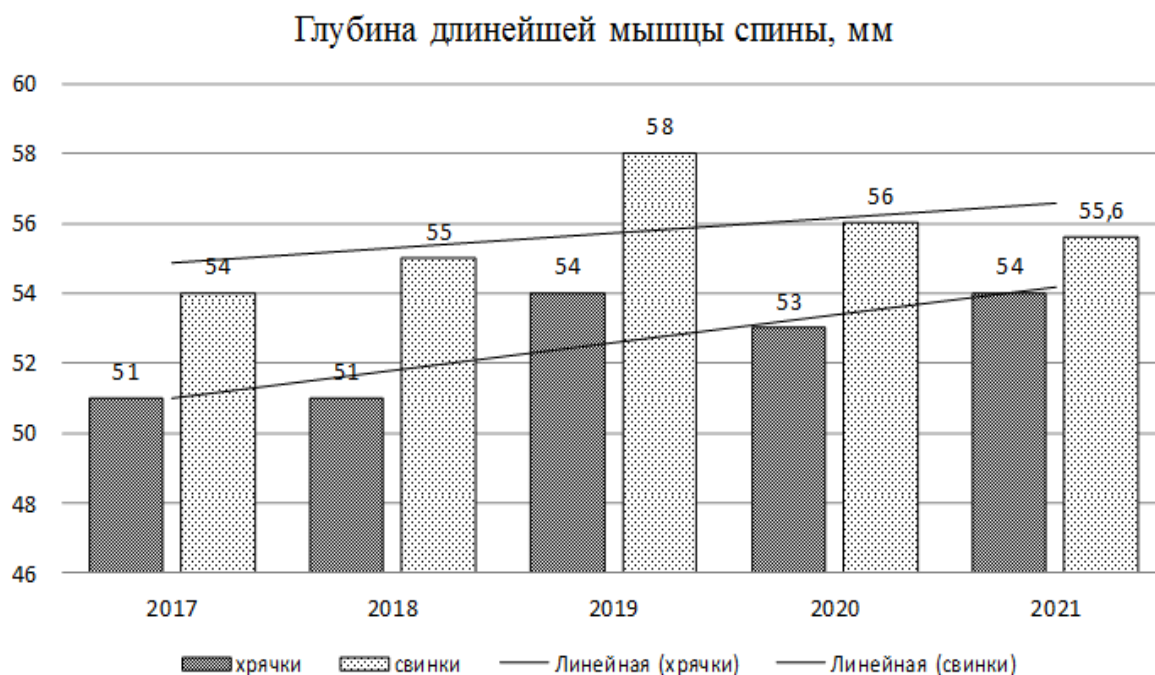


Рисунок 15. Изменения глубины длинейшей мышцы спины у ремонтного молодняка

Наблюдается различие глубины мышцы по половому признаку, так в 2017 г. у свинок показатель был на уровне 54, а у хрячков 51. В 2019 г. у свинок произошло увеличение длины глубины на 4 мм, а у хрячков на 3 мм. В дальнейшем 2020, 2021 г. показатель незначительно снизился по сравнению с 2019 г. [57, с. 34-38; 59, с. 232-235; 68, с. 1-12; 72, с. 98-108; 75, с. 16-20] Линия тренда позволяют говорить об увеличении глубины мышцы, что на наш взгляд связано с применением геномной и индексной селекции на мясность туш.

Обобщая результаты проведенных исследований были выявлены взаимосвязи между внутренним морфологическим и внешним процессами. Результаты не противоречат данным, полученным другими учёными. Так, Левшин А.Д. в своих исследованиях по изучению морфологической дифференцировки организма установил, что формообразование происходит за счёт количественных изменений, то есть за счёт увеличения общей массы и линейных размеров тела. Он отмечает, что большая напряженность роста наблюдается в период с 4-х до 6-и месяцев (60,72 - 70,63 %) и с увеличением возраста уменьшается. [35, с.291-293; 37, с. 16-19]

3.5.2 Оценка сочетаемости породы дюрок в системе гибридизации

Учёные и практики отмечают, что наиболее эффективным методом получения товарной продукции в мировом свиноводстве является метод гибридизации. [22; 25; 26, с.2-6; 42, с.25-26; 82, с. 29-35]

Процесс создания специализированных линий начался ещё в конце 60-х годов прошлого столетия. Учёными были предложены гибриды Sykes, Cotswold, Нурор, КА-НУВ и ряд других, обладающих высокой продуктивностью. Преимуществом тиражируемых гибридов является статистически достоверная возможность повторения результатов гибридизации. Это результат многолетней планомерной научно обоснованной работы по скрещиванию специализированных линий, типов и пород, которые комбинировались целенаправленно в зависимости от целей селекции и требований потребительского рынка. [21; 24; 42, с.25-26; 49, с.26-27; 53; 58, с. 55-65; 62, с. 89-95; 74, с.22-26; 79, с. 220-228]

Основным этапом наших исследований в ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области стал анализ систем гибридизации, выявлении сочетаемости специализированных пород при получении товарной продукции. При запуске товарного свиноводческого комплекса была принята следующая система получения товарных гибридов в основе, которой лежит получение материнской свинки F_1 от скрещивания ♂ линии Йорк с ♀ линии Лорд. На заключительной стадии свиноматок F_1 скрещивают с хряками специализированных мясных линий Плотер и Дерби и гибридных, полученных от различных сочетаний с использованием комбинаций пород. [74, с.22-26; 75, с. 16-20; 71, с.53-57]

В целях определения оптимальных вариантов получения товарной продукции нами был применён метод сравнения показателей продуктивности свиноматок F_1 с хряками специализированных мясных пород. Для проверки сочетаемости линий был проведен анализ опоросов за 2016-2018 гг. Сравнительный анализ воспроизводительных качеств сочетаний материнских

свиноматок с хряками мясных пород приведен в таблице 14.

Таблица 14 – Показатели продуктивности свиноматок при различных сочетаниях с мясными породами

Показатели	<i>F1xП</i>		<i>F1xD</i>		<i>F1xC</i>	
	2017	2016	2017	2016	2017	2016
Количество опоросов	3476	2473	7212	2640	2723	3132
Всего родилось поросят, гол.	13,4	12,9	13,4	13	13	13,7
Количество живых поросят, гол.	12,7	12,1	12,7	12,2	12,1	12,7
Количество слабых поросят, гол.	1,5	1,6	1,3	1,4	1,2	1,3
Масса гнезда в 21 день, кг	69,3	67,1	71,1	68,2	69,6	66,3
Количество поросят при отъеме, гол.	11,3	11,4	11,4	11,4	11,2	11
Вес 1 головы при отъеме, кг	7,4	7,7	7,5	7,8	7,6	7,9
% мертворожденных	5,5	5,5	5,0	5,3	6,4	6,8

Примечание: *F1* – свинки (♂ линии Йорк (крупная белая) x ♀ линии Лорд (ландрас); Д – линия Дерби (дюрок); П – линия Плотер (пьетрен); С – синтетическая линия Максгро.

За изучаемый период в 2017 году было получено 7212 опоросов, что на 4572 опороса больше, чем в 2016 году. Так же в 2017 году увеличилось количество рождённых поросят по всем вариантам скрещивания с мясными породами хряков по сравнению с 2016 годом. По вариантам *F1xП*, *F1xD* наблюдается увеличение количества живых поросят на 0,6-0,5 головы соответственно по сравнению с 2016 годом. За 2018 год от сочетания *F1xD* получено 9337 опоросов, что на 6697 опоросов по сравнению с 2016 годом. Результаты приведены в таблице 15. [41, с. 90-91; 44, с.78-82; 57, с. 34-38]

Рассматривая динамику рождённых поросят, полученных от сочетания *F1xD* за 2018 год можно отметить повышение на 1,0 гол. по сравнению с 2016 г. и на 0,6 гол. с 2017 г. Так же отмечается и увеличение живых поросят на 1,0 гол. в сравнении с 2016 г. и на 0,5 гол. в сравнении с 2017 г. [44, с.78-82; 57, с. 34-38]

Таблица 15 - Продуктивность свиноматок сочетания F₁хД

Годы	Показатели							
	Количество опоросов	Всего родилось поросят, гол.	Многоплодие, гол.	Количество слабых поросят, гол.	Молочность, кг	Количество поросят при отъеме, гол.	Вес 1 головы при отъеме, кг	% мертворожденных
2016	2640	13,0	12,2	1,4	68,2	11,4	7,8	5,3
2017	7212	13,4	12,7	1,3	71,1	11,4	7,5	5,0
2018	9337	14,0	13,2	1,6	71,5	11,5	7,4	0,8

Важным условием работы программы гибридизации, то есть получения товарной продукции комплекса является наличие специализированных мясных хряков-производителей. В 2015 году при ограниченности завоза хряков из-за рубежа перед селекционной службой СЦ «Лозовое» стала задача создания новых животных на основе имеющегося на предприятии генетического материала. Оценив популяцию свиней, Третьяковой О.Л., Свинарёвым И.Ю. были предложены следующие варианты получения гибридных хряков: свиноматки породы пьетерн х хряки крупной белой породы, свиноматки крупной белой породы х хряки породы пьетерн; свиноматки породы дюрок х хряки породы пьетерн. Полученные животные имели белую масть и характеризовались выраженностью форм. Молодые хрячки были оценены по результатам контрольного выращивания и лучшие поставлены на станцию искусственного осеменения.

Важным этапом исследований стал сравнительный анализ продуктивности материнских свиноматок F₁ по различным вариантам скрещивания с гибридными хряками собственной селекции. Исследования проводились в период с 2017 г. по 2018 г., результаты представлены в таблице 16.

Таблица 16 - Продуктивность свиноматок F₁
в различных вариантах скрещивания

Варианты скрещивания/ Годы	Показатели							
	Количество опоросов	Всего родилось поросят, гол.	Многоплодие, гол.	Количество слабых поросят, гол.	Молочность, кг	Количество поросят при отъёме, гол.	Вес 1 головы при отъёме, кг	% мертворожденных
F ₁ x(КБxП)								
2017	196	13,5	12,4	1,4	70,3	11,2	7,4	7,7
2018	220	13,9	13,0	1,7	68,6	11,4	7,3	0,9
F ₁ x(ПxКБ)								
2017	192	13,4	12,6	1,6	70,3	11,3	7,1	6,1
2018	264	13,9	13,0	1,7	67,5	11,4	7,0	1,0
F ₁ x(ДxП)								
2017	204	13,3	12,7	1,3	69,2	11,6	7,1	5,1
2018	683	14,1	13,4	1,6	68,6	11,4	7,0	0,7

Примечание: F₁ – свинки (♂ линии Йорк (крупная белая) x ♀ линии Лорд (ландрас); (КБxП) – гибридные хряки, полученные от ♂ линии Йорк (крупная белая) x ♀ линии Плотер (пьетрен); ПxКБ) – гибридные хряки, полученные от ♂ линии Плотер (пьетрен) x ♀ линии Йорк (крупная белая); ДxП) – гибридные хряки, полученные от ♂ линии Плотер (пьетрен) x ♀ линии Дерби (дюрок).

В 2018 году произошло увеличение количества опоросов по сравнению с 2017 годом. Так, по варианты скрещивания F₁x(КБxП) на 24 опороса, по варианту - F₁x(ПxКБ) на 72 опороса, на 479 опоросов по варианту F₁x(ДxП). Это связано с интенсивным использованием гибридных хряков, собственной селекции после их оценки по качеству потомства. [44, с.78-82; 57, с. 34-38]

Отмечена положительная динамика по количеству рожденных поросят по всем сочетаниям. Лучшие показатели получены по сочетанию F₁x(ДxП) - рождено 14,1 поросят в расчёте на 1 опорос, живых – 13,4 гол. [41, с. 90-91; 44, с.78-82; 57, с. 34-38]

Результаты сравнительного анализа сочетаний на получение трёхпородных и четырёхпородных гибридов за 2018 год приведен в таблице 17.

Таблица 17 – Оценка вариантов скрещивания (2018 год)

Показатели	Варианты скрещивания				
	F1xП	F1xD	F1x(КБxП)	F1x(ПxКБ)	F1x(ДxП)
Количество опоросов	1161	9337	220	264	683
Всего родилось поросят, гол.	14,1	14,0	13,9	13,9	14,1
Многоплодие, гол.	13,1	13,2	13,0	13,0	13,4
Количество слабых поросят, гол.	0,4	1,6	1,7	1,7	1,6
Молочность, кг	71,0	71,5	68,6	67,5	68,6
Количество поросят при отъеме, гол.	11,4	11,5	11,4	11,4	11,4
% мертворожденных	0,9	0,8	0,9	1,0	0,7

Примечание: F₁ – свинки (♂ линии Йорк (крупная белая) x ♀ линии Лорд (ландрас); Д – (дюрок); П – (пьетрен); (КБxП) – гибридные хряки, полученные от ♂ крупная белая x ♀ пьетрен; (ПxКБ) – гибридные хряки, полученные от ♂ пьетрен x ♀ крупная белая; ДxП) – гибридные хряки, полученные от ♂ пьетрен x ♀ дюрок.

Наибольшее количество опоросов было получено по трёхпородному варианту: (ЛxКБ)xД – 80%, (ЛxКБ)xП – 10%, четырёхпородному (ЛxКБ)x(ДxП) – 5,9%, (ЛxКБ)x(ПxD) – 2,3%, (ЛxКБ)x(КБxП) – 1,8%. [57, с. 34-38] Лучшие показатели по рождѣнным поросятам получены по варианту F1xП – 14,1, варианту F1x(ДxП) – 14,1 и варианту F1xD – 14 голов. Показатель молочности свиноматок в 2018 году увеличился на 3,3 кг по сравнению с 2016 годом и на 0,4 кг по сравнению с 2017 годом. Количество поросят к отъѣму практически не изменяется, что связано с технологическими процессами «отсадки-подсадки поросят» выравнивания гнезд. В 2018 году отмечается снижение процента слабых и мертворожденных поросят на 4,3% по сравнению с 2016 годом (с 6,7% до 2,4%).

Селекционная работа на результат связана с интенсивностью смены поколений, что требует большого количества качественного поголовья, в связи с этим количество гибридных подсвинков, проверенных по результатам выращивания увеличилось в 2016 году на 2432 головы по сравнению с 2015 годом. Сравнительная характеристика гибридного молодняка приведена в таблице 18.

Таблица 18 - Оценка мясных качеств гибридного молодняка

породные сочетания	Количество животных, голов	Шпик над 6-7 грудными позвонками, мм	Шпик над 10-11 ребром, мм	Глубина мышцы, мм	Вес, кг	Выход, %
2015 год						
ЛхКБ	440	21,9	14,8	56,6	74,3	53,7
ЛхС	643	21,3	12,0	62,7	74,5	55,6
ЛхП	760	20,2	11,7	62,5	74,5	55,7
ЛхД	160	22,7	13,3	61,2	79,1	54,9
(КБхЛ)хС	269	22,3	14,4	61,7	79,6	54,3
(КБхЛ)хП	60	20,6	13,3	59,7	68,1	54,2
<i>в среднем по гибридам</i>	2332	21,5	13,3	61,2	75,0	54,7
2016 год						
(ЛхКБ)хД	488	20,66	11,67	59,96	70,68	55,52
(ЛхКБ)хС	380	18,00	10,49	58,88	66,91	56,07
(ЛхКБ)хП	386	18,81	9,96	61,23	67,95	56,55
Лх(ДхП)	57	-	10,25	52,81	64,07	55,92
ЛхКБ	242	20,95	12,76	60,49	70,26	54,74
<i>в среднем по гибридам</i>	4764	20,26	12,04	61,02	72,42	55,37

Примечание: F₁ – свинки (♂ линии Йорк (крупная белая) х ♀ линии Лорд (ландрас); Д – линия Дерби (дюрок); П – линия Плотер (пьетрен); С – синтетическая линия Максгро.

Для получения товарной свинины высокого качества необходимо постоянно вести учёт и контроль за показателями, характеризующими мясные качества. Анализ, проведенный нами в 2016 г. показал, что снижение толщины шпика у двухпородных гибридов ЛхКБ составило на 0,95 мм над 6-7 грудными позвонками и на 2,04 мм на уровне 10-11 ребра по сравнению с 2015 годом. Лучшие показатели получены по трехпородным гибридам: (КБхЛ)хС в 2015 году и (ЛхКБ)хС в 2016 году - 4,3 мм на холке, 3,91 мм на боку; (КБхЛ)хП в 2015 году и (ЛхКБ)хП в 2016 году – 3,05 мм на уровне 10-11 ребра. Наиболее часто встречаемые величины среди гибридов (ЛхКБ)хД по признаку толщина шпика над 6-7 грудными позвонками составила 20,0 мм; по признаку толщина шпика на уровне 10-11 ребра - 9,8 мм. Это свидетельствует о том, что большое количество гибридов имеют тонкий шпик как над 6-7 грудными позвонками, так и на уровне 10-11 ребра. [57, с. 34-38]

В 2016 году по глубине мышцы у подсвинков наблюдается увеличение по различным вариантам скрещивания по сравнению с 2015 годом. По трехпородным гибридам, увеличение глубины мышцы составило 1,53 мм. Выход мяса у гибридов, так же увеличился. По трехпородным гибриды в 2015 году выход мяса составил 54,2%, а в 2016 году 56,55%. Рассматривая результаты заключительного этапа гибридизации, следует отметить, что показатели по гибридам в 2016 году выше, чем в 2015 году. Это свидетельствует о консолидации поголовья и накоплении желательных генотипов в породах, которые при сочетании дают эффект.

Для окончательного вывода необходимо продолжить исследования по использованию гибридных хряков, полученных от различных вариантов скрещивания. В 2017 году проведена проверка 471 гибридов сочетания $F_1 \times D$, в среднем живая масса подсвинков $F_1 \times D$ составила 119,6 кг, средняя масса туши – 86,7 кг, толщина шпика – 25,9 мм. Наивысшая живая масса гибридов $F_1 \times D$ составила 159,4 кг, а вес туши 115,5 кг, что составило 72,4%, а вес головы и внутренних органов 27,6% от живой массы. В среднем процент массы туш от живой массы составил 72,5%, а головы и внутренних органов 27,5%.

Следующим этапом исследований стало изучение качественных показателей товарной продукции свиноводства. Как отмечают Казанцева Н.П., Святогоров Н.А. в станах Европейского союза свиные туши оценивают по 6-ти категориям: «S-супер», «E-превосходный», «U-очень хороший», «R-хороший», «O-достаточно хороший», «P-удовлетворительный». Стандарт основан на выходе мышечной ткани. [18, с. 100-109; 58, с. 67-97]

В Российской Федерации такое же распределение туш по классам, согласно ГОСТ 31476-2012 «Свиньи для убоя. Свинина в тушах и полутушах»: «Экстра» - свыше 60%, «Первый» - от 55 до 60%, «Второй» - от 50 до 55%, «Третий» - от 45 до 50%, «Четвертый» - от 40 до 45% и «Пятый» - менее 40%. [18, с. 100-109; 23; 46, с. 667-687; 70, с.87-94]

В связи с этим нами были проведены исследования по оценки

импортного поголовья, а также сравнение туш гибридов F₁хД согласно стандарта ЕС. По результатам контрольного убоя туши были распределены по категориям. Так, 302 туши имели категорию E, что составило 64%, 158 туш категории U – 33,5%, 11 туш категории R - 2,3%. Стандартное отклонение от средней живой массы гибридов составила 16,8 кг, от веса туши - 12,1 кг, от толщины шпика – 7,0 мм. Коэффициент корреляции между живой массой и весом туш составил 0,99, между живой массой и толщиной шпика 0,53. Туши с выходом категории E (55-59,9) получены от 302 головы в среднем с весом туш – 81,5 кг, с толщиной шпика – 11 мм, глубиной мышцы – 65,1 мм. Туши категории U (50-54,9) получены от 158 голов в среднем с весом туш – 87,6 кг, с толщиной шпика – 16,6 мм, глубиной мышцы – 62,3 мм. Одиннадцать туш относятся к категории R (45-49,9), вес туши 92,8 кг, толщина шпика – 23,7 мм, глубиной мышцы – 62,8 мм. Анализ сравнения туш товарных гибридов по категориям за периоды 2016-2017 гг. и 2018-2019 гг. приведен на рисунке 16. [57, с. 34-38]

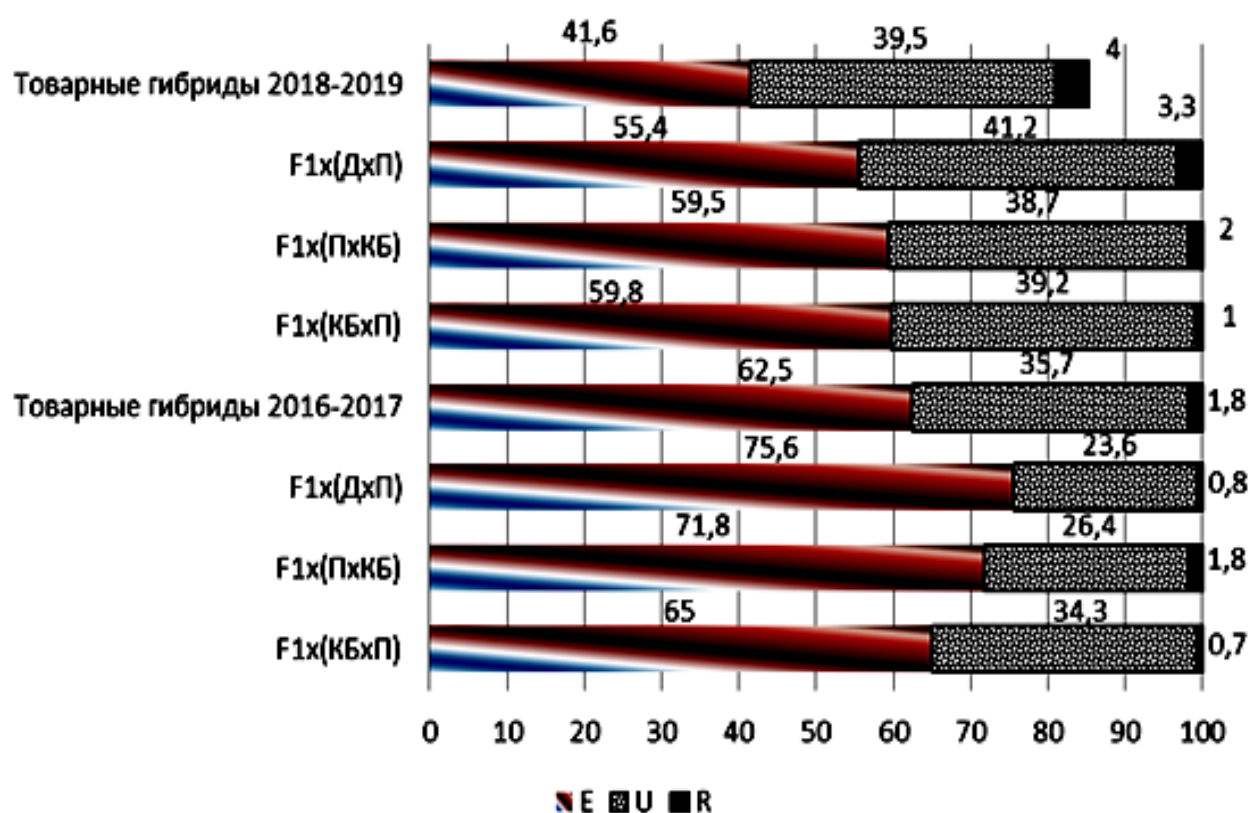


Рисунок 16. Распределение туш гибридов по категориям

В 2018 году наблюдается снижение туш гибридных подсвинков категории E при увеличении на 3,8% категорий U, на 2,2% категории R.

