

**МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ**

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

На правах рукописи

ШЕВЧЕНКО АЛЕКСАНДР ВИТАЛЬЕВИЧ

**СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ ПРОДУКТИВНЫХ КАЧЕСТВ ПОРОДЫ
ЛАНДРАС ПРИ ЛИНЕЙНОМ РАЗВЕДЕНИИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ
СЕЛЕКЦИОННЫХ ИНДЕКСОВ И ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ
ПРОДУКТИВНОСТИ**

4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

ДИССЕРТАЦИЯ

на соискание ученой степени кандидата сельскохозяйственных наук

Научный руководитель:

Свинарев Иван Юрьевич

доктор сельскохозяйственных наук, доцент,

пос. Персиановский - 2025

ОГЛАВЛЕНИЕ

ВВЕДЕНИЕ.....	4
1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ.....	9
1.1 Селекционно-генетические параметры и их использование в практике племенного отбора	9
1.2 Методы оценки племенной ценности свиней	18
1.3 Молекулярно – генетические методы селекции. Перспективные гены – маркеры продуктивности	29
1.4 Современные аспекты создания специализированных генотипов свиней. Линейное разведение.	39
1.5 Селекционные приемы повышения качества свинины.....	47
2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА	52
3. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ	56
3.1 Анализ продуктивных качеств свиней породы ландрас канадского и французского происхождения	56
3.2 Степень проявления и особенности наследования пороков вымени свиноматок канадской селекции.....	62
3.3 Оценка откормочных и мясных качеств породы ландрас канадского и французского происхождения с проведением контрольного убоя.....	66
3.4 Генотипирование хряков и свиноматок породы ландрас	73
по ДНК-маркерам.....	73
3.5 Разработка селекционных индексов отбора свиней	89
3.6 Множественный корреляционно – регрессионный анализ	93
воспроизводительных качеств свиней	93
3.7 Подтверждение эффективности индексной селекции	98
3.8 Анализ эффективности отбора ремонтного молодняка по селекционным индексам.....	103
3.9 ЭКОНОМИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ РЕЗУЛЬТАТОВ ИССЛЕДОВАНИЙ.....	110

3.9.1 Экономическая эффективность применения селекционных индексов в оценке племенной ценности свиней	110
3.9.2 Экономическая эффективность самостоятельного производства ремонтного молодняка.....	111
4. ЗАКЛЮЧЕНИЕ.....	112
4.1 Выводы.....	112
4.2 Предложения производству	114
4.3 Перспективы дальнейшей разработки темы	114
СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ.....	115
ПРИЛОЖЕНИЯ.....	146

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность темы исследования. Свиноводство стало одной из немногих отраслей российского АПК, которая за последнее десятилетие пережила взрывной рост производства. Произошло это не только благодаря государственной поддержке, но и огромному вниманию к племенной работе. Однако в этом плане Россия оказалась в зависимости от иностранных партнеров.

Сегодня в селекционно-генетической работе произошли коренные изменения. Отрасль находится в сильной зависимости от импортных поставщиков. Многие страны запретили поставку лучшего генетического материала в Россию и остро стал вопрос о создании племенного генетического суверенитета. Наличие племенных животных, завезенных в предыдущие периоды, облегчает эту задачу, но полностью ее не решает. В перспективе главным трендом должно стать создание популяций чистопородных животных и их развитие внутри наших крупных холдингов, тогда селекционная работа будет более эффективной и импортозамещение произойдет быстрее [100].

Обеспечение устойчивого развития и интенсификации животноводства находится в прямой зависимости от эффективности селекционно-племенной работы по совершенствованию существующих и созданию новых высокопродуктивных пород, линий, типов и кроссов линий, а также рационального использования генофонда сельскохозяйственных животных. Повышение эффективности селекционно-племенной работы на основе получения животных, эффективно использующих корма, адаптированных к промышленной технологии с высоким уровнем реактивности, является основной задачей племенной работы в животноводстве на современном этапе.

Все мировое свиноводство использует гибридизацию, как эффективный метод получения эффекта гетерозиса. Отсутствие структуры племенной сети сдерживает реализацию системы гибридизации. Применяемая в современных комплексах система разведения не соответствует понятию – «гибридизация», т.к. в подавляющем большинстве на промышленных комплексах скрещиваются не специализированные материнские и отцовские линии свиней разных пород,

направленные на эффект комбинационной способности, а породы, в которых наблюдается большой диапазон генетической изменчивости [84, 60].

В государственном реестре селекционных достижений на сегодняшний день зарегистрирована всего одна линия свиней КБ-1 (1993 год), которая не имеет промышленного использования, в породе ландрас не зарегистрировано ни одной линии [75].

В связи с этим важными направлениями государственной агропродовольственной политики являются развитие племенного животноводства и формирование конкурентноспособной отечественной племенной базы отрасли, удовлетворяющей потребности сельскохозяйственных товаропроизводителей в высококачественной племенной продукции и позволяющей обеспечить бесперебойное комплектование товарных предприятий высокопродуктивным молодняком [103].

Степень разработанности проблемы исследования. Вопросами линейного разведения свиней и конструирования селекционных индексов занимались И. Иоганссон, Д. Лаш. (1963), Либизов М.П. (1982), Михайлов Н.В., Бажов Г.М. (2006), Ухтверов М.П. (2004), Суслина Е.Н. (1997), Соколов Н.В. (2015), Бекенёв В.А. (1989), Третьякова О.Л. (2001), Свинарёв И.Ю. (2015).

Молекулярно-генетические методы селекции изучались в трудах Широковой Н.В. (2013), Гетманцевой Л.В. (2014), Максимова Г.В. (2012), Белоноговой Н.М. (2014), Сулимовой Г.Е. (2006).

Использование молекулярно – генетических методов селекции при линейном разведении свиней дает возможность для развития независимой отечественной системы племенной работы [19, 50, 89].

Цель и задачи исследований. Цель исследований - совершенствование селекционно-генетических методов повышения продуктивности свиней при линейном разведении.

Задачи исследований:

1. Провести сравнительный анализ продуктивных качеств линий свиней породы ландрас канадского и французского происхождения;

2. Изучить степень проявления и особенности наследования пороков вымени свиноматок канадской селекции;
3. Разработать и обновить селекционные индексы отбора для свиней породы ландрас канадского и французского происхождения;
4. Оценить хряков-производителей, свиноматок и ремонтный молодняк по селекционным индексам. Провести анализ эффективности индексной селекции;
5. Провести анализ откормочных и мясных качеств свиней породы ландрас;
6. Провести генотипирование свиней породы ландрас по ДНК-маркерам продуктивности.
7. Определить экономическую эффективность применения селекционных индексов в оценке племенной ценности свиней и самостоятельного производства ремонтного молодняка.

Научная новизна работы. Автором впервые проанализированы данные об изменчивости основных продуктивных качеств свиней канадского и французского происхождения при линейном разведении. Изучена связь между селекционными индексами отбора и генетическими маркерами продуктивности на примере двух различных популяций породы ландрас. Установлена возможность использования генетических маркеров продуктивности для селекционного процесса.

Получены новые данные о влиянии линейного разведения на полиморфизм генетических маркеров продуктивности.

Изучено влияние хряков-производителей на морфологическое строение сосков дочерей в породе ландрас канадского происхождения.

Определены пределы изменчивости откормочных и мясных качеств породы ландрас канадского и французского происхождения.

Теоретическая и практическая значимость работы. Повышена точность оценки племенной ценности хряков производителей и свиноматок, что позволяет обеспечить собственное производство высококачественным ремонтным молодняком породы ландрас.

Разработаны селекционные индексы отбора для каждой из разводимых линий породы ландрас, учитывающие актуальные уели селекции. Установлены желательные генотипы генетических маркеров продуктивности и их применение в системе отбора по селекционным индексам. Проведена оптимизация критериев и повышение точности браковки основного стада и ремонтного молодняка.

Методология и методы исследований. Методология исследований основана на научных положениях, изложенных в работах отечественных и зарубежных ученых по совершенствованию методов селекции свиней.

В процессе выполнения диссертационной работы использованы методы научного познания: анализ, сравнение, обобщение; специальные: зоотехнические и биологические; экспериментальные: наблюдения и сравнения [73].

Обработка данных выполнялась с использованием статистических и математических методов анализа.

Положения, выносимые на защиту.

1. Продуктивные качества линий свиней породы ландрас канадского и французского происхождения;
2. Наследование пороков вымени свиноматок канадской селекции;
3. Селекционные индексы отбора для свиней породы ландрас канадского и французского происхождения;
4. Индексная оценка хряков-производителей, свиноматок и ремонтного молодняка. Эффективность индексной селекции;
5. Откормочные и мясные качества свиней породы ландрас;
6. Генотипирование свиней породы ландрас по ДНК-маркерам продуктивности.
7. Экономическая эффективность применения селекционных индексов в оценке племенной ценности свиней и самостоятельном производстве ремонтного молодняка.

Степень достоверности и апробация результатов. Достоверность результатов подтверждается проведением исследований на достаточном количестве животных, статистической обработки данных с использованием

биометрических методов и производственной апробации на промышленном предприятии.

Основные материалы диссертации доложены и обсуждены на:

- XXIV заседании межвузовского координационного совета по свиноводству (пос. Персиановский, 2015 г);
- Международной научно-практической конференции «Проблемы и перспективы реализации междисциплинарных исследований», Волгоград, 10 февраля 2022 года. – Уфа;
- Всероссийской (национальной) научно-практической конференции «Актуальные вопросы науки и практики в инновационном развитии АПК», пос. Персиановский, 25 декабря 2020 г;
- ЛII Международной студенческой научно-практической конференции «Актуальные вопросы науки и хозяйства: новые вызовы и решения», Тюмень, 15 марта 2018 г;
- Международной научно-практической конференции «Аспекты животноводства и производства продуктов питания», посвященной 110-й годовщине со дня рождения П.Е. Ладана, пос. Персиановский, 28–29 ноября 2018 г;
- Международной научно-практической конференции студентов, аспирантов и молодых ученых «Использование современных технологий в сельском хозяйстве и пищевой промышленности», пос. Персиановский, 19–20 апреля 2017 г;
- Всероссийской научно-практической конференции «Наилучшие доступные технологии», пос. Персиановский, 15 декабря 2016 г.

Публикация результатов исследований. По основным результатам исследований опубликовано 7 печатных работ, из них 4 в рецензируемых изданиях, рекомендованных ВАК РФ.

Объем и структура диссертации. Диссертация изложена на 151 страницах, включает в себя введение, обзор литературы, материал и методику исследований, заключения, выводы, предложения производству, список литературы из

238 источников, из которых 103 зарубежных, приложения. В работе представлены 36 таблиц и 36 рисунков.

1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1 Селекционно-генетические параметры и их использование в практике племенного отбора

Современные селекционные программы, ставящие своей целью генетическое улучшение экономически значимых признаков, основаны на законах популяционной генетики и генетики количественных признаков (Зиновьева Н.А. [36]).

Основу практической селекции составляет оценка наследственных качеств животных, отбор лучших особей после оценки и их подбор с целью получения более продуктивного потомства. К определяющим факторам селекции, наряду с отбором и подбором, относятся:

1. Наследуемость признаков;
2. Изменения селекционных критериев (в единицах стандартного отклонения) и в связи с этим селекционного дифференциала;
3. Влияние интервала между поколениями (Бажов Г.М. [3], Иоганссон И. [37], Лаш Д. [38], Михайлов Н.В. [67]).

Коэффициент наследуемости h^2 - показывает степень преемственности селекционных признаков отбора между родительским и дочерним поколением. В математическом смысле коэффициент наследуемости выступает в функции коэффициента регрессии. Селекционный дифференциал — это разница между средней популяционной характеристикой стада и средней величиной, отобранной для дальнейшего производства группы (Δg) (Михайлов Н.В. [67]).

Интенсивность отбора определяется количеством особей, оставленных для дальнейшего воспроизводства после селекционной браковки (i). В формуле вычисления эффекта селекции - $J = \Delta g h^2$, коэффициент наследуемости h^2 в математическом смысле выступает как коэффициент регрессии генотипа на соответствующий фенотип. Во всех случаях за критерий точности оценки генотипа

животного принимается коэффициент наследуемости - h^2 , который выступает, как показатель связи между генотипом оцениваемого животного и фенотипом его родственников (Лаш Д. [38]).

Если точность оценки генотипа по фенотипу самого пробанда или его родственников будет низка, то эффект племенного отбора будет так же низким. Ошибка оценки генотипа пробанда в общем случае определяется равенством:

$$\delta_{x1} = \delta_{\gamma} \sqrt{1 - R^2},$$

где, $\delta_{\gamma} = \delta\phi h$; δ_{γ} - сигма генотипическая, $\delta\phi$ - сигма фенотипическая, R^2 - коэффициент множественной корреляции.

Среди подходов к расчету коэффициента наследуемости (h^2) следует выделить два направления. Основоположник первого направления – Плохинский Н.А., предлагал рассчитывать h^2 однофакторным дисперсионным комплексом как отношение сумм квадратов факториальной дисперсии (C_x) к общей (C_y) [90].

$$h^2 = \frac{C_x}{C_y}$$

Райт С. предложил проводить вычисления h^2 на основе коэффициента корреляции (r) в парах между родственными особями: по удвоенному коэффициенту корреляции в парах родитель – потомок ($h^2 = 2r_{\text{род-пот}}$), сибс – сибс ($h^2 = 2r_{\text{с-с}}$), учетверенному в парах полусибс – полусибс ($h^2 = 4r_{\text{п/с-п/с}}$) и т.д. [124, 236].

Теоретически при определении h^2 необходимо соблюдать предпосылки Райта – Фишера:

1. Аддитивность (отсутствие других форм взаимодействия генов, таких как эпистаз, комплементарность и др.);
2. Панмиксия – свободное скрещивание животных в популяции;
3. Равновесие в наследовании признаков со стороны отца и матери.

В племенных организациях, где проводится интенсивный отбор, выполнить эти предпосылки практически невозможно. В этой связи, более перспективным является расчет h^2 на основе «метода сдвигов», т.е. фактической наследуемости признака в потомстве по формуле [124]:

$$h^2 = \frac{M_f - M}{MS - M} \times 2,$$

где M_f – среднее значение признака в потомстве (реализованный эффект), MS – среднее значение признака отобранной для воспроизводства группы, M – среднепопуляционное значение признака.

По мнению Михайлова Н.В. использование коэффициентов наследуемости селекционных признаков в системах племенного отбора заключается в следующих основных положениях:

1. Коэффициент наследуемости является объективным показателем гетерогенности популяции. Сравнительно низкие h^2 в пределах линий указывают на относительную степень их генотипической консолидации.

2. Уменьшение h^2 в открытой популяции указывает на наличие в структуре генотипической изменчивости значительной доли неаллельных взаимодействий.

3. Отсутствие различий в величине h^2 по селекционным признакам между линиями и их кроссами указывает на то, что относительная степень генотипического разнообразия в линии не достигнута.

4. Относительно высокий h^2 может наблюдаться и в гетерогенной популяции со значительным удельным весом аддитивных типов взаимодействия.

Вышеуказанные закономерности влияют на эффективность племенного отбора в популяциях и определяют ее прогресс, так как h^2 является одним из главных селекционных параметров, определяющих его величину.

Связь между фенотипом особи и его генотипом определяется равенством [124]:

$$X_1 = h^2 X_2,$$

где X_1 - генотип особи, h^2 - коэффициент наследуемости, X_2 - фенотип особи.

Степень наследуемости количественных признаков определяется коэффициентом наследуемости h^2 , который изменяется от 0 до 1 или от 0 до 100 %. С применением математических методов в генетике популяций выделилась особая ветвь общей генетики - "математическая генетика".

Различают наследуемость в "узком" и "широком" смысле слова. В качестве показателя наследуемости в "широком" смысле слова берется доля наследственного разнообразия в отношении к общему фенотипическому разнообразию признака в популяции, т.е.

$$h^2 = -\delta\gamma : \delta\phi ,$$

где $\delta\gamma$ - генотипическая изменчивость; $\delta\phi$ - общая фенотипическая изменчивость признака. В свою очередь доля наследственного разнообразия признака состоит из следующих компонентов: δa^2 - разнообразие, зависящее от аддитивного взаимодействия наследственных факторов; $\delta^2\varepsilon$ - разнообразие, зависящее от эпистатического взаимодействия неаллельных факторов; δ^2d - разнообразие, зависящее от различных типов доминирования.

Показатель наследуемости в "широком" смысле слова оценивает ту долю общего генотипического разнообразия, которая состоит из суммы аддитивного взаимодействия генов, доминирования и эпистаза.

Показатель наследуемости в "узком" смысле отражает долю влияния аддитивного разнообразия признака в его общей фенотипической изменчивости. При отборе большое значение имеет наследуемость, обусловленная аддитивным взаимодействием генов (Михайлов Н.В. [67])

В ряде случаев фенотипическое значение признака у животных можно наблюдать повторно. Повторяемость (r_w) – способность сохранения величины признака у одних и тех же животных за определенный период времени.

Плохинский Н.А. определяет повторяемость как степень постоянства в проявлении одной и той же генетической информации, которая может проявляться в форме признака в разном возрасте, в разных условиях. В соответствии с этим он определяет три вида повторяемости: возрастную, паратипическую и топографическую [76].

Если при определении коэффициента наследуемости (h^2), генетическая изменчивость оценивается по сходству групп близкородственных особей, то вычисление коэффициента повторяемости (r_w) основывается на сходстве повторных измерений продуктивности у одних и тех же животных. К повторяющимся признакам относятся, например, многоплодие, масса гнезда при рождении, число поросят при отъеме, показатели спермопродукции хряков и т.п.

Коэффициент повторяемости служит мерой коррекции между измерениями признака у одного и того же животного в разные периоды.

$$r_w = (\delta^2_A + \delta^2_{Eperm}) / \delta^2_P,$$

где r_w – коэффициент повторяемости, δ^2_P – фенотипическая дисперсия, δ^2_A – аддитивная генетическая дисперсия, δ^2_{Eperm} – часть средовой изменчивости (дисперсия), обусловленная действием постоянных факторов внешней среды (Зиновьева Н.А. [36]).

Измерение повторяющихся признаков у животных повышает точность оценки наследуемости, так как с увеличением числа измерений признака доля влияния случайных (переменных) факторов среды пропорционально снижается. Таким образом, наследуемость среднего уровня признака зависит от наследуемости отдельных измерений признака, повторяемости значений измерений и числа произведенных измерений (Pirchner P. [195]).

$$h^2_n = h^2 (n / (1 + w_r (n - 1))),$$

где: h^2_n – коэффициент наследуемости среднего уровня признака, h^2 – коэффициент наследуемости отдельного измерения признака, w_r – коэффициент повторяемости, n – число измерений признака.

Необходимо отметить, что традиционные методы определения продуктивности свиней, в том числе и воспроизводительного фитнеса, имеют значительную ошибку точности оценки. Учет всего потенциала продуктивности позволит обоснованно проводить отбор и значительно увеличить эффект селекции. Характеристика популяции должна быть основана на понимании механизма регуляции, так как фенотип фиксирует лишь внешнее проявление действия скрытых и неопознанных генных систем. На величину и характер распределения количественных признаков оказывает влияние среда. Взаимодействие среды и наследственности определяет эффективность племенного отбора. Помимо величины коэффициента наследуемости – h^2 , селекционного дифференциала – Δg и интенсивности отбора – i , на эффективность племенного отбора оказывает влияние характер распределения признаков воспроизводительного фитнеса. Как правило, распределение частот селекционных признаков в популяциях животных носит форму кривой Гаусса-Лапласа, характерной чертой которой является симметричность, т.е. совпадение правой и левой сторон распределения. Однако в ряде случаев имеют место значительные отклонения кривой распределения признаков от нормального. Выявление этих причин может стать важным инструментом в характеристике линейного материала, определения его

генетических особенностей и формирования статистической модели популяции. Все это, в конечном счете, затрагивает вопросы эффективности племенного отбора.

Эффективность и метод племенного отбора зависят от характера распределения признака в популяции. Наиболее наглядную картину распределения даёт вариационный ряд. Он показывает, с какой частотой встречаются варианты в каждом классе распределения. Класс распределения представляет собой структурную единицу кривой Гаусса-Лапласа (Михайлов Н.В. [67]).

Эффективность племенного отбора может быть усилена за счет учета корреляционных связей между признаками. Это особенно важно при проведении косвенной селекции, когда проводится отбор по низко наследуемому признаку. Эффективность прямого отбора, в этом случае, будет низкой, поэтому для его усиления можно применить отбор по другому признаку, который имеет высокий h^2 и тесно связан с селекционируемым признаком высокими коэффициентами корреляции. Установление взаимосвязей между признаками имеет большое значение для разработки стратегии племенного отбора. Корреляционные связи в процессе селекции можно перестроить.

Анкер А. указывал на существование в популяциях особей «ломающих корреляции». Этим животным он придавал исключительное значение, так как они могут перестроить эволюционно сложившиеся связи в популяциях [1]. Примером этому является достаточно тесная положительная связь широкотелости и высокой мясности у "Ка-Хиба" и "А-Хиба". Практически у всех других пород эти связи отрицательны. Перестройка корреляционных связей позволяет использовать эту биологическую особенность в практике племенного отбора для повышения его эффективности.

Большую информацию о процессах, происходящих в популяциях, и в повышении эффективности племенного отбора имеет множественный корреляционный анализ. Он позволяет определить основные детерминирующие факторы и сконцентрировать на них отбор.