Важным в селекционной работе является оценка качественных показателей мяса. Исследования проводились в лаборатории мясокомбината «Ишимский» Тюменской области. Было проанализировано 15 проб мяса, полученных от варианта скрещивания гибридной материнской свинки и гибридных хряков (ДхП), результаты оценки качественных показателей приведены в таблице 18.

Таблица 18 – Качественные показатели мяса товарных гибридов F₁x(ДхП)

Показатели	Мраморность	Цвет	Интенсивность окраски. ед F	pH	Влагосвязывающая способность, %	Влага, %	Жир, %	Зола, %	Белок, %
Среднее значение	2,4	2,8	79,87	5,61	56,21	74,83	1,52	1,30	21,72
Стандартная ошибка	0,13	0,17	1,46	0,03	0,69	0,23	0,11	0,09	0,15
Стандартное отклонение	0,50	0,67	5,67	0,12	2,69	0,89	0,46	0,36	0,61
Минимум	2	2	65	5,41	52,88	73,09	0,81	1,11	20,61
Максимум	3	4	86	5,79	62,44	76,71	2,35	2,43	22,89
Уровень надежности (95,0%)	0,28	0,37	3,14	0,06	1,49	0,49	0,25	0,20	0,34

В варианте скрещивания F₁x(ДхП) качественные показатели мяса у четырехпородных гибридов несколько отличаются от результатов, полученных в варианте F₁x(КБхП). Интенсивность окраски 79,85%, влагосвязывающая способность 56,21%, содержание влаги 74,83%. Наиболее часто встречаемые показатели мраморность - 2, цвет - 3, интенсивность - 83%.

Результаты исследования показали, что наибольшей изменчивостью характеризуются: интенсивность окраски – 5,67, влагосвязывающая

способность – 2,69, содержание жира – 0,46, содержание влаги – 0,86, мраморность -0,50. [8]

Корреляционные связи гибридов F₁х(ДхП) имеют разное направление и силу связи. Между мраморностью и цветом связь имеет положительное направление и составляет 0,46, мраморностью и содержанием жира 0,25. Так же связь между рН и влагосвязывающей способностью положительная 0,15.

По варианту гибридная материнская свинка и хряки породы дюрок проанализировано 5 проб мяса, результаты оценки качественных показателей приведены в таблице 19.

Таблица 19 - Показатели оценки мяса товарных гибридов F₁хД

Показатели	Мраморность	Цвет	Интенсивность окраски. ед F	рН	Влагосвязывающая способность, %	Влага, %	Жир, %	Зола, %	Белок, %
Среднее значение	3,2	2,6	80	5,70	55,3	74,66	1,91	1,13	21,78
Стандартная ошибка	0,2	0,24	0,62	0,06	1,10	0,20	0,24	0,01	0,08
Стандартное отклонение	0,45	0,55	1,39	0,13	2,45	0,44	0,53	0,02	0,18
Минимум	3	2	78	5,55	52,17	74,12	1,14	1,11	21,56
Максимум	4	3	81,4	5,82	57,74	75,17	2,57	1,15	22,01
Уровень надежности (95,0%)	0,56	0,68	1,72	0,16	3,04	0,54	0,66	0,02	0,22

В варианте скрещивания F₁хД качественные показатели мяса у трехпородных гибридов несколько отличаются от результатов, полученных в варианте F₁х(КБхП). Интенсивность окраски 80%, влагосвязывающая способность 55,3%, содержание влаги 74,66%. Наиболее часто встречаемые показатели мраморность - 3, цвет - 3. Установлено, что наибольшей изменчивостью характеризуются: влагосвязывающая способность – 2,45, интенсивность окраски – 1,39. Корреляционные связи качественных

показателей мяса гибридов F₁хД имеют разное направление и силу связи. Между мраморностью и цветом - положительная 0,41, мраморностью и интенсивностью окраски 0,56, мраморностью и влагосвязывающей способностью 0,56, мраморностью и содержанием жира 0,69. А между мраморностью и рН - отрицательная -0,54. Связь между рН и влагосвязывающей способностью положительная 0,23. Влагосвязывающей способностью и содержанием жира 0,61, содержанием золы 0,49. По чистопородным подсвинкам породы дюрок проанализировано 10 проб мяса, результаты оценки качественных показателей приведены в таблице 20.

Таблица 20 – Показатели оценка мяса подсвинков породы дюрок

Показатели	Мраморность	Цвет	Интенсивность окраски. ед F	рН	Влагосвязывающая способность, %	Влага, %	Жир, %	Зола, %	Белок, %
Среднее значение	3,6	3	74,59	5,71	57,18	73,52	1,92	1,17	21,79
Стандартная ошибка	0,31	0,15	1,66	0,03	0,73	0,40	0,31	0,01	0,16
Стандартное отклонение	0,97	0,47	5,26	0,09	2,31	1,25	0,99	0,04	0,51
Минимум	2	2	66	5,58	53,57	71,34	0,82	1,12	20,92
Максимум	5	4	83,6	5,83	60,71	74,94	3,83	1,22	22,46
Уровень надежности (95,0%)	0,69	0,34	3,77	0,06	1,65	0,89	0,71	0,03	0,36

Качественные показатели мяса у подсвинков породы дюрок отличаются от результатов, полученных в гибридных вариантах. Интенсивность окраски 74,59%, влагосвязывающая способность 57,18%, содержание влаги 74,52%. Наиболее часто встречаемые показатели мраморность - 3, цвет – 3. Установлено, что наибольшей изменчивостью характеризуются интенсивность окраски 5,26, влагосвязывающая способность 2,31,

содержание влаги 1,25. Корреляционные связи между качественными показателями у подсвинков породы дюрок имеют разное направление и силу связи. Между мраморностью и цветом отрицательная -0,49, мраморностью и рН 0,29, мраморностью и содержание жира 0,72, мраморностью и содержанием белка отрицательная - 0,50. Связь между интенсивностью и рН 0,48. Проанализированы пробы гибридов, полученные от четырёх породных сочетаний, трех- породных, двух- породных и чистопородного разведения. [57, с. 34-38] Результаты приведены в таблице 21.

Таблица 21 – Показатели оценки мяса чистопородных подсвинков и товарных гибридов

Показатели	Показатели								
	Мраморность	Цвет	Интенсивность окраски. ед F	рН	Влагосвязывающая способность, %	Влага, %	Жир, %	Зола, %	Белок, %
F1x(КБxП)									
среднее	2,9	3,7	80,86	5,66	57,78	74,56	1,31	1,21	22,53
F1x(ПxКБ)									
среднее	2,6	2,95	80,27	5,59	55,51	74,81	1,25	1,16	21,84
F1x(ДxП)									
среднее	2,4	2,8	79,87	5,616	56,21	74,83	1,52	1,30	21,72
F1xD									
среднее	3,2	2,6	80	5,70	55,3	74,66	1,91	1,13	21,78
КБ									
среднее	2,8	2,4	82	5,68	59,21	74,98	0,90	1,22	22,36
Л									
среднее	3,07	3	81,87	5,54	57,09	74,58	1,35	1,24	21,98
Д									
среднее	3,6	3	74,59	5,71	57,18	73,52	1,92	1,17	21,79
П									
среднее	3	3	83,8	5,34	57,96	75,04	0,95	1,13	22,41

Примечание: F₁ – свинки (♂ линии Йорк (крупная белая) x ♀ линии Лорд (ландрас); Д – (дюрок); П – (пъетрен); (КБxП) – гибридные хряки, полученные от ♂ крупная белая x ♀ пьетрен; ПxКБ) – гибридные хряки, полученные от ♂ пьетрен x ♀ крупная белая; ДxП) – гибридные хряки, полученные от ♂ пьетрен x ♀ дюрок.

В результате нами были исследованы различные варианты сочетаний пород. Товарные гибриды, включающие в генотип четыре породы: F1х(КБхП) прямой и F1х(ПхКБ) обратный, в котором содержится 25% - крови ландрас, 50% - крупной белой, 25% - пьетрен; F1х(ДхП) прямой, генотип содержит 25% - ландрас, 25% - крупной белой, 25% - дюрок, 25% - пьетрен. Третьякова О.Л., Свиначев И.Ю., Святогорев Н.А., Святогорова А.Е. и др. проводя исследования, установили, что товарные гибриды, полученные от варианта скрещивания F1хД содержат в своём генотипе по 25% - ландрас, 25% - крупной белой, 50% - дюрок. [77]

Важнейшие качественные показатели мяса это мраморность и цвет. Именно на них покупатель обращает внимание. Мраморность характеризуется содержанием жира в мышцах, вокруг мышечных волокон или между ними. Мраморность определялась в лабораторных условиях визуально по стандартам (рисунок 17). Так, анализ сравнения проб мяса показал, что более высокий показатель мраморности наблюдается у чистопородных подсвинок породы дюрок 3,6 балла; трёхпородные гибриды 25% ландрас, 25% крупная белая, 50% дюрок имеют показатель 3,2 балла. Чистопородные: ландрас - 3,07, пьетрен 3,0. Четырёх породные F1х(КБхП) – 2,9 балла.

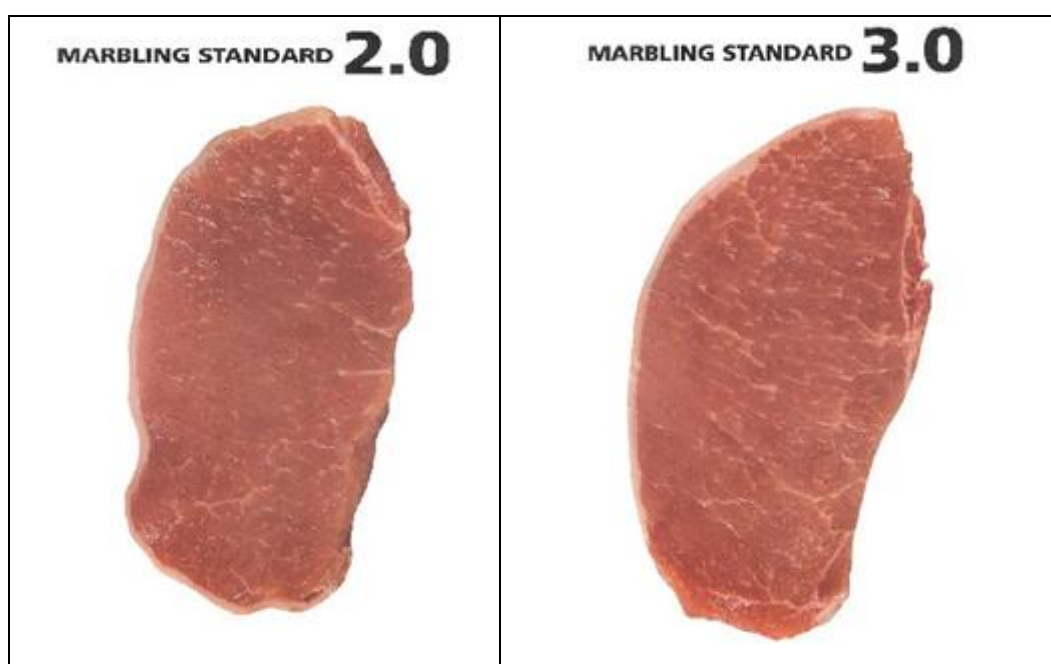


Рисунок 17. Стандарты определения мраморности мяса

Установлено, что мясо, полученное от хряков мясных пород, имеет показатель мраморности – 3 балла. Большие колебания индивидуальных значений от средней величины наблюдаются в пробах породы дюрок, где стандартное отклонение (сигма) составила 0,97. [57, с. 34-38]

Результаты оценки степени связи свидетельствуют, что корреляционная зависимость мраморности с содержанием белка имеет разное направление от отрицательных -0,22-0,56 до положительных 0,04-0,70. [57, с. 34-38]

Для определения цвета мяса использовали шаблоны (стандарты) определяли визуально. На рисунке 18 приведены стандарты цвета мяса.

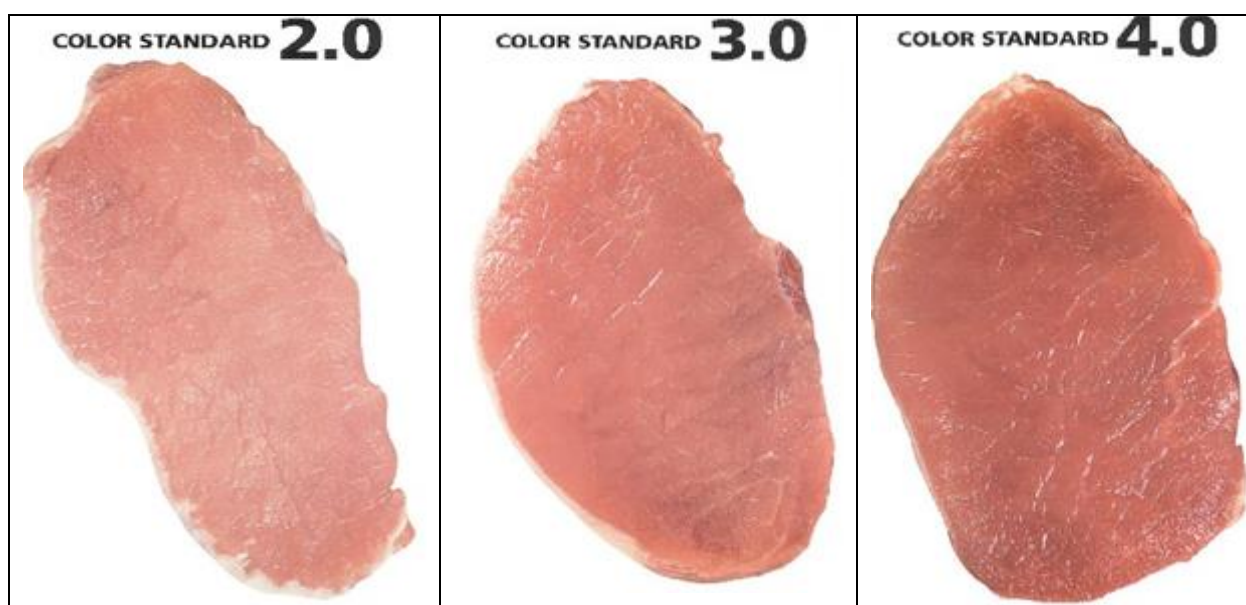


Рисунок 18. Стандарты определения цвета мяса

Установлено, в пробах мяса четырехпородных гибридов F1х(КБхП) показатель цвета составил 3,7 балла, а в пробах мяса чистопородных подсвинков ландрас, дюрок, пьетрен – 3 балла. Анализ соотносительной изменчивости признаков с расчётом коэффициентов корреляции показал, что корреляционные связи цвета с содержанием белка имеют разное направление от отрицательных -0,03-0,16 до положительных 0,07-0,65. Следует отметить, что направление корреляционных связей между показателями скороспелости, содержанием постного мяса в туше и показателями качества мяса у чистопородных животных и гибридов имеет различный характер и величину,

это обусловлено, по нашему мнению, различными их биологическими особенностями. [75,77]

Цвет мяса зависит от наличия в нём красящих веществ, так по литературным данным его обуславливает следующий состав 90% миоглобина и 10% гемоглобина. Так же учёные отмечают большое количество факторов, оказывающих влияние на интенсивность цвета мяса, они выделяют вид животного, породную принадлежность, пол и возраст, способ откорма животных, вид и качество корма, условия и длительность хранения в процессе его созревания. [1,8,25]

Показатель кислотности мяса связан с его цветом. Так, свинина при рН 5,6 имеет розово-красный цвет, а при рН 6,5 и выше - более темный. Результаты исследований показали, что пробы, полученные от подсвинков породы дюрок и двухпородных гибридов с 50% крови породы дюрок имеют рН 5,7. Отмечено также, что все проанализированные пробы, полученные от чистопородных и межпородных сочетаний по показателю кислотности мяса находятся в желательном диапазоне 5,7 - 6,0, имеют розово-красный цвет, соответствующий хорошему обескровливанию туш и привлекательности. [57, с. 34-38]

Об интенсивности обменных процессов в организме животного можно судить по окраске мяса, чем она выше, тем насыщеннее будет окраска мяса. Интенсивность окраски оценивают по показателю Гофо, если значение находится в пределах от 45 до 54 единиц экстремии, то мясо будет удовлетворительного качества, от 55 до 64 – хорошего, от 65 и выше – очень хорошего качества. [57, с. 34-38] Рисунок 19 иллюстрирует интенсивность окраски мяса и товарных подсвинков.

Данные исследований по анализируемым образцам мяса показали, что интенсивность окраски значительно выше 65 ед. Гофо.

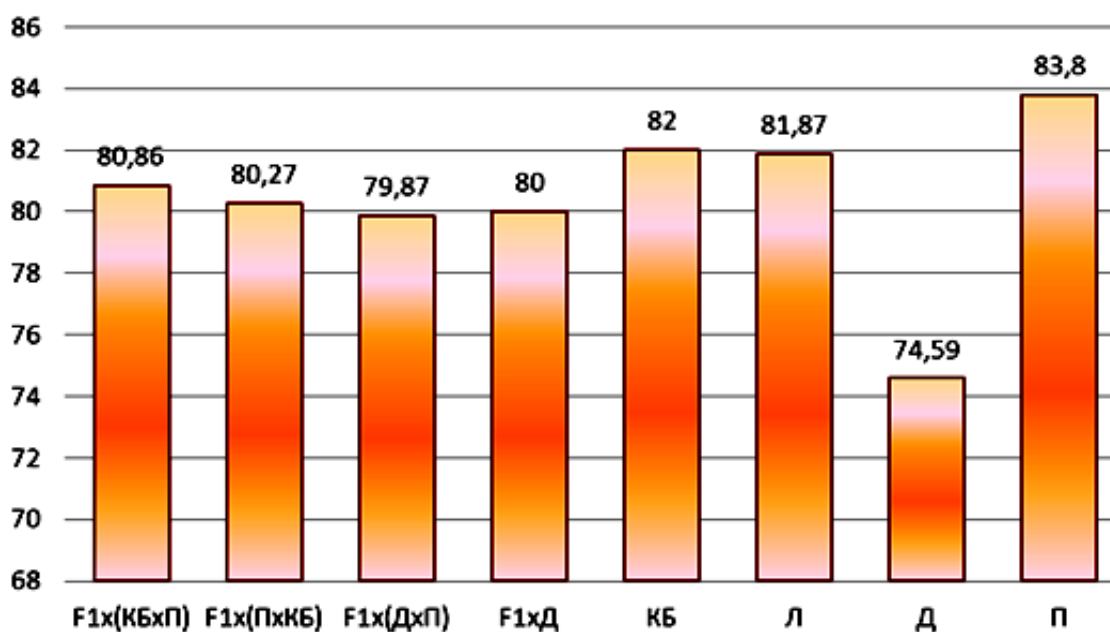


Рисунок 19. Интенсивность окраски мяса по различным вариантам

Так у подсвинков породы пьетрен показатель составил 83,8, у подсвинков крупной белой породы – 82, у подсвинков ландрас – 81,8, у товарных гибридов с содержанием крови пьетрен от 79,8 до 80,86 ед. Гофо. Это характеризует высокое качество мяса, полученное от исследуемых животных.

Важным технологическим показателем, влияющим на выход, сочность и другими кулинарными свойствами готовых продуктов является влагосвязывающая способность мяса. Следует отметить, что содержание внутримышечного жира придаёт мясу мягкость, сочность и вкус. На ряду, с этими показателями при производстве колбасных изделий большое внимание уделяется показателю влагоемкости (гидратационной способности). Технологи используют термины "связанная вода" и "свободная вода". «Свободная вода» образуется при сильном рыхлении мышечной структуры, а вода прочно связанная с белковой субстанцией, называется «связанной водой». Главный показатель технологической характеристики мяса - показатель "связанной воды", который влияет на качество готовых мясопродуктов. Поэтому мы провели сравнение проб мяса по этому показателю. Результаты исследований приведены на рисунке 20.