Множественные коэффициенты детерминации позволяют определить степень влияния включенных в модель отбора признаков на результативный

показатель. В этой связи, любые селекционные программы отбора должны быть основаны на проведении множественного корреляционно - регрессионного анализа. Он позволяет не только разрабатывать оптимальную стратегию (программу) селекции, но достаточно точно прогнозировать дальнейшую продуктивность [82].

Множественный регрессионный анализ позволяет устанавливать селекционные границы отбора, целевые стандарты при выведении специализированных линий свиней, составлять селекционные индексы отбора и ряд других параметров. Эти показатели могут в значительной степени интенсифицировать эффект селекционного отбора [82].

Таким образом, при совершенствовании продуктивных качеств свиней большое значение имеет определение величины и направления корреляционных связей между селекционными признаками. Это особенно необходимо для выбора обоснованных методов и программ селекции.

Как правило, связи между селекционными признаками не являются строго функциональными и носят стохастический характер. Каждому среднему значению одного признака соответствует множество значений другого. Исследование зависимости сопряженных величин является предметом корреляционно-регрессионного анализа. Степень совместного изменения количественных селекционных признаков неодинакова и определяется коэффициентом корреляции. Соотносительная изменчивость, т.е. корреляция, может быть простой или множественной по количеству признаков связи, положительной или отрицательной (по направлению связи), прямолинейной или криволинейной (по характеру связи). Корреляционный анализ позволяет определить тесноту связи между признаками (r), которая изменяется от - 1,0 до + 1,0 или от -100 до +100%.

Изучение величины и направления корреляционных взаимосвязей необходимо для прогнозирования динамики одного признака при изменении другого (других). Корреляционный анализ включает в себя определение коэффициента множественной корреляции (R), формы математической

зависимости между множеством признаков и позволяет определить коэффициент детерминации – D.

Для определения степени детерминации проводится множественный корреляционно-регрессионный анализ взаимосвязей между признаками отбора. Используется метод пошагового регрессионного анализа материала, который заключается в последовательном исключении из селекционных (регрессионных) моделей признаков отбора. Это позволяет получить уравнения множественной и частной регрессии по всем включенным в модель признакам и определить коэффициенты детерминации ими результативного признака.

Методы корреляционно-регрессионного анализа позволяют решать разные задачи, в частности, определить изменение одного признака при изменении другого, сопряжённого с ним на единицу, определить тесноту (степень) связи, определить детерминацию (степень влияния) одного признака на другой при помощи анализа общего объема вариации зависимой переменной и определить роль каждого фактора в общем объеме варьирования, оценить достоверность полученных показателей, определить характер связи.

Корреляционный анализ состоит из трех этапов:

- 1) формирование корреляционной модели связи;
- 2) расчет показателей связи;
- 3) статистическая оценка выборочных характеристик (Михайлов Н.В. [67], Святогоров Н.А. [90]).

Эффективность отбора в большой степени зависит от селекционно-генетических параметров популяции и ее состояния. При искусственном отборе в его процесс включается большое количество признаков. Скорость реакции популяции на отбор зависит от взаимодействия генетической и средовой изменчивости. Популяции с небольшим генотипическим разнообразием отвечают на отбор в меньшей степени, чем популяции с ее широким диапазоном. Популяция достигает максимальной приспособленности к среде через наиболее адаптивных особей, которые способны модифицироваться.

На эффект племенного отбора, оказывают влияние и другие факторы. К ним относится численность популяции, коэффициент размножения вида, степень и характер соотносительной изменчивости признаков, их число, длительность селекции в стаде, гетерогенность популяции, ее фенотипическая пластичность и др.

Для каждого стада, линии эти показатели будут различными. Во всех случаях за критерий точности оценки принимается коэффициент наследуемости - h^2 , который выступает как показатель связи между генотипом оцениваемого животного и фенотипом его родственников [84].

Точность оценки генотипа пробанда при отборе выражается равенством:

$$t = \frac{X_1}{\delta x_1}$$

где: X_1 - вероятное генотипическое отклонение особи; δx_1 - ошибка вероятного генотипического отклонения особи.

Достоверность оценки связана с величиной генотипического отклонения. Величина генотипического отклонения зависит от коэффициента регрессии - βh и величины селекционного дифференциала SD или Δg . Генотипическое отклонение равно произведению $X_1 = SD\beta h$. Таким образом, чем выше интенсивность отбора и SD, тем выше достоверность оценки - t [84].

Применение компьютерных технологий, автоматизация племенного учета, использование современных методов ведения селекции требует разработки алгоритмов, позволяющих максимально увеличить эффект племенного отбора. Одним из таких методов является установление селекционных границ отбора MT и средней величины, отобранной для дальнейшего воспроизводства селекционной группы MS в популяциях с заданными значениями интенсивности отбора.

Селекционная граница является тем пороговым значением признака, по которому проходит отбор (MT). Средняя величина отобранной для дальнейшего воспроизводства группы (MS) является показателем, связанным с селекционным дифференциалом, интенсивностью отбора и его эффективностью. Эти показатели необходимы для определения целевых стандартов, определения времени их реализации (в поколениях), планировании селекционно-племенной работы и

разработки объективных показателей, контролирующих селекционный процесс.

Селекционная граница отбора (MT) определяется из следующего равенства:

$$MT = M + \delta TR,$$

где M - средняя величина признака в популяции; δ - среднее квадратическое отклонение в единицах измерения признака; TR - коэффициент по Лашу, при различной интенсивности отбора, который представляет функцию селекционной границы отбора в нормированном отклонении.

Средняя величина отобранной для дальнейшего воспроизводства группы (MS) определяется из равенства:

$$MS = M + \delta iR,$$

где M - средняя величина признака в популяции; δ - среднее квадратическое отклонение в единицах измерения признака; iR - коэффициент по Ле Роу, при различной интенсивности отбора, представляющий функцию средней величины признака в нормированном отклонении.

При заданном проценте отбора P (от 1 до 99 %) программа позволяет проводить расчёт этих показателей. Возможен отбор необходимого количества животных из общего стада при заданном граничном (минимальном или максимальном) значении признака.

Величина фенотипического отклонения отобранной группы животных от среднего показателя по стаду зависит от интенсивности отбора, то есть процента браковки стада. Чем больше процент браковки животных, тем больше фенотипическое отклонение. (Михайлов Н.В. [67]).

1.2 Методы оценки племенной ценности свиней

Оценка племенной ценности способствует повышению продуктивных качеств и генетического потенциала животных. В мире существуют различные методы оценки племенной ценности, которые направлены на использование полученной за многие годы информации о продуктивных и племенных качествах сотни тысяч животных за многие поколения (Федоренкова Л.А. [104], Небылица Н.С. [68]).

Важнейшим звеном селекционной программы у каждого вида животных является разработка и использование такого метода оценки генотипа, который позволял бы выявить наиболее ценных животных – родоначальников последующих

поколений. Следовательно, от объективности и точности оценки племенного достоинства животных зависит улучшение популяции (Храмченко Н.М. [106]).

Оценку продуктивных качеств животного можно получить путем ранжирования. Ранжирование должно проводиться среди животных, которые имеют одинаковый возраст, размещаются и выращиваются в аналогичных условиях. Лучше всего сравнивать показатель продуктивности животного в среднем по группе. Это можно сделать, вычисляя отклонения от среднего по группе или соотношение продуктивности животного с групповым средним.

При обсуждении племенной ценности особи часто используют два термина. Первый термин – прогнозируемая племенная ценность EBV (estimated breeding value) – это отклонение в продуктивности оцениваемого животного по сравнению со средним значением продуктивности в группе сверстников. Второй термин – ожидаемое различие потомков EPD (expected progeny differences), который составляет половину значения EBV и может использоваться для определения ожидаемого изменения продуктивности потомства, если рассматриваемое животное используется как родитель (Long T.E. [172]).

В различных регионах и странах оценку племенной ценности осуществляют по-своему. Но самыми распространенными методами оценки свиней осуществляют по фенотипу и генотипу, так как они обеспечивают на единицу времени и материальных затрат максимальный генетический прогресс селекционируемых признаков в популяции (Федоренкова Л.А. [104], Небылица Н.С. [68], Храмченко Н.М. [106]).

К настоящему времени разработаны десятки методов и способов оценки племенной ценности животных. Для этих целей могут использоваться показатели собственной продуктивности, продуктивности боковых родственников, индексная оценка, в том числе на основе метода BLUP и др. Точность оценки в большей степени зависит от качества и количества данных о животных. На основании этого может быть спрогнозирована генетическая ценность и наиболее ценные животные могут быть отобраны в группу родителей следующего поколения в раннем возрасте. Следовательно, протяженность генерационного интервала уменьшится,

что в свою очередь ускорит генетический прогресс от поколения к поколению (Храмченко Н.М. [106], Остапчук П.С. [71]).

При традиционной оценке племенной ценности свиней по фенотипу (собственной продуктивности), происходит снижение ожидаемых продуктивных качеств в течение двух - трех поколений. Полученные высокие показатели продуктивности (генетические составляющие) любого животного не могут гарантировать их проявления в следующем поколении, так как на каждый селекционный признак влияют не только генетические факторы, но и условия кормления и содержания (негенетические составляющие). Чем лучше кормление, условия содержания и здоровье свиней, тем выше потенциал показателей воспроизводительных, откормочных и мясных качеств. То есть продуктивность каждого животного обуславливается не только племенной ценностью, но и в большой степени зависит от условий окружающей среды, в которой они находятся. Для наиболее точной оценки свиней целесообразно использовать метод лучшего линейного несмещенного прогноза (BLUP), который на данное время является актуальным и учитывает и генетические показатели, и факторы окружающей среды, а также путем создания электронной базы селекционных данных и сложных математических вычислений дает возможность более точно дать оценку прогнозируемой продуктивности животных (Геранина Л.А. [16], Хватова М. А. [105], Остапчук П.С [71], Лукаш D. и др. [173]).

Отбор свиней с использованием оценки методом BLUP коренным образом отличается от отбора на основе оценочных и селекционных индексов. При этом, каждое животное одновременно получает оценку по материнскому и терминальному индексу. Кроме этого, определяется его племенная ценность по ведущим признакам, на основе оценки по собственной продуктивности и продуктивности его родственников (Небылица Н.С. [68], Геранина Л.А. [16], Остапчук П.С. [71], Чинаров Ю.И. [109]).

Сокращение BLUP отражает все основные статистические свойства метода. Best (лучший) говорит о точности значения оценки, и означает, что ошибка в оценке племенной ценности настолько мала, насколько это может быть при

имеющемся количестве информации. Linear (линейный) означает, что статистическая модель, на основе которой происходит оценка племенной ценности, состоит из суммирования влияния причинных факторов. Хотя имеются и нелинейные модели, однако в животноводстве они редко используются. Unbiased (не искаженный) означает, что значения племенной ценности не искажены. Не искаженность является важнейшим свойством, которое отличает метод BLUP от селекционных индексов. Именно следствием свойства не искаженности племенной ценности является возможность корректного сравнения значений племенной ценности друг с другом. Prediction обозначает предсказание (прогнозирование).

Из трех статистических свойств метода BLUP два свойства принес с собой селекционный индекс, а именно «лучший» и «линейный». Так как единственное различие между BLUP и индексами заключается в статистическом свойстве не искаженности, можно сказать, что BLUP - это селекционный индекс, в котором для расчета отклонений в продуктивности используются истинные значения сравнения.

Способы расчета для оценки племенной ценности на основе BLUP слишком сложны для краткого изложения. В принципе свойство не искаженности достигается за счет одновременной оценки племенной ценности и влияния среды, в результате чего племенная ценность животного корректируется через значение сравнения. Цена, которую приходится за это платить - получение системы, состоящей из множества уравнений с очень большим числом неизвестных (как правило, от нескольких десятков тысяч до нескольких миллионов), решить которую можно только с помощью компьютеров (Чинаров Ю.И. [109]).

Так же, одним из способов оценки племенной ценности, служит селекция по агрегатному генотипу или селекционному индексу – метод оценки, представляющий разработку линейной функции – селекционный индекс, которая включает значения нескольких признаков животного и его родственников, направлена на улучшение агрегатного генотипа (линейной функции признаков, взвешенных на их экономические ценности).

Таким образом, оптимальной является индексная селекция по агрегатному генотипу. Однако и данный метод не лишен недостатков: первой проблемой является строгая линейность весовых коэффициентов; во-вторых, вызывает затруднение используемая при построении индекса аксиома о том, что генетическое разнообразие в основном обусловлено средним (аддитивным) эффектом генов, не учитывается аллельное и неаллельное взаимодействие генов для различных входящих в индекс признаков; в-третьих, уменьшается точность индекса из-за ошибок в выборках при построении агрегатного генотипа, в результате фактическая корреляция индекса с общей племенной ценностью будет меньше, чем оценочные коэффициенты множественной корреляции из-за ошибок выборки коэффициентов частной регрессии.

Основными в мировой практике животноводства являются принципы построения комплексных индексов (обобщенных показателей), разработанные Хейзелем. Он использовал путевые коэффициенты Райта, анализ коварианс Фишера и множественную корреляцию Пирсона для получения уравнений множественной линейной регрессии с целью получения индекса для нескольких признаков. Теоретическая основа, заложенная в данный математический аппарат расчета весовых коэффициентов, наделяет полученный селекционный индекс следующими свойствами:

- коэффициент корреляции между индексом и агрегатным генотипом максимальный;
- ожидаемое значение квадрата разности между индексом и агрегатным генотипом (ошибка) минимальное;
- вероятность выбора животного с наилучшим агрегатным генотипом при отборе по индексу максимальная;
- вероятность правильного ранжирования наибольшая;
- эффект селекции по индексу максимальный (Храмченко Н.М. [106], Остапчук П.С. [71], Зельдин В.Ф. [34]).

Отбор по селекционным индексам, основанный на генетико-математических расчетах, является более эффективным, чем отбор по независимым уровням

браковки. Сущность индексной селекции заключается в определении племенной ценности животного не по одному, а по нескольким признакам одновременно, соединенных в общий критерий с учетом селекционно-генетической и экономической значимости. При этом число селекционных признаков, включенных в состав индекса, может быть различным. И чем больше признаков входят в селекционный индекс, тем выше точность оценки животного. Следовательно, селекционные индексы являются объективной генетической моделью оценки генотипа животных, представляющего собой целостную систему взаимосвязанных признаков.

Использование индексной оценки воспроизводительных качеств свиноматок, откормочных и мясных качеств молодняка позволяет создать высокопродуктивные линии, семейства, стада. Поэтому метод индексной селекции нашел практическое применение как в научных исследованиях, так и в практике племенного дела. (Файзуллин Р.А. [102]).

В селекции свиней не всегда уделяется должное внимание конкурентоспособности (в биологическом смысле) новых пород, линий, семейств и гибридов. Такая оценка «конкурентоспособности» может быть дана на основе приспособленности (фитнеса), признака полигенного, меняющегося в зависимости от генетической структуры популяции и среды.

Адаптация обеспечивает соответствие конкретной особи (или популяции) конкретным условиям среды. Фитнес – основной фактор эволюционных и селекционных изменений. Он указывает на степень приспособленности к определенной среде. У свиней наиболее тесно связано с адаптацией воспроизводительные качества, в меньшей степени – откормочные и мясные качества. В Нижегородской области фитнес рассматривают как индекс, компонентами которого являются связанные с ним показатели воспроизводства, роста и развития, жизнеспособности (Красавцев Ю.Ф. [47], Остапчук П.С [71]).

Учеными Всероссийского научно-исследовательского института животноводства имени академика Л.К. Эрнста (ВИЖ) разработан новый метод так называемой «одновременной оценки племенных свиней по фенотипу и генотипу»

на контрольном выращивании на кормах собственного производства с пятидесятипроцентным убоем оцениваемых потомков. Основное требование этого метода - нормированное кормление ремонтного молодняка для получения среднесуточного прироста живой массы не менее 650 - 700 г, так как кормление по принципу «до чистого корыта» приводит к излишнему осаливанию и непригодности использования хряка для последующего воспроизводства. Новый метод позволяет не только сохранить для воспроизводства до 50% выращиваемый молодняк, но, самое главное, оценить его откормочные и мясные качества по сибсам и полусибсам в раннем (6 - 7-ми месячном) возрасте. Внедрение этого менее дорогого и несложного с организационной точки зрения метода будет способствовать получению большей численности племенных свиней, оцененных по откормочным и мясным качествам (Остапчук П.С. [71]).

В промышленном свиноводстве ограничивать исследования лишь по результатам проявления фенотипических признаков (среднесуточные приросты, выход мяса с туши, толщина шпика и т.п.) не всегда даёт полноценный результат, достоверно характеризующий ту или иную опытную группу. Оценка пород или линии свиней на их комбинационную способность может быть решающей в выборе родительских форм (Остапчук П. С. [72], Вовк В.О. [14], Михайлов Н.В. [65]).

Комбинационная способность — это способность линии (типа или породы), которая используется в качестве родительской формы, давать при скрещивании в определенных комбинациях потомство с большей или меньшей величиной признака продуктивности по сравнению с родительскими формами. Со специализированными линиями, типами и породами свиней необходимо вести селекцию, основываясь на знаниях эффектов общей (ОКС) и специфической (СКС) комбинационной способностей. Эти линии и породы при скрещивании должны давать потомство, которое объединяло бы в себе все ценные качества родительских форм. Выявление родительских форм, которые при сочетании дают гетерозисный эффект, должно базироваться преимущественно на специфической комбинационной способности (СКС) (Остапчук П. С. [72], Михайлов Н.В. [65]).

Традиционные программы разведения направлены на генетическое улучшение продуктивных качеств, имеющих большое экономическое значение. Методология смешанной модели заключается в одновременной генетической и экологической оценке с учетом взаимосвязи между животными. Смешанные модели, разработанные на основе полных ковариационных матриц, дают возможность сравнивать животных из разных стад (линий) и особей одной линии (Kennedy и др., 1988). Newcomb и др. (2005) сравнивают три метода оценки селекционной ценности, подчеркивая, что включение дополнительной информации о близких родственниках повышает точность отбора. Те же авторы рекомендуют использовать модели с отбором по одному или двум признакам и отмечают, что модели с двумя признаками более подходят, поскольку их ожидаемый генетический прогресс выше.

По данным Woodward и др. (1993), оценка компонентов ковариационной и аддитивной изменчивости является наиболее важной для определения оценки племенной ценности. (Apostolov A. [115]).

Очень важной при подборе пород для скрещивания и выявлении оптимальных их сочетаний является оценка формирования мясных качеств откармливаемого в свиноводческих хозяйствах чистопородного и помесного молодняка. В настоящее время практически во всех областях науки используются математические методы. Помогая усовершенствовать технологию научного исследования и повысить ее эффективность, они используются для обобщения данных, выявления тенденций и закономерностей развития процессов, а также их моделирования.

Различные явления, происходящие в процессе роста и развития сельскохозяйственных животных, находятся в причинно - следственной связи, которая может быть функциональной или же корреляционной, при которой изменение среднего значения результативного признака обусловлено изменением факторных признаков. Корреляционный анализ имеет своей задачей выявление направления и количественное определение тесноты связи между признаками. Теснота связи количественно выражается величиной коэффициентов корреляции.

Вычисленные коэффициенты корреляции, дают возможность определять «полезность» факторных признаков при проведении регрессионного анализа. Коэффициент детерминации в свою очередь характеризует ту часть общей вариации результативного признака, которая объясняется влиянием изучаемого фактора (Дойлидов В. А. [28]).

В селекционной работе мы часто имеем дело с улучшением полигенных признаков, определяемых многими генами. Это так называемые качественные признаки, которые очень часто связаны с мастью. Эти признаки слабо или совсем не зависят от окружающей среды. Признаки, определяемые многими генами с постоянной генетической изменчивостью, фенотипически рассматриваемые как качественные признаки, также имеют экономическое значение. Это так называемые пороговые черты. В свиноводстве примером порогового признака является устойчивость к острым заболеваниям, заканчивающимся смертью или выживанием. Обычно это особенность организма, которая делает невозможным развитие болезни, хотя патоген и попал в организм. Эти признаки считаются пороговыми, так как при превышении порога собственных генов они вызывают фундаментальные изменения в фенотипе. Примером порогового признака является устойчивость поросят к отечной болезни, которая определяется одним геном – мутацией в гене FUT1. Обычно эти типы признаков являются полигенными.

Однако наиболее важные хозяйственные признаки свиней относятся к группе качественных признаков и их улучшение является самой главной задачей почти всех программ разведения. Наиболее простым и эффективным является улучшение признаков с моногенным типом наследования. Затем селекционер концентрируется на выявлении особей с желательными генотипами и после отбора сохраняет их для дальнейшего разведения. Такая ситуация необычна, потому что большинство признаков определяется многими генами. В таком случае отбор лучших генотипов невозможен, и селекционные решения принимаются исходя из продуктивности животных или племенной ценности.

Генетика количественных признаков основана на базовой генетической модели, представленной в следующем уравнении:

$$P = \mu + G + E,$$

где P - фенотипическое или хозяйственное значение животного; μ - средняя фенотипическая ценность всех животных в популяции; G - генетическая ценность признака; E - влияние факторов окружающей среды на продуктивность животных.

Среднее фенотипическое значение в популяции является наиболее важным значением, в то время как G и E являются отклонениями от среднего. При отборе лучших особей для родителей следующего поколения прежде всего учитывают их генетическую ценность. Однако селекционеры на практике имеют дело с продуктивными признаками, уровень которых зависит от сочетания генотипа и окружающей среды. Улучшение признаков животных возможно только при наличии изменчивости признаков. Селекционная работа эффективна при условии улучшения не только фенотипической ценности важных признаков, но и их генотипа. Селекционеры не могут непосредственно оценить генотип отдельного животного, поэтому они оценивают генотип на основе фенотипа животного и фенотипа его родственников. Взаимозависимость между генотипами оцениваемых животных равна их коэффициенту взаимосвязи.

Корреляция между фенотипом и генотипом отдельного животного равна h , то есть квадратный корень наследуемости данного признака h^2 ($\sqrt{h^2}$) (Blicharski T. [125]).

В некоторых исследованиях было предложено несколько подходов для оценки геномной селекционной ценности (GBV): одна из возможностей заключается в использовании показателей популяции и признаков (например, размер эффективности популяции, размер хромосом, наследуемость) для большей точности оценки. Преимущество этих подходов состоит в том, что они могут использоваться до того, как будут получены данные кандидатов на отбор. Они дают общую оценку ожидаемой точности, которая рассматривает изученные образцы как единое целое, но не делает различий между животными с разным объемом информации.

Второй класс подходов, оценивающих точность GBV, заключается в использовании параметров, выведенных из уравнений смешанной модели (MMES).

Точность оценки племенных значений для данного животного $i(rBV_i)$ может рассчитываться по дисперсии ошибки прогнозирования для отдельных i , PEV_i , которые могут быть получены из обратной матрицы коэффициентов MMEs и генетической дисперсии $var(A_i)$.

В принципе, этот тип оценки также может быть использован при оценке геномной селекционной ценности, реализуемой с GBLUP (VanRaden, 2008), где матрица родословных отношений на основе числителя в BLUP заменена матрицей геномных отношений. Однако эта оценка точности справедлива только при отсутствии отбора (Vijma, 2012; Dekkers, 1992; Gorjanc, Vijma, & Hickey, 2015) и имеет тенденцию быть предвзятой, если игнорировать изменения в структуре дисперсии в выбранных популяциях (Dekkers, 1992; Henderson, 1975). Преимущество этого подхода заключается в том, что для каждой особи, для которой оценивается племенная ценность, достигается определенная точность.

Третий способ оценки точности GBV основан на наблюдаемых корреляциях между TBV и различными оценками племенной ценности, а также на ошибках оценок. Третий способ оценки точности GBV основан на наблюдаемых корреляциях между TBV и различными оценками племенной ценности, а также на ошибках оценок. Одним из простых способов является использование корреляции между EBV и GBV, разделенные на теоретическую корреляцию между EBV и TBV ($r_{GT} = r_{EG}/r_{ET}$). Эта формула или формулы, заменяющие EBV соответствующими ее производными (например, DYD или DRP), широко использовались при анализе реальных данных (например, Hayes, Bowman et al., 2009; Luan et al., 2009; Saatchi et al., 2011) и просты в реализации, поскольку r_{ET} (точно или приблизительно) доступен из MMES BLUP и r_{EG} , основанных на родословной, могут быть эмпирически рассчитаны как корреляция между EBV (DRP, DYD) и гендерное равенство. Обратите внимание, что r_{ET} из MME может быть предвзятым, если есть отбор, и его может потребоваться скорректировать (например, Vijma, 2012). Амер и Банос (2010) предположили, что при прогнозировании точности ГН по этому маршруту необходимо учитывать потенциальную ковариацию между ошибками ГН (ϵ_G) и ошибками ВЭБ (ϵ_e).

Однако ε_g и ε_e обычно недоступны в реальных данных, так что их ковариация неизвестна, и формула, включающая этот параметр, не сразу применима на практике. С помощью подходов, описанных в этом разделе, можно изучить среднюю точность для данного набора индивидуумов ([189], Long, T.E. [172]).

1.3 Молекулярно – генетические методы селекции. Перспективные гены – маркеры продуктивности

В настоящее время без использования современных достижений в области генетики животных не представляется возможным создание высокоспециализированных линий свиней, обладающих повышенными продуктивными и потребительскими качествами (Леонова М.А. [52], Широкова Н.В. [113], Meuwissen T.H.E. [180]).

Ведущие зарубежные компании для совершенствования линий свиней широко используют новые подходы, основанные на применении генетических маркеров признаков продуктивности. Маркирование признаков на уровне генотипа в дополнение к традиционным классическим методам селекции позволяет значительно повысить эффективность селекционно-племенной работы и достигнуть желаемого результата уже в течение нескольких генераций (Dekkers J.C.M. [139], Колосов Ю. [167]).

Стремительное развитие молекулярной генетики и ДНК-технологий позволяет проводить анализ геномов организмов на уровне нуклеотидов (Гетманцева Л.В. [18], Леонова М.А. [51]). После завершения международного проекта по расшифровке генома человека были разработаны и внедрены новые методы не только в медицину, но и в другие отрасли науки, в частности, в сельскохозяйственные (Михайлов Н.В. [182]). Расшифровка геномов сельскохозяйственных животных, создание генных карт, изучение структуры и функции отдельных генов и локусов стимулировало развитие маркер вспомогательной селекции (MAS, англ.) – селекции на основе ДНК-маркеров (определенных участков ДНК) (Spötter A. [216], Stewart C.L [220]).

Генетический прогресс в свиноводстве может быть достигнут в результате комплексного применения традиционных методов селекции и современных ДНК-технологий с использованием молекулярно-генетических маркеров (генов), связанных с хозяйственно полезными признаками. Выявление таких генов позволяет, дополнительно к традиционному отбору, проводить селекцию направленно, непосредственно на уровне ДНК, то есть по генотипу, а также выявлять нежелательные аллели, представляющие генетический груз конкретных животных, пород, популяций. Использование такой системы в дополнение к традиционным методам оценки, отбора и подбора животных по фенотипу, позволит повысить эффективность селекционно-племенной работы со свиньями разных пород.

Первоначально в качестве генетических маркеров использовались морфологические (фенотипические) признаки. Однако, очень часто количественные признаки имеют сложный характер наследования, их проявление детерминируется условиями среды и количество маркеров, в качестве которых используются фенотипические признаки ограничено. Затем в качестве маркеров использовались продукты генов (белки). Но наиболее эффективно тестировать генетический полиморфизм не на уровне продуктов генов, а непосредственно на уровне генов, то есть использовать в качестве маркеров полиморфные нуклеотидные последовательности ДНК.

Широкое применение вариантов полиморфизма ДНК в качестве генетических маркеров началось с 1980 г. Молекулярно-генетические маркеры использовались для программ сохранения генофондов пород сельскохозяйственных животных, с их помощью решались задачи происхождения и распространения пород, установления родства, картирования основных локусов количественных признаков, изучения генетических причин наследственных заболеваний, ускорения селекции по отдельным признакам – устойчивости к определенным факторам, по продуктивным показателям. В Европе генетические маркеры начали применяться в селекции свиней еще с начала 1990 гг. для

освобождения популяции от гена галотана, который вызывает синдром стресса у свиней.

Разработка принципиально новых подходов коренным образом изменила общую стратегию генетических исследований. Ген стал основным объектом исследования и изменения его структуры выявляются не по фенотипическому проявлению, а путем непосредственного анализа первичной структуры ДНК. Появилась возможность структурного анализа клонированных аллелей дикого типа, то есть нормальных генов.

Эта принципиально новая стратегия генетических исследований, может быть сформулирована в форме общих принципов "от гена к белку". В целом это направление иногда в литературе называют "обратная генетика", что подчеркивает принципиальное различие методологий - классической (прямой) и молекулярной (обратной) генетики. Совершенно очевидно, что в применении к изучению количественных признаков эти два разных направления не должны противопоставляться. Только комплексное исследование наследственных признаков будет способствовать решению таких важных прикладных проблем, как выяснение молекулярных основ продуктивности животных и повышение ее до биологического максимума.

Несомненно, что за время активного развития методов молекулярной генетики представления о гене существенно изменились. Однако понятие гена в классическом смысле этого слова остается незыблемым, определяется как фрагмент ДНК, в последовательности нуклеотидов которой закодирована информация о последовательности нуклеотидов в другой нуклеиновой кислоте или аминокислотной последовательности в белке.

Изменение фенотипа организма однозначно связано с мутационными изменениями генотипа, т.е. изменениями последовательности нуклеотидов во фрагменте нуклеиновой кислоты (ДНК и РНК), именуемом геном. Таким образом, ген можно определить, как наследуемую часть генома, влияющую на какой-либо фенотипический признак.

На сегодняшний день установлено, что гены, кодирующие белки-ферменты клеточного метаболизма, составляют всего 17% известных генов. В то же время 22% генов - это гены для белков и РНК (компоненты аппарата экспрессии генов и регуляторы ее различных стадий). Половину этого общего числа составляют так называемых транс-действующие факторы - гены регуляторных белков, активаторов и репрессоров, влияющих на транскрипцию генов для белков, которые участвуют в дифференцировке тканей в ходе развития и формируют специфические фенотипы [17].

При геномной селекции происходит тестирование генома с использованием чипов (матриц) сразу по большому количеству однонуклеотидных маркеров, так называемых снипов Single Nucleotide Polymorphism (SNP), покрывающих весь геном и связанных с локусами количественных признаков (QTL), что позволяет определять генотипы с желательным проявлением продуктивных признаков, оценивать племенные качества животного (Rempel L.A. [202], Sironen A.I. [213], Thekkoot D.M. [223], Cleveland M.A. [135]).

Геном-кандидатом (маркером) может быть любой ген, который вызывает отличия в наблюдаемых характеристиках животных (например, в устойчивости к болезням, откормочной и мясной продуктивности). Такой ген, если он локализован в области картированного QTL, рассматривается как позиционный ген-кандидат, а если белковый продукт гена может принимать прямое участие в формировании признака, тогда он рассматривается как функциональный ген-кандидат (Зиновьева Н. А. [35], Остапчук П.С. [71], Гетманцева Л.В. [17]).

Первый шаг в анализе ДНК, РНК и белка – их выделение из биологического образца и очистка. Для этого имеется целый ряд протоколов и готовых реакционных смесей (китов). Применяемая стратегия определяется источником материала и выделяемыми молекулами. Очистка ДНК, РНК и белков является ключевым фактором, от которого зависит надежность конечного результата.

После выделения ДНК (или РНК) из клеток, следующим шагом является получение тысяч или миллионов копий определенного гена или участка ДНК. Фрагмент ДНК может быть размножен в микроорганизмах, обычно *E. coli*, или *in*

in vitro с использованием полимеразной цепной реакции (ПЦР). Этим методом, принесшим Нобелевскую Премию его создателю, Кэри Мюллису, экспоненциально умножают (амплифицируют) любой сегмент ДНК с известной последовательностью.

Ключевым компонентом в ПЦР является ДНК-полимераза, выделенная из *Thermus aquaticus*, микроорганизма, адаптированного к жизни и размножению при очень высоких температурах. Эта термостабильная Таq-полимераза (по названию *Thermus aquaticus*) обеспечивает репликацию цепей ДНК в циклическом режиме и приводит к геометрическому росту количества копий ДНК – мишени амплификации.

Цикл ПЦР включает три этапа: 1) денатурация ДНК при 90–95°C для разделения молекулы ДНК на две одноцепочечные последовательности, которые служат матрицами; 2) отжиг пар коротких одноцепочечных олигонуклеотидов (праймеров, или затравок), комплементарных к областям – мишеням, фланкирующим амплифицируемый фрагмент (фрагмент интереса), при 45–65°C; 3) удлинение вновь синтезируемых цепочек ДНК, начиная от праймеров, осуществляемое Таq-полимеразой при 72°. Этот цикл повторяется, обычно 25–45 раз, позволяя накапливать достаточное количество ампликонов (фрагмент гена или ДНК, синтезируемый с использованием ПЦР) для анализа.

Полиморфизм длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ/RFLP) определяется при использовании ферментов рестрикции (рестриктаз), которые разрезают ДНК только в точных местах «сайтов рестрикции» (например, рестриктаза *EcoRI* разрезает ДНК в сайте, определяемом палиндромной последовательностью GAATTC). В настоящее время наиболее часто ПДРФ/RFLP используют вслед за ПЦР (ПЦР–ПДРФ/PCR–RFLP) для того, чтобы выявить аллели, отличающиеся по нуклеотидным последовательностям в сайте рестрикции. Фрагмент гена амплифицируется с использованием ПЦР и затем обрабатывается специфическим ферментом рестрикции, который разрезает только одну аллельную форму. Переваренные таким образом ампликоны затем разделяются электрофорезом.

Микросателлиты, или SSR (Simple Sequence Repeats), или STR (Simple Tandem Repeats) состоят из участков ДНК длиной в 2 – 6 п.о. (пар оснований) – тандемно повторенных много раз (например, САСАСАСАСАСАСА).

Они распространены по всему эукариотическому геному. Микросателлиты имеют относительно малые размеры и могут, следовательно, легко амплифицироваться при использовании ПЦР на ДНК, экстрагируемой из различных источников, например, кровь, корни волос, кожа или даже фекалии. Полиморфизмы могут быть визуализированы на секвенирующем геле, и при наличии автоматического ДНК-секвенатора можно анализировать большое количество образцов (Goldstein, D.B. [148], Jarne P. [159]). Микросателлиты гипервариабельны; они часто имеют десятки аллелей по одному локусу, отличающихся один от другого по числу повторов. Их все еще предпочитают использовать для изучения разнообразия, а также для анализа отцовства и картирования локусов количественных признаков (QTL).

Минисателлиты обладают теми же характеристиками, что и микросателлиты, но длина повторов составляет от десяти до нескольких сотен пар оснований (п.о.). Микро и минисателлиты известны также как VNTR- полиморфизмы (Варьирующее количество тандемных повторов - Variable Number of Tandem Repeats).

Полиморфизм длин амплифицируемых фрагментов (Amplified fragment length polymorphisms - AFLP) является методом ДНК-фингерпринта (отпечатки пальцев), который выявляет фрагменты рестрикции ДНК способом их амплификации в ПЦР.

STS маркер (Меченный сайт последовательности Sequence Tagged Site) является ДНК последовательностью, которая встречается в геноме только раз в известном месте. Они необязательно бывают полиморфными и используются для построения физических карт.

SNP являются вариантами по одному нуклеотиду, которые не меняют общую длину последовательности ДНК в этом регионе. SNP встречаются по всему геному.

Они широко распространены и встречаются в геноме человека с частотой один SNP на каждую 1000 пар оснований (Sachidanandam R. [207]). Большинство

SNP локализуется в некодирующих областях и не имеет прямого влияния на фенотип индивидуума. Однако некоторые введенные мутации в экспрессирующиеся последовательности или области, влияющие на экспрессию генов (промоторы, энхансеры), могут вызывать изменения в структуре белка или регуляции. Такие SNP предоставляют определенные возможности для выявления функциональных генетических вариантов ([95], Долматова И.Ю. [29]).

В настоящее время у свиней известен целый ряд генов-маркеров, представляющих интерес при селекции на воспроизводительные, откормочные и мясные качества.

Одним из перспективных генов-маркеров продуктивности свиней является ген рецептора меланокортина-4 (MC4R). MC4R экспрессируется в центральной нервной системе, преимущественно в гипоталамической области, и регулирует употребление корма и баланс энергии. Замена одного нуклеотида А на G приводит к изменению аминокислотного состава MC4-рецептора. В результате происходит нарушение регуляции секреции клеток жировой ткани и приводит к нарушению липидного обмена и непосредственно влияет на процесс формирования признаков, характеризующих воспроизводительные, откормочные и мясные качества свиней. Аллель А определяет воспроизводительные качества, быстрый рост и большую толщину шпика, а аллель G отвечает за эффективность роста и большой процент постного мяса. Гомозиготные свиньи с генотипом AA могут достигать рыночного веса быстрее, чем свиньи гомозиготные по аллелю G (GG), но при этом у свиней с генотипом GG меньше сала и отличаются они более высокой конверсией корма.

Хотя сведений о связи между полиморфизмом MC4R и продуктивными показателями свиней носят неоднозначный характер, установлено довольно заметное его влияние на среднесуточный прирост, потребление корма, рост мышц, содержание жира в туше и длину туши. (Костюнина О.В. [45]).

Центральную роль в формировании репродуктивных признаков играют стероидные гормоны или эстрогены. Гормональный эффект эстрогенов опосредуется через эстрогеновые рецепторы (estrogen receptor, ESR), которые принадлежат к суперсемейству нуклеарных рецепторов. У свиней ген ESR1

расположен в первой хромосоме. Полиморфизм гена *ESR1*, диагностируемый методом ПЦР-ПДРФ, находит все более широкое применение как генетический маркер воспроизводительной продуктивности в селекции свиней. Основной механизм действия эстрогеновых рецепторов заключается в том, что стероидные гормоны диффундируют через клеточную мембрану и связываются со специфическими протеинами нуклеарного рецептора. Активированный стероидно-рецепторный комплекс, инициирует процесс транскрипции РНК, в результате чего синтезируются специфические белки, участвующие в регуляции разнообразных физиологических функций [124].

Для эффективного применения в практической селекции генетических маркеров необходимо учитывать силу влияния фактора на фоне индивидуальных особенностей группового генотипа свиней (Колосов А.Ю. [40]).

Ген *FSHB* кодирует строение фолликулостимулирующего гормона. Изменение аминокислотной последовательности гормона связано с изменением его функциональных особенностей, которые прослеживаются однотипно у свиней вне зависимости от породы или линии. Закрепление желательного генотипа в популяции способствует повышению у свиноматок воспроизводительных качеств.

У самок *FSH β* стимулирует развитие фолликулов до момента овуляции и интерстициальной ткани яичников, что приводит к усиленной секреции женских половых гормонов-эстрогенов. В результате воздействия данного гормона на яичники начинается быстрый рост и созревание фолликулов, которые секретируют эстрогены. У самцов фолликулостимулирующий гормон вызывает развитие семенных канальцев, стимулирует сперматогенез и секрецию мужских половых гормонов-андрогенов.

Можно прогнозировать, что ген *FSH β* может рассматриваться в качестве маркера плодовитости в программах разведения свиней, направленных на селекцию для повышения многоплодия. (Епишко О.А. [31])

Ген рецептора пролактина (*PRLR*) кодирует специфический рецептор гормона передней доли гипофиза – пролактина (*PRL*), который в организме млекопитающих участвует в регуляции роста, метаболизма и размножения [50]. По

структуре и биологическим свойствам пролактин имеет общие черты с гипофизарным гормоном роста (соматотропином, GH). Прولاктин и гормон роста относятся к семейству пролактинподобных белков. Гормоны данного семейства в той или иной степени влияют на ростовую, анаболическую, гипергликемическую, липолитическую и лактогенную активность. Наибольшей ростовой и анаболической активностью у млекопитающих обладает гормон роста. Влияние пролактина в большей степени связывают с репродуктивными качествами, развитием молочных желез и лактацией. Ген PRLR у свиней картирован на хромосоме 16 (SSC16), и его AluI полиморфизм обуславливает наличие трех генотипов AA, BB и AB, которые связаны с воспроизводительными качествами свиней (количество поросят при рождении и многоплодие). Дальнейшие исследования по этому вопросу показали, что желательный генотип (т.е. определяющий высокий уровень продуктивности) по гену PRLR для свиней разных пород и линий не является универсальным. Для использования данного гена в качестве маркера продуктивности в селекционной работе необходимо проведение предварительных исследований с учетом породной и линейной принадлежности свиней (Леонова М.А. [51], [50]).

Фактор, ингибирующий лейкемию (LIF) - является полифункциональным цитокином и осуществляет важные биологические функции. Он влияет на различные эндокринные ткани и типы клеток и играет важную роль в процессе эмбриогенеза, стимулирует пролиферацию клеток внутренней клеточной массы бластоцист и поддерживает их плюрипотентность, оказывает влияние на развитие как самого эмбриона, так и производных трофобласта, в частности плаценты. Полиморфизм гена LIF в настоящее время рассматривается как маркер воспроизводительных качеств свиней, влияющий главным образом на количество поросят при рождении и многоплодие.

Влияние LIF и его рецепторов было продемонстрировано на большом числе видов млекопитающих. Ген LIF может выступать как достаточно информативный генетический маркер воспроизводительных качеств свиней. Свиноматки генотипа AA/LIF по сравнению с аналогами генотипа BB/LIF достоверно отличались

лучшими показателями по количеству поросят при рождении и многоплодию на 1,6 и 1,7 поросенка ($p \leq 0,05$), соответственно. Свиноматки генотипа АВ/LIF имели промежуточные значения. Полученные нами результаты свидетельствуют о том, что концентрация «желательного» аллеля А/LIF в генотипе животных способствует повышению многоплодия.

Наличие связи аллельных вариантов гена LIF с плодовитостью свиней представляет интерес в изучение полиморфизма гена (SNP 6988 C→T) у свиней различных пород. (Гетманцева Л.А. [18]).