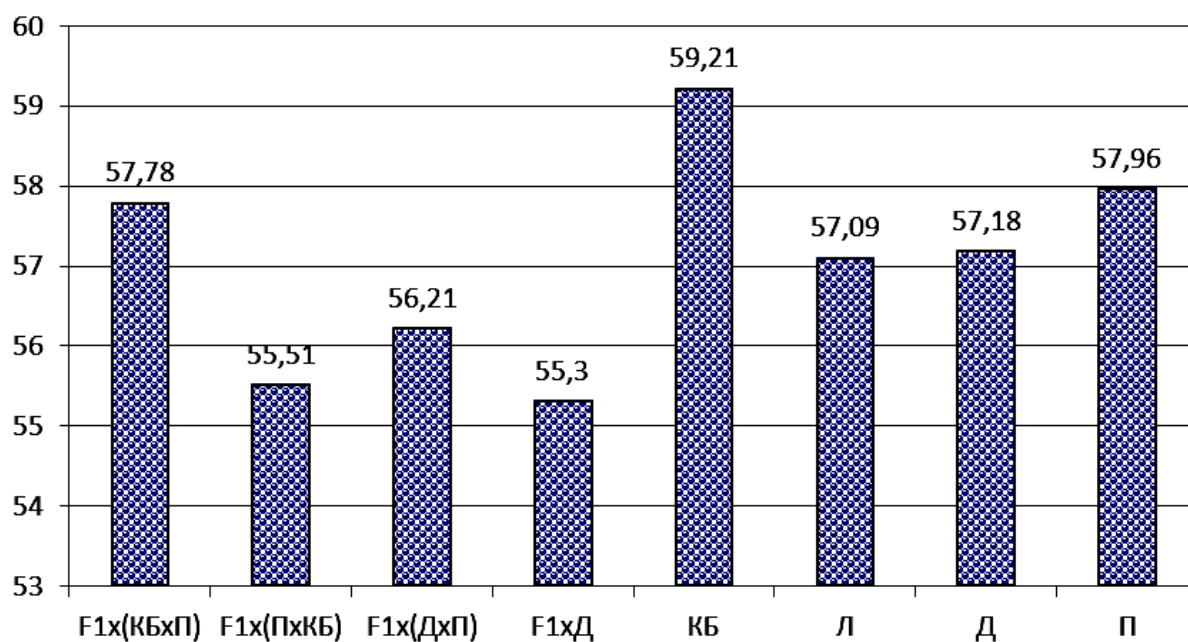


Рисунок 20. Оценка влагосвязывающей способности мяса

Отмечено, что свиньи пород крупная белая имеют показатель «связанной воды» – 59,21%, пьетрен – 57,96%, F1x(КБxП) – 57,78%, дюрок – 57,18%, остальные гибриды в пределах от 55,3% до 57,01%. Можно предположить, что влагоудерживающая способность мяса зависит от породной принадлежности свиней, но и влияние паратипических факторов может оказаться существенным, при одинаковых условиях кормления и содержания. Так, результаты, полученные нами, согласуются с данными полученными Гришановой О.В. Ею установлено, что содержание связанной воды в мясе крупной белой породы составило 57,32% - в 100 кг и 58,32% - в 125 кг, тогда как в породе ландрас этот показатель составил соответственно 55,56 и 57,31 %. Таким образом, влияние породы на влагоудерживающую способность мяса составляет 46,8%, влияние других факторов 53,2% ($P < 0,01$) [40, 51].

Качественные показатели мяса тесно связаны с его химическим составом. В литературных источниках указывается, что свинина отличается от говядины и баранины по содержанию воды, сухого вещества, содержит полноценные и легкоусвояемые белки, незаменимые аминокислоты.

Результаты физико-химического анализа проб мяса исследуемых животных представлены на рисунке 21.

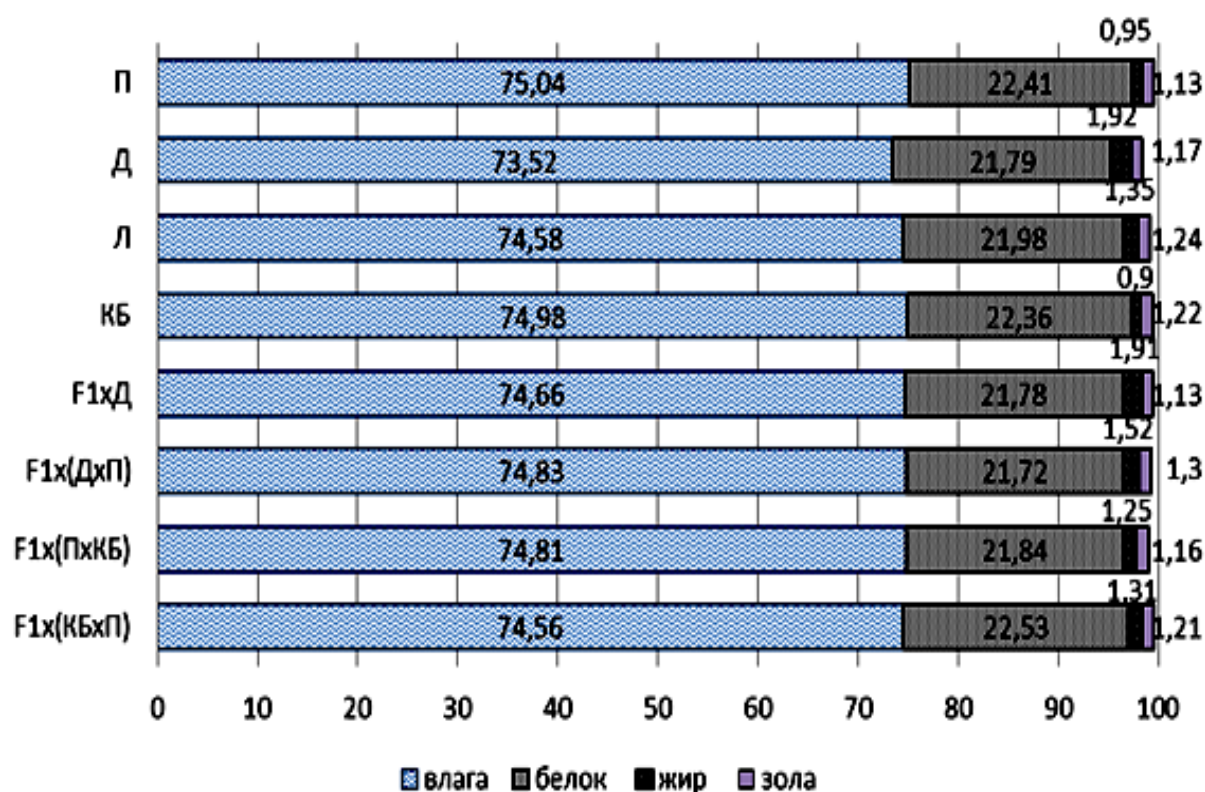


Рисунок 21. Химический состав мяса товарного молодняка

Анализ проб мяса, полученных от чистопородных и гибридных подсвинков ЗАО «Племзавод-Юбилейный» показал, что содержание влаги в образцах находится в пределах от 73,52% до 75%, белка - от 21,7 до 22,53%, жира – от 0,95 до 1,92%, золы – 1,13-1,24. Отмечено наименьшее содержание влаги у подсвинков породы дюрок – 73,52%, ландрас – 74,58, гибридов F1х(КБхП) - 74,56%. Наибольшее содержание влаги отмечается у подсвинков породы пьетрен – 75,04%, крупной белой породы – 74,98. Выделяется наибольшее содержание белка 22,53% в пробах, полученных от четырех породных гибридов F1х(КБхП), пьетрен – 22,41%, крупная белая – 22,36%. Количество содержания жира в пробах крупной белой породы – 0,9%, наибольшее в пробах дюрок – 1,92%, гибридах F1хД – 1,91%, F1х(ДхП) – 1,52%. При проведении корреляционного анализа нами установлено, что связь между показателями хряков-производителей и их потомками по скороспелости и толщине шпика имеет отрицательное значение и составляет

-0,15, а с глубиной мышцы положительное 0,53. Многие исследователи подтверждают, что уровень внутримышечного жира практически не зависит от толщины хребтового шпика.

Результаты, полученные нами в ходе исследований, совпадают с данными, полученными другими авторами. В таблице 22 приведен средний химический состав свинины. [11,14,25]

Таблица 22 – Средний химический состав свинины

Вид свинины	Вода	Белки	Жиры	Зола	Энергетическая ценность 100 г, кДж
	содержание на 100 г продукта				
Беконная	54,2	17,0	27,8	1,0	1322
Жирная	38,4	11,7	49,3	0,6	2046
Мясная	51,5	14,3	33,3	0,9	1485

В опытах О.В. Гришановой [14] по содержанию влаги в мясе 72,49-73,91 %, отмечено, что у трехпородных помесей (КБхБМ)хД показатель составил 72,49%.

В исследованиях по качеству туш и упитанности проведенных Гладырь Е.А. установлено, что в тушах свиней жирной упитанности содержится больше белков саркоплазмы, а в тушах нежирных свиней - более миофибрилярных белков. В таблице 23 приведены данные, полученные им в опытах.

Таблица 23 – Средний химический состав отдельных отрубов.

отруба	Вода	Белки	Жиры	Зола	Энергетическая ценность 100 г, кДж
	содержание на 100 г продукта				
Окорок	53,9	15,0	30,3	0,8	1393
Корейка	44,1	15,3	42,0	0,6	1803
Лопатка	51,3	13,3	34,7	0,7	1531
Грудинка необрезная	29,2	8,1	62,3	0,4	2481

Он отметил связь количества белковых фракций с повышением массы и различий химический состав отдельных частей туш. Учёные отмечают, что при сильном истощении животных диаметр волокон уменьшается в 2 раза, при этом мясо становится жестким, так как в нем повышается уровень соединительной ткани. [11,14,25] Белки мышечной ткани имеют различное содержание аминокислот. Установлено, что с повышением уровня жира уменьшается количество белка.

В результате длительной планомерной селекционной работы с использованием новых приёмов ДНК-генотипирования, отбора по индексам, подбора пар по методике внутрилинейного разведения удалось получить повышение показателей продуктивности, а результаты контрольного убоя показывают эффективность применения породы дюрок и гибридных хряков, собственной селекции в системе гибридизации. Анализируя качественные показатели мяса, следует отметить, что все физико-химические показатели находятся на достаточно высоком уровне и характеризуют мясо, полученное от различных вариантов скрещивания как ценное в технологическом аспекте для производства деликатесных продуктов, колбасных изделий и полуфабрикатов.

ЭКОНОМИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ

Экономическую эффективность проведенных исследований рассчитывали по результатам внедрения новых селекционных методов в племенную работу селекционного центра «Лозовое» ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области. Внедрение разработанных тест-систем по выявлению предпочтительных аллелей в генотипе свиней, автоматизации учёта и контроля всех показателей, особенно цикла воспроизводства, системы индексной оценки животных, отбора высокопродуктивных с выявленным набором генов, в специализированных линиях и их консолидация по методике Либизова М.П., оперативность принятия решений на различных этапах производственного цикла позволило повысить показатели воспроизводительных, откормочных, мясных и качеств. Это оказало существенное влияние на качественные показатели готовой продукции, что положительно сказалось на экономической эффективности производства свинины. С начала процесса автоматизации зоотехнического и племенного учёта, консолидации специализированных линий свиней с применением тест-систем, основанных на ДНК-генотипировании и использовании индексной системы отбора и подбора в период с 2013 по 2021 гг. произошло увеличение количества живых поросят на 0,6 гол. в породе дюрок. Таким образом, при 2,26 опоросах в год, дополнительно получено 20340 поросят. Не все полученные поросята поступают на последующее выращивание, поэтому мы учли 12% отхода молодняка за весь период производства и получили, что дополнительно за счёт современных методов селекционной работы получено 1235 тонн свинины. Себестоимость производства 1 кг прироста живой массы подсвинков на свиноводческом комплексе «Юбилейный» составляет 85 руб., цена реализации 1 кг живой массы 110 руб. (в ценах 2021 г.). Средняя живая масса при реализации откормочного молодняка по предприятию составляет 115 кг. В расчёты мы включили затраты на проведение ДНК-генотипирования свиней, которые составили 300 руб. на 1 голову. Расчётные экономические показатели эффективности внедрения результатов исследований приведены в таблице 24.

Таблица 24 - Экономическая эффективность внедрения результатов исследований

Показатели	Дюрок	
	2013	2021
Многоплодие свиноматок, гол	10,7	11,3
Увеличение многоплодия за анализируемый период, гол	0,6	
Общее количество опоросов за год на 1000 свиноматок	20340	
Количество поросят, полученных дополнительно, гол	12204	
Количество подсвинков на убой, гол	10739	
Масса подсвинков при реализации в 115 кг, тонн	1235	
Выручка от реализации подсвинков, тыс. руб.	135850	
Себестоимость валового прироста живой массы, тыс. руб.	104975	
Затраты на проведение ДНК-генотипирования, тыс. руб.	3661,2	
Прибыль от внедрения результатов исследований, тыс. руб.	27214	
Уровень рентабельности, %	25,05	

Также, необходимо отметить, что применение новых селекционных методов: разработанные тест системы по исследуемым генам; комплексная индексная селекция ремонтного молодняка, взрослого поголовья; оценка хряков-производителей по качеству потомства и племенной ценности позволили: снизить толщину шпика с 24,8 до 13,6 мм, при увеличении живой массы при убое с 104 до 115 кг, скороспелость сократилась на 48 дня по хрячкам и 44 дня по свинкам по породе дюрок. Важным показателем эффективности использования ресурсов являются затраты корма на производство продукции. В результате использования инноваций затраты корма на 1 кг прироста снизились по хрячкам породы дюрок на 0,8 кг, свинкам на 0,5 кг, увеличились среднесуточные приросты с 700-900 г до 863-1080 г по породе дюрок.

Таким образом, экономическая эффективность от разработки и внедрения инновационных методов ведения племенной работы показала, что в расчете на 1000 свиноматок породы дюрок, за период 2013-2021 годов, получено прибыли от внедрения результатов исследований 27214 тыс. рублей, а уровень рентабельности составил 25,05%.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

На основании проведенных исследований сделаны следующие выводы:

1. Генеалогический анализ стада свиней породы дюрок позволил выделить группы животных от хряков-производителей, так доля Дерби составила 39%, Джайэнт - 29%, Рифле - 19,3%, Дейн - 13,0% в структуре стада. Это связано с тем, что формирование велось за счёт постоянного завоза животных различной селекционной направленности. Для превращения достоинств отдельных выдающихся животных в групповые, предложен метод линейного разведения. Путем поглощения малочисленных групп была создана одна линия Дерби, которая состоит из 4-х ветвей с равномерным распределением хряков и свиноматок 7 семейств. Определена генотипическая структура стада: по гену гипофизарного фактора транскрипции выявлено три генотипа FF, EF, EE; по гену рецептора меланокортина-4 – три AA, AG, GG; по гену рецептора лептина – два AB, BB – у хрячков и три AA, AB, BB у свинок. Обосновано включение результатов молекулярно-генетического анализа по генам *POU1F1*, *MC4R* и *LEPR* в генеалогические схемы, что позволяет вести целенаправленную селекцию на повышение откормочных и мясных качеств по схеме внутрилинейного подбора.
2. Установлен полиморфизм генов: гипофизарного фактора транскрипции (*POU1F1*) с частотой генотипа 50 (FF), 30 (EF) и 20 (EE)% у хрячков, 44,4, 37,8 и 17,8 % у свинок, соответственно; по гену рецептора меланокортина-4 (*MC4R*) с частотой генотипа AA составил 50,0 %, AG - 40,0 % и GG - 10,0% у хрячков и генотипа AG - 51,1 %, AA - 40,0 %, GG- 8,9 % у свинок; по гену рецептора лептина (*LEPR*) у хрячков AB – 58,8%, BB – 41,2%, у свинок BB - 53,8 %, AB - 38,5%, AA - 7,7%. В выборке хрячков генотип AA отсутствовал.
3. Определено преобладание генотипов FF и EF по гену *POU1F1* у хрячков и свинок: по скороспелости – на 13 дней, по толщине шпика – на 3,1 мм, по длине туловища – на 3,3 см, по среднесуточному приросту – на 148 г. Генотип GG по гену *MC4R* по толщине шпика над генотипами AG и AA на 2,6 и 1,7 мм, по длине туловища - на 4,2 и 1,6 см, по среднесуточному

- привесу – на 92,2 и 100,4 г. Выявлено улучшение показателей длины туловища и среднесуточного прироста на 0,6 см и 34,9 г по гену *LEPR* генотипа *BB* по сравнению с генотипом *AB*.
4. Выявлены генотипы, связанные с откормочными и мясными качествами: по гену *POU1F1* –*EF* скорость роста, превосходство на 9 дней; по гену *MC4R* – *GG* - у хрячков, генотип *AA* - у свинок превосходство по скороспелости на 6 и 4 дня, длине туловища на 1 и 5,9 см, приросту массы на 50,8 и 37,2 г.; по гену *LEPR* генотип *AB* превосходство по скороспелости на 11 и 4 дня генотипы *AA* и *BB*, по толщине шпика на 3,6 и 2,5 мм, по длине туловища на 4,4 и 0,6 см, по среднесуточному приросту на 180,4 и 88 г. Экспериментально подтверждено, что внедрение маркерной и индексной селекции, позволило увеличить многоплодие на 2,8 головы, живую массу при убое на 10 кг, среднесуточные приросты на 350 г, а также снизить возраст достижения массы 100 кг на 45 дней, толщину шпика с 11,2 мм, затраты корма на 1 кг прироста на 0,6 кг.
 5. Проведена корректировка целевых стандартов и весовых коэффициентов селекционных индексов оценки свиней породы дюрок в различные возрастные периоды, разработана система оценки которая интегрирована в модуль «Индексной оценки» компьютерной программы «АСС».
 6. Выявлены лучшие сочетания комбинационной способности свиней породы дюрок в системе гибридизации, так по количеству рожденных поросят варианты: $F_1 \times Д$ – 14,0 гол. $F_1 \times (Д \times П)$ – 14,1 гол.; по выходу товарной продукции вариант $F_1 \times Д$ имеющий наибольшую живую массу – 115,5 кг с процентом содержания мышечной ткани – 72,5%, что соответствует высшей категории туш и высокими качественными характеристиками по показателям мраморности и цвета (более 3,6 баллов).
 7. Аргументирована экономическая эффективность использования современных методов селекции. Так в расчете на 1000 свиноматок породы дюрок, за семилетний период исследований, за счёт увеличения количества дополнительных поросят и качественных показателей туш получено прибыли 27,214 млн рублей, а уровень рентабельности составил 25,05%.

ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ

1. Схема внутрилинейной селекции с учетом ДНК-маркеров по генам *POU1F1*, *MC4R* и *LEPR*.
2. Тест-системы для определения полиморфизма генов *POU1F1*, *MC4R* и *LEPR*, влияющие на откормочные и мясные качества свиней.
3. Селекционные индексы отбора хряков, свиноматок и ремонтного молодняка, позволяющие оптимизировать оценку племенной ценности животных. Алгоритм для модуля «индексной оценки» компьютерной программы «АСС».
4. Рекомендованы для увеличения выхода количества рожденных поросят лучшие хряки-производители: Дерби №200953, Дерби №200945, Дерби №201177, Дерби №200409, имеющие величину индекса выше 100 баллов.

ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ

В связи с использованием в промышленном свиноводстве генетического материала различного происхождения и направления селекции главная задача состоит в повышении гетерозиготности у потомства, создании новых комбинаций генотипов, что позволит более широко использовать тест-системы определения полиморфизма генов, проводить анализ генетической структуры стада, применять новые методы оценки племенной ценности позволяющие увеличить частоту желательных генов. Необходимо продолжить интенсификацию селекционных и технологических процессов производства, что позволит получать максимальное количество качественной продукции.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Алтухов, Ю.П., Салменкова Е.А. Полиморфизм ДНК в популяционной генетике / Ю.П. Алтухов, Е.А. Салменкова // Генетика. - 2002. - Т. 38. С. 1173–1195.
2. Алексеев А.Л. Селекционно-генетические аспекты племенного отбора свиней крупной белой породы. Автореферат дис. ... кандидата сельскохозяйственных наук / Персиановка, 1994 -5-15.
3. Бальников А.А. Оценка продуктивных качеств свиней пород йоркшир и ландрас по генам PRKAG3, MC4R И MYOD1 / А.А. Бальников, И.Ф. Гридюшко, Ю.С. Казутова, М.Е. Михайлова, Е.Л. Романишко // Генетика и разведение животных. - 2021. - № 2. - С. 28-35.
4. Бакоев Н.Ф. Изучение полиморфизма участка D-петли свиней / Колосова М.А., Колосов А.Ю., Бакоев Н.Ф., Гетманцева Л.В. Вестник Донского государственного аграрного университета. 2019. № 3-1 (33). С. 34-37.
5. Барановский, Д.И. Иммуногенетический анализ генезиса европейских и азиатских пород свиней / Д.И. Барановский, А.М. Хохлов, Е.Д. Ткачук // Таврический научный обозреватель, - 2016. - № 5-2 (10). - С. 179-186.
6. Гетманцева, Л.В. Влияние гена ROU1F1 на откормочные и мясные качества свиней / Л.В. Гетманцева, О.Л. Третьякова, А.Е. Святогорова, А.В. Усатов, Н.А. Святогоров, М.А. Леонова // Современные проблемы науки и образования. - 2015. - № 2-1. - С. 746.
7. Гетманцева, Л.В. Влияние полиморфизма генов MC4R, IGF2 и ROU1F1 на продуктивные качества свиней: диссертация на соискание ученой степени кандидата сельскохозяйственных наук: 06.02.07 / Гетманцева Любовь Владимировна; Донской государственный аграрный университет. - п. Персиановский, 2012
8. Гетманцева, Л.В. Диагностика аллельных вариантов гена ROU1F1 при оценке молочной продуктивности коров голштинской породы / Л.В. Гетманцева, Б.А. Аль-Дулайми, Т.С. Романец, Д.В. Радюк, Ш.Д.