Главным маркером откормочных и мясных качеств свиней в настоящее время считается ген инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF-2). Ген IGF-2 является наиболее перспективным маркером мясо-откормочной продуктивности. Исследования показали, что мутация в гене IGF-2 (q→Q) существенно влияет на скорость роста и отложение жира у свиней. Было установлено, что данный ген характеризуется патернальным действием на продуктивность. Это означает, что у потомства появляется действие только того аллеля, который был получен от отца. Установлено, что предпочтительным с точки зрения селекции является генотип QQ. По данным канадского Центра развития свиноводства (CCSi) свиньи с генотипом QQ имеют на 7,1 мм меньше толщину шпика, на 4,3 % больше выход постного мяса, на 7 см²– площадь «мышечного глазка» по сравнению со свиньями с генотипом – qq

Инсулиноподобные факторы роста (IGF2) синтезируются в клетках печени и других органах под влиянием гормона роста. Рецепторный аппарат наружной клеточной мембраны, воспринимая сигнал от ГН, посылает сигнал внутрь клетки. При этом внутри клетки запускается цепь каскадных реакций. Активизированная экспрессия гена IGF-2 протекает с альтернативным сплайсингом и кодирует в качестве первоначального варианта образование белка-предшественника. IGF2 являются фактически посредниками анаболического, ростового влияния ГН, формируя «дополнительную» ветвь для реализации его биологической активности. Она заключается в участии ГН в регулировании различного рода обмена веществ, но основные его функции связаны с регуляцией обмена белков и процессов,

влияющих на рост и развитие организма. В результате этих процессов происходит увеличение синтеза белка в костях, хрящах, печени и других органах [17].

В отличие от большинства известных генов, имеющих двухаллельную экспрессию, ген IGF2 локализован в участке импринтинга. Для него характерна моноаллельная экспрессия, т.е. экспрессируется только отцовский аллель, а материнский оказывается функционально неактивным. При наличии у хряка нежелательного аллеля, унаследованного от матери, фенотипически это никак не проявится. Обладая высокой собственной продуктивностью, хряк гетерозиготного генотипа передаст своему потомству как желательную, так и нежелательную аллель. В связи с этим в дальнейшем будет увеличиваться частота нежелательного аллеля в популяции.

Таким образом, уровень продуктивности животных предопределяется внутренней средой организма. Постоянство и взаимосвязь функциональных параметров интерьера, согласованная работа различных систем, детерминирующих продуктивные качества, находится под контролем генетических элементов [17]. В связи с этим проведение молекулярно-генетического мониторинга популяции и интерпретация информации в фенотипические характеристики позволят рассчитать оптимальную генотипическую структуру пород, линий свиней и повысить эффективность оценки племенной ценности (Лобан Н.А. [55]).

1.4 Современные аспекты создания специализированных генотипов свиней. Линейное разведение.

В решении проблемы увеличения производства свинины и повышения ее качества задача селекционеров сводится к повышению генетического потенциала продуктивности существующих пород, созданию новых генотипов, пригодных к использованию в условиях интенсивных технологий, проведению дифференциации пород и входящих в них структурных единиц – типов и линий по продуктивным качествам – путем перехода к селекции по ограниченному числу признаков (Бажов Г.М. [3], Шарнин В.Н.[110], Свинарёв И.Ю.[88]).

В настоящее время все мировое свиноводство использует гибридизацию, как эффективный метод получения эффекта гетерозиса. Однако, проведение гибридизации предполагает наличие специализированных материнских и отцовских линий и пород свиней, гарантировано сочетающихся на гетерозисный эффект. Именно поэтому локальные системы гибридизации должны быть «управляемыми».

Должны скрещиваться не породы, а специализированные, сочетающиеся на эффект комбинационной способности специализированные линии пород свиней. Промышленное скрещивание, несмотря на его эффективность не всегда дает гарантированный эффект гетерозиса. В этом и заключается его отличие от гибридизации. Между тем в отечественном свиноводстве промышленное скрещивание пород и скрещивание специализированных линий (гибридизация) практически отождествляется. Широко используются термины «породно-линейная», «межлинейная», «внутрипородная», «породная» гибридизация и т.д. Следует отметить, что мы не совсем удачно заимствовали из-за рубежа термин «гибридизация» и уж совсем не удачно его применяем. Но если он уже и получил права гражданства в отечественной «разведенческой» терминологии, то под гибридизацией следует понимать скрещивание сочетающихся на общую и специфическую комбинационную способность «групповых» генотипов свиней.

Скрещивать нужно не породы, а только сочетающиеся на гетерозис специализированные линии, т.к. в пределах пород наблюдается достаточно широкий генетический диапазон изменчивости, который не позволяет во всех случаях давать гарантированный гетерозис.

Селекция в специализированных линиях должна вестись не столько на повышение общего уровня продуктивности, сколько на комбинационную способность (общую и специфическую). Замечательная школа белорусских селекционеров – растениеводов (Турбин) еще в 70 годах прошлого столетия разработала методические подходы к оценке этого эффекта и предложила принципиально новые методы селекции на комбинационную способность на основе методов Гриффинга [42].

В мировой практике в США, Дании, Канаде, Англии и в многих других странах принята терминальная или конечная система гибридизации, где на первом этапе (первый кросс) скрещиваются, как правило, специализированные линии материнских пород: Крупная белая (Йоркшир) и Ландрас, а полученных помесей (гибридов) скрещивают с хряками производителями специализированных мясных пород или линий. Как правило, ими являются породы Дюрок, Гемпшир, Пьетрен или КА-ХИБ. В последнее время в системе гибридизации на заключительном этапе используют помесных хряков мясных специализированных пород, т.к. считается, что они более удачно сочетают отцовские качества в комбинации, чем при чистопородном разведении.

В терминальной системе гибридизации линии материнских пород при скрещивании селекционируются исключительно на крепость конституции и высокие воспроизводительные качества, вторую материнскую породу в ряде случаев селекционируют, помимо воспроизводительных качеств, по показателям интенсивности роста.

В настоящее время считается твердо доказанным, что гетерозис, в основном, проявляется по признакам с низким коэффициентом наследуемости, поэтому в товарном свиноводстве при гибридизации свиноматки должны быть получены от скрещивания двух материнских сочетающихся линий разных пород. При этом, обладая достаточно высокими абсолютными показателями материнских качеств, дополнительно будет проявляться эффект гетерозиса, т.к. воспроизводительные качества обладают низкой наследственной детерминацией, а эффект гетерозиса по ним наиболее реален.

Одним из приоритетных направлений в племенной работе является разработка концепции селекции в специализированных линиях свиней. В одной линии невозможно совместить репродуктивные, откормочные и мясные качества. В отцовских линиях селекция должна быть сосредоточена на совершенствовании мясных и откормочных качеств. Как правило, это аддитивно наследуемые признаки и их можно быстро улучшить. Имея контрольно-испытательные станции, элеверы для выращивания ремонтного молодняка и лаборатории для качественного анализа

мяса в достаточно быстрый срок можно вывести специализированные отцовские линии [42].

Выведение материнских специализированных линий требует больших усилий, т.к. воспроизводительные качества в большей мере детерминированы условиями среды, чем генотипом. Методы племенного отбора в данном случае должны быть основаны на закономерностях популяционной генетики.

Важным фактором интенсификации селекционного процесса является совершенствование форм и методов управления на всех стадиях селекционно-племенной работы. Применение новых методов оценки животных, индексной селекции на базе использования средств вычислительной техники создает широкие возможности для дальнейшего совершенствования систем управления племенной работой (Михайлов Н.В. [59]).

Практика показывает, что путем целенаправленной длительной селекции в любой породе можно создать узкоспециализированную по определенным признакам группу животных, показывающую в кроссах с животными других групп высокий эффект гетерозиса. Если численность группы, улучшенной по одному или нескольким признакам, более 100 свиноматок, родственных между собой в четырех поколениях, то это заводская специализированная линия (Бажов Г.М. [3], Третьякова О.Л. [101]).

Несколько заводских линий, отселекционированных по единой методике, разводимых в одном или нескольких племенных хозяйствах, пригодных к воспроизводству без применения инбридинга и насчитывающих не менее 300 свиноматок, представляет собой заводской тип.

Основополагающими факторами создания заводских линий свиней методом чистопородного разведения являются: выделение выдающегося родоначальника; однородный подбор в ряде поколений среди потомков родоначальника; использование отдаленного и умеренного инбридинга для закрепления генетического сходства с родоначальником; систематическая оценка животных по собственной продуктивности и качеству потомства; жесткая браковка животных не отвечающих целевому стандарту; работа по выведению линий одновременно в

нескольких хозяйствах; частичное использование кроссов для обогащения генотипа новыми качествами (Бажов Г.М. [3]).

Генетически регулируемый гетерозис в отличие от естественного создается особыми селекционно – генетическими методами. Он может (и должен) быть гораздо выше по важнейшим признакам и проявляться во всех случаях спаривания нормальных самок и самцов скрещиваемых групп. При этом скрещиваются между собой не породы, а специально отселекционированные на сочетаемость и генетически более консолидированные специализированные линии (Либизов М.П. [53], Griffing В. [149], Федоренко В.Ф. [103]).

Закладка специализированных линий осуществляется на основе комплексной оценки помесных животных по ведущим селекционируемым признакам, выявления лучших животных и формирования в каждой линии минимум 4-х родственных групп из животных, сходных по кровности, направлению и уровню продуктивности. Необходимо при этом соблюдать следующие условия:

- линия может происходить от одного или нескольких родоначальников; она объединяет в себе генетическую сущность этих сходных между собой по типу родоначальников, их продолжателей и обеспечивает репродукцию сходных между собой животных; в линию входят хряки, свиноматки и ремонтный молодняк, сходные по продуктивности с родоначальником (-ами) линии;
- минимальное количество животных в линии: основных хряков – 8 голов, основных свиноматок – 100 голов; столько же проверяемых;
- продолжатели каждой родственной группы (ветви) в количестве 1-2 хряков и 3-5 маток выявляются на основании оценки животных по собственной продуктивности и качеству потомства. Эти животные включаются в селекционную группу, закрепляются по принципу «лучшие с лучшими» и от них выращивается ремонтный молодняк [2];
- основу каждой ветви составляют поколения хряков, которые по принципу внутрилинейно – ротационного подбора спариваются в каждом последующем поколении с матками очередной родственной группы, т.е. проводится поочерёдное закрепление хряков каждой из 4-х ветвей за одной четвертой частью маточного стада. Это позволяет использовать для

консолидации наследственных качеств животных линейный подбор типа III - IV, IV - IV и т. д. (Рисунок 1 - Принципиальная схема внутрилинейного подбора);

- при параллельной смене поколений в каждой родственной группе и ротационном подборе все 8 общих предков у каждого животного постоянно будут повторяться в III поколении, а родственное спаривание начнется только в IV поколении. При этих условиях коэффициент инбридинга только через 12 лет достигнет 6,2%. Такая степень инбридинга способствует консолидации наследственных признаков и не имеет отрицательных последствий;

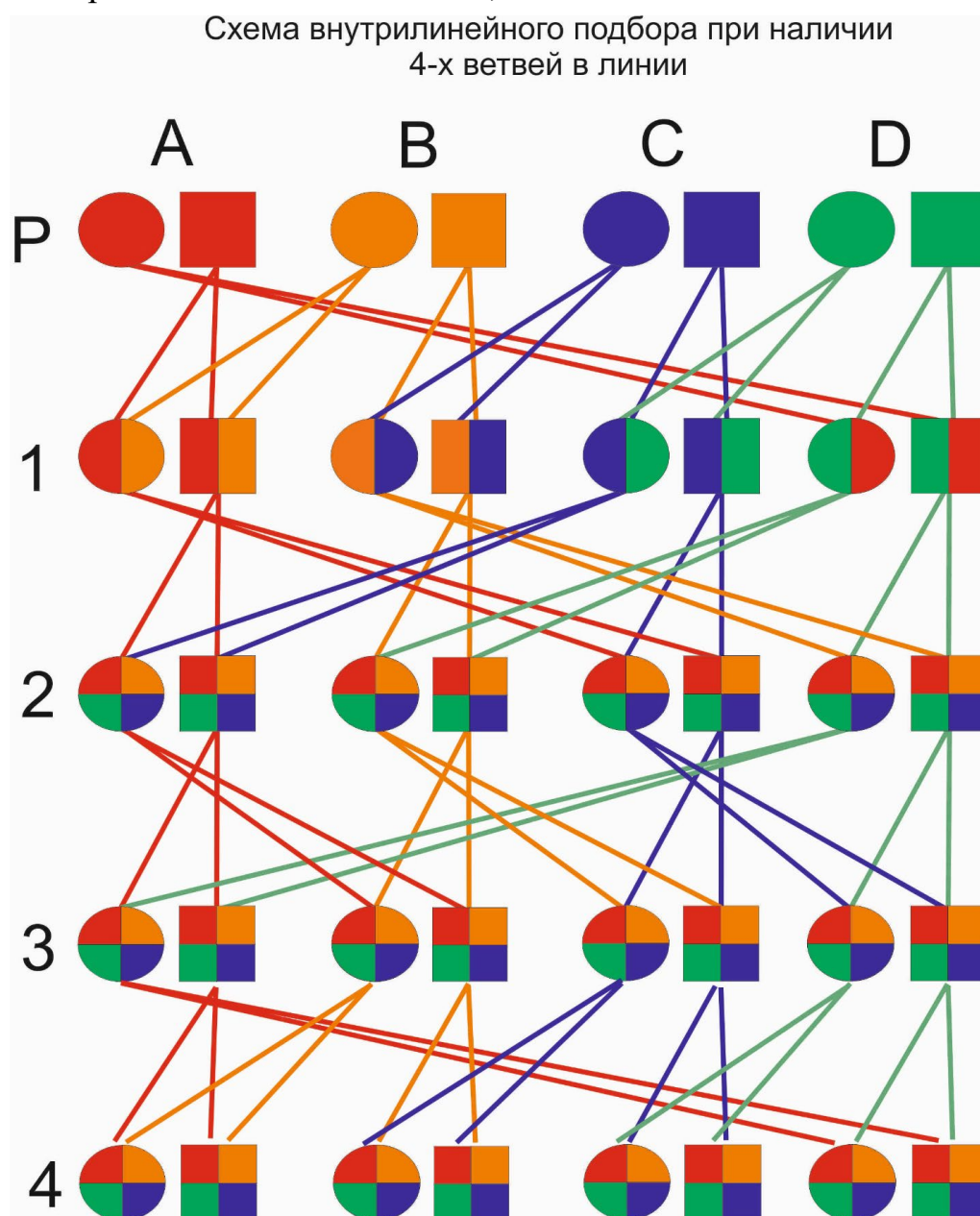


Рисунок 1 - Принципиальная схема внутрилинейного подбора

- в последующей селекционной работе необходимо интенсивно использовать и целенаправленно повторять только лучшие сочетания пар, не допуская без надобности близкородственного спаривания. Однако, при необходимости закрепить в потомстве весьма ценные качества какого – нибудь производителя допускается использование инбридинга в близких и умеренных степенях;
- необходимо обеспечить в линиях высокое селекционное давление, ужесточая отбор. В стаде из 100 основных и 80 проверяемых свиноматок рекомендуется отбирать в 7-8 месячном возрасте не менее 120 ремонтных свинок со средней массой 115-120 кг и 20 ремонтных хрячков со средней массой 125-140 кг, или по 30 свинок и 5 хрячков в каждой родственной группе;
- в каждой родственной группе осуществляется однородный подбор по ведущему селекционному признаку;
- обязательным селекционным элементом при создании специализированных линий должна быть представлена оценка каждой новой генерации на комбинационную сочетаемость с животными других пород и линий, по результатам которой должен проводиться отбор хрячков и маток с благоприятным набором генов в геноме для дальнейшего разведения (Бажов Г.М. [3], Либизов М.П. [53], Иоганссон И. [37], Михайлов Н.В. [59]).

На первом этапе работы по созданию специализированных линий предусматривается объединить в генотипе животных важнейшие хозяйственно – полезные признаки исходных пород.

Начинается работа с разработки целевого стандарта и схемы скрещиваний с поэтапным использованием выбранных пород. Проводится оценка продуктивных качеств чистопородных и помесных животных по собственной продуктивности и качеству потомства; по результатам оценки намечаются животные для проверки их в качестве возможных родоначальников линии; устанавливается уровень

селекционного давления на каждом этапе селекционного процесса. Чистопородный и помесный молодняк для скрещивания отбирается с оценкой не ниже класса элита.

Схема скрещивания уточняется после оценки продуктивности и других качеств помесей F1 и F2. Сочетания, не проявившие себя уже на первых этапах селекции, исключаются из схемы, а животные выбраковываются.

В процессе селекции линий необходимо обеспечить животных полноценным сбалансированным кормлением, что позволит им в максимальной степени проявлять свой генетический потенциал продуктивности.

К дальнейшему воспроизводству допускаются животные с крепкой конституцией, хорошо выполненными окороками и высокими откормочными качествами. Из помесных хряков и свинок разного происхождения комбинируются родительские пары. Допускается применение в отдельных случаях тесного и умеренного инбридинга.

К разведению «в себе» переходят на любом этапе селекционного процесса – при получении помесей, удовлетворяющих целевому стандарту, запланированной модели. В каждом сочетании в опоросах должно участвовать не менее 20-30 свиноматок.

Второй этап заключается в формировании генеалогической структуры нескольких линий и семейств путем разведения помесных животных «в себе». На этом этапе проводится оценка животных проектного генотипа по качеству потомства, по телосложению, конституции, продуктивности, применяется жесткая выбраковка животных, не отвечающих требованиям целевого стандарта, допускается инбридинг разных степеней.

На третьем этапе осуществляется консолидация желательных наследственных качеств создаваемого генотипа путем внутрелинейного подбора, ускоренная смена поколений, повышение селекционного давления, расширение зоны разведения новых линий (Бажов Г.М. [3]).

1.5 Селекционные приемы повышения качества свинины

При характеристике продуктивности свиней важна оценка качества получаемой продукции, которая определяется пищевой и биологической ценностью свинины. Эти ее свойства заключаются в оптимальной полезности, отвечающей физиологическим потребностям человека и зависят от состава, соотношения и распределения мышечной, жировой и соединительной тканей в мышцах, кислотности, влагоемкости, увариваемости, цветности и нежности мяса, имеющих значение при его хранении и технологической обработке в мясопродукты (Бажов Г.М. [3]).

Под понятием качества мясной продукции подразумевают широкую совокупность свойств, характеризующих пищевую и биологическую ценность, органолептические, структурно-механические и прочие признаки, а также степень их выраженности. Качество свинины определяется рядом показателей: внешним видом (окраска, мраморность), вкусом, запахом, консистенцией, годностью к производству мясопродуктов (рН, содержание жира).

Таким образом, основные показатели, характеризующие качество свинины, являются технологическими. В связи с этим качество получаемого мяса может широко варьировать под влиянием условий выращивания и транспортировки, предубойного содержания, условий убоя и первичной обработки, параметров холодильного хранения (Полковникова В.И. [77]).

Мировая селекция направлена на повышение мясности свиней, которая тесно связана с методами разведениями и улучшением качества мясной продукции. Увеличение производства свинины основано не только на улучшении условий содержания и кормления животных, но и на разработке селекционных программ. Они направлены на совершенствование пород, создание типов, линий, помесей и гибридов и на получение качественно новых животных с низким содержанием жира. Вместе с тем, внедрение приемов и методов гибридизации требует систематических исследований, оценки разных вариантов межпородных и межлинейных сочетаний с максимальным использованием эффекта гетерозиса (Быканов А.В. [13], Казанцева Н.П. [39], Малай Д. [58], Бальников А.А. [5]).

В последнее время при чистопородном разведении в связи с необходимостью одновременной селекции по многим признакам, наблюдается замедление генетического прогресса.

Теория и практика свиноводства свидетельствует о том, что одним из существенных способов повышения продуктивности животных на современном этапе является межпородное скрещивание и гибридизация. В товарном свиноводстве система племенной работы должна быть направлена на максимальное использование гетерозиса. Межпородное скрещивание дает возможность сочетать в потомстве ценные свойства исходных пород и получать явление гетерозиса.

Как известно, мясная продуктивность свиней формируется под влиянием морфофизиологических особенностей организма, мотивированных наследственностью и факторами внешней среды. Влияние наследственности проявляется как в породных, так и в индивидуальных особенностях животных, обуславливающих уровень генетического потенциала мясной продуктивности. Реализация этого потенциала возможна только при полноценном кормлении и содержании свиней (Михайлов Н.В. [63]).

Мясная продуктивность определяется рядом показателей. Приоритетное значение отводится таким из них, как живая масса (в конце откорма и перед убоем), масса туши, убойная масса и убойный выход, соотношение в туше костей и мякоти. Оценить качество туши с максимальной точностью можно только при проведении контрольного убоя с последующей обвалкой остывшей туши и учетом соотношения удельного веса мяса-мякоти, шпика и костей (Закопин В.Е. [33]).

На качественные характеристики мяса влияют множество факторов, как внешние технологические факторы, так и внутренние, но наиболее существенно влияют наследственность и порода, при этом признаки, определяющие вкусовые качества свинины, имеют высокую степень наследуемости (Суслина Е.Н [98]).

Одним из показателей качества мяса, имеющим значение в технологической переработке и при кулинарном использовании, является его влагосвязывающая способность. От способности мяса удерживать или связывать воду зависят такие свойства, как сочность, потери при тепловой обработке, нежность, товарный вид,

технологические достоинства. В свою очередь эта способность зависит от содержания в мясе структурных белков и величины рН. Высокая влагосвязывающая способность мяса сопровождается при тепловой обработке малыми потерями влаги, в результате чего обеспечиваются высокий выход готового продукта и высокие вкусовые свойства (Жеребилов Н.И. [32], Горлов И.Ф. [23], Бурцева С.В. [11]).

Однако многие зарубежные и отечественные исследователи отмечают специфичность общего химического состава мяса, которое получено от животных при индустриальных методах выращивания. Просматривая динамику двух основных показателей – воды и белка в нежирной свинине за последние 30 лет, установлено, что, в независимости от типа автолиза, имеет место выраженная тенденция к повышению массовой доли влаги в мясе при одновременном снижении общего количества белка. Так в мясе с аномальным развитием автолиза содержание влаги на 2-8 % выше чем у нормального, а доля саркоплазматических и миофибриллярных белков на 0,7-0,9 % ниже, что оказывает непосредственное влияние на формы связи влаги в сырье, то есть на уровень водосвязывающей способности, величину термопотерь и выхода готовой продукции, степень синергизма, структурно-механические свойства и т.д. (Стрельцов В.А. [96]).

Свиньи, относящиеся к разным генотипам, существенно различаются между собой по содержанию в тушах мяса, сала и выходу наиболее ценных в товарном отношении частей туш. Считается, что в туше наиболее ценными отрубями являются плечелопаточная и задняя треть, содержащие в своем составе наибольшее количество мяса и наименьшее костей. При этом сорта мяса в данных отрубях являются самыми дорогостоящими и содержат меньше соединительной ткани. Для реализации в розничной торговле свинину разделявают на отруба, которые делят на первый и второй сорта. К первому сорту относят плечелопаточную часть, спинно-реберную часть (корейку), грудинку, поясничную часть с пашиной, тазобедренную часть и окорок; ко второму сорту - предплечье (рулька), голяшку (Бальников А.А. [4]).

Одним из примеров межпородного скрещивания является скрещивание крупной белой породы и дюрок. Крупная белая – порода, обладающая крепкой конструкцией, хорошими воспроизводительными качествами, а также приспособленностью к кормовым и климатическим условиям. Однако свиньи крупной белой породы имеют универсальное направление продуктивности и недостаточно выраженные мясные качества. В то время, как дюрок имеет мясное направление продуктивности (Рясков В.И. [81], Джунельбаев Е.Т. [25]).

Так же для повышения мясных качеств используют трехпородную систему скрещивания. При использовании в трехпородном скрещивании свиней таких пород, как крупная белая, йоркшир и дюрок при откорме до разных весовых кондиций (100, 120 и 140 кг) отмечают наименьшую толщину шпика и более высокий выход мяса, в отличие от двухпородных аналогичных помесей: крупная белая × йоркшир, крупная белая × дюрок и крупная белая × скороспелая мясная (СМ-1). Хотя по выходу мяса в туше двухпородные помеси крупная белая × йоркшир имели незначительные отличия (Гордеева Н. [22], Овчинников А.В. [69], Стрельцов В.А.[96]).

Чрезвычайно важно знать влияние породы на качественные показатели мяса, так как увеличение выхода мышечной ткани в туше свиней до 60% и выше часто сопровождается появлением специфических конституционных недостатков. Хотя и известно. Что степень влияния породы на соединительнотканых белков в мышечной ткани 6-7-месячных свиней составляет около 22%, этот факт не определяет межпородных различий в соотношении полноценных и неполноценных белков у свиней разного направления продуктивности (Бажов Г.М. [3]).

Многими исследованиями подтверждено, что существенное влияние на качество туш отводится породам мясного направления продуктивности. Учитывая достаточно высокую наследуемость мясных качеств свиней – в пределах 30–60 % – и среднюю откормочных – 20–40 %, можно утверждать, что эти признаки хорошо передаются у животных из поколения в поколение. А так как между данными признаками установлена высокая корреляция в пределах 68–96 %, то это позволяет

говорить о взаимной детерминации откормочных и мясных качеств и использовать данную взаимосвязь в селекционном процессе (Шейко Р.И. [112], Лобан Н.А.[54]).

Окончательным выражением уровня мясных качеств является морфологический состав туши, и в первую очередь – содержание в ней мяса. В современных условиях промышленного свиноводства важными являются исследования возможностей свиней специализированных мясных генотипов к проявлению высокого потенциала продуктивности. Поскольку установлено, что мясные качества при скрещивании наследуются в основном промежуточно, решающим, с точки зрения повышения мясности, фактором генетического воздействия на результаты скрещивания являются хряки - производители, а наиболее оптимальным решением этой проблемы является использование скрещивания с использованием специализированных мясных пород.

Содержание мышечной ткани в свиных тушах и ее белковый состав, который является показателем полноценности получаемой продукции, наследуются независимо друг от друга и могут проявляться у животных в различных сочетаниях. Селекция по этим признакам должна проводиться методом независимых уровней или по селекционным индексам.

Скрещивание и гибридизация с использованием мясных пород свиней способствует улучшению качественных показателей мышечной ткани гибридов и помесей. В ней увеличивается содержание триптофана, снижается или остается без изменений оксипролин, в результате чего повышается триптофан – оксипролиновое отношение и белково – качественный показатель. Это говорит о благоприятном соотношении полноценных и неполноценных белков, о преобладании в структуре мышечной ткани животных саркоплазматических и миофибриллярных белков, богатых содержанием незаменимых аминокислот.

Селекция на повышение мясности свиней сводится, в конечном итоге, к получению устойчивых генетических изменений в составе суточных приростов, заключающихся в увеличении удельного веса мышечной ткани за счет снижения отложения жира. Мускулатура составляет основную часть туши и от ее объема и массы зависит выход съедобных продуктов с тела животного. Поэтому селекция в

направлении повышения мясности опирается, в первую очередь, на отбор и подбор особей с наиболее развитой мускулатурой (Бажов Г.М. [3]).

Селекция на повышение мясности сопровождается увеличением диаметра мышечных волокон, нарастанием белых волокон, повышенным отложением в них гликогена и перераспределением активности фермента сукцинатдигидрогеназы, участвующего в энергетическом обмене в организме животных. Изменения в энергетическом обмене на фоне увеличения инсулина вызывают гипертрофию мышц у свиней мясных типов и преобладание гликолиза над окислительным потенциалом мышечной ткани, на что следует обращать внимание в селекции на улучшение качества получаемой продукции (Максимов Г.В. [57]).

2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

Работа выполнялась в период с 2013 по 2018 гг. в рамках плана НИР ФГБОУ ВО «Донской государственной аграрный университет» по заказу Министерства сельского хозяйства РФ по темам: № 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.

Экспериментальные исследования проводились в АО «Агрообъединении «Кубань», г. Усть-Лабинск, Краснодарский край с объемом производства 25 и 50 тыс. голов откормочного молодняка в год. ДНК-исследования в лаборатории молекулярной диагностики и биотехнологий ФГБОУ «Донской государственной аграрный университет» на поголовье (343 гол.) в том числе свиноматок (274 гол.) и хряков (69 гол.).

АО «Агрообъединение «Кубань» является структурным подразделением Агрохолдинга «Кубань», входящего в состав диверсифицированной промышленной группы «Базовый Элемент». В состав Агрохолдинга «Кубань» входят молочные и животноводческие фермы, сахарный завод, зерновые элеваторы, предприятия по подработке семян, мясоперерабатывающий комплекс,

а также многофункциональный сервисный центр по обслуживанию и ремонту сельскохозяйственной техники. Земельный банк компании составляет 111 тыс. га. Компания имеет устойчивую кормовую базу, высокий уровень технологического оснащения и селекционно-племенной работы.

С учетом происхождения было сформировано 6 групп животных. Группы: I, III, V – свиньи канадского происхождения, находящиеся на СТФ-7; группы II, IV, VI – свиньи французского происхождения, размещенные на СТФ-8. Схема исследований приведена на Рисунок 2.

Для характеристики селекционно-генетических показателей, изучаемых популяций, использовалась база данных программы 1С «Селекция в животноводстве. Свиноводство» и данные зоотехнического учета. Оценены следующие селекционные параметры: $M \pm m$, δ , C_v , M_e , M_o , A_s , E_x , L_{im} , $r \pm m$, R , R^2 . При обработке данных использовались компьютерные программы Stadia-5, и Stadia-6,1, табличный процессор M. Excel, пакет Statistica-7.0. При статистическом анализе данных применялись методы, изложенные в соответствующих руководствах Н.А. Плохинского, Г.Ф. Лакина, Е.К. Меркурьевой [76, 49, 61].

Селекционные индексы строились по методике, разработанной профессором Михайловым Н.В. в модификации Свинарёва И.Ю. [87].

В качестве результативного показателя бралась товарная масса гнезда в 6 мес. При этом определялась степень зависимости каждого, включенного в состав индекса показателя с товарной массой гнезда, уравнение парной регрессии, коэффициенты множественной регрессии и детерминации. Вес признака в структуре селекционного индекса определялся на основании натурального фактического вклада каждого включённого в матрицу признака [88, 87]. Коэффициент – β определялся делением удельного веса признака в структуре индекса на селекционный дифференциал. Целевые стандарты разрабатывались для каждого стада. При этом учитывался средний уровень продуктивности стада. Показатели индекса J_3 подвергались корректировке на отсадку-подсадку поросят, в соответствии с методикой Свинарёва И.Ю., Гончарова А.Ю. [86].



Рисунок 2 - Общая схема исследований

По селекционным индексам оценены: хряки-производители (n=51), свиноматки (n=369) и ремонтный молодняк (n=851).

Оценку свиней по собственной продуктивности проводили в соответствии с ГОСТ 25954-83 и с помощью прибора для прижизненной оценки мясных качеств Renco «Sono-Grader» (n=851).

Контрольный убой свиней породы ландрас проводился на ООО МПК «Кубань» при достижении подсвинками живой массы 90-110 кг. Исследования проводились согласно ГОСТ 31476-2012 «Свиньи для убоя. Свиньи в тушах и полутушах. Технические условия» и по «Методике комплексной оценки мясной продуктивности и качества мяса свиней разных генотипов», разработанная ВНИИМП им. Горбатова [62]. Определялась предубойная живая масса - взвешиванием животного перед убоем после 12-часовой голодной выдержки, учитывался возраст животного на момент убоя, в днях. Находилась убойная масса туши. При чем масса парной туши учитывалась при оценке как с головой, ногами и хвостом, так и без них. Также определялись: масса охлажденной туши; масса головы; ног; длина туши – от переднего края первого шейного позвонка до переднего края лонного сращения костей; толщина шпика на холке, толщина шпика над остистыми отростками между 6-7 грудными позвонками, толщина шпика над 1 поясничным позвонком, толщина шпика в 3 – х точках на крестце. Определялась на полутуше площадь «мышечного глазка» (длиннейшей мышцы спины) на поперечном разрезе по последнему ребру, а также масса задней трети полутуши (по разрезу между последним и предпоследним поясничными позвонками) и выход мышечной ткани по ГОСТ 31476-2012 с использованием рассчитанного уравнения регрессии [21, 90].

Длину туши измеряли мерной лентой, толщину хребтового шпика – мерной линейкой, площадь «мышечного глазка» - абрисом «мышечного глазка» на миллиметровой бумаге с последующим вычислением площади в см². Методом контрольного убоя оценены 32 подсвинка породы ландрас в период с 2015 по 2018 гг.

Для корректировки показателей мясных качеств подсвинков на 100 кг живой массы использовались коэффициенты регрессии в расчете на 1 кг живой массы: убойная масса — на 0,7 кг; длина туши — на 0,2 см; толщина шпика (во всех точках) — на 0,03 см; площадь «мышечного глазка» — на 0,1 см²; масса задней трети полутуши — на 0,1 кг.

В результате проведенного корреляционно-регрессионного анализа были рассчитаны уравнения регрессии для корректировки массы охлажденной туши:

$$Y = -0,30296 + 0,98564X_1 \text{ (Л}_k\text{)},$$

$$Y = 4,8254742 + 1,0050215X_1 \text{ (Л}_\phi\text{)}$$

где, Y – масса охлажденной туши, кг; X_1 – убойная масса по ГОСТ 31476-2012, кг.

Для корректировки возраста в 100 кг. использовали уравнение регрессии:

$$Y = 75,67827096 + 0,79605454X_1$$

где, Y – возраст подсвинков на момент убоя, дн.; X_1 – предубойная живая масса, кг.

Определение процента содержания мышечной ткани проводилось по рассчитанному уравнению регрессии [90].

$$Y_1 = 22,4 + 0,316X_1 - 0,84X_2 + 0,107X_3 - 0,179X_4 + 0,164X_5 + 3,27X_6$$

где: Y – выход мышечной ткани по ГОСТ 1213-74, %; X_1 – длина туши, см; X_2 – толщина шпика на холке, мм; X_3 – толщина шпика над остистыми отростками между 6-7 грудными позвонками, мм; X_4 – толщина шпика над 1 поясничным позвонком, мм; X_5 – площадь «мышечного глазка», см²; X_6 – масса задней трети полутуши, кг.

Молекулярно-генетические исследования проводили в период с 2015 по 2018 гг. на поголовье свиней породы ландрас (группа V и VI) в лаборатории молекулярной генетики Донского ГАУ.

Воспроизводительные качества (общее количество поросят при рождении (гол.), количество живых поросят при рождении (гол.), количество мертворожденных поросят (гол.), масса гнезда при рождении (кг), масса гнезда в 21 день (кг), индекс J3 (ед.) учитывали по результатам всех опоросов свиноматок.

Полиморфизм генов лейкемия ингибирующего фактора (*LIF*), рецептора пролактина (*PRLR*), рецептора эстрогена (*ESR*) и фолликулостимулирующего

гормона (*FSHb*) определяли методом ПЦР-ПДРФ. Размер полученных рестрикционных фрагментов определяли методом электрофореза в агарозном геле с добавлением бромистого этидия.

Материалом для молекулярно-генетического анализа служила тотальная ДНК, выделенная из 50 мкг предварительно подготовленной пробы (тонкий срез ткани, промытой дионизированной водой). Образцы ткани взяты из ушной раковины щипцами для мечения свиней. Полученный образец, площадью 1 см² помещался в пробирку Эппендорфа и наполнялся 60% раствором спирта [26].

По результатам молекулярно-генетического анализа определяли частоту аллелей и генотипов генов у исследуемого поголовья. Для оценки влияния генотипов на воспроизводительные качества учитывали показатели, полученные из базы данных хозяйства.

Взаимосвязь между фенотипом, генотипом и средой можно представить в виде упрощенной формулы: $\Phi = \Gamma + C$., следовательно, деление фенотипической изменчивости на две доли весьма условно, ибо не существует отдельного влияния генотипа и среды: они всегда взаимодействуют. Биометрическую обработку данных проводили согласно общепринятым методикам с использованием программы MS Excel.

Конкретные специализированные методики исследований более детально представлены в соответствующих разделах диссертационной работы.

3. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

3.1 Анализ продуктивных качеств свиней породы ландрас канадского и французского происхождения

Для изучения основных признаков продуктивности свиней породы ландрас канадского и французского происхождения, были проведены исследования воспроизводительных качеств свиней группы I и группы II в период с 2015 по 2017 гг. (Таблица 1).

Анализировались следующие показатели воспроизводительных качеств хряков производителей по продуктивности осемененных свиноматок: многоплодие

- количество живых поросят при рождении (гол), молочность - масса гнезда в 21 день (кг), число поросят при отъеме (гол).

Таблица 1. Характеристика продуктивных качеств хряков-производителей за 2015-2017 годы

Показатели	Многоплодие, гол	Число поросят при отъеме, гол	Молочность, кг	Многоплодие, гол	Число поросят при отъеме, гол	Молочность, кг
Группа I			Группа II			
2015						
M±m	13,01±0,30	11,28±0,18	77,13±1,19	12,44±0,36	11,08±0,25	67,17±2,06
δ	2,55	1,50	10,13	2,02	1,44	11,67
CV, %	19,58	13,34	13,13	16,20	13,01	17,37
Ex	-0,53	-0,34	-0,75	0,93	0,13	-0,80
As	0,15	-0,79	-0,08	0,08	-0,81	0,13
Lim	11,00	5,60	39,50	10,00	5,60	44,64
Min	8,00	7,40	55,20	8,00	7,40	45,75
Max	19,00	13,00	94,70	18,00	13,00	90,39
n	9,00	9,00	9,00	6,00	6,00	6,00
2016						
M±m	12,88±0,27	11,25±0,16	79,38±1,25	12,73±0,30	11,87±0,60	75,56±1,73
δ	2,04	1,18	9,53	0,84	1,71	4,91
CV, %	15,87	10,51	12,00	6,58	14,36	6,49
Ex	-0,03	-1,03	-0,26	-0,01	4,95	0,15
As	0,73	-0,15	0,04	-0,27	2,04	0,58
Lim	8,00	3,80	40,70	2,67	5,45	15,36
Min	10,00	9,20	57,00	11,33	10,33	68,91
Max	18,00	13,00	97,70	14,00	15,78	84,28
n	8,00	8,00	8,00	8,00	8,00	8,00
2017						
M±m	12,91±0,28	11,30±0,15	82,11±1,31	12,85±0,24	11,40±0,14	76,67±1,02
δ	0,89	0,47	4,15	0,76	0,43	3,23
CV, %	6,88	4,17	5,05	5,88	3,80	4,21
Ex	-1,10	-1,06	-1,05	-0,12	-1,09	0,19
As	0,17	-0,16	-0,14	0,62	-0,30	0,37
Lim	2,59	1,38	13,00	2,49	1,25	10,83
Min	11,73	10,57	75,58	11,80	10,72	72,06
Max	14,31	11,96	88,58	14,29	11,97	82,88
n	10,00	10,00	10,00	10,00	10,00	10,00

Анализ продуктивности хряков-производителей группы I, показал более высокий уровень воспроизводительных качеств в сравнении с хряками группы II,

за исключением показателя числа поросят при отъеме, который снизился на 0,1 гол. по отношению к 2017 г., что связано с более низкой сохранностью. Многоплодие хряков группы I выше на 0,06 гол, молочность на 5,44 кг, соответственно.

Среди изучаемых признаков наибольшую изменчивость имеет многоплодие (6,88%) по группе I, наименьшую – число поросят при отъеме (3,80%) по группе II.

Воспроизводительные качества свиноматок анализировались по следующим показателям: многоплодие - количество живых поросят при рождении (гол), молочность (кг), число поросят при отъеме (гол) (Таблица 2).

Таблица 2. Характеристика продуктивных качеств свиноматок за 2015-2017 годы

Показатели	Многоплодие, гол.	Молочность, кг.	Число поросят при отъеме в	Многоплодие, гол.	Молочность, кг.	Число поросят при отъеме в
Группа I			Группа II			
2015						
M	13,12	77,10	11,5	12,27	68,95	11,00
±m	0,2	1,4	0,1	0,27	1,71	0,2
δ	1,57	10,84	1,00	2,00	12,54	1,37
CV, %	11,96	14,06	8,75	16,17	18,19	12,42
Ex	-0,70	-0,22	-0,14	0,53	-0,67	-0,10
As	-0,25	-0,51	-0,63	0,25	-0,19	-0,72
Lim	6,00	47,76	3,79	10,00	53,54	5,61
Min	10,00	48,36	9,20	8,00	41,84	7,40
Max	16,00	96,12	12,99	18,00	95,38	13,01
n	63,00	63,00	63,00	54,00	54,00	54,00
2016						
M	12,67	77,02	11,23	12,81	78,21	11,30
±m	0,18	1,15	0,12	0,15	0,86	0,09
δ	1,40	9,08	0,91	1,28	7,44	0,81
CV, %	11,03	11,79	8,14	9,99	9,51	7,20
Ex	-0,59	0,33	-0,34	0,11	-0,34	0,54
As	0,15	-0,19	-0,31	0,03	0,20	-0,67
Lim	5,50	46,96	3,70	6,50	32,24	4,05
Min	10,00	53,63	9,20	9,50	62,18	8,75
Max	15,50	100,59	12,89	16,00	94,42	12,80
n	62	62	62	74,00	74,00	74,00
2017						
M	13,49	87,09	11,76	12,75	80,02	11,36
±m	0,17	1,27	0,11	0,15	1,23	0,11

δ	1,31	10,08	0,86	1,32	10,66	0,92
CV, %	9,72	11,58	7,31	10,34	13,32	8,10
Ex	1,60	-0,66	3,10	0,42	1,25	1,03
As	-0,58	-0,02	-1,35	-0,04	-0,18	-0,68
Lim	8,00	40,67	4,71	7,00	61,56	4,69
Min	9,00	65,42	8,30	9,00	45,48	8,30
Max	17,00	106,08	13,01	16,00	107,04	12,99
n	63,00	63,00	63,00	75,00	75,00	75,00

Свиноматки группы I превосходят свиноматок группы II по многоплодию – 0,74 гол, молочности – 7 кг и числу поросят при отъеме – 0,4 гол.

Воспроизводительные качества свиноматок группы II характеризуются сравнительно высокой изменчивостью относительно показателей свиноматок группы I. Наибольшая изменчивость установлена по молочности (13,32%), что указывает на возможность проведения эффективного отбора по данному признаку.

Важную информацию о динамике продуктивности популяции можно получить по характеру распределения признаков (Рисунок 3 - Гистограмма распределения многоплодия свиноматок группы I за 2015-2017 год (слева направо), Рисунок 4, Рисунок 5, Рисунок 6, Рисунок 7, Рисунок 8).