- Михтоджова // Международный научно-исследовательский журнал. - 2017. - № 5-2 (59). - С. 190-193.
9. Заболотная А.А. Хозяйственно-биологические особенности и методы повышения продуктивности свиней отечественной и зарубежной селекции. Диссертация на соискание учёной степени доктора сельскохозяйственных наук по специальности 06.02.10-частная зоотехния, технология производства продукции животноводства /Новосибирский государственный аграрный университет. Новосибирск, 2013.- 340 с.
 10. Гетманцева, Л.В. Молекулярно-генетические аспекты селекции животных / Л.В. Гетманцева // Молодой ученый. - 2010. - № 12-2. - С. 199-201.
 11. Гладырь, Е.А. Изучение генома свиней (*sus scrofa*) с использованием днк-маркеров / Е.А. Гладырь, Л.К. Эрнст, О.В. Костюнина // Сельскохозяйственная биология. - 2009. - Т. 44. № 2. - С. 16-26.
 12. Гулаева Н.В., Чесноков Ю.В., Шевченко С.Н., Зуева А.А., Менибаев А.И. Практическое применение молекулярных маркеров в селекции пшеницы (обзорная)/ Известия Самарского научного центра Российской академии наук. Том: 20., №: 2-4 (82), 2018 г. – С. 726-731.
 13. Гохберг, Л.М. Прогноз научно-технологического развития агропромышленного комплекса РФ на период до 2030 г. [Электронный ресурс] / Л.М. Гохберг, А.Ю. Гребенюк, Е.Л. Дьяченко, Г.А. Китова, Т.Е. Кузнецова, И.Ф. Кузьминов, И.В. Логинова, С.В. Мартынова, Т.В. Ратай, П.Б. Рудник, А.В. Соколов, А.Б. Суслов, Е.Е. Хабирова, С.Ю. Фридлянова, К.С. Фурсов, А.А. Чулок. - Электронные данные. - М.: НИУ ВШЭ, 2017. – Режим доступа: <https://publications.hse.ru/books/206861123>
 14. Гришкова, А.П. Ассоциация показателей генотипической структуры отечественных пород свиней по генам MC4R и LEP с их продуктивными качествами / А.П. Гришкова, Н.А. Чалова, А.А. Аришин, Г.М. Гончаренко // Вестник Российской академии естественных наук. Западно-Сибирское отделение. - 2019. - № 22. - С. 128-136.

15. Джуламанов К.М. Генетические и паратипические факторы формирования племенных и продуктивных качеств казахской белоголовой и герефордской пород скота. Автореферат диссертации на соискание ученой степени доктора сельскохозяйственных наук по специальности 06.02.01-разведение, селекция, генетика и воспроизводство сельскохозяйственных животных. г. Оренбург-2008. – 23 с.
16. Зиновьева, Н. Методы маркер-зависимой селекции / Н. Зиновьева, Е. Гладырь, Г. Державина, Е. Кунаева // Животноводство России. - 2006.- №3. - С.29-31.
17. Кабанов, В.Д. Эффективный способ повышения мясной продуктивности свиней / В.Д. Кабанов // Зоотехния .- 2010.- №1. - С.22-24.
18. Казанцева, Н.П. Химический состав и технологические свойства мяса свиней разных генотипов / Н.П. Казанцева, О.А. Краснова, Е.В. Хардина // Вестник Алтайского государственного аграрного университета, - 2013 (100). – С. 109.
19. Казутова, Ю.С. Показатели мясной продуктивности свиней пород ландрас и йоркшир в зависимости от генотипов по генам MC4R, MYOD1, MYF4 / Ю.С. Казутова, А.А. Бальников, И.Ф. Гридюшко // Аграрный вестник Урала. - 2021. - № 2 (205). - С. 65-71.
20. Осипова С.В., Пшеничникова Т.А., Пермякова М.Д., Пермяков А.В., Бернер А., Верхотуров В.В. Хромосомная инженерия и селекция с применением ДНК-маркеров - перспективные биотехнологические подходы к улучшению пшеницы // Известия вузов. Прикладная химия и биотехнология. 2014. №3 (8). URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/hromosomnaya-inzheneriya-i-selektsiya-s-primeneniem-dnk-markerov-perspektivnyye-biotehnologicheskie-podhody-k-uluchsheniyu-pshenitsy>.
21. Ковалёв, Ю.И. Импортзамещение в свиноводстве как первый этап создания экспортного потенциала [Электронный ресурс] / Ю.И. Ковалев. – Электронные данные. - Отчёт о деятельности Национального Союза

- свиноводов за 2015 г. VII-е годовое общее собрание национального союза свиноводов. – Электронные данные. - Москва, 30.06.2016. – Режим доступа: https://kombi-korma.ru/sites/default/files/2/1_16/01_2016_018-023.pdf
22. Ковалев, Ю.И. Развитие свиноводства в России [Электронный ресурс] / Ю.И. Ковалев. – Режим доступа: sfera.fm/artieles/razvitie-svinovodstva-v-rossii
23. Ковалев, Ю.И. Российское свиноводство: итоги 2020 г. и перспективы развития до 2025г. / Ю.И. Ковалев // Международная научно-практическая конференция «Ветеринария в АПК-2021» г. Новосибирск, 01 июня 2021 года]
24. Юрий Ковалев Национальный союз свиноводов: «Сейчас решения должны приниматься быстро» [Электронный ресурс] / Ю.И. Ковалев. – Электронные данные. - Sfera.fm. - 18 мар 2022. – Режим доступа: <https://sfera.fm/articles/myasnaya/yurii-kovalev-natsionalnyi-soyuz-svinovodov-seichas-resheniya-dolzhny-prinimatsya-bystro>
25. Колмогоров Ю. Н. Методы и средства научных исследований: учеб. пособие Ю. Н. Колмогоров / [и др.]. — Екатеринбург: Изд-во Урал. ун-та, - 2017 — 152 с. ISBN 978-5-7996-2256-
26. Колосов, А.Ю. Использование селекционных индексов и информационных технологий для интенсификации племенного отбора в свиноводстве : специальность 06.02.07 "Разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных" : автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата сельскохозяйственных наук / Колосов Анатолий Юрьевич. – п. Персиановский, 2010. – 19 с. – EDN QGZENB.
27. Кононова, Л.В. Интенсификация селекционного процесса на основе ДНК-тестирования / Л.В. Кононова, Л.М. Смирнова // Известия Горского государственного аграрного университета. - 2016. - Т.53. - №2. - С.162-166.
28. Костюнина, О. В. Полиморфизм гена рецептора меланокортина MC4R и его влияние на мясные и откормочные качества свиней / О.В. Костюнина,

- Н.А. Зиновьева, Е.И. Сизарева, А.И. Калугина, Е.А. Гладырь, Л.В. Гетманцева., М.С. Форнара, В.Р. Харзинова // Достижения науки и техники АПК. - 2012. - № 8. - С. 49-51.
29. Костюнина, О.В. Селекция на основе ДНК-технологий / О.В. Костюнина Н.А. Зиновьева, А.Н. Левитченков, А. Гоголев // Животноводство России. - 2008. - №4. - С. 39-42.
30. Леонова, М.А. Воспроизводительные качества свиней породы ландрас разных генотипов по генам PRLR и MC4R / М.А. Леонова, А.Е. Святогорова // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. - 2014. - № 103. - С. 1006-1015.
31. Леонова, М.А. Интенсификация селекционного процесса в животноводстве с использованием метода ПЦР / М.А. Леонова, А.Ю. Колосов, А.Е. Святогорова, А.В. Радюк, Н.Ф. Бакоев // Молодой ученый. – 2014. - № 11. – С. 172-175.
32. Леонова, М.А. Перспективные гены-маркеры продуктивности сельскохозяйственных животных / М.А. Леонова, А.Ю. Колосов, А.В. Радюк, Е.М. Бублик, А.А. Стетюха, А.Е. Святогорова // Молодой ученый. - 2013. - № 12 (59). С. - 612-614.
33. Лобан, Н.А. Метод повышения продуктивных качеств свиней с использованием маркерных генов / Н.А. Лобан // Вісник аграрної Науки Причорномор'я, Випуск 3, Т.2, ч.1, - 2010. - с. 117-128
34. Лядский, И. К. Связь Asp298Asn полиморфизма гена MC4R с толщиной спинного сала у свиней крупной белой породы / И. К. Лядский, А.А. Гетья, К. Ф. Почерняев // Цитология и генетика. – 2011.
35. Левшин А.Д., Кульмакова Н.И. Продуктивность и затраты кормов чистопородных и гибридных подсвинков. В сборнике: Научно-образовательная среда как основа развития интеллектуального потенциала сельского хозяйства регионов России. Материалы Международной научно-

- практической конференции, посвященной 90-летию ФГБОУ ВО Чувашский ГАУ. Чебоксары, 2021. С. 291-293.
36. Левшин А.Д. Убойные и мясо-сальные качества чистопородных и гибридных свиней при убое в 100 кг и 120 кг. Свиноводство. 2021. № 5. С. 52-55.
37. Левшин А.Д., Кульмакова Н.И. Возрастные изменения линейных промеров и живой массы у чистопородных и помесных подсвинков. Свиноводство. 2021. № 7. С. 16-19.
38. Матвеева, Т.В. Молекулярные маркеры для видоидентификации и филогенетики растений / Т.В. Матвеева, О.А. Павлова, Д.И. Богомаз и др. // Экол. генетика. - 2011. - Т. 9. - С. 32–43.
39. Меттлер, Л. Генетика популяции и эволюция / Л. Меттлер, Т. Грегг // Перевод с английского и предисловие канд. биол. наук Б.В. Шиленко. Изд-во «Мир», М., - 1972. – 321 с.
40. Михайлов, Н.В. Взаимосвязь полиморфизма гена PRLR/AluI с воспроизводительными, откормочными и мясными качествами свиней / Н.В. Михайлов, А.В. Усатов, Л.В. Гетманцева, С.Ю. Бакоев // Цитология и генетика. - 2014. - том 48. - N 5. С. - 60-64.
41. Михайлов, Н.В. Использование ДНК-маркеров в селекции сельскохозяйственных животных / Н.В. Михайлов, Л.В. Гетманцева, Н.А. Святогоров, А.Е. Святогорова // В сборнике: Наука и образование в жизни современного общества сборник научных трудов по материалам Международной научно-практической конференции: в 18 частях. - 2013. - С. 90-91.
42. Михайлов, Н.В. Мясные качества трехпородных гибридов. Животноводство России / Н.В. Михайлов, И.Ю. Свинарёв, А.Ю. Гончаров. - 2011. - №3. - С.25-26.
43. Михайлов, Н.В. Перспективные гены-маркеры продуктивности свиней / Н.В. Михайлов, Л.В. Гетманцева, Н.А. Святогоров, Е.М. Бублик // Вестник

- Донского государственного аграрного университета - 2013. - № 3 (9). - С. 16-19.
44. Михайлов, Н.В. Селекционные модели для оценки откормочной и мясной продуктивности в свиноводстве / Н.В. Михайлов, Н.А. Святогоров, О.Л. Третьякова, А.Е. Святогорова // В сборнике: Актуальные проблемы производства свинины в Российской Федерации материалы XXIII заседания межвузовского координационного совета по свиноводству и международной научно-практической конференции, пос. Персиановский, - 2013. - С. 78-82.
45. Михайлов Н.В., Колдаева Е.М., Шарнин В.Н. Комбинационная способность – основа гибридизации свиней к 100-летию публикации рукописи А.А. Малигонова «О принципах селекции животных. Свиноводство. 2013. № 1. С. 14-16.
46. Михайлов, Н.В. Селекция свиней на мясные качества / Н.В. Михайлов, Н.А. Святогоров // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. -- 2011. - №70. - С.667-687.
47. Павлова, С.В. Состояние племенного свиноводства России ФГБНУ ВНИИплем [Электронный ресурс] / С.В. Павлова, Н.А. Козлова, Т.Н. Щавликова, М.А. Ромась. – Электронные данные. - «Эффективное животноводство»: <https://rynok-apk.ru/web-magazine-apk/web-magazine/05-2020-55-56-57/>
48. Передовые практики в отечественном племенном животноводстве: науч. анализ. Обзор/В.Ф. Федоренко, Н.П. Мишуров, Т.Н. Кузьмина, А.И. Тихомиров, С.В. Гуськова, И.Ю. Свинарев, В.А. Бекенёв, Ю.А. Колосов, В.И. Фролова, И.В. Большакова – М.: ФГБНУ «Росинформагротех», 2018. – 72 с.
49. Петров, Г.А. Убойные и мясные качества свиней отечественной и западной селекций / Г.А. Петров, С.А. Грикшас, Г.А. Фуников, Е.В. Казакова // Аграрная наука. - 2009. - №5. - С. 26-27.

50. Погорельский, И.А. Влияние генотипов генов гипофизарного фактора транскрипции (POU1F1) и соматотропина (GH) на мясные и откормочные качества помесных свиней / И.А. Погорельский, Г.Н. Сердюк, Ю.В. Иванов // Генетика и разведение животных. - 2019. - № 4. - С. 49-55.
51. Попков, Н. А. Использование методов молекулярной генной диагностики для повышения откормочных и мясных качеств свиней белорусской крупной белой породы / Н. А. Попков, И.П. Шейко, Н.А. Лобан, О.Я. Василюк // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. (Серыя аграрных навук). - 2008. - N 4. - С. 70-74.
52. Развитие свиноводства в Российской Федерации МСХ РФ [Электронный ресурс] / Департамент животноводства и племенного дела - Москва, 2020. - Режим доступа: <https://mcx.gov.ru/upload/iblock/22e/22e03f3b762d95fc0b037b9eeede1198.pdf>
53. Российский рынок свинины - ключевые тенденции в 2020-2021 гг. [Электронный ресурс]: Агровестник / АБ-ЦЕНТР. -2021. – режим доступа: <https://agrovesti.net/lib/industries/beef-cattle/rossijskij-rynok-svininy-klyuchevye-tendentsii-v-2020-2021-gg.html>
54. Святогорова, А.Е. Анализ стада породы дюрок с использованием днк-маркеров / А.Е. Святогорова, О.Л. Третьякова, Н.А. Святогоров // В сборнике: Инновации в производстве продуктов питания: от селекции животных до технологии пищевых производств. материалы международных научно-практических конференций. - 2019. - С. 274-276.
55. Святогорова, А.Е. Влияние генетического полиморфизма гена MC4R на откормочные и мясные качества свиней породы дюрок / А.Е. Святогорова, А.В. Усатов, О.Л. Третьякова, Л.В. Гетманцева // В книге: Актуальные проблемы биологии, нанотехнологий и медицины. Материалы VI Международной научно-практической конференции. - 2015. - С. 105-106.
56. Святогорова, А.Е. Влияние генетического полиморфизма гена POU1F1 на откормочные и мясные качества свиней породы дюрок / А.Е. Святогорова // В книге: Неделя науки 2015. Сборник тезисов. - 2015. - С. 10-13.

57. Святогорова А.Е. Эффективность индексной оценки свиней / А.Е. Святогорова, О.Л. Третьякова, В.С. Солонникова // В сборнике: Современные наукоемкие технологии производства продукции животноводства. Материалы международной научно-практической конференции. пос. Персиановский, - 2022. - С. 34-38.
58. Святогоров, Н.А. Оптимизация племенного отбора по репродуктивным, откормочным и мясным качествам свиней: диссертация на соискание ученой степени кандидата сельскохозяйственных наук (06.02.07) / Святогоров Николай Алексеевич; Донской государственный аграрный университет. - п. Персиановский, 2011
59. Святогоров, Н.А. Оценка мясной продуктивности подсвинков с помощью индексной селекции / Н.А. Святогоров, Н.В. Михайлов, А.Е. Святогорова В. Кривцова // В сборнике: Инновационные пути развития АПК: проблемы и перспективы: материалы международной научно-практической конференции: В 4-х томах, пос. Персиановский, - 2013. - С. 232-235.
60. Семенов, В.В. Эффективность использования генетических маркеров в свиноводстве / В.В. Семенов, И.Г. Рачков, Л.В. Кононова, Л.Н. Чижова, В.Ф. Филенко // Известия Горского государственного аграрного университета. - 2017. - Т. 54. - № 3. - С. 39-45.
61. Сердюк, Г.Н. Полиморфизм гена-рецептора меланокортина MC4R у свиней различных пород / Г.Н. Сердюк // Генетика и разведение животных. - 2018. - № 3. - С. 27-31.
62. Свинарев, И.Ю. Селекционные и технологические аспекты интенсификации свиноводства : специальность 06.02.10 "Частная зоотехния, технология производства продуктов животноводства" : автореферат диссертации на соискание ученой степени доктора сельскохозяйственных наук / Свинарев Иван Юрьевич. – Персиановский, 2014. – 22 с. – EDN ZPNQHN.
63. Серебровский, А.С. Генетический анализ / А.С. Серебровский. - М.: Наука, - 1970. - 342 с.

64. Смарагдов, М.Г. Тотальная геномная селекция с помощью SNP как возможный ускоритель традиционной селекции / М.Г. Смарагдов // Генетика. - 2009. - Т. 45. - С. 725–728.
65. Сулимова, Г.Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения / Г.Е. Сулимова // Усп. соврем.биологии. - 2004. - Т. 124. - С. 260–271.
66. Суслина, Е.Н. Повышение эффективности производства свинины на основе метода гибридизации: автореферат диссертации на соискание ученой степени доктора сельскохозяйственных наук. (06.02.07) / Суслина Елена Николаевна. - п. Лесные Поляны Московской области, 2011 г.
- 67 Тихонов, В.Н. Происхождение генома *Sus scrofa domestica* в процессе микроэволюции при создании новых пород / В.Н. Тихонов, В.Е. Бобович // Сельскохозяйственная биология. - 2007. - Т. 42. - № 2. - С. 1-12.
- 68.Третьякова, О.Л. Анализ показателей продуктивности поголовья свиней породы дюрок / О.Л. Третьякова, А.Е. Святогорова, Н.А. Святогоров, С. Зайцев // В сборнике: Селекция сельскохозяйственных животных и технология производства продукции животноводства. материалы международной научно-практической конференции. - 2016. - С. 210-214.
69. Третьякова О.Л. Генеалогические схемы в информационной системе / О.Л. Третьякова, А.Е. Святогорова, С.С. Соляник // В сборнике: Проблемы современных интеграционных процессов и пути их решения. сборник статей международной научно-практической конференции: в 2 частях. - 2017. - С. 94-96.
70. Третьякова, О.Л. Инновационные технологии в животноводстве, О.Л. Третьякова, А.Ю. Колосов, Г.И. Федин // Вестник аграрной науки Дона. - 2013. - № 2 (22). - С. 87-94.
- 71 Третьякова, О.Л. Оценка продуктивности свиноматок породы дюрок / О.Л. Третьякова, А.Е. Святогорова, С.С. Романцова // В сборнике: Современные наукоемкие технологии производства продукции

- животноводства. Материалы международной научно-практической конференции. пос. Персиановский. - 2022. - С. 53-57.
72. Третьякова, О.Л. Оценка инновационных технологий в свиноводстве / О.Л. Третьякова, И.Ю. Свинарев, Н.А. Святогоров // В сборнике: Селекция и технология производства продукции животноводства: материалы международной научно-практической конференции. пос. Персиановский. - 2021. - С. 98-108.
73. Третьякова, О.Л. Оценка эффективности селекции в свиноводстве по информационно-аналитической системе / О.Л. Третьякова, Н.А. Святогоров, А.Е. Святогорова, М.Ю. Костин // Вестник Науки и Творчества. - 2016. - № 5 (5). - С. 454-465.
74. Третьякова, О.Л. Программы селекции свиней / О.Л. Третьякова, А.И. Клименко, Г.И. Федин // Вестник Калмыцкого университета. - 2014. - № 1 - (21). - С. 22-26.
75. Третьякова, О.Л. Разработка и внедрение эффективных методов и программ селекции свиней / О.Л. Третьякова, Г.И. Федин, Л.В. Гетманцева, В.Н. Приступа, Г.М. Бажов // Аграрный вестник Урала. - 2013. №9. - С.16-20.
76. Третьякова, О.Л. Роль гена-маркера ROU1F1 на племенную ценность свиней / О.Л. Третьякова, Л.В. Гетманцева, М.А. Леонова, А.Е. Святогорова, Н.А. Святогоров // В сборнике: Актуальные проблемы производства свинины: материалы XXIV заседания межвузовского координационного совета по свиноводству. - 2015. - С. 64-68.
77. Третьякова, О.Л. Разработка инновационных технологий повышения продуктивности и качества продукции свиноводства / О.Л. Третьякова, И.Ю. Свинарев, А.Е. Святогорова, В.С. Солонникова, С.С. Романцова, И.А. Морозюк // Отчет о научно-исследовательской работе. - 2020. <https://apknnet.ru/produktsii-svinovodstva/>
78. Третьякова, О.Л. Создание генотипической конструкции линии на основе индексной оценки свиней / О.Л. Третьякова, Л.В. Гетманцева, А.Е.