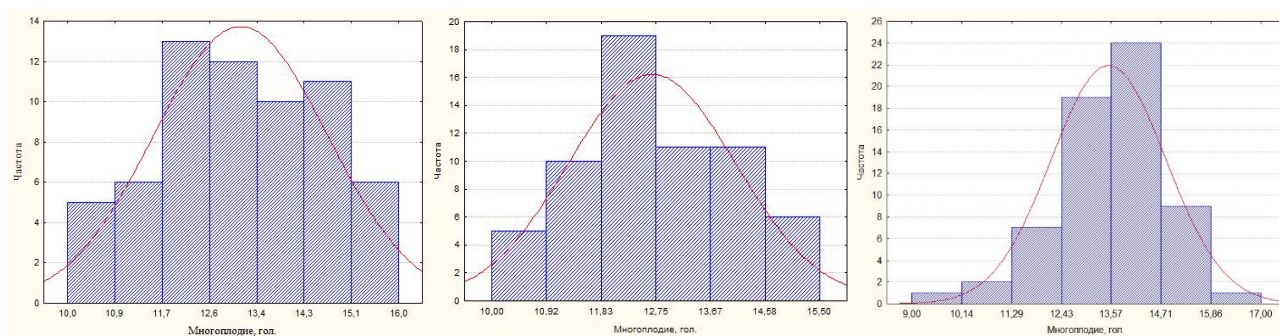


Рисунок 3 - Гистограмма распределения многоплодия свиноматок группы I за 2015-2017 год (слева направо)

Многоплодие свиноматок группы I характеризуется смещением распределения вправо ($As=-0,58$), при заметном эксцессе- $Ex=1,60$, что связано с повышением селекционного давления в 2017 году.

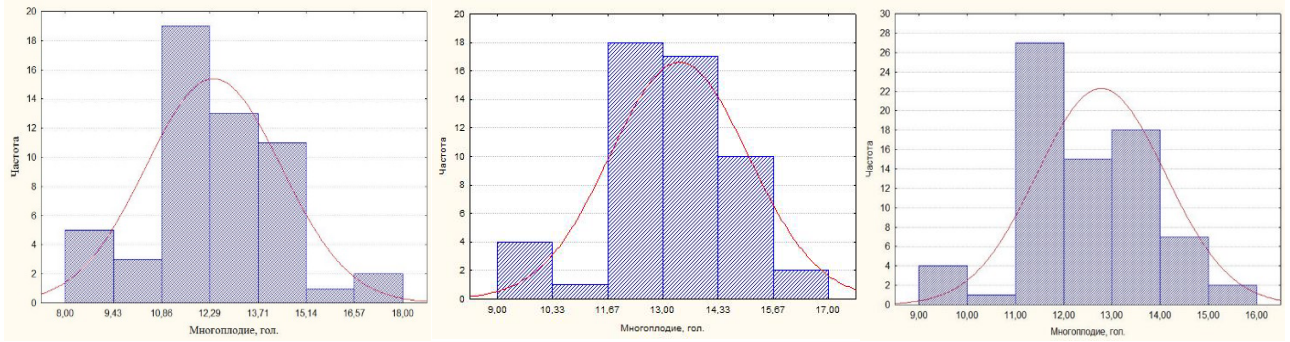


Рисунок 4 - Гистограмма распределения многоплодия свиноматок группы II за 2015-2017 год (слева направо)

Кривая распределения многоплодия группы II изменилась с 2015 по 2017 гг. В 2015 г. наблюдается незначительная асимметрия ($A_s=0,25$), которая практически отсутствует в 2017 г. и составляет $-0,04$.

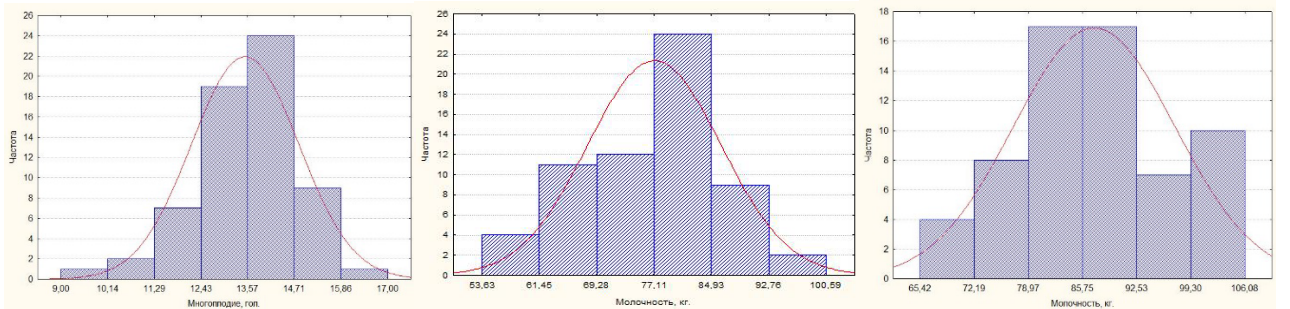


Рисунок 5 - Гистограмма распределения молочности свиноматок группы I за 2015-2017 год (слева направо)

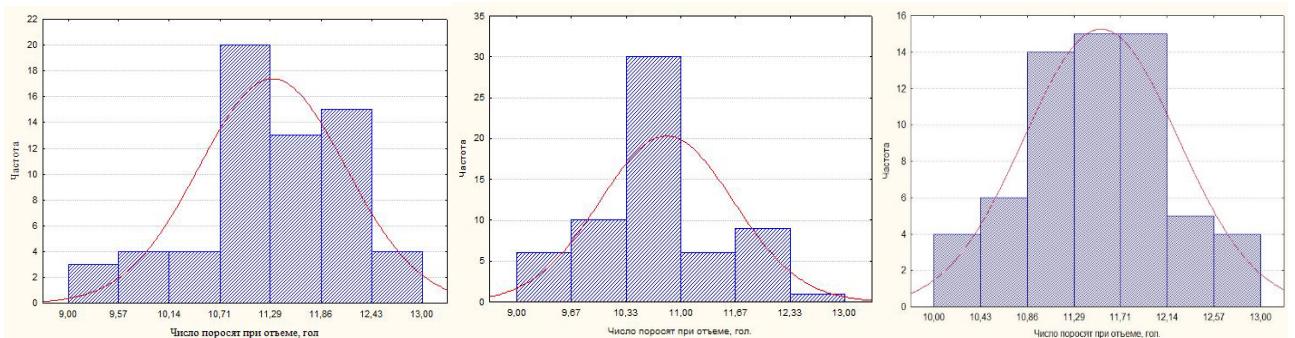


Рисунок 6 - Гистограммы распределения числа поросят при отъеме свиноматок группы I за 2015-2017 год (слева направо)

Кривая распределения молочности и числа поросят при отъеме у свиноматок группы I приближается к нормальному распределению в период с 2015 по 2017 г.

при значении показателя асимметрии $-0,02$ и $0,12$ соответственно. Данный факт свидетельствует о большом потенциале увеличения продуктивности при отборе.

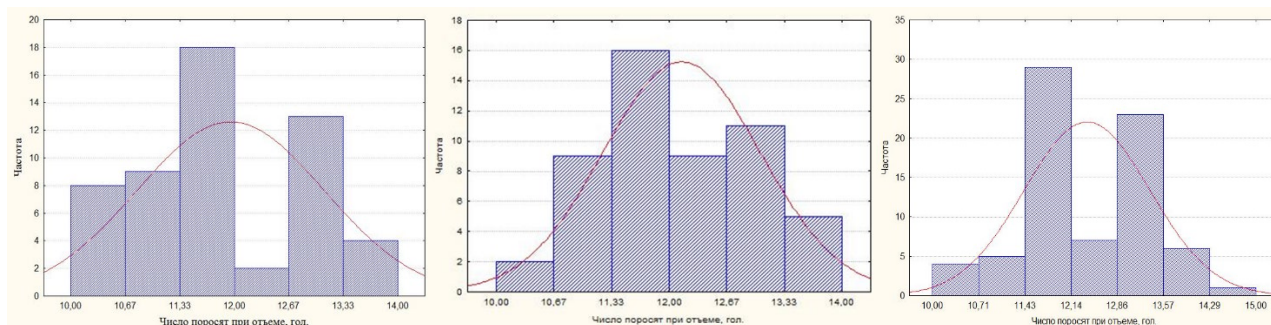


Рисунок 7 - Гистограмма распределения числа поросят при отъеме свиноматок группы II за 2015-2017 год (слева направо)

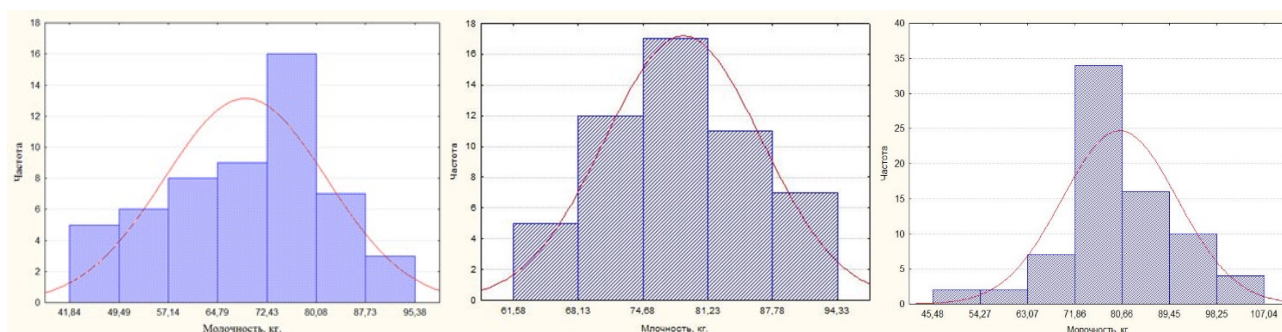


Рисунок 8 - Гистограмма распределения молочности свиноматок группы II за 2015-2017 год (слева направо)

Характер кривой распределения молочности и числа поросят при отъеме у свиноматок группы II в период с 2015 по 2017 г. находится в рамках нормального распределения ($\pm 3\sigma$), при значении показателя асимметрии в 2017 г. $-0,18$ и $-0,15$ соответственно. Данный факт свидетельствует о большом потенциале увеличения продуктивности при отборе.

На основании анализа продуктивности хряков и свиноматок породы ландрас группы I и II, была проведена работа по конструированию селекционных индексов отбора. Изучение специфики изменчивости и характера распределения воспроизводительных качеств свиней данных групп, позволило установить индивидуальные целевые стандарты и коэффициенты веса признаков отбора.

3.2 Степень проявления и особенности наследования пороков вымени свиноматок канадской селекции

Повышение интенсивности использования свиноматок привело к постепенному сокращению подсосного периода в промышленном свиноводстве с 2-х месяцев до 17 – 21 дня. Тем не менее, роль молочной продуктивности свиноматок в конечной эффективности производства по-прежнему является очень высокой. Это связано с тем, что поросёнок рождается с несовершенной иммунной системой, устойчивость к патогенным вирусам может быть получена только путем усвоения антител, содержащихся в молозиве. Важно чтобы поросенок получил молозиво до контакта с бытовой микрофлорой, которая всегда присутствует в станке. Уровень концентрации антител в молозиве падает очень быстро, кроме этого, способность усваивать антитела сохраняется в тонком кишечнике поросят только в течении 24 – 36 часов, через 3 часа после рождения усваивается около 50 % антител молозива.

До 3-х недельного возраста у поросят продолжается период возрастной ахлоргидрии, желудочный сок имеет пониженную переваривающую способность, и поросята питаются в основном молоком матери, которое хорошо переваривается под воздействием секретов поджелудочной железы и желчи. Поэтому проблемы, связанные с способностью свиноматок кормить поросят в значительной мере обуславливают величину отхода поросят.

На молочность свиноматок оказывает влияние большое количество факторов в том числе аномалии развития сосков.

На сегодняшний день известны следующие аномалии сосков у свиней - слепые, слабые, укороченные, добавочные (вставочные), анальные и кратерные (Рисунок 9).



Рисунок 9 - Нормальный (с лева) и слабый (с права) соски

Наибольшим пороком сосков считается кратерность, при которой конец сосков бывает вдавлен внутрь. Поросенок сдавливает такой сосок с боков, закупоривая при этом отверстие, в результате чего выведение молока прекращается. [66]. Большинство аномалий развития сосков имеют наследственную детерминацию. Благодаря усилиям селекционеров кратерность редко встречается у современных интенсивных пород свиней. Другие же пороки имеют широкое распространение, и являются одним из основных факторов браковки ремонтных свинок.

В нашей практической работе на ряде свинокомплексов Российской Федерации мы столкнулись с проблемой различного подхода к определению зоотехниками-селекционерами критериев браковки ремонтных свинок по причине аномалий развития сосков. На ряде предприятий из-за аномалий в развитии сосков бракуется более 50% ремонтных свинок. При этом крайне недостаточно данных о достоверности определения функциональности сосков при обследовании в 100 кг.

Нами проведены исследования зависимости аномальности сосков, выявленных в 100 кг с их последующей функциональностью. Исследования проводились в 2013 году в ОАО "Агрообъединение Кубань" Краснодарского края. Первый осмотр проводился при оценке экстерьера ремонтных свинок в 100 кг, второй - на 3 день лактации. Оценивались чистопородные свинки ландрас - 16

голов, и кросс – ландрас × йоркшир - 24 головы. Обследование сосков проводилось на правой и левой груди вымени методом пальпации и визуальной оценки (протокол оценки в приложении В). Результаты исследования приведены в Таблице 3.

Таблица 3. Анализ сосков свиноматок породы ландрас и кросса ландрас × йоркшир

Порода/кросс	Голов	Среднее количество сосков	Среднее количество аномальных сосков	Количество лактирующих свиноматок с нефункциональными сосками, голов	%
Ландрас	16	13	2	1	6,3
Ландрас х Йоркшир	24	14	2	4	16,7

При обследовании свиноматок в цехе опороса, из 40 голов нефункционирующие соски были выявлены только у 5 голов или у 12,5%. Соски, у которых диагностировались аномалии развития на момент первого осмотра к лактации полностью восстановились (Рисунок 10).

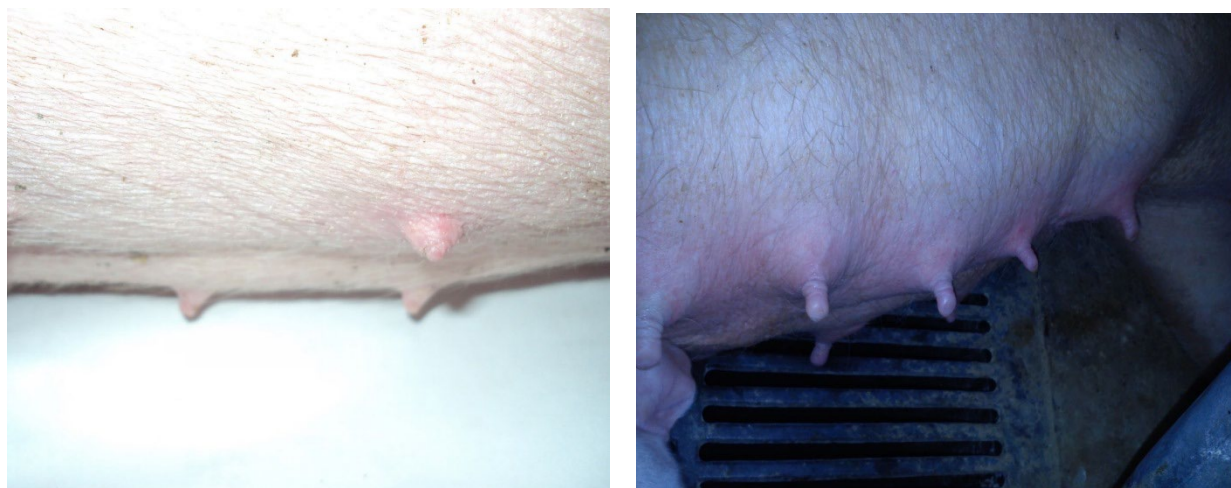


Рисунок 10 - Соски с аномалией развития полностью восстановились к лактации.

Только у 1 свиноматки породы ландрас к моменту лактации имелись нефункционирующие соски. У свиноматок ландрас × йоркшир 4 головы из 24 (17%), к лактации имели нефункционирующие соски.

Для выявления наследственной обусловленности был проведен генеалогический анализ свиноматок, имеющих нефункционирующие соски (Таблица 4).

Таблица 4. Родословные свиноматок

X2256 Ландрас							
W002 (O)				36474 (M)			
35631		35246		32601S		60305S	
11801T	71706S	32601S	51003S	29202R	16005P	3111R	33004R
X1960							
35628				W201			
64101S		42804S		35674		35240	
3901S	2411S	4127S	3271S	38302S	58507S	11602P	7506P
X2152							
35628				36445			
64101S		42804S		32601S		10005T	
3901S	2411S	4127S	3271S	29202R	16005P	11801S	14504S
X2200							
35650				35273			
60301S		5006S		57101S		23709R	
3091S	7003S	2073S	3856S	3111R	16003P	42105N	3672P
x2275							
35628				36542			
64101S		42804S		66201S		25602R	
3901S	2411S	4127S	3271S	63001R	67907R	14902P	36804R

Анализ позволил установить, что 3 свиноматки с нефункционирующими сосками X1960, X2152, X2275 являются полусибсами по отцу 35628. Что позволяет предположить значительную наследственную обусловленность аномалии с отцовской стороны родословной.

Таким образом в ходе проведенного эксперимента нами установлена необходимость более тщательного подхода к браковке ремонтных свинок с аномалиями развития сосков. Визуальная оценка соска даже при условии его пальпации не позволяет сделать достоверный прогноз о его функциональности в будущем. Выявленная наследственная обусловленность наличия нефункционирующих сосков требует дальнейшего подтверждения в более репрезентативной выборке, но предварительные результаты свидетельствуют о

значимом влиянии хряков-производителей на морфологическое строение сосков дочерей.

3.3 Оценка откормочных и мясных качеств породы ландрас канадского и французского происхождения с проведением контрольного убоя

Изучение мясных и откормочных качеств свиней породы ландрас канадского (Л_к – группа III) и французского происхождения (Л_ф – группа IV) проводилось по данным контрольных убоев на ООО МПК «Кубань». В период с 2015 по 2018 гг. было выполнено 4 контрольных убоя в соответствии с методикой, изложенной в разделе «Материал и методика исследований» диссертационной работы.

Контрольный убой подсвинков породы ландрас группы III проводились - 26 марта 2015 г. (10 гол.), 21 апреля 2017 г. (8 гол.) и группы IV - 2 августа 2017 г. (8 гол.), 3 апреля 2018 г. (6 гол.) (Рисунок 11).



Рисунок 11 – Перенос контура «мышечного глазка» на кальку

Для изучения динамики откормочных и мясных качеств подсвинков Л_к и Л_ф, был проведен сравнительный анализ данных контрольных убоев (Таблица 5).

Таблица 5. Сравнительный анализ данных контрольного убоя подсвинков породы ландрас группы III и группы IV ($P \geq 0,95-0,999$)

Показатели	ед.	Л _к *		Л _ф **	
Количество подсвинков	гол.	10	8	8	6
Дата убоя		26.03.15	21.04.17	2.08.17	3.04.18
Возраст (день рождения и день убоя считать за один день)	дн.	-	155,0	158,0	-
Предубойная живая масса после 12-часовой голодной выдержки	кг	100,0	100,0	100,0	100,0
Живая масса - 3% (жкт)	кг	97,0	97,0	97,0	97,0
Убойная масса ГОСТ 31476-2012 (с гол., ног., и хвост.)	кг	76,9	76,1	74,4	78,9
Убойный выход ГОСТ 31476-2012	%	79,2	78,4	76,7	81,3
Масса охлажденной туши	кг	71,7	70,9	68,3	71,2
Длина туши	см	97,0	94,6	98,0	95,0
Толщина шпика:					
на холке	мм	29,6	32	23,4	27,6
над 6—7-м грудным позвонком	мм	20,0	22	14,1	21,0
над 1-ым поясничным позвонком	мм	17,2	20,6	19,0	23,3
на крестце:					
над 1-м позвонком	мм	12,9	18	9,9	13,9
над 2-м позвонком	мм	15,1	21	7,7	11,4
над 3-м позвонком	мм	17,0	22	7,0	12,3
<i>среднее по 3 показателям</i>	мм	15,0	21	8,2	12,5
<i>средняя толщина шпика</i>	мм	18,6	22,7	13,5	18,3
Масса окорока	кг	10,4	11,7	11,7	12,2
Масса головы	кг	3,6	3,8	4,0	3,7
Масса ушей	кг	0,2	0,6	0,4	0,6
Масса ног	кг			0,6	0,7
Площадь мышечного глазка	см ²	51,1	51,2	55,7	47,4
Выход мышечной ткани по ГОСТ 31476-2012	%	55,7	56,7	63,37	59,78

*Коэффициент корреляции возраста подсвинков на момент убоя и предубойной живой массы составил: $r = -0,08 \pm 0,3$.

**Коэффициент корреляции возраста подсвинков на момент убоя и предубойной живой массы составил: $r = 0,191$

Анализ возраста подсвинков на момент убоя показал, что скороспелость Л_к составляет 155 дней, что на 3 дня выше, чем у Л_ф (158 дней).

В период с 2017 по 2018 гг. наблюдается положительная динамика повышения убойного выхода на подсвинках Л_ф. Так, за анализируемый период убойных выход Л_ф вырос с 76,7 до 81,3%, что превосходит значение данного показателя подсвинков Л_к в 2017 г. на 2,9% (Рисунок 12).



Рисунок 12 – Убойный выход подсвинков ландрас

Сравнительный анализ толщины хребтового шпика показал, что подсвинки Л_к превосходят подсвинков Л_ф по холке – на 4,4 мм., 6-7 ребру – на 1 мм, крестцу – на 8,5 мм., но уступают по пояснице – на 2,7 мм. (Рисунок 13).