- Святогорова, И.Ю. Свинарёв // В сборнике: Современные технологии сельскохозяйственного производства и приоритетные направления развития аграрной науки Материалы международной научно-практической конференции: в 4-х томах. - 2014. - С. 226-230.
79. Тютюникова, А.А. Разработка информационных моделей селекционных признаков, направленных на повышение мясных качеств свиней / А.А. Тютюникова, Ю.В. Сарафанова, А.Е. Святогорова, Н.А. Святогоров, И.В. Засемчук // В сборнике: Инновационные технологии в животноводстве. материалы Межвузовской студенческой научно-практической конференции. - 2015. - С. 220-228.
80. Усатов, А.В., Влияние гена MC4R на репродуктивные качества свиней крупной белой породы / А.В. Усатов, Л.В. Гетманцева, М.А. Леонова // Генетика и селекция на Дону. Ростов – на - Дону: ЮФУ. - 2014. - Вып. 4. - С. 243-252
81. Ухтверов А.М. Откормочные качества зарубежных и отечественных пород свиней в условиях среднего Поволжья [Электронный ресурс]: Федеральный центр сельскохозяйственного консультирования - подразделение ФГБОУ ДПО «Российская академия кадрового обеспечения АПК» / А.М. Ухтверов; Д.Н. Пайков; Д.А. Догадаев. - Режим доступа: http://mcx-consult.ru/otkormochnye_kachestva_zarubezhnyh_
82. Ушачев, И. Концептуальные основы обеспечения продовольственной безопасности России / И. Ушачев, А. Алтухов. — М. 2008. — 176 с.
83. Харзинова, В.Р. Изучение популяционной структуры и генетического разнообразия свиней породы венгерская мангалица на основе анализа микросателлитов / В.Р. Харзинова, О.В. Костюнина, Т.В. Карпушкина, О.А. Быкова, Н.А. Зиновьева // Аграрный вестник Урала. - 2019. - № 7 (186). - С. 77-81.
84. Хлесткина, Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е.К. Хлесткина // Вавиловский журнал генетики и селекции, - 2013, - том 17, - № 4/2. - с.1044-1053.

85. Широкова Н.В. Хозяйственно-биологические особенности и рациональное использование овец разного генетического потенциала в условиях юга России / Широкова Н.В., Сложенкина М.И., Анисимова Е.Ю., Горлов И.Ф // монография. Волгоград, 2021.- 87 с.
86. Чижова, Л.Н. Скрининг генетических маркеров в селекции свиней / Л.Н. Чижова, Л.В. Кононова, В.В. Семенов, И.Г. Рачков, В.Ф. Филенко // В сборнике: Инновационные технологии в сельском хозяйстве, ветеринарии и пищевой промышленности. Сборник научных статей по материалам 82-й Международной научно-практической конференции. - 2017. - С. 386-391.
87. Шарнин, В.Н. Проблемы отечественной селекции свиней / В.Н. Шарнин, Ю.П. Садовников, Н.В. Михайлов // Свиноводство. - 2012. - №6. - С. 11-13.
88. Шеппард Ф.М. Естественный отбор и наследуемость. Пер. с англ. Изд. М.Д. Голубовского и В.А. Поспелова под ред. и с предисл. Чл.-корр. АН СССР Д.К. Беляева. М., «Просвещение», - 1970. – 216 с
89. Шталь В. Популяционная генетика для животноводов-селекционеров / В. Шталь, Д. Раш, Р. Шиллер, Я. Вахал // Перевод с немецкого И.А. Гинзбург под редакцией и предисловием З.С. Никоро, Э.Х. Гинзбурга. М. «Колос». - 1973. – с.387-391
90. Эрнст, Л.К. Биологические проблемы животноводства в XXI веке / Л. К. Эрнст, Н. А. Зиновьева. – М.: РАСХН, - 2008 – С. 279-280.
91. Эрнст Л.К. Племенное дело в животноводстве/ Л.К. Эрнст, Н.А. Кравченко, А.П. Солдатов, В.А. Коваленко, Д.Т. Винничук, Е.А. Найденко. – М.: Агропромиздат, - 1987. – 287 с.
92. Яцык О.А. Взаимосвязь полиморфизма гена *MYOD1* с показателями мясной продуктивности у овец ставропольской породы /Телегина Е.Ю., Криворучко А.Ю., Яцык О.А.// Аграрный научный журнал. 2018. № 6. С. 21-25.93.
93. Belous A.A., Sermyagin A.A., Zinovieva N.A. Genome-wide association study of feed efficiency in russian duroc boars // Journal of Animal Science. 2021. Т. 99. № S3. С. 247.

94. Bižienė R. Effects of single nucleotide polymorphism markers on the carcass and fattening traits in different pig populations / R. Bižienė, K. Morkūnienė, R. Mišeikienė, N. Pečiulaitienė, N. Makštutienė and E. Šlyžius // *Journal of Animal and Feed Sciences*. — 2018. — Vol. 27. — P. 255–262
95. Brunsch C., Sternstein I., Reinecke P. & Bieniek J. Analysis of associations of PIT1 genotypes with growth, meat quality and carcass composition traits in pigs // *J. Appl. Genet.* - 2002. - N.43. - P.85–91.
96. Хапилина О.Н., Райзер О.Б. Молекулярно-генетическая идентификация сортов мягкой пшеницы с использованием ретротранспозонов. *Биотехнология. Теория и практика*. 2013, №4, с. 29-35.
97. Chen M., Wang A., Fu J., Llin. Different allele frequencies of MC4R gene variants in Chinese pig breeds // *ARCHIV FUR TIERZUCHT*. – 2004. – T. 47. – №. 5. – С. 463-468.
98. Friedman J., Halaas J. Leptin and the regulation of body weight in mammals // *Nature*. - 1998. - Vol.395. - P.763-770.
99. Fruhbeck G., Jebb S.A., Prentice A.M. Leptin: physiology and pathophysiology // *Clin Physiol*. - 1998. - N.18. - P.399–419.
100. Gantz I., Miwa H., Konda Y., Shimoto Y., Tashiro T., Watson S.J., DelValle J., Yamada T. Molecular cloning, expression, and gene localization of a fourth melanocortin receptor // *J. Biol. Chem.* – 1993. – 268, № 20. – P. 15174–15179.
101. G. Muñoz, E. Alcázar, A. Fernández, C. Barragán, A. Carrasco, E. de Pedro, L. Silió, J.L. Sánchez, M. C. Rodríguez Effects of porcine MC4R and LEPR polymorphisms, gender and Duroc sire line on economic traits in Duroc×Iberian crossbred pigs // *Meat Science* Volume 88, Issue 1, May 2011, Pages 169-173
102. Ingraham H.A., Flynn S.E., Voss J.W., Albert V.R., Kapiloff M.S., Wilson L., Rosenfeld M.G. A family of POU-domain and PIT1 tissue specific transcription factors in pituitary and neuroendocrine development. // *Ann. Rev. Physiol.* – 1990. - 52: 773-791.
103. Ingraham H.A., Flynn S.E., Voss J.W., Albert V.R., Kapiloff M.S., Wilson L., Rosenfeld M.G. (1990). The POU-specific domain of PIT1 is essential for

- sequence-specific, high affinity DNA binding and DNA-dependent PIT1-PIT1 interactions. *Cell* 61: 1021-1033.
104. Karagodina N., Kolosov Y., Bakoev S., Kolosov A., Leonova M., Shirokova N., Svyatogorova A., Getmantseva L., Usatov A. Influence of various biostimulants on the biochemical and hematological parameters in porcine blood plasma. // *World Applied Sciences Journal*. – 2014. – T. 30.- № 6. – C. 723-726.
105. Keen-Rhinehart, E., Kalra S. P., 2004, Leptin-receptor gene transfer into the arcuate nucleus of female fatty Zucker rats using recombinant adeno-associated viral vectors stimulates the hypothalamo-pituitary-gonadal axis, *BiolReprod*, 71, 266-272
106. Kim K.S., Larsen N.J., Rothschild M.F. Rapid communication: Linkage and physical mapping of the porcine melanocortin4 receptor (MC4R) gene // *J. Anim. Sci.* – 2000. – 78. – P. 791–792.
107. Kim K.S., Larsen N., Short T., Plastow G., Rothschild M. F. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits // *Mammalian Genome*. – 2000. – T. 11. – № 2. – C. 131-135.
108. Kim K.S., Lee J.J., Shin H.Y. et al. Association of melanocortin 4 receptor (MC4R) and high mobility group AT-hook 1 (HMGA1) polymorphisms with pig growth and fat deposition traits // *Anim. Genet.* – 2006. – 37. – P. 419–421.
109. Klimenko A., Getmantseva L., Kolosov Y., Tretyakova O., Bakoev S., Usatov A., Kostjunina O., Zinovieva N. Effects of melanocortin-4 receptor gene on growth and meat traits in pigs raised in Russia. *American Journal of Agricultural and Biological Science*. 2014. T. 9. № 2. C. 232-237.
110. Konzak K.E., Moore D Functional isoforms of Pit-1 generated by alternative messenger RNA splicing // *Mol. Endocrinol.* 1992. V. 6. P. 241-247.
111. Kostyunina, O.V. The association of igf2 with productive traits of pigs of large white breed in the aspect of sexual differentiation O.V. Kostyunina, S.S. Kramarenko, N.A. Svezhentseva, E.I. Sizareva, N.A. Zinovieva // *Agricultural Biology*. 2015. T. 50. № 6. C. 736-745.

112. Kováčik A., Bulla, J., Trakovická, A., Lieskovská, Z., & Žitný, J. Effects of the Porcine LEPR Polymorphism (HpaII) on Carcass Traits in Large White × Landrace Crossbred Pigs // Scientific Papers Animal Science and Biotechnologies. – 2011. – T. 44. – №. 1. – C. 260-262.
113. Kováčik A., Trakovická, A., Bulla, J., Bobček, B., & Rafayová, A. Effects of genotypes lepr and mc4r on pigs production // Scientific Papers Animal Science and Biotechnologies. – 2009. – T. 42. – №. 2. – C. 397-401.
114. Kurył J., Kapelański W., Pierzchała M., Bocian M., Grajewska S. A relationship between genotypes at the GH and LEP loci and carcass meat and fat deposition in pigs // Anim. Sci. Pap. Rep.- 2003.- N.21.- P.15–20.
115. K. Van den Maagdenberg, A. Stinckens, E. Claeys, M. Seynaeve, A. Clinquart, M. Georges, N. Buys, De Smet The Asp298Asn missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene can be used to affect growth and carcass traits without an effect on meat quality // Animal Volume 1, Issue 8, 2007, Pages 1089-1098
116. Li S., Crenshaw III E.B., Rawson E.J. et al Dwarf locus mutants lacking three pituitary cell types result from mutations in the POU-domain gene Pit-1 // Nature. 1990. V. 347. P. 528-534.
117. Mangalam H.J., Albert V.A., Ingraham H.A., Kapiloff M., Wilson L., Nelson C., Elsholtz H., Rosenfeld M.G. (1989). A pituitary POU domain protein, PIT1, activates both growth hormone and prolactin promoters transcriptionally. Genes & Dev. 3: 946-958.
118. Mariusz Pierzchała, Tadeusz Blicharski, Jolanta Kurył Growth rate and carcass quality in pigs as related to genotype at loci POU1F1/RsaI and GHRH/AluI Animal Science Papers and Reports vol. 21 (2003) no. 3, 159-166.
119. Markin N.V., Usatov A.V., Vasilenko V.N., Klimenko A.I. e a. SSR Analysis of Maternal and Paternal Lines Selected in the Don Region (Russia). American Journal of Agricultural and Biological Science. 2016. Vol. 11. no. 1. pp. 13-18.

120. Marsh D.J., Hollopeter G., Huszar D., Laufer R., Yagaloff K.A. et al. Response of melanocortin-4 receptor-deficient mice to anorectic and orexigenic peptides // *Nat Genet.*- 1999.- N.21.- P.119–122.
121. Maurício M. Franco, Robson C. Antunes, Heyder D. Silva, Luiz R. Goulart Association of PIT1, GH and GHRH polymorphisms with performance and carcass traits in Landrace pigs *J Appl. Genet* 46(2), 2005, pp. 195-200.
122. Melnikova E., Kabanov A., Nikitin S., Somova M., Kharitonov S., Otradnov P., Kostyunina O., Karpushkina T., Sermyagin A., Zinovieva N., Martynova E. Application of genomic data for reliability improvement of pig breeding value estimates // *Animals*. 2021. T. 11. № 6.
123. Mikhailov, N.V., Getmantseva L.V., Usatov A.V., Bakoev S.Yu. Associations between PRLR/AluI Gene Polymorphism with Reproductive, Growth and Meat Traits in Pigs. *Cytology and Genetics*, 2014. vol.48, №5, pp.323-326
124. Moore G., Devos K.M., Wang Z., Gale M.D. Grasses, line up and form a circle // *Curr. Biol*. 1995. V. 5. P. 737–739.
125. Moose S.P., Mumm R.H. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement // *Plant Physiol*. 2008. V. 147. P. 969–977.
126. Neuenschwander S., Rettenberger G., Meijerink E., JRG H., Stranzinger G. Partial Characterization of obesity gene (OBS) and its localization to chromosome 18 by somatic cell hybrids // *Anim. Genet.*- 1996.- N.27.- P.275–278.
127. Óvilo C, Oliver, A., Noguera, J. L., Clop, A., Barragán, C., Varona, L., Test for positional candidate genes for body composition on pig chromosome 6 // *Genetics Selection Evolution*. – 2002. – T. 34. – №. 4. – C. 465-480.
128. Park, H.B., Carlborg O., Marklund L., Andersson L. Melanocortin-4 receptor (MC4R) genotypes have no major effect on fatness in a Large White 3 Wild Boar intercross // *Animal Genetics*. – 2002. – 33. – 155–157.
- 129 Radovick S., Nations M., DU Y., Berg L.A., Weintraub D.B., Wondisford F.E. (1992). A mutation in POU-homeodomain of PIT1 responsible for combined pituitary hormone deficiency. *Science (Washington DC)* 257: 1115-1118.

130. Seeley R.J., Yagaloff K.A., Fisher S.L., Burn P., Thiele T.E. et al. Melanocortin receptors in leptin effects // *Nature*.- 1997.- N.390.- P.349.
131. Silveira AC, Braga TF, Almeida JF, Antunes RC, Freitas PF, Cesar AS, Guimarães EC PIT1 gene polymorphism in Pietrain and Large White pigs after divergent selection.. *Genet Mol Res*. 2009 Aug 18;8(3):1008-12. doi: 10.4238/vol8-3gmr609.
132. Song, C., Gao, B., Teng, Y., Wang, X., Wang, Z., Li, Q., ... & Mao, J. (2005). MspI polymorphisms in the 3rd intron of the swine POU1F1 gene and their associations with growth performance. *Journal of applied genetics*, 46(3), 285.
133. Stancekova K., Vasicek D., Peskovicova D., Bulla J., Kubek A. Effect of genetic variability of the porcine pituitary-specific transcription factor (PIT-1) on carcass traits in pigs // *Anim. Genet.*- 1999.- N.30(4).- P.313-315.
134. Steinfelder H.J., Radovick S., Wondisford F.E. (1992). Hormonal regulation of the thyrotropin -subunit gene phosphorylation of the pituitary-specific transcription factor PIT1 *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 89: 5942-5945.
135. Tanksley S.D. Molecular markers in plant breeding // *Plant Mol. Biol. Rep.* 1983. V. 1. P. 3–8.
136. Tanksley S.D., Nelson J.C. Advanced backcross QTS analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTSs from unadaptedgermplasm into elite breeding lines // *Theor. Appl. Genet.* 1996. V. 92. P. 191–203.
137. Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers // *Nucl. Acids Res.* 1989. V. 17. P. 6463–6471.
138. Usatov A.V., Azarin K.V., Markin N.V., Tikhobaeva V.E., Usatova O.A., Makarenko M., Klimenko A.I., Kolosov Y.A., Bakoev S., Getmantseva L., Gorbachenko O.F. The relationship between heterosis and genetic distances based on SSR markers in *helianthus annuus* // *American Journal of Agricultural and Biological Science*. 2014. T. 9. № 3.C. 270-276.
139. Van Den Maagdenberg K., Stinckens A., Claeys E., Seynaeve M., ClinquartA., Georges M., Buys N., De Smet S., 2007 – The Asp298Asn

- missense mutation in the melanocortin-4 receptor (MC4R) gene can be used to affect growth and carcass traits without an effect on meat quality. *Animal* 1:8, 1089-1098.
140. Wikberg J.E.C. Melanocortin receptors: perspectives for novel drugs // *Eur. J. Pharm.* – 1999. – 375, № 1/3. – P. 295–310.
141. Wikberg J.E.C., Muceniece R., Mandrika I., Prusis P., Lindblom J., Post C., Skottner A. New aspects on the melanocortins and their receptors // *Pharm. Res.* – 2000. – 42, № 5. – P. 393–420.
142. Wollard J., Schmitz C.B., Freeman A.E., Tuggle C.K. Communication HinFI polymorphism at the bovine PIT1 locus // *J. Anim. Sci.* 1994. V. 72. P. 3267.
143. Yu T.P. et al. Mapping genes for fatness and growth on pig chromosome 13: a search in the region close to the pig PIT1 gene // *Journal of Animal Breeding and Genetics.* – 1999. – T. 116. – №. 4. – C. 269-280.
144. Yu T.P., Rothschild M.F., Tuggle C.K. (1993). AMspI restriction fragment length polymorphism at swine PIT1 gene. *J. Anim. Sci.* 71: 2275.
145. Yu T.P., Rothschild M.F., Tuggle C.K., Haley C., Archibald A., Marklund L., Andersson L. (1996). PIT1 genotypes are associated with birth weight in three unrelated pig resource families. *J. Anim. Sci.* 74 (Suppl.1): 122.
146. Yu T.P., Schmitz C.B., Rothschild M.F., Tuggle C.K. (1994). Expression pattern, genomic cloning and RFLP analyses of the swine PIT1 gene. *Anim. Genet.* 25: 229-233.
147. Yu T.P., Tuggle C.K., Schmitz C.B., Rothschild M.F.. Associations of PIT1 polymorphisms with growth and carcass traits in pigs // *J. Anim. Sci.*- 1995.- №73.- P.1282–1288.
148. Yu T.P., Wang L, Tuggle C.K., Rothschild M.F. (1999). Mapping genes for fatness and growth on pig chromosome 13: a search in the region close to the pig PIT1 gene. *J. Anim. Breed. Genet.* 116: 269-280.
149. Zhao Q., Davis M.E., Hines H.C. Associations of polymorphisms in the Pit-1 gene with growth and carcass traits in Angus beef cattle // *J. Anim. Sci.* 2004. V. 82. P. 2229-2233.

ПРИЛОЖЕНИЯ

СОКРАЩЕНИЯ И ОБОЗНАЧЕНИЯ

Картирование гена – определение группы сцепления и положения картируемого гена относительно других генов и маркеров данной хромосомы.

QTL (quantitative trait locus) – локус, связанный с определением количественного признака.

Taq ДНК-полимераза – ДНК-зависимая-ДНК-полимераза бактерии *Thermusaquaticus*

ОПМ – отбор с помощью маркеров (MAS – marker-assisted selection).

Геномная селекция (genomic selection). Метод современной селекции животных, позволяющий при использовании равномерно распределенных по геному ДНК - маркеров проводить отбор по генотипу в отсутствие данных о генах, влияющих на признак.



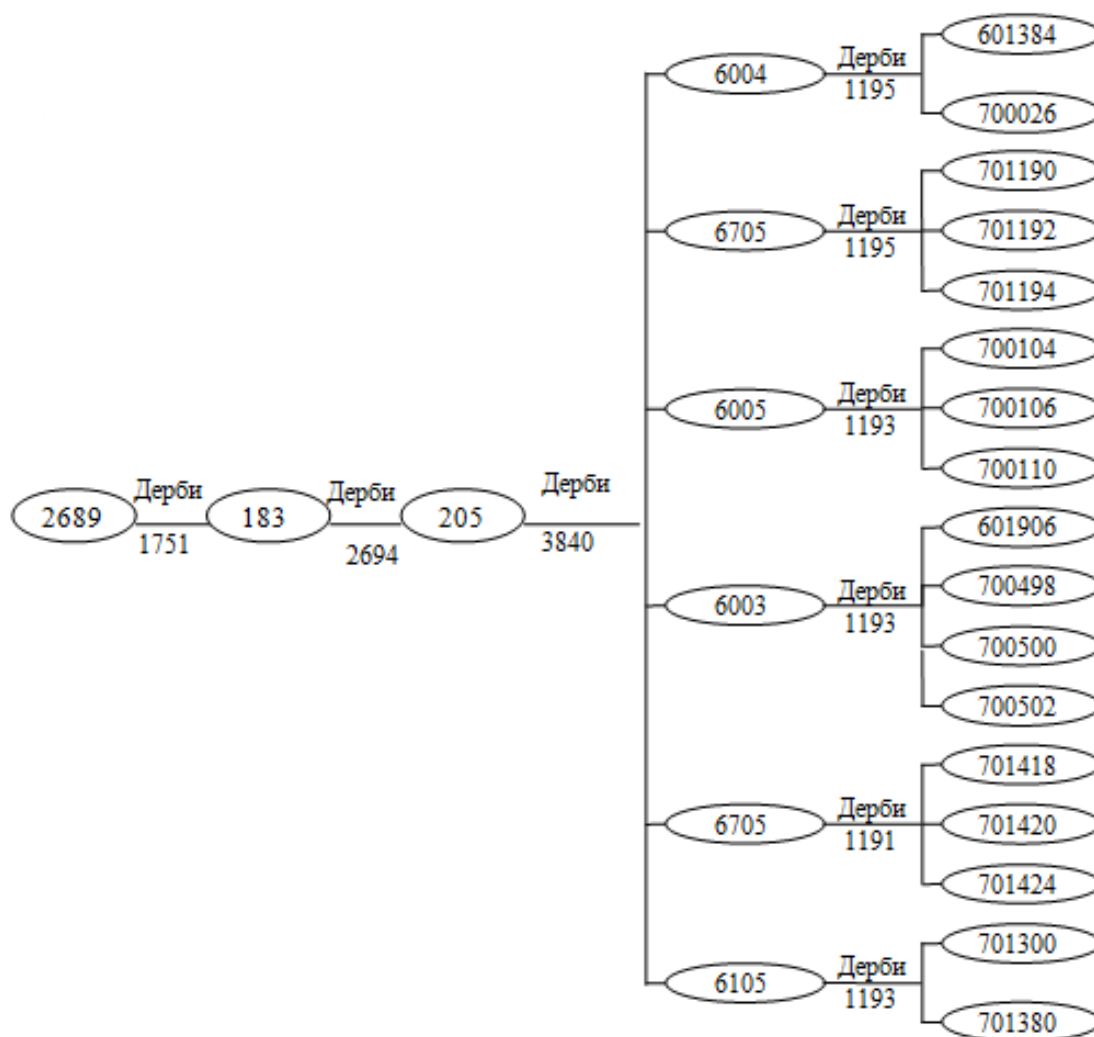
Схема ДНК-генотипирования животных породы дюрок

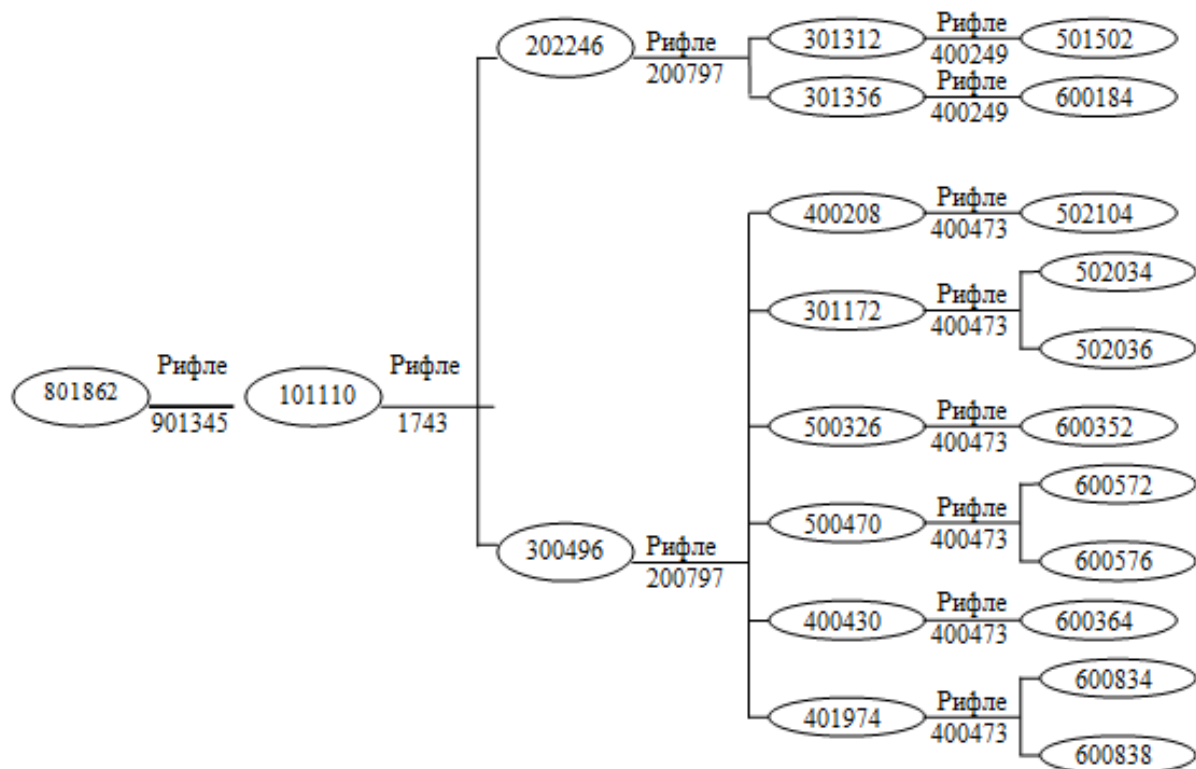
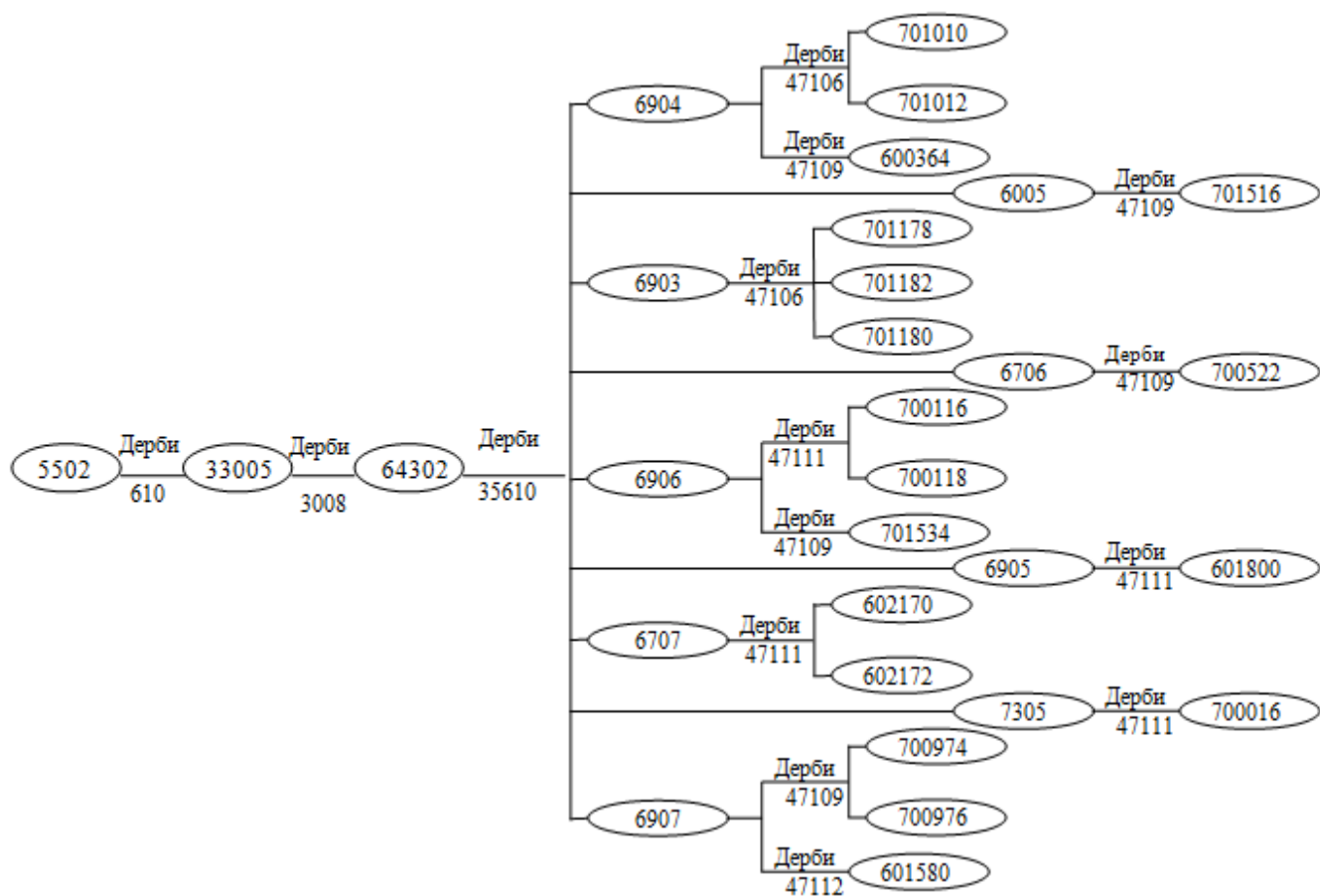
Родители ♂ 7 гол. ♀ 15 гол. 5 ряд генеалогической схемы								
частичное генотипирование								
5 ряд генеалогической схемы								
Гены								
LIF			PRLR		FSH			
LIF			FSH					
Установление связи генов-маркеров с воспроизводительными качествами					Установление связи генов-маркеров с показателями откормочных и мясных качеств			
Проверено голов					Проверено голов			
Результаты внесены на генеалогические схемы. Проведена корректировка плана подбора пар с учётом информации о генотипировании хряков и свиноматок								
	1 ветвь		2 ветвь		3 ветвь		4 ветвь	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
Всего животных	10	16	10	14	7	17	14	22
В том числе живых 2014 г. рождения	2	10	1	4	1	2	1	5
Необходимо взять пробы от 57 гол.								
6 ряд генеалогической схемы								
Проведено генотипирование 25 голов (убой 2015 г.)								
Проводить взятие проб для генотипирования животных в возрасте (случка, период полового использования) по ветвям линии от генотипированных родителей в среднем по 20 голов (♂- 6 гол., ♀ - 14 гол.) Январь-март 2016 г.								
от генотипированных родителей	1 ветвь		2 ветвь		3 ветвь		4 ветвь	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
	6	14	6	14	6	14	6	14
7 ряд генеалогической схемы								
от генотипированных родителей	1 ветвь		2 ветвь		3 ветвь		4 ветвь	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
	6	14	6	14	6	14	6	14
В 8-м и каждом последующем ряду генеалогической схемы								
от генотипированных родителей	1 ветвь		2 ветвь		3 ветвь		4 ветвь	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
	прогнозирование по ДНК-маркерам при первом отборе ремонтного молодняка							

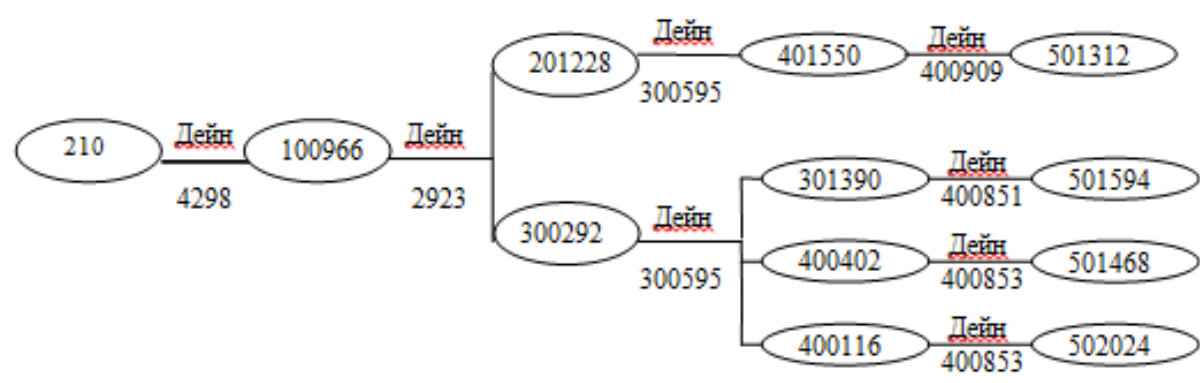
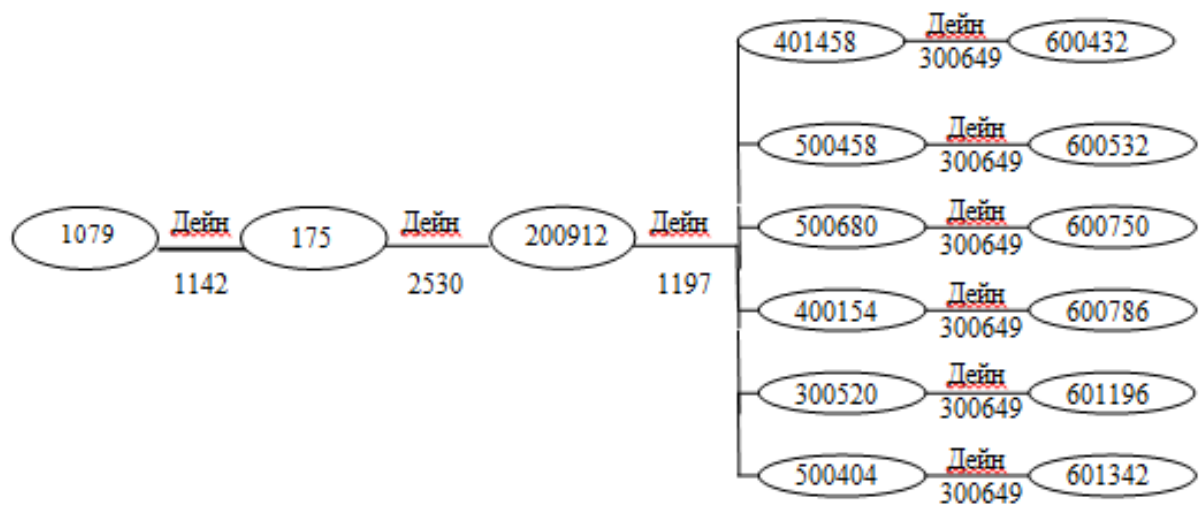
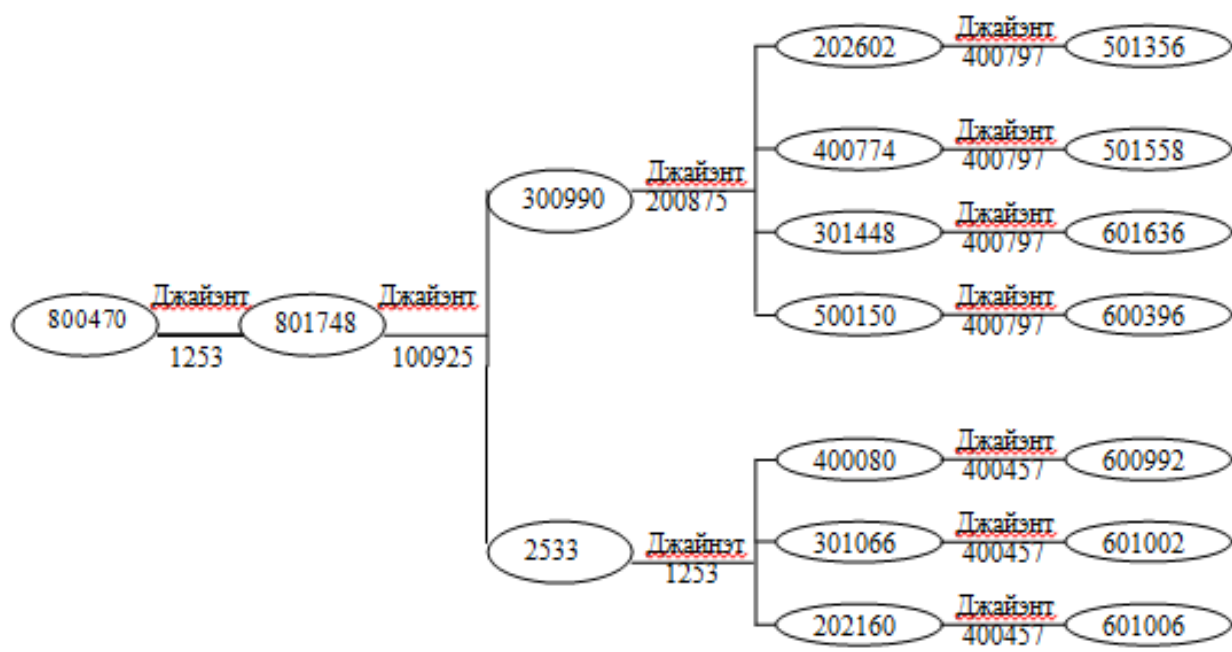
ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИЕ СХЕМЫ СВИНЕЙ ПОРОДЫ ДЮРОК

Структура стада свиней породы дюрок (2008 г.)

Генеалогические линии	Кол-во голов	Генеалогические семейства	Кол-во голов
Дерби	8	Донны	24
Рефле	3	Мика	19
Джайнэт	3	Юмба	18
Дейн	4	Лада	24
		Теста	24
Всего	18		109



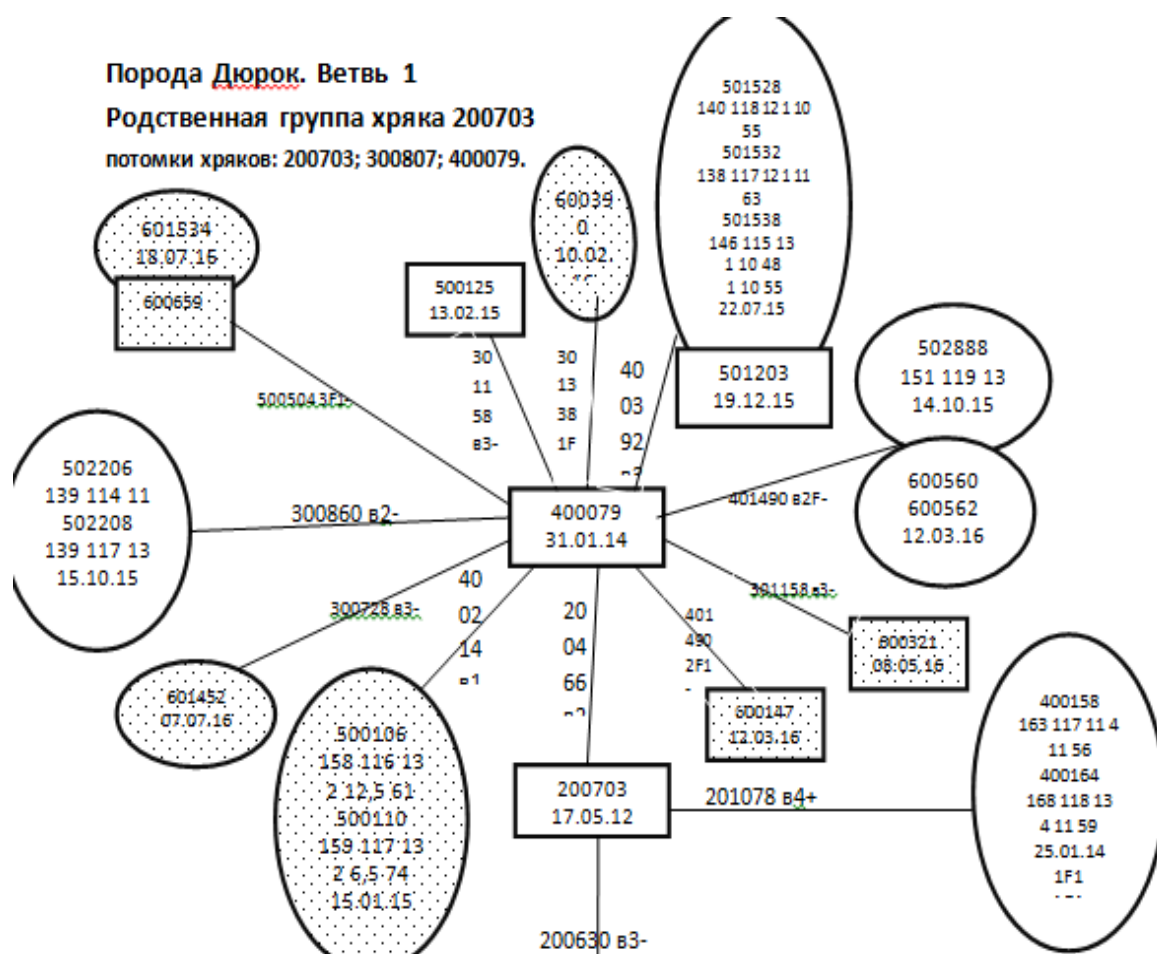




ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИЕ СХЕМЫ СВИНЕЙ ПОРОДЫ ДЮРОК (2013 г.)

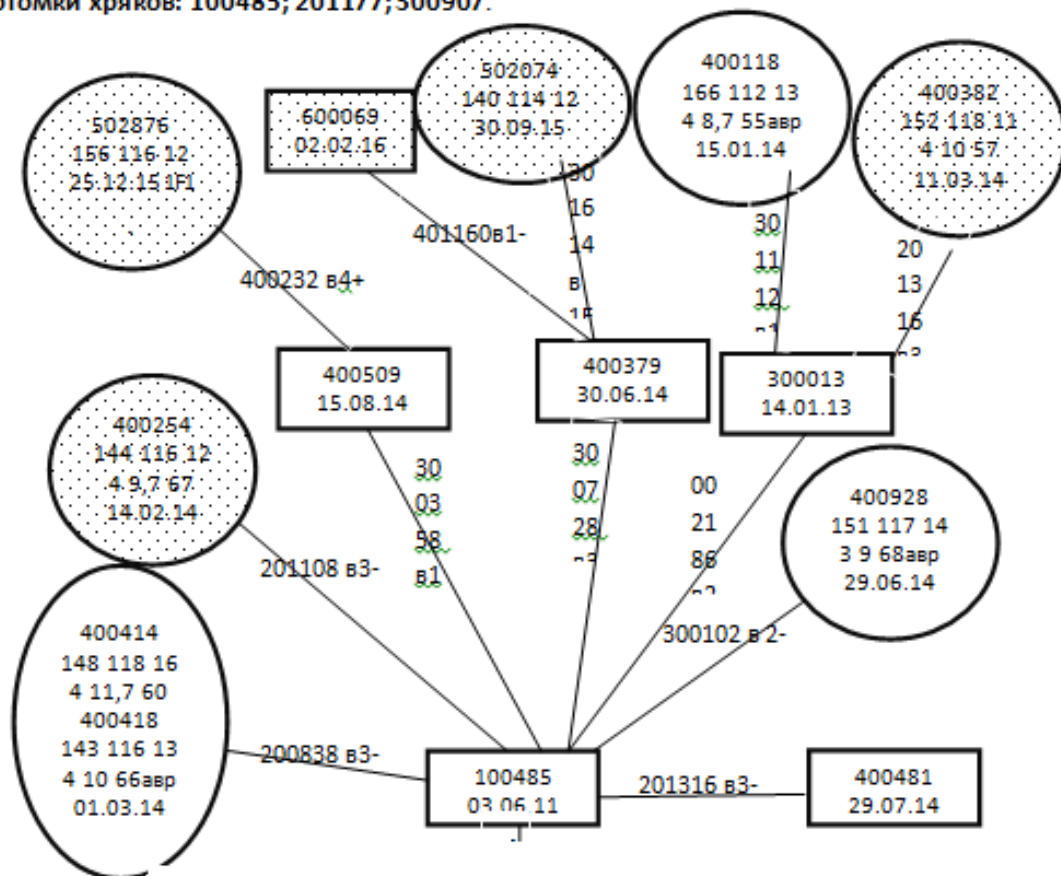
Расположение животных в схемах.