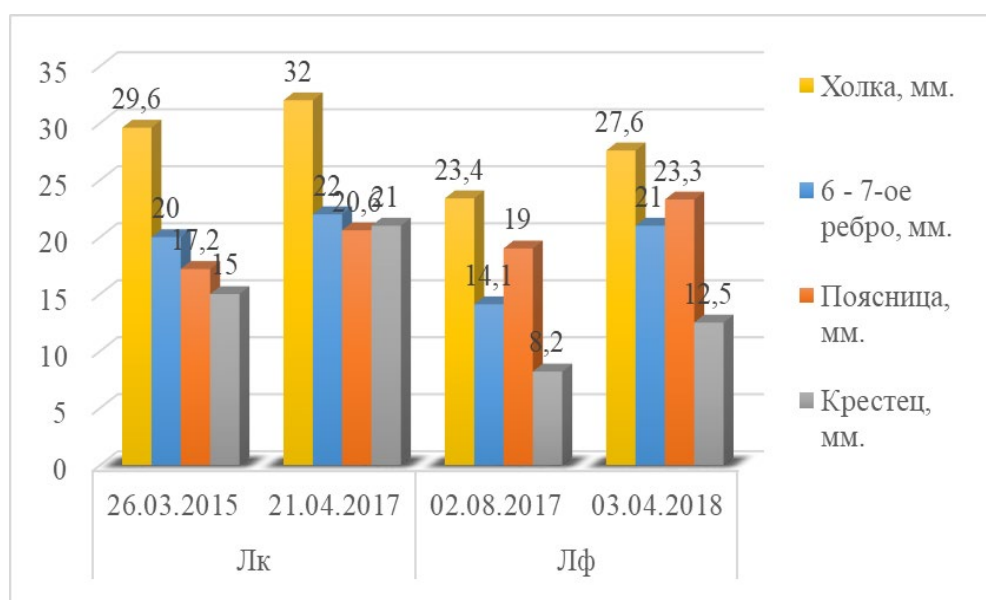


Рисунок 13 – Толщина шпика подсвинков ландрас

По данным контрольных убоев за 2017-2018 гг. подсвинки Л_к и Л_ф имеют незначительное отличие по длине туши (0,4 см.). По массе окорока наблюдается

положительная динамика в период с 2015 по 2018 гг. Так, масса окорока увечилась по Л_к - на 1,3 кг., по Л_ф – на 0,5 кг. (Рисунок 14).



Рисунок 14 – Масса задней трети полутуши подсвинков ландрас

Подсвинки Л_ф характеризуются более высоким выходом мышечной ткани и площадью «мышечного глазка», превышая показатели Л_к по данным признакам на 3,2 и 4,5% соответственно (Рисунок 15).

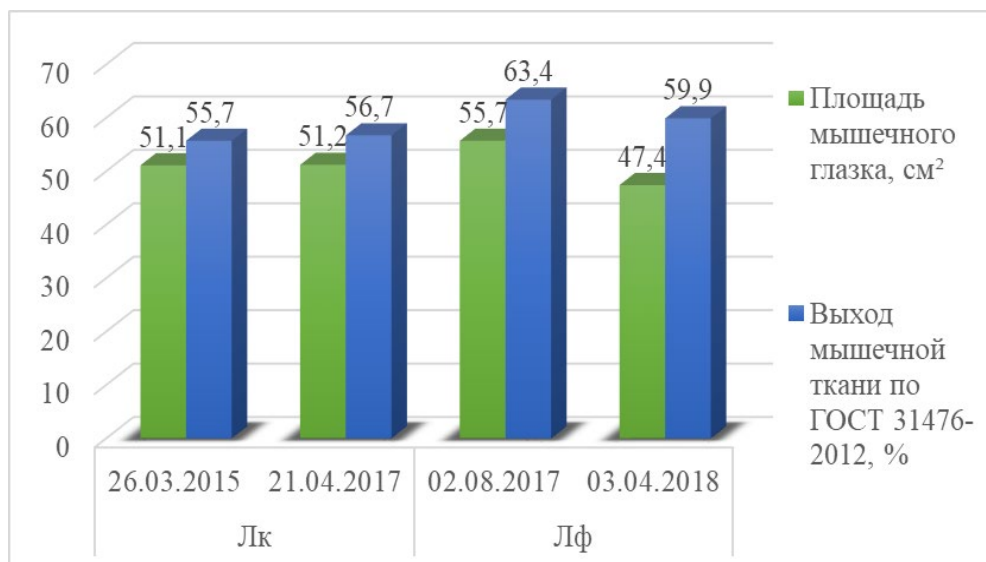


Рисунок 15 – Показатели мясности подсвинков ландрас

В странах Европейского союза, действует стандарт, оценивающий свиные туши по 6 категориям: «S-супер», «E-превосходный», «U-очень хороший», «R-хороший», «O-достаточно хороший», «P-удовлетворительный». Данный стандарт

предусматривает распределение убойных подсвинков по выходу мышечной ткани [90].

В Таблица 6 приведена классификация поголовья свиней по Европейскому стандарту.

Таблица 6. Оценка убойных туш свиней по Европейскому стандарту

Категории	Выход мышечной ткани,	Количество поголовья в
S-супер	более 60	до 5
E-превосходный	от 55 до 60	до 40
U-очень хороший	от 50 до 55	до 30
R-хороший	от 45 до 50	-
O-достаточно хороший	от 40 до 45	Более 25
P-удовлетворительный	меньше 40	-

Методика определения выхода мышечной ткани одинакова, с действующим на территории Таможенного Союза ГОСТ 31476-2012. Согласно требованиям действующего стандарта, убойные туши подсвинков массой от 50 до 120 кг, в зависимости от выхода мышечной ткани подразделяют на шесть классов: «экстра», «первый», «второй», «третий», «четвертый», «пятый». Оценка туш подсвинков ландрас по ГОСТ 31476-2012, приведена в Таблица 7.

Таблица 7. Оценка убойных туш подсвинков Л_к и Л_ф по ГОСТ 31476-2012

Классы	Выход мышечной ткани,	Л _к		Л _ф	
		n	%	n	%
Экстра	более 60	2	11	7	50
Первый	от 55 до 60	10	56	6	43
Второй	от 50 до 55	4	22	1	7
Третий	от 45 до 50	2	11	-	-
Четвертый	от 40 до 45	-	-	-	-
Пятый	меньше 40	-	-	-	-
Итого		18	100	14	100

Сравнительная оценка убойных туш подсвинков ландрас АО «Агрообъединение «Кубань» со стандартом ЕС, приведена на Рисунок 16.

По подсвинкам Л_к и Л_ф контрольный убой показал, что туши свиней относятся к категориям: «S-супер», «E-превосходный», «U-очень хороший» и «R-

хороший» (стандарт ЕС) или классу: «Экстра», «Первый», «Второй» и «Третий» (ГОСТ 31476-2012).

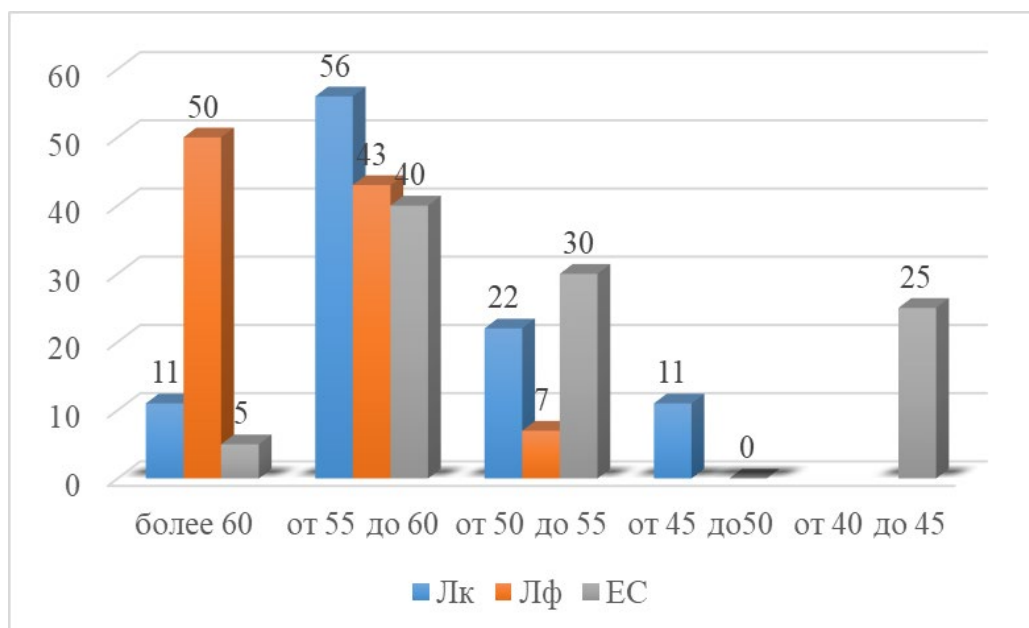


Рисунок 16 – Сравнительная оценка туш подсвинков ландрас АО «Агрообъединение «Кубань» с поголовьем ЕС

Проведенный сравнительный анализ подсвинков ландрас с поголовьем стран ЕС, показал, что свиные туши АО «Агрообъединение Кубань», в целом имеют высокие значения выхода мышечной ткани.

Динамика изменчивости мясных качеств подсвинков Л_к и Л_ф представлена в Таблица 8.

Статистический анализ показателей мясных качеств подсвинков ландрас группы III и группы IV показал, что наибольшая изменчивость выявлена по шпику на 6-7 грудным позвонком и площади «мышечного глазка». Коэффициенты вариации составили по Л_к – 10,71 и 12,79% и по Л_ф – 18,5, 11,8%, соответственно.

Коэффициент вариации выхода мышечной ткани снизился у подсвинков Л_к с 8,5 до 4,58% на фоне роста изменчивости по площади «мышечного глазка» (1,94%).

Низким коэффициентом изменчивости обладает убойный выход – 1,63% (Л_к) и 2,4% (Л_ф), длина туши – 4,29% (Л_к) и 2,7% (Л_ф) и окорок – 4,25% (Л_к) и 3,9% (Л_ф).

Таблица 8. Динамика изменчивости мясных качеств подсвинков Л_к и Л_ф

Показатели	n	26.03.2015 г.				n	21.04.2017 г.			
		M	±m	±σ	Cv		M	±m	±σ	Cv
Подсвинки Л _к (Группа III)										
Убойный выход (ГОСТ 31476-2012), %	10	79,2	0,68	2,14	2,41	8	78,45	0,45	1,28	1,63
Длина туши, см.	10	97,5	0,94	2,96	3,04	8	94,58	0,72	0,50	4,29
Толщина шпика над 6-7 грудным позвонком, мм.	10	20,0	1,48	4,69	23,20	8	22,36	0,85	2,40	10,71
Масса окорока, кг.	10	10,7	0,29	0,90	8,44	8	11,75	0,18	0,50	4,25
Площадь мышечного глазка, см ²	10	51,3	1,76	5,57	10,85	8	51,18	2,31	6,55	12,79
Выход мышеч. ткани по ГОСТ 31476-2012, %	10	54,7	1,47	4,65	8,50	8	56,7	0,92	2,59	4,58
Подсвинки Л _ф (Группа IV)										
Показатели	n	2.08.2017 г.				n	3.04.2018 г.			
Убойный выход (ГОСТ 31476-2012), %	8	76,71	0,24	0,67	0,87	6	76,2	0,7	1,8	2,4
Длина туши, см.	8	97,96	1,10	3,11	3,17	6	95,0	1,0	2,6	2,7
Толщина шпика над 6-7 грудным позвонком, мм.	8	14,10	1,54	4,34	30,80	6	21,0	1,6	3,9	18,5
Масса окорока, кг.	8	11,70	0,17	0,47	4,03	6	12,2	0,2	0,5	3,9
Площадь мышечного глазка, см ²	8	55,68	1,77	5,00	8,97	6	47,4	2,3	5,6	11,8
Выход мышеч. ткани по ГОСТ 31476-2012, %	8	63,37	1,99	5,64	8,90	6	59,78	2,18	5,34	8,93

Таким образом, сравнительный анализ данных контрольных убоев подсвинков ландрас канадского и французского происхождения в период с 2015-2018 гг., позволил установить положительную динамику мясных и откормочных качеств по ряду признаков. Установлено, что подсвинки Л_ф в условиях линейного разведения, характеризуются более высокими мясными качествами с более высокой вариабельностью показателей.

3.4 Генотипирование хряков и свиноматок породы ландрас по ДНК-маркерам

В 2018 г. исследуемое поголовье группы VI (53 гол.) состояло из 37 гол. свиноматок и 16 гол. хряков. Протоколы исследований за 2016 - 2017 г представлены в приложении А. Полиморфизм гена *LIF* в выборке свиней породы ландрас группы VI представлен двумя аллелями (*A* и *B*) и тремя генотипами (*AA*, *AB* и *BB*) (Таблица 9). В целом у исследуемого поголовья наибольшую частоту имел генотип *AB*. Различия по частотам аллелей *A* и *B* составили около 12% в пользу аллельного варианта *A*.

Таблица 9. Частота аллелей и генотипов гена *LIF* у свиней группы VI

Поголовье	Частота аллелей		Частота генотипов, %					
	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>	
			п	%	п	%	п	%
Хряки	0,59	0,41	6	37,5	7	43,8	3	18,7
основные	1,00	0,00	2	100,0	0	0,0	0	0,0
проверяемые	0,75	0,25	1	50,0	1	50,0	0	0,0
ремонтные	0,50	0,50	3	25,0	6	50,0	3	25,0
Свиноматки	0,54	0,46	7	18,9	26	70,3	4	10,8
основные	0,48	0,52	3	14,3	14	66,7	4	19,0
проверяемые	0,63	0,37	4	26,7	11	73,3	0	0,0
Все	0,56	0,44	13	24,5	33	62,3	7	13,2

Относительно результатов, полученных в 2016-2017 гг., можно отметить, что в 2018 г. сохраняется стабильность частот аллелей (Рисунок 17). По частотам генотипов можно отметить небольшие изменения. В 2018 г. снизилась частота генотипа *AA* и повысились частоты генотипов *AB* и *BB*.

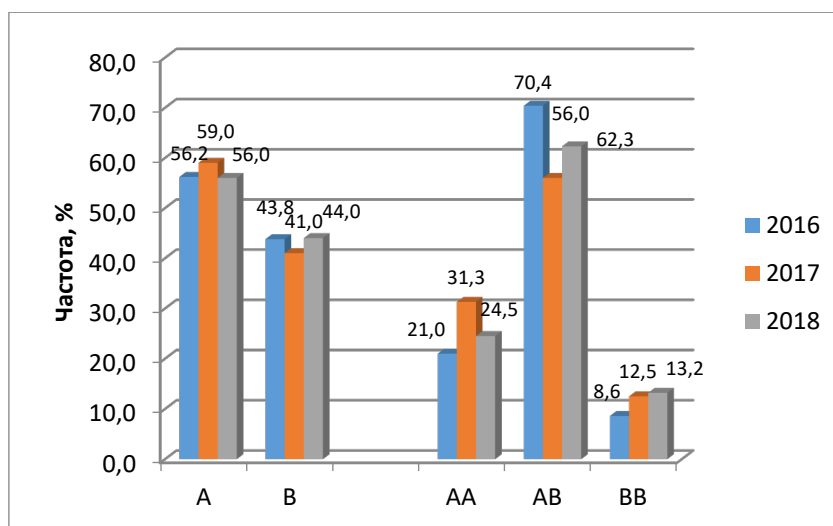


Рисунок 17 - Частота аллелей и генотипов гена *LIF* у свиней группы VI

В целом, по всем опоросам достоверные различия установлены по количеству поросят при рождении, которое у свиноматок генотипа *AB*, относительно генотипа *BB*, было выше на 0,81 гол. (Таблица 10). По количеству живых поросят при рождении достоверных различий не установлено, но также прослеживается тенденция к более высоким показателям у свиноматок генотипа *AB*. Количество мертворожденных поросят также выше у свиноматок генотипа *AB*. Масса гнезда при рождении и в 21 день была больше у свиноматок генотипа *BB*. Однако, у свиноматок генотипа *AB* индекс *J3* и его максимальное значение, по результатам всех опоросов, были больше на 6,26 и 11,88 ед. соответственно.

Таблица 10. Воспроизводительные качества свиноматок различных генотипов гена *LIF* по всем опоросам

Статист. показатель	Генотипы	
	<i>AA</i>	<i>AB</i>
Количество поросят при рождении, гол.		
Среднее	14,52*	13,71
Стандартная ошибка	0,26	0,32
Станд. отклонение	2,02	1,90
Минимум	9,00	10,00
Максимум	20,00	17,00
Количество живых поросят при рождении, гол.		
Среднее	13,29	13,07
Стандартная ошибка	0,21	0,45
Станд. отклонение	1,68	1,69
Минимум	9,00	10,00

Максимум	18,00	16,00
Количество мертворожденных поросят, гол.		
Среднее	1,23	0,64
Стандартная ошибка	0,20	0,25
Станд. отклонение	1,59	0,93
Минимум	0,00	0,00
Максимум	9,00	3,00
Масса гнезда при рождении, кг		
Среднее	16,40	17,27
Стандартная ошибка	0,39	0,65
Станд. отклонение	3,14	2,44
Минимум	6,02	14,10
Максимум	23,52	24,05
Индекс J3		
Среднее	24,57	18,31
Стандартная ошибка	12,14	19,06
Станд. отклонение	95,60	71,31
Минимум	-187,55	-142,22
Максимум	198,30	86,42

* - $P \leq 0,05$

Таким образом, по результатам исследования полиморфизма гена *LIF* у свиноматок породы ландрас группы VI можно отметить тенденцию положительного влияния аллеля *A* (генотип *AB*) на количество поросят при рождении и количество живых поросят при рождении. По результатам всех опоросов установлены достоверные различия по количеству поросят при рождении, которое у свиноматок генотипа *AA*, относительно генотипа *AB*, выше на 0,81 гол. По результатам исследований 2016 и 2017 гг. также прослеживаются положительные тенденции аллельного варианта *A* на количество поросят при рождении и количество живых поросят при рождении. В связи с вышеперечисленным и на основании результатов генетической структуры исследуемой популяции, можно рассматривать ген *LIF* в качестве генетического

маркера плодовитости свиней, а в качестве желательного для закрепления аллельный вариант *A*.

Полиморфизм гена *PRLR* в исследуемой выборке представлен двумя аллелями (*A* и *B*) и тремя генотипами (*AA*, *AB* и *BB*) (Таблица 11). Наибольшую частоту во всех исследуемых половозрастных группах имел аллель *A*. У хряков генотип *BB* встречается только у ремонтного поголовья. У свиноматок генотип *BB* присутствует во всех возрастных группах с частотой около 20%.

Таблица 11. Частота аллелей и генотипов гена *PRLR* у свиней группы VI

Поголовье	Частота аллелей		Частота генотипов, %					
	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>	
			п	%	п	%	п	%
Хряки	0,66	0,34	6	37,5	9	56,3	1	6,2
Основные	0,75	0,25	1	50,0	1	50,0	0	0,0
проверяемые	0,50	0,50	0	0,0	2	100,0	0	0,0
ремонтные	0,67	0,33	5	41,7	6	50,0	1	8,3
Свиноматки	0,59	0,41	15	40,5	14	37,9	8	21,6
основные	0,62	0,38	10	47,6	6	28,6	5	23,8
проверяемые	0,53	0,47	4	26,7	8	53,3	3	20,0
Все	0,61	0,39	21	39,6	23	43,4	9	17,0

Относительно результатов, полученных в 2016-2018 гг., можно отметить небольшое снижение частоты аллеля *A* и, соответственно, повышение частоты аллеля *B* (Рисунок 18). По генотипам в 2018 г., относительно 2017 г. наблюдается снижение частоты генотипа *AB* и рост частот генотипов *AA* и *BB*.

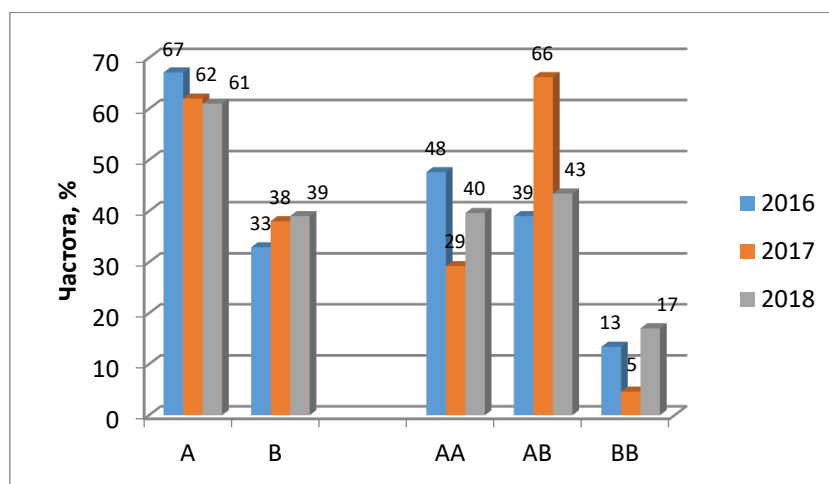


Рисунок 18 - Частота аллелей и генотипов гена *PRLR* у свиней группы VI

По всем имеющимся опоросам свиноматки генотипа *AA* также показывали лучшие результаты (Таблица 12). Различия по количеству поросят при рождении и количеству живых поросят при рождении, массе гнезда при рождении и индексу *J3* между свиноматками генотипов *AA* и *BB* составили 0,90 и 0,19 гол., 1,99 кг и 16,1 ед. соответственно. Результаты свиноматок генотипа *AB* также были выше аналогов генотипа *BB*. Различия по количеству поросят при рождении и количеству живых поросят при рождении, массе гнезда при рождении и индексу *J3* между свиноматками генотипов *AA* и *BB* составили 1,02 и 0,81 гол, 2,41 кг и 36,95 ед. соответственно.