№ ветки	Свиноматки, ремонтные свинки, всего	Хряки, ремонтные хрячки, всего	В том числе Хряки живые, всего*
Первая, голов	69	32	5
Вторая, голов	107	40	18
Третья, голов	90	26	10
Четвертая, голов	109	43	11
Всего, голов	375	141	44



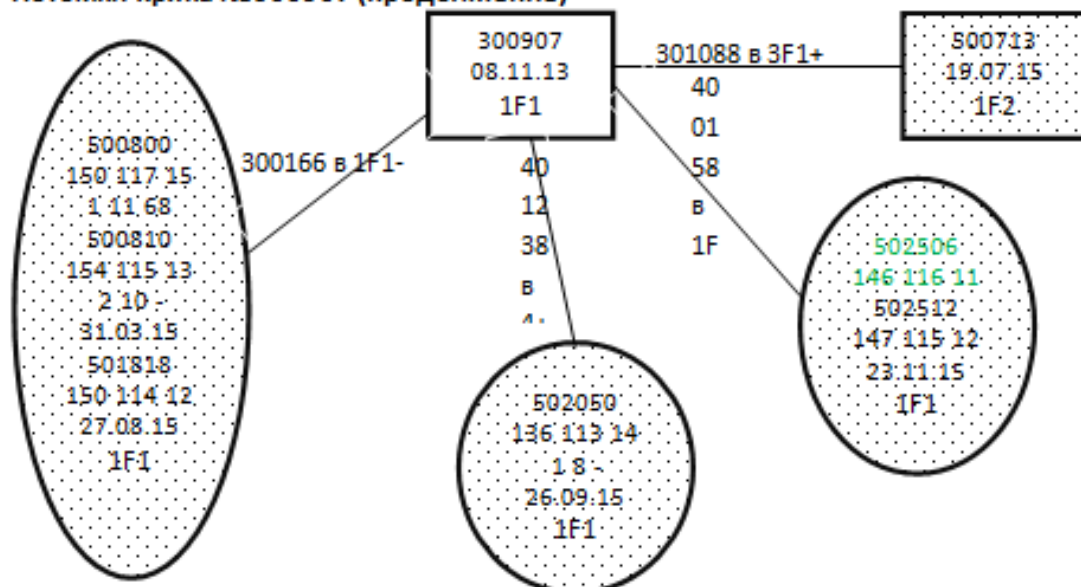
Порода Дюрок. Ветвь 1 Родственная группа хряка №100485.

Потомки хряков: 100485; 201177; 300907.



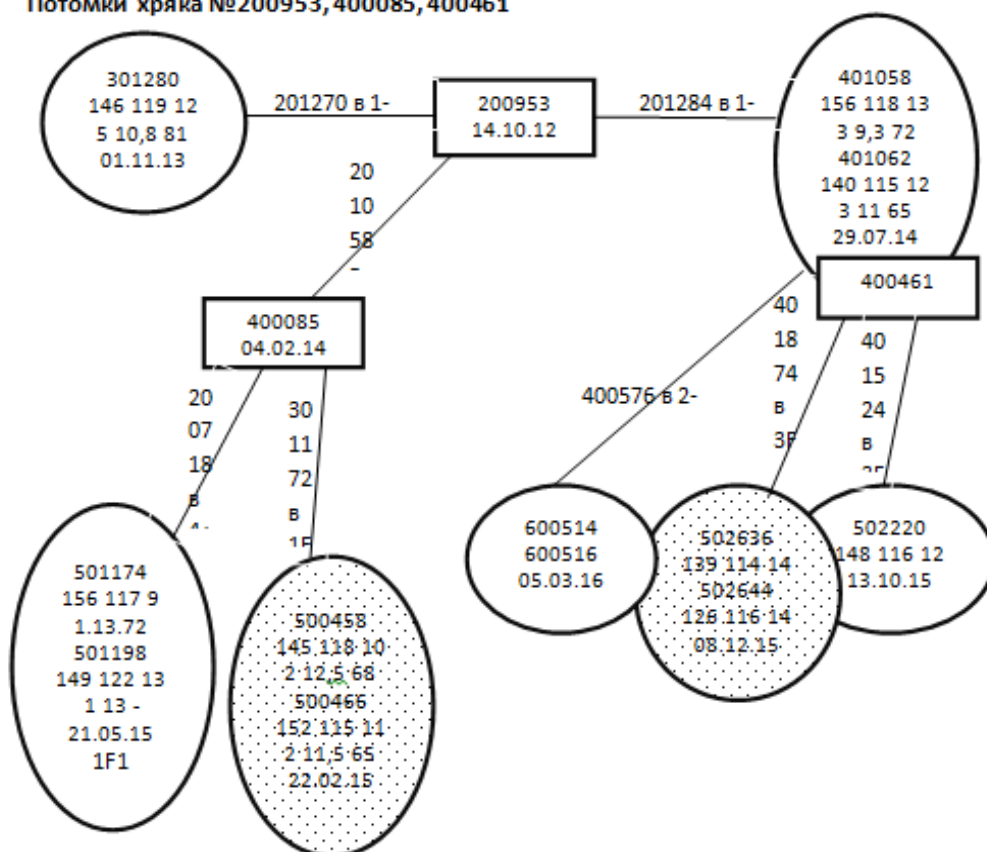
Порода Дюрок. Ветка 1.Родственная группа Хряка №100485.

Потомки хряка №300907 (продолжение)



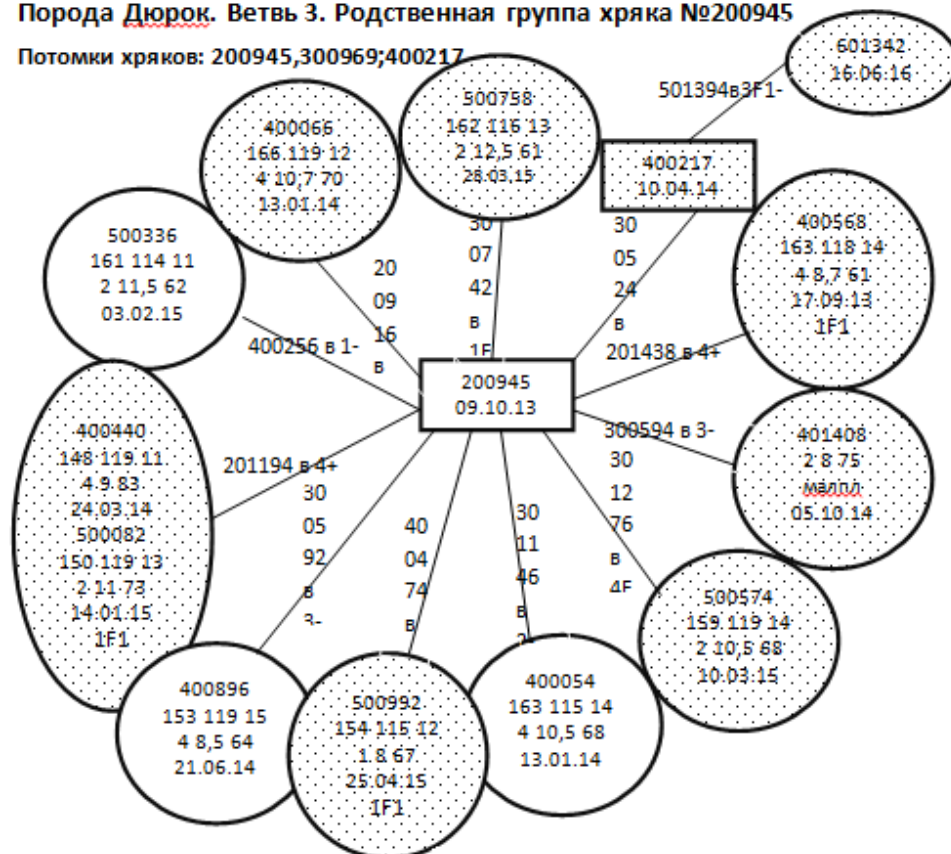
Порода Дюрок. Ветка 2. Родственная группа Хряка №200953.

Потомки хряка №200953, 400085, 400461



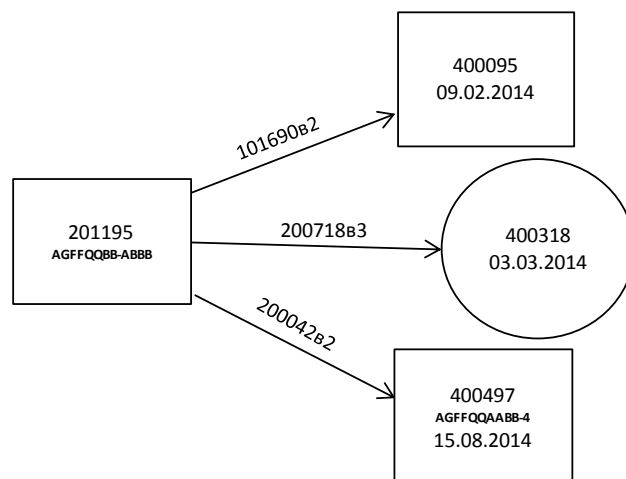
Порода Дюрок. Ветка 3. Родственная группа хряка №200945

Потомки хряков: 200945, 300969; 400217



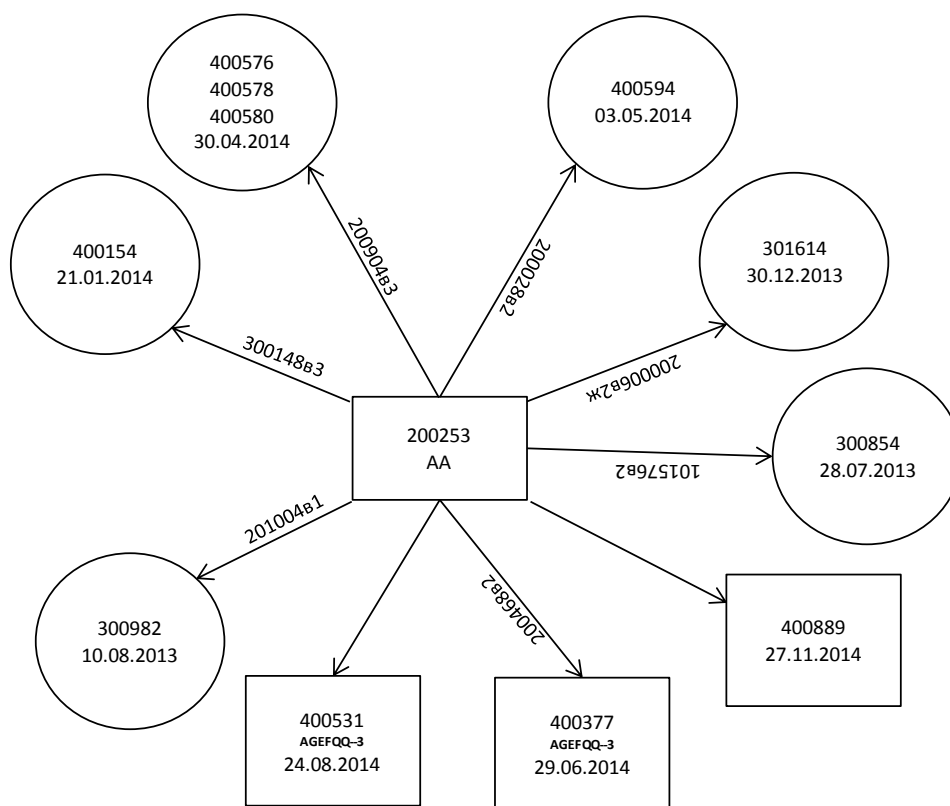
Анализ родословных и проведение генотипирования поголовья свиней породы дюрок по состоянию на 05.06.2015 г.

Потомки хряка 201195 (ветвь 3)



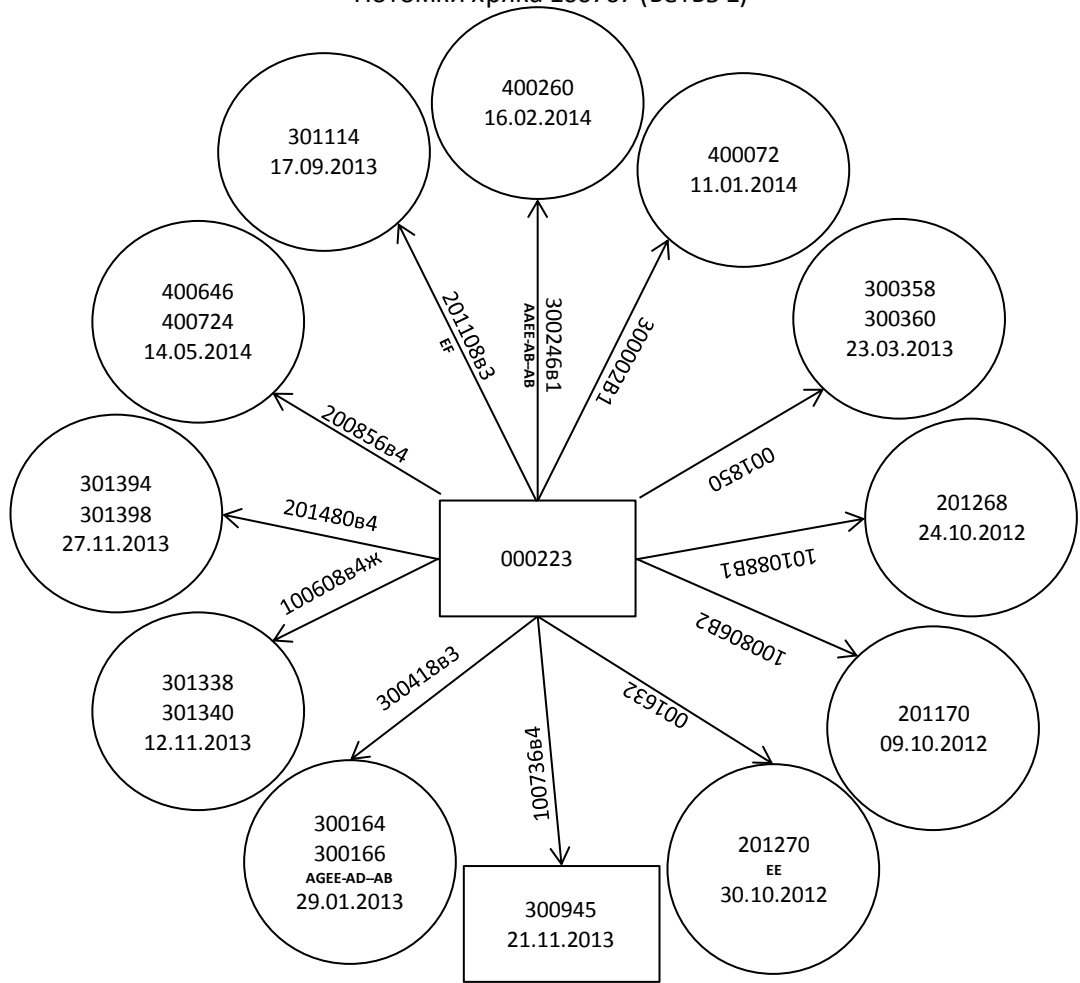
Анализ родословной взрослого поголовья свиней породы дюрок
 Всего получено потомков 3 гол, из них по плану закрепления 2 гол (67%)
 Прогенотипировано 2 гол

Потомки хряка 200253 (ветвь 2)



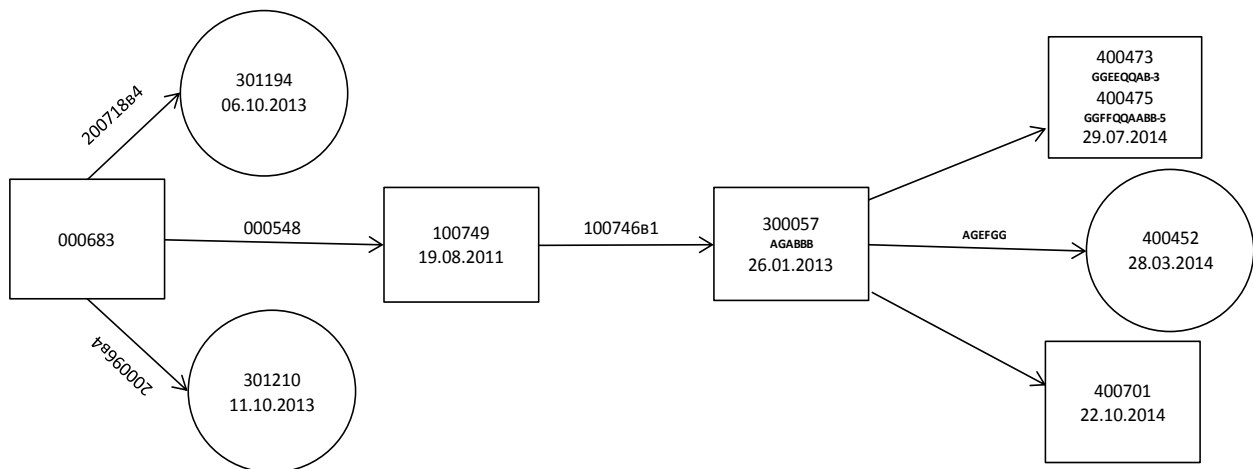
Анализ родословной взрослого поголовья свиней породы дюрок
 Всего получено потомков 11 гол, из них по плану закрепления 1 гол (9%)
 Прогенотипировано 3 гол

Потомки хряка 100767 (ветвь 1)



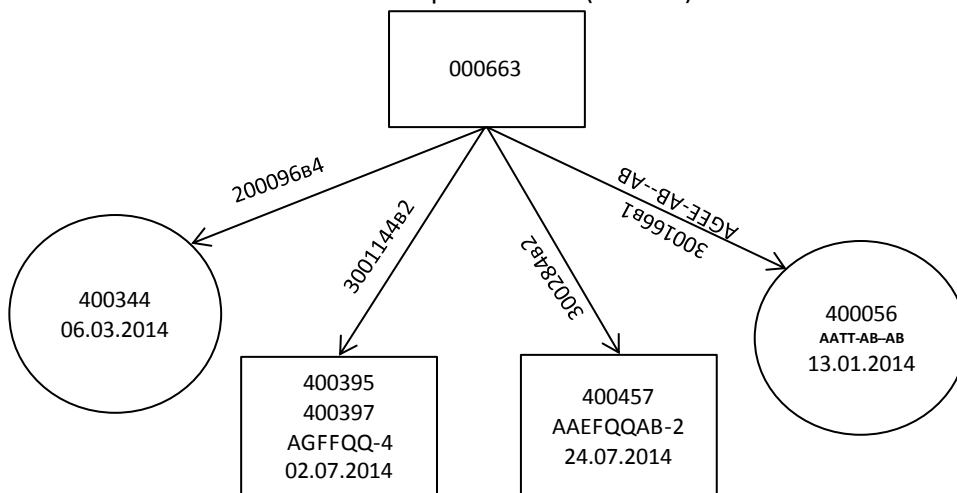
Анализ родословной взрослого поголовья свиней породы дюрок
 Всего получено потомков 17 гол, из них по плану закрепления 9 гол (53%)
 Прогенотипировано 4 гол

Потомки хряка 000683 (ветвь 3)



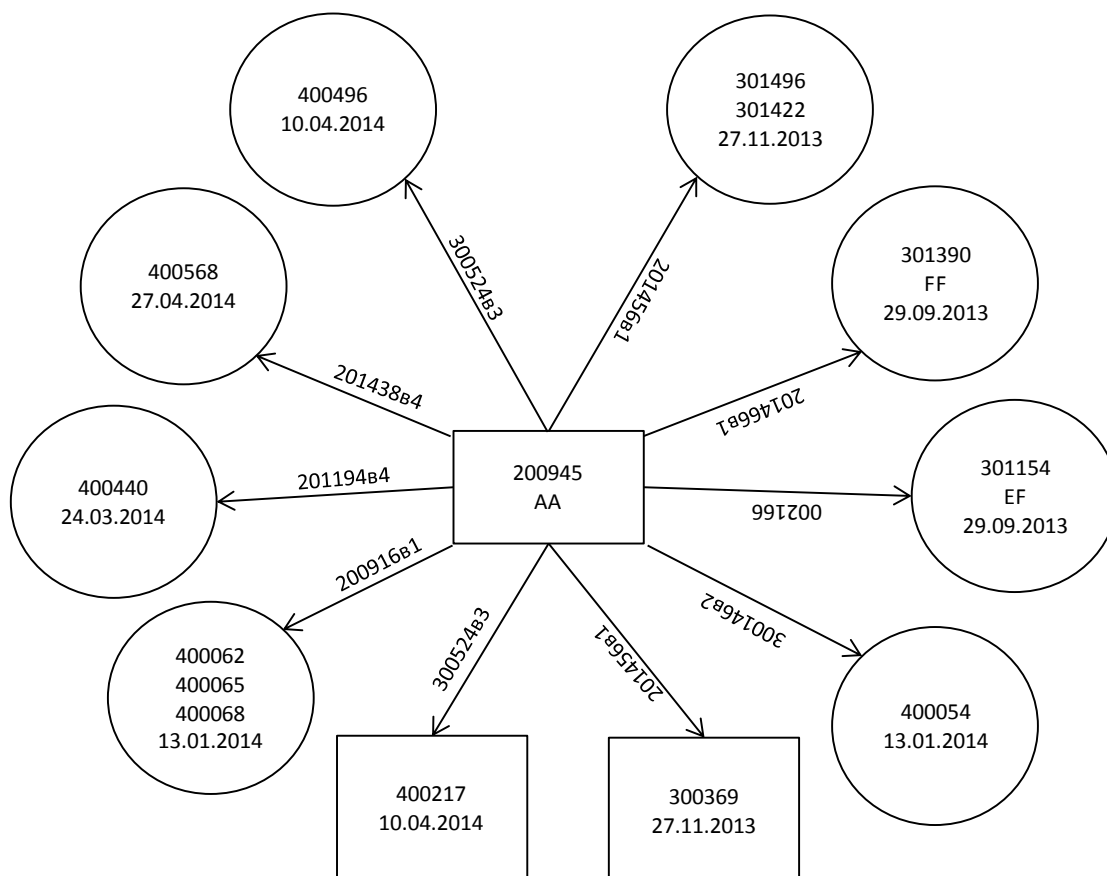
Анализ родословной взрослого поголовья свиней породы дюрок
 Всего получено потомков 8 гол, из них по плану закрепления 0 гол (0%)
 Прогенотипировано 3 гол

Потомки хряка 000663 (ветвь 3)



Анализ родословной взрослого поголовья свиней породы дюрок
 Всего получено потомков 5 гол, из них по плану закрепления 3 гол (60%)
 Прогенотипировано 5 гол

Потомки хряка 200945 (ветвь 1)



Анализ родословной взрослого поголовья свиней породы дюрок
 Всего получено потомков 13 гол, из них по плану закрепления 2 гол (15%)
 Прогенотипировано 3 гол

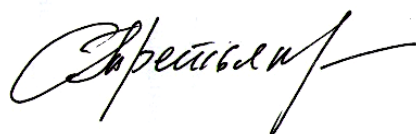


Целевые стандарты по породе Дюрок

Целевые стандарты для репродуктивных качеств свиноматок					
Признаки		факт показ. на 10.10.15	Уровень через 3 года	целевой стандарт 5-6 лет	целевой стандарт 9-10 лет
Конституция	крепкая		крепкая	крепкая	крепкая
Количество сосков		7/7	7/8	7/8	8/8
Многоплодие	голов	9,5	10,04	10,58	11,12
Молочность	кг	65,3	73,45	81,60	89,74
Количество в 28 дней	голов	10,3	10,38	10,47	10,55
Масса гнезда в 28 дней	кг	81	94,86	108,72	122,58
Целевые стандарты для репродуктивных качеств хряков-производителей					
конституция	крепкая		крепкая	крепкая	крепкая
количество сосков		7/7	7/8	7/8	8/8
Многоплодие	голов	9,5	9,68	9,86	10,04
Молочность	кг	64,1	70,12	76,14	82,15
Количество в 28 дней	голов	10	10,42	10,84	11,26
Масса гнезда в 28 дней	кг	83	93,20	103,40	113,60
процент оплодотворяемости	%	94,3	95,35	96,4	96,8
среднесуточный прирост поросят	г	241	285,25	329,50	373,75
Целевые стандарты для ремонтных хрячков (контрольное выращивание)					
Признаки		факт показ. на 10.10.15	Уровень через 3 года	целевой стандарт 5-6 лет	целевой стандарт 9-10 лет
конституция	крепкая		крепкая	крепкая	крепкая
количество сосков		7/7	7/8	8/8	8/8
скороспелость	дней	146	140,96	135,92	130,88
среднесуточный прирост	г.	924	1045,68	1167,36	1289,04
затраты корма	к.ед	2,6	2,49	2,38	2,28
длина туловища	см	117	120	123,00	126,00
толщина шпика	мм	12	10,2	8,40	6,60

Целевые стандарты для ремонтных свинок (контрольное выращивание)					
конституция	крепкая		крепкая	крепкая	крепкая
количество сосков	8/8	7/7	7/8	8/8	8/8
скороспелость	дней	160	149,2	138,40	127,60
среднесуточный прирост	г.	780	892,2	1004,40	1116,60
затраты корма	к.ед	2,9	2,684	2,47	2,25
длина туловища	см	116	117,5	118,00	118,50
толщина шпика	мм	13	11,44	9,88	8,32
возраст первой половой охоты	дней	248	238,76	229,52	220,28
Целевые стандарты для откормочных и мясных качеств (контрольный откорм)					
		факт показ. на 10.10.15	Уровень через 3 года	целевой стандарт 5-6 лет	целевой стандарт 9-10 лет
Признаки					
конституция		крепкая	крепкая	крепкая	крепкая
скороспелость	дней	160	151,6	143,2	134,8
среднесуточный прирост	г.	970	1059,7	1149,4	1239,1
затраты корма	к.ед	2,8	2,62	2,44	2,26
длина туловища	см	105	115,71	126,42	137,13
толщина шпика 6-7	мм	11	10,22	9,44	8,66
толщина шпика 10-11 ребро	мм	7	6,4	5,8	5,2
глубина мышцы	мм	60	60,96	61,92	62,88
выход мяса	%	59	59,54	60,08	60,62

Доктор с/х наук, проф.



О.Л. Третьякова

2015 год.



Схема индексной оценки для породы дюрок

	
Индекс оценки хряков-производителей	1. Индекс первого осеменения
Индекс ориентирован на высокую энергию роста поросят, оплодотворяемость	Индекс ориентирован на увеличение скорости роста, снижение толщины шпика, возраста первого осеменения
<i>Хряков оценивают в течение всего года по результатам опоросов 10 свиноматок.</i>	<i>Оценивать свинок при первом осеменении, выбирать с высоким индексом для дальнейшей оценки по индексу воспроизводительного фитнеса</i>
$J = 18,52(X_1 - 9,5) + 0,66(X_2 - 64,1) + 11,90(X_3 - 10) + 0,82(X_4 - 83) + 8,18(X_5 - 94,3) + 0,15(X_6 - 241),$ <p>где: - X_1- многоплодие, гол., X_2- молочность, кг, X_3 – количество поросят в 28 дней, X_4 – масса гнезда в 28 дней, X_5 - процент оплодотворяемости свиноматок, в %, X_6 – среднесуточный прирост, г</p>	$J_{по} = -0,43 (X_1 - 160) + 0,07 (X_2 - 780) - 20,06 (X_3 - 2,9) + 0,74(X_4 - 116) - 4,27(X_5 - 13) - 0,65(X_6 - 248),$ <p>где: - X_1- скороспелость, дней, X_2- среднесуточный прирост, г, X_3 – затраты корма, корм. ед., X_4 – длина туловища, см, X_5 – толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, мм, X_6 – возраст первого осеменения, дней.</p>
вес признаков в индексе: 25% - масса гнезда к отъему, 20% - среднесуточный прирост поросят, 18% - оплодотворяемости, 15% - количество к отъему, 12% - молочность, 10% - многоплодие	вес признаков в индексе: 25%- среднесуточный прирост, 20% - толщина шпика, 18% - возраст первого осеменения, 14% - скороспелость, 13% - затраты корма 10% - длина туловища
Хряков-производителей имеющих индекс выше 30 баллов используют для селекционных целей.	2. Индекс воспроизводительного фитнеса
	$J = 7,41(X_1 - 9,5) + 1,02(X_2 - 65,3) + 111,11(X_3 - 10,3) + 0,84(X_4 - 81)$ <p>где: X_1- многоплодие, гол.; X_2 молочность, кг; X_3- число поросят к отъему, гол.; X_4 масса гнезда к отъему, кг.</p>

	вес признаков в индексе: 35% - масса гнезда к отъему, 28% - количество к отъему 25% - молочность, 12% - многоплодие
	Индекс ориентирован на высокую отъемную массу поросят
	Свиноматок имеющих величину индекса свыше 30 баллов переводят в селекционную часть стада.
	По результатам первого опороса, оценивают и переводят в основное стадо.
величина индекса выше 0 баллов	величина индекса выше 0 баллов
Индекс оценки ремонтных хрячков	Индекс оценки ремонтных свинок
$J_{\text{хрячки}} = -1,32 (X_1 - 146) + 0,07(X_2 - 924) - 46,30(X_3 - 2,6) + 2,44(X_4 - 117) - 3,33(X_5 - 12),$ <p>где: - X_1 - скороспелость, дней, X_2 - среднесуточный прирост, г, X_3 - затраты корма, корм. ед., X_4 - длина туловища, см, X_5 - толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, мм</p>	$J_{\text{свинки}} = -0,83 (X_1 - 160) + 0,07 (X_2 - 780) - 30,86 (X_3 - 2,9) + 1,26(X_4 - 116) - 2,99(X_5 - 13),$ <p>где: - X_1 скороспелость, дн; X_2 - средний суточный прирост, г; X_3 затраты корма, корм. ед., X_4 - длина туловища, см, X_5 -прижизненная толщина шпика над 6-7 грудными позвонками, мм</p>
<p>вес признаков в индексе: 25%- среднесуточный прирост, 22% - длина туловища, 20% - скороспелость, 18% - толщина шпика, 15% - затраты корма</p>	<p>вес признаков в индексе: 27% - скороспелость, 22% - среднесуточный прирост, 20% - затраты корма, 17% - длина туловища, 14% - толщина шпика</p>
Индекс ориентирован на конверсию корма, увеличение длины туловища и снижение толщины шпика	Индекс ориентирован на высокую скороспелость, увеличение длины туловища и снижение затрат корма
По результатам контрольного выращивания оценивают и переводят в основное стадо.	По результатам контрольного выращивания оценивают и переводят в основное стадо.

Ранжированные свиноматки по величине индекса

Инд. № свиноматки	Кличка	Код породы	Производственная группа	Многоплодие, гол	Молочность, кг	Количество поросят к отъему, гол.	Масса гнезда к отъему, кг	Величина селекционного индекса, балл
301298	Донна	201	ОС	10,5	78,2	12	79,96	208,58
400656	Донна	201	ОС	12	67,7	12	69,20	199,94
400474	Донна	201	ОС	10	74	12	75,65	196,97
400072	Донна	201	ОС	7,5	79,5	12	81,29	188,80
400576	Донна	201	ОС	12	61,5	12	62,83	188,27
301398	Донна	201	ОС	13,3	75	11,5	76,75	167,82
301312	Донна	201	ОС	7	76,1	11,5	77,90	123,22
400416	Донна	201	ОС	12	77,1	11	79,11	106,75
301356	Донна	201	ОС	11	77	11	78,91	99,07
301422	Донна	201	ОС	8,3	81,7	11	83,74	87,91
400280	Мика	201	ОС	11,5	68,3	11	69,97	86,39
300112	Лада	201	ВД	11,5	67,6	11	69,25	85,07
301280	Теста	201	ОС	10	72,6	11	74,39	83,37
300982	Донна	201	ОС	8,6	76	11	77,89	79,41
400348	Донна	201	ОС	8	78,1	11	80,05	78,92
300102	Юмба	201	ОС	9,5	72,2	11	73,97	78,91
301382	Донна	201	ОС	10,5	67,2	11	68,83	76,91
301276	Донна	201	ОС	10	66,7	11	68,36	72,29
400660	Донна	201	ОС	9	67,3	11	68,94	65,98
400594	Лада	201	ОС	8	70,3	11	72,02	64,22
301100	Донна	201	ОС	10	61,6	11	63,08	62,65
400166	Теста	201	ОС	8,5	63	11	64,52	54,17
400398	Донна	201	ОС	9,5	57,3	11	58,66	50,85

Инд. № свиноматки	Кличка	Код породы	Производственная группа	Многоплодие, гол	Молочность, кг	Количество поросят к отъему, гол.	Масса гнезда к отъему, кг	Величина селекционного индекса, балл
301148	Мика	201	ОС	11	76,7	10,5	78,71	43,04
301052	Донна	201	ОС	8,6	56,6	11	57,94	42,86
300164	Донна	201	ОС	10	77,3	10,5	79,32	36,76
200856	Донна	201	ОС	11,3	71,5	10,5	73,29	35,41
400180	Донна	201	ОС	12	67	10,5	68,72	32,16
301290	Мика	201	ОС	11	68,3	10,5	70,04	27,19
300806	Теста	201	ОС	9,3	68,2	10,6	69,92	25,50
301390	Донна	201	ОС	7,5	80,8	10,5	82,92	24,83
301614	Донна	201	ОС	11,5	63,4	10,5	65,01	21,67
300728	Донна	201	ВД	11,3	74,7	10,3	76,40	19,06
300360	Донна	201	ОС	9,5	69,5	10,5	71,29	18,35
301158	Мика	201	ОС	9,6	66,3	10,5	67,99	13,06
300754	Теста	201	ОС	7,6	73,7	10,5	75,61	12,19
200048	Донна	201	ОС	11,2	70,5	10,3	72,36	10,64
301154	Донна	201	ОС	10,3	73,5	10,3	75,49	9,67
301358	Донна	201	ОС	14,6	72,1	10	74,07	5,57
301602	Донна	201	ОС	12	52,6	10,5	53,93	5,05
400216	Лада	201	ОС	8,5	64,6	10,5	66,25	1,70
400260	Донна	201	ОС	11,5	76	10	78,09	-10,04
300314	Донна	201	ОС	7,7	69,4	10,3	71,23	-17,36
400010	Донна	201	ОС	13	62,6	10	64,28	-24,20
300770	Донна	201	ОС	11	70	10	71,91	-25,06
300668	Теста	201	ОС	11,3	66,6	10	68,41	-29,25
300790	Донна	201	ОС	10,2	68,6	10	70,49	-33,61
301570	Теста	201	ОС	6,5	82	10	84,28	-35,77
400190	Донна	201	ОС	9,5	70	10	71,91	-36,17

Инд. № свиноматки	Кличка	Код породы	Производственная группа	Многоплодие, гол	Молочность, кг	Количество поросят к отъему, гол.	Масса гнезда к отъему, кг	Величина селекционного индекса, балл
300166	Донна	201	ОС	11,4	62,1	10	63,77	-36,99
300150	Лада	201	ОС	10,5	65,6	10	67,38	-37,06
301338	Донна	201	ОС	9,5	68,3	10	70,17	-39,37
400376	Донна	201	ОС	11	62,4	10	63,79	-39,64
400154	Лада	201	ОС	10,5	63,4	10	65,10	-41,21
301194	Лада	201	ОС	11,3	60,2	10	61,89	-41,25
400414	Донна	201	ОС	11,5	58,4	10	59,81	-43,35
301352	Донна	201	ОС	8,5	68,7	10	70,57	-46,04
300076	Донна	201	ОС	8	69,7	10	71,60	-47,85
301394	Донна	201	ОС	9,5	63,6	10	65,36	-48,21
201170	Донна	201	ВД	12	70,6	9,7	72,58	-49,81
300408	Теста	201	ОС	9,2	62,7	10	64,38	-52,17
300804	Теста	201	ОС	10,3	58,1	10	59,64	-52,69
300114	Лада	201	ОС	9,2	62,4	10	64,08	-52,73
301404	Донна	201	ОС	11,5	52	10	53,35	-55,30
400496	Донна	201	ОС	8	64	10	65,72	-58,61
400632	Теста	201	ОС	8	63	10	64,69	-60,49
400062	Теста	201	ОС	8,5	61	10	62,63	-60,56
400164	Теста	201	ОС	9,5	57	10	58,51	-60,69
400382	Теста	201	ОС	9	57,8	10	59,33	-62,89
300876	Донна	201	ОС	9	56,7	10	58,20	-64,96

«УТВЕРЖДАЮ»

Проректор по НИР
Донского ГАУ


Громаков А.А.
« 5 » марта 2015 г.



«УТВЕРЖДАЮ»

Директор по животноводству
ЗАО «Племзавод-Юбилейный»


Плотникова В.Н.
« 19 » марта 2015 г.



АКТ

внедрения результатов научно – исследовательской работы

Мы нижеподписавшиеся представители:

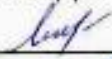

лаборатории молекулярной диагностики и биотехнологии с.-х. животных в лице зав. лабораторией, к.с.-х.н., Гетманцевой Л.В., ст.н.с., к.с.-х.н. Колосова А.Ю., н.с. Леоновой М.А., мл.н.с. Бакосва Н.Ф., мл.н.с. Радюк А.В., а также лаборатории теоретических основ селекции с.-х. животных в лице зав. лабораторией, д.с.-х.н., профессора Третьяковой О.Л. ФГБОУ ВПО «Донской государственный аграрный университет»

и представители ЗАО «Племзавод-Юбилейный», СЦ «Лозовое» в лице директора по животноводству Плотниковой В.Н., зоотехника – селекционера Шевелева Е.Л.

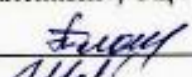

составили настоящий акт в том, что разработан метод селекции свиней с учетом генетических факторов для свиней породы ландрас. Проведена оценка влияния генотипов по генам *LIF/Dralll*, *MC4R/TagI*, *PRLR/AluI* с учетом линейной принадлежности, определены желательные генотипы, связанные с высокими показателями продуктивности свиней.

Результаты внедрения: разработанные схемы подбора пар и метод селекции с учетом генотипов по генам *LIF/Dralll*, *MC4R/TagI*, *PRLR/AluI*, позволили повысить уровень продуктивности свиней.

Акт составлен в 5 экземплярах
1-4-й в Донском ГАУ
5-й заказчику
Представители Донского ГАУ


Гетманцева Л.В.

Третьякова О.Л.

Акт составлен в 5 экземплярах
1-4-й в Донском ГАУ
5-й заказчику
Представители ЗАО «Племзавод-Юбилейный», СЦ «Лозовое»


Плотникова В.Н.

Шевелев Е.Л.

«УТВЕРЖДАЮ»
Проректор по НИР Донского ГАУ
Громаков А.А.
«26 сентября» 2015 г.



«УТВЕРЖДАЮ»
Генеральный директор ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области
Мамонтов С.Н.
«26 сентября» 2015 г.



внедрения результатов научно-исследовательской работы

Мы нижеподписавшиеся представители:

Лаборатории по разработке теоретических основ селекции с.-х. животных в лице зав. лабораторией, д.с.-х. наук, доцента Третьяковой О.Л., (сотрудники: Свинарёва И.Ю., Святогорова Н.А., Святогоровой А.Е.), а так же лаборатории молекулярной диагностики и биотехнологий в лице зав. лабораторией, кандидата с.-х.н. Гетманцевой Л.В., (сотрудники: Леонова М.А., Радюк А.В.) Донского государственного аграрного университета и представители ЗАО «Племзавод-Юбилейный» в лице заместителя генерального директора по животноводству Плотниковой В.Н. составили настоящий акт в том, что разработаны схемы ДНК-генотипирования для контроля консолидации специализированных линий, разводимых в селекционном центре пород.

Результаты внедрения: разработанные схемы ДНК-генотипирования позволят вести контроль генотипов по генам MC4R, PRLR, LIF, FSH в породах: крупная белая, ландрас, пьетрен, дюрок. Селекционная работа и схемы позволят накопить в популяциях желательные генотипы, связанные с высокими откормочными качествами.

Акт составлен в 3 экземплярах
1-2-й в ДонГАУ
3-й заказчику
Представители ДонГАУ

Акт составлен в 3 экземплярах
1-2-й в ДонГАУ
3-й заказчику
Представители ЗАО «Племзавод-Юбилейный»

 Третьякова О.Л.

 Плотникова В.Н.

 Гетманцева Л.В.

 Шевелёв Е.Л.

«УТВЕРЖДАЮ»

Проректор по НИР Донского ГАУ
Громаков А.А.

_____ 2015 г.



«УТВЕРЖДАЮ»

Генеральный директор ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области

_____ Мамонтов С.Н.

_____ 2015 г.

АКТ



внедрения результатов научно-исследовательской работы

Мы нижеподписавшиеся представители:

Лаборатории по разработке теоретических основ селекции с.-х. животных в лице зав. лабораторией, д.с.-х. наук, доцента Третьяковой О.Л., (сотрудники: Свиначев И.Ю., Святогоров Н.А., Святогорова А.Е. ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет» и представители ЗАО «Племзавод-Юбилейный» в лице заместителя генерального директора по животноводству Плотниковой В.Н.

составили настоящий акт в том, что разработаны принципиально новые селекционные индексы оценки свиней по воспроизводительному фитнесу, схемы индексной оценки для пород: крупная белая, ландрас, пьетрен, дюрок, разводимых в селекционном центре пород.

Результаты внедрения: разработанные селекционные индексы и схемы индексной оценки позволяют контролировать темпы улучшения признаков в породах: крупная белая, ландрас, пьетрен, дюрок. Селекционная работа и схемы позволяют накопить в популяциях желательные генотипы, связанные с высокими воспроизводительными, откормочными и мясными качествами.

Акт составлен в 3 экземплярах
1-2-й в ДонГАУ
3-й заказчику
Представители ДонГАУ

Акт составлен в 3 экземплярах
1-2-й в ДонГАУ
3-й заказчику
Представители ЗАО «Племзавод-Юбилейный»

Третьякова О.Л.

Плотникова В.Н.

Святогорова А.Е.

Шевелёв Е.Л.