Таблица 12. Воспроизводительные качества свиноматок различных генотипов гена *PRLR* по всем опоросам

Статист. показатель	Генотипы		
	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>
Количество поросят при рождении, гол.			
Среднее	14,40	14,52	13,50
Стандартная ошибка	0,32	0,33	0,67
Станд. отклонение	2,13	1,66	2,32
Минимум	9,00	10,00	10,00
Максимум	20,00	17,00	17,00
Количество живых поросят при рождении, гол.			
Среднее	13,02	13,64	12,83
Стандартная ошибка	0,24	0,33	0,61
Станд. отклонение	1,63	1,63	2,12
Минимум	9,00	9,00	10,00
Максимум	18,00	16,00	16,00
Количество мертворожденных поросят при рождении, гол.			
Среднее	1,38	0,88	0,67
Стандартная ошибка	0,26	0,18	0,26
Станд. отклонение	1,77	0,88	0,89
Минимум	0,00	0,00	0,00
Максимум	9,00	3,00	2,00
Масса гнезда при рождении, кг			
Среднее	16,90	17,32	14,91
Стандартная ошибка	0,44	0,53	1,10
Станд. отклонение	2,96	2,68	3,84
Минимум	11,00	13,20	6,02
Максимум	24,05	25,05	22,24
Масса гнезда в 21 день, кг			

Среднее	78,20	73,48	79,34
Стандартная ошибка	1,99	2,09	2,81
Станд. отклонение	13,33	10,44	9,72
Минимум	43,97	55,13	61,15
Максимум	102,49	93,60	92,04
Индекс J3			
Среднее	16,16	37,00	0,05
Стандартная ошибка	13,90	17,12	35,19
Станд. отклонение	93,22	85,62	121,89
Минимум	-187,55	-229,04	-180,32
Максимум	198,30	171,33	193,70

Таким образом, анализ полиморфизма гена *PRLR* показал наличие достоверного влияния генотипов на воспроизводительные признаки свиноматок. В качестве желательного для воспроизводительной продуктивности свиноматок определен генотип *AA*. Аналогичные результаты были получены и при изучении полиморфизма гена *PRLR* у свиноматок в 2016-2017 гг. Для дальнейшего закрепления в популяции свиней породы ландрас группы VI рекомендуется генотип *AA/PRLR*.

Полиморфизм гена *ESR* в исследуемой выборке представлен двумя аллелями (*A* и *B*) и тремя генотипами (*AA*, *AB* и *BB*) (Таблица 13). Наибольшую частоту имел аллель *A*. Следует отметить, что генотип *BB* был определен только у одной проверяемой свиноматки, но наблюдается высокая частота генотипа *AB* во всех половозрастных группах.

Таблица 13. Частота аллелей и генотипов гена *ESR* у свиней группы VI

Поголовье	Частота		Частота генотипов, %					
	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>	
			<i>n</i>	%	<i>n</i>	%	<i>n</i>	%
Хряки	0,72	0,28	7	43,7	9	56,3	0	0,0
основные	0,75	0,25	1	50,0	1	50,0	0	0,0
проверяемые	0,50	0,50	0	0,0	2	100,0	0	0,0
ремонтные	0,75	0,25	6	50,0	6	50,0	0	0,0
Свиноматки	0,73	0,27	18	48,7	18	48,7	1	2,6
основные	0,76	0,24	11	52,4	10	47,6	0	0,0
проверяемые	0,70	0,30	7	46,7	7	46,7	1	6,6
Все	0,73	0,27	25	47,2	27	50,9	1	1,9

За период 2016-2018 гг. частоты аллелей *A* и *B* практически не изменяются, но происходят изменения частот генотипов (Рисунок 19). Частота генотипа *AA* постепенно снижается. Произошло резкое уменьшение частоты генотипа *BB*, с 11% в 2017 г. до 2% в 2018 г. За счет снижения гомозиготных генотипов наблюдается рост частоты генотипа *AB*, частота которого в 2016 г. составляла 38%, в 2017 – 40% и в 2018 г. достигла 51%.

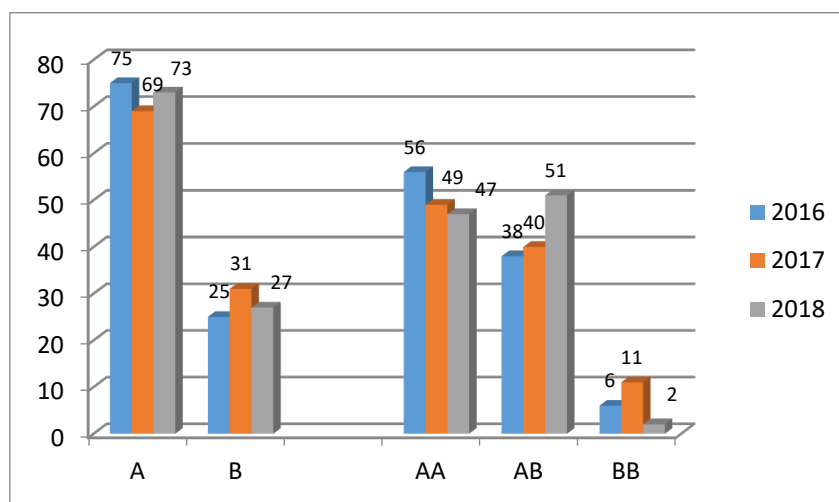


Рисунок 19 - Частота аллелей и генотипов гена *ESR* у свиней группы VI

По всем имеющимся опоросам большее количество поросят при рождении имели свиноматки генотипа *AA* (Таблица 14). Различия по количеству живых поросят при рождении и массе гнезда при рождении у свиноматок генотипов *AA* и *AB* были незначительными. Индекс *J3* был выше на 15,64 ед. у свиноматок генотипа *AB*.

Таблица 14. Воспроизводительные качества свиноматок различных генотипов гена *ESR* по всем опоросам

Статист. показатель	Генотипы	
	<i>AA</i>	<i>AB</i>
Количество поросят при рождении, гол.		
Среднее	14,58	13,97
Стандартная ошибка	0,33	0,29
Станд. отклонение	2,19	1,79
Минимум	9,00	10,00
Максимум	20,00	17,00
Среднее	13,13	13,24

Стандартная ошибка	0,28	0,26
Станд. отклонение	1,85	1,55
Минимум	9,00	10,00
Максимум	18,00	16,00
Количество мертворожденных поросят, гол.		
Среднее	1,44	0,73
Стандартная ошибка	0,26	0,14
Станд. отклонение	1,75	0,87
Минимум	0,00	0,00
Максимум	9,00	3,00
Масса гнезда при рождении, кг		
Среднее	16,57	16,94
Стандартная ошибка	0,39	0,58
Станд. отклонение	2,67	3,54
Минимум	11,00	6,02
Максимум	25,00	24,05
Масса гнезда в 21 день, кг		
Среднее	75,36	78,83
Стандартная ошибка	1,89	1,86
Станд. отклонение	12,68	11,29
Минимум	43,97	45,48
Максимум	102,49	101,34
Индекс J3		
Среднее	13,10	28,74
Стандартная ошибка	15,08	14,48
Станд. отклонение	101,14	88,08
Минимум	-229,04	-180,32
Максимум	198,30	165,33

Таким образом, полученные результаты показали отсутствие значимых различий по воспроизводительным признакам между свиноматками генотипов *AA* и *AB*, что свидетельствует о проявлении эффекта аллельного варианта *A* как в гомозиготном (генотип *AA*), так и в гетерозиготном (генотип *AB*) состоянии. Однако, данное обстоятельство может привести к закреплению аллельного варианта *B* в популяции и в дальнейшем к повышению частоты генотипа *BB*. Следовательно, в качестве желательного генотипа следует рассматривать генотип *AA*.

По результатам исследований за 2016-18 гг. в популяции свиней породы ландрас группы VI в качестве генетических маркеров, связанных с воспроизводительной продуктивностью свиноматки можно использовать полиморфизм генов *ESR* (желательный генотип *AA*), *PRLR* (желательный генотип *AA*) и *LIF* (желательный генотип *AA*).

В 2018 г. исследуемое поголовье группы V (58 гол.) состояло из 44 гол. свиноматок и 14 гол. хряков. Протоколы исследований за 2016 - 2017 г представлены в приложении Б. Молекулярно-генетические исследования проводили по генам лейкемия ингибирующего фактора (*LIF*), рецептора пролактина (*PRLR*) и фолликулостимулирующего гормона бета субъединицы (*FSHb*).

Полиморфизм гена *LIF* в выборке свиней породы ландрас группы V представлен двумя аллелями (*A* и *B*) и тремя генотипами (*AA*, *AB* и *BB*) (Таблица 15). В целом у исследуемого поголовья наибольшую частоту имел аллель *A*, но различия по частотам аллелей *A* и *B* были небольшие и составили около 18% в пользу аллельного варианта *A*. Наибольшую частоту имел генотип *AB*. Генотип *BB* имел невысокую частоту, которая у свиноматок составила 9,1%, у хряков – 14,3%, а в целом у всего исследуемого поголовья – 10,3%.

Таблица 15. Частота аллелей и генотипов гена *LIF* у свиней группы V

Поголовье	Частота		Частота генотипов, %					
	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>	
			n	%	n	%	n	%
Хряки	0,61	0,39	5	35,7	7	50,0	2	14,3
основные	0,38	0,62	0	0,0	3	75,0	1	25,0
проверяемые	0,92	0,08	5	83,3	1	16,7	0	0,0
ремонтные	0,38	0,62	0	0,0	3	75,0	1	25,0
Свиноматки	0,58	0,42	11	25,0	29	65,9	4	9,1
основные	0,54	0,46	4	16,0	19	76,0	2	8,0
проверяемые	0,67	0,33	7	38,8	10	55,6	1	5,6
Все	0,59	0,41	16	27,6	36	62,1	6	10,3

Согласно результатам, полученным в 2016-2018 гг., частота аллеля *A* в 2016 г. составляла 60%, в 2017 г. произошло снижение частоты на 8%, но в 2018 г. она опять повысилась на 7% (Рисунок 20). Наибольшая частота в течение всего периода установлена для генотипа *AB*, но в 2018 г. частота его снизилась на 12%, и произошло повышение генотипа *AA* на 13%.

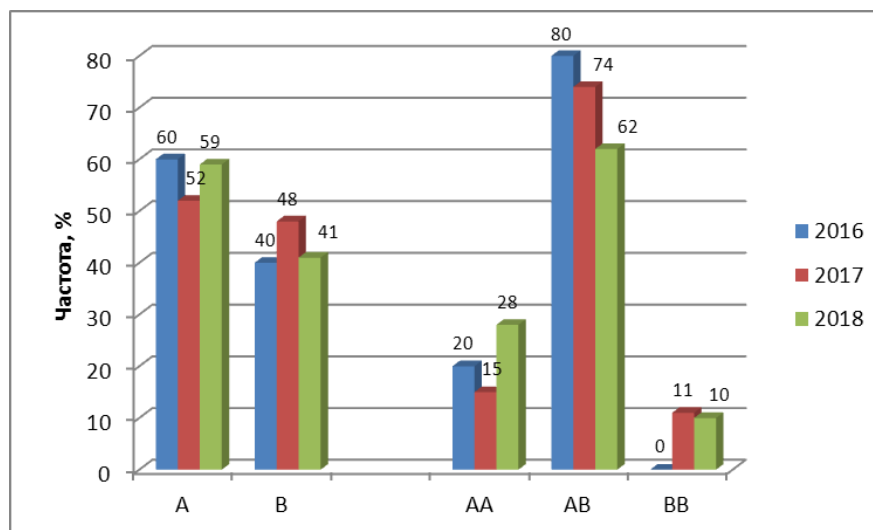


Рисунок 20 - Частота аллелей и генотипов гена *LIF* у свиной группы V

По всем имеющимся опоросам также лучшие показатели имели свиноматки генотипа *AA*, которые превышали свиноматок генотипа *AB* по количеству живых поросят при рождении на 0,94 гол., количеству живых поросят при рождении - 97 гол. и индексу J3 на 28,26 ед. (Таблица 16).

Таблица 16. Воспроизводительные качества свиноматок различных генотипов гена *LIF* по всем опоросам

Статист. показатель	Генотипы	
	<i>AA</i>	<i>AB</i>
Количество поросят при рождении, гол.		
Среднее	15,46	14,52
Стандартная ошибка	0,43	0,23
Станд. отклонение	1,56	1,77
Минимум	13,00	11,00
Максимум	19,00	19,00
Количество живых поросят при рождении, гол.		
Среднее	14,62	13,64
Стандартная ошибка	0,53	0,22
Станд. отклонение	1,89	1,65
Минимум	12,00	10,00

Максимум	18,00	17,00
Количество мертворожденных поросят, гол.		
Среднее	0,85	0,88
Стандартная ошибка	0,19	0,15
Станд. отклонение	0,69	1,16
Минимум	0,00	0,00
Максимум	2,00	4,00
Масса гнезда в 21 день, кг		
Среднее	71,23	80,01
Стандартная ошибка	3,76	1,67
Станд. отклонение	13,54	12,69
Минимум	52,00	47,73
Максимум	94,40	109,28
Индекс J3		
Среднее	115,21	86,95
Стандартная ошибка	30,14	13,32
Станд. отклонение	108,66	101,46
Минимум	-84,03	-137,13
Максимум	260,28	270,91

Таким образом, результаты первого опороса показывают, что положительный эффект аллеля *A* проявляется как в гомозиготном (генотип *AA*), так и в гетерозиготном (генотип *AB*). Однако, уже ко второму опоросу наблюдается более выраженный эффект аллеля *A* в гомозиготном состоянии (генотип *AA*). Следует также отметить, что результаты, полученные в 2017 -2018 гг. наряду с положительным влиянием генотипа *AA* на количество поросят при рождении и количество живых поросят при рождении, показали и его тенденцию к меньшему количеству мертворожденных поросят.

Полученные результаты свидетельствуют о возможности рассматривать полиморфизм гена *LIF* в качестве генетического маркера воспроизводительной продуктивности свиноматок и в дальнейшем, как дополнительный положительный критерий, учитывать наличие аллельного варианта *A* и генотипа *AA*.

Ген *PRLR* в исследуемой группе животных представлен двумя аллелями *A* и *B* и тремя генотипами *AA*, *AB* и *BB* (Таблица 17). Наименьшую частоту имел

генотип *BB*. Наибольшую частоту имел гетерозиготный генотип *AB*, но в группе проверяемых хряков наибольшая частота была у генотипа *AA*.

Таблица 17. Частота аллелей и генотипов гена *PRLR* у свиней группы V

Поголовье	Частота аллелей		Частота генотипов, %					
	A	B	AA		AB		BB	
			n	%	n	%	n	%
Хряки	0,61	0,39	5	35,7	7	50,0	2	14,3
основные	0,50	0,50	1	25,0	2	50,0	1	25,0
проверяемые	0,58	0,42	2	33,3	3	50,0	1	16,7
ремонтные	0,75	0,25	2	50,0	2	50,0	0	0,0
Свиноматки	0,67	0,33	20	45,0	19	43,0	5	11,0
основные	0,70	0,30	12	48,0	11	44,0	2	8,0
проверяемые	0,64	0,36	8	44,0	7	39,0	3	17,0
Все	0,66	0,34	25	43,1	28	44,8	7	12,1

За период 2016-2018 гг. частота аллеля *A* претерпела небольшие изменения. В 2016 г. частота аллеля *A* была 69%, в 2017 г. она снизилась на 11% и в 2018 г. повысилась на 8% (Рисунок 21). Частота генотипа *AB* в течение всего периода не изменялась, а рост гомозиготных генотипов *AA* и *BB* чередовался, в 2017 г. увеличилась частота генотипа *BB*, а в 2018 г. генотипа *AA*.

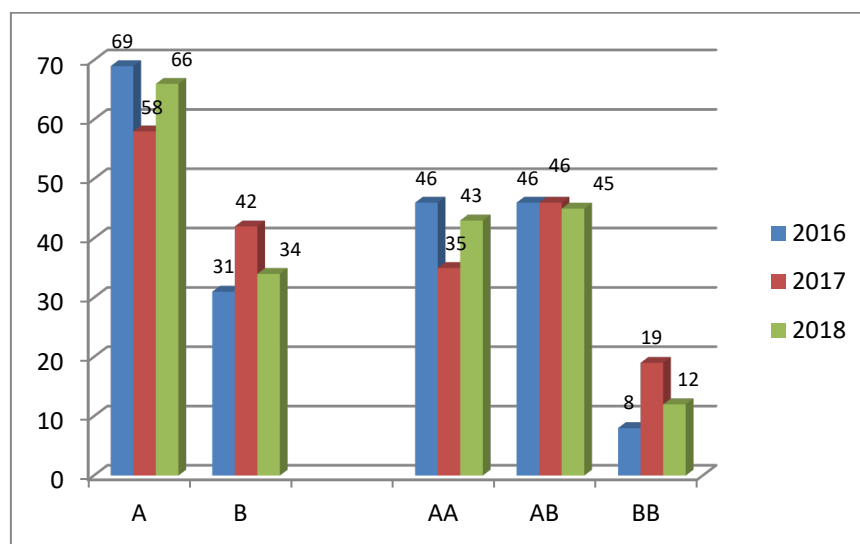


Рисунок 21 - Частота аллелей и генотипов гена *PRLR* у свиней группы V

В целом по всем опоросам свиноматки генотипа *AA*, относительно свиноматок генотипа *BB*, имели достоверно большее количество поросят при рождении на 0,80 гол. и отличались более высоким количеством живых поросят при рождении на 0,27 гол. и индексом J3 на 1,52 ед. (Таблица 18).

Свиноматки генотипа *AB*, по сравнению с аналогами генотипа *BB*, имели большее количество поросят при рождении на 0,59 гол. Следует отметить, что свиноматки генотипа *BB* по всем анализируемым опоросам достоверно отличались наименьшим количеством мертворожденных поросят.

Таблица 18. Воспроизводительные качества свиноматок различных генотипов гена *PRLR* по всем опоросам

Статист. показатель	Генотипы		
	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>
Количество поросят при рождении, гол.			
Среднее	14,91*	14,70	14,11
Стандартная ошибка	0,28	0,36	0,35
Станд. отклонение	1,63	2,05	1,05
Минимум	11,00	12,00	13,00
Максимум	18,00	19,00	16,00
Количество живых поросят при рождении, гол.			
Среднее	13,94	13,73	13,67
Стандартная ошибка	0,30	0,32	0,29
Станд. отклонение	1,73	1,82	0,87
Минимум	10,00	11,00	12,00
Максимум	17,00	18,00	15,00
Количество мертворожденных поросят при рождении, гол.			
Среднее	0,97*	0,97	0,44
Стандартная ошибка	0,22	0,19	0,18
Станд. отклонение	1,26	1,10	0,53
Минимум	0,00	0,00	0,00
Максимум	4,00	4,00	1,00
Масса гнезда в 21 день, кг			
Среднее	78,42	78,51	80,45
Стандартная ошибка	2,65	1,93	4,86
Станд. отклонение	15,23	11,08	14,58
Минимум	47,73	56,03	57,85
Максимум	109,28	97,46	96,28
Индекс J3			
Среднее	94,41	88,77	92,89
Стандартная ошибка	18,82	18,06	22,29
Станд. отклонение	108,09	103,77	66,88
Минимум	-135,20	-137,13	-12,42
Максимум	269,66	270,91	181,92

Полученные результаты показали, что по всем анализируемым опоросам между количеством поросят при рождении у свиноматок генотипов *AA* и *BB* установлены статистически значимые различия. По количеству живых поросят при рождении достоверных различий не установлено, что связано с более высоким количеством мертворожденных поросят у свиноматок генотипа *AA*.

В качестве желательного генотипа, связанного с наибольшим количеством поросят при рождении, на данном этапе является генотип *AA*. Однако, результаты, полученные за прошедшие годы исследований, показывают нестабильность желательного генотипа у свиноматок. В 2016 г. в качестве желательного проявился генотип *AA*. В 2017 г. достоверных различий по воспроизводительной продуктивности между свиноматками генотипов *AA* и *BB* установлено не было, но наблюдалась положительная тенденция генотипа *BB*. В 2018 г. установлены достоверные различия по количеству поросят при рождении и положительный эффект генотипа *AA*. В данном случае можно предположить, что положительный эффект генотипа *BB* связан с индивидуальными особенностями животных и при создании генетической структуры популяции рекомендуется отдавать предпочтение генотипу *AA* гена *PRLR*.

Полиморфизм гена *FSHb* в исследуемой выборке свиней представлен двумя аллелями (*A* и *B*) и тремя генотипами (*AA*, *AB*, *BB*) (Таблица 19).

Таблица 19. Частота аллелей и генотипов гена *FSHb* у свиней группы V

Поголовье	Частота аллелей		Частота генотипов, %					
	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>AA</i>		<i>AB</i>		<i>BB</i>	
			n	%	n	%	n	%
Хряки	0,53	0,46	3	21,4	9	64,3	2	14,3
основные	0,62	0,38	2	50,0	1	25,0	1	25,0
проверяемые	0,50	0,50	0	0,0	6	100,0	0	0,0
ремонтные	0,50	0,50	1	25,0	2	50,0	1	25,0
Свиноматки	0,40	0,60	7	15,9	21	47,7	16	36,4
основные	0,36	0,64	3	12,0	12	48,0	10	40,0
проверяемые	0,42	0,58	3	16,7	9	50,0	6	33,0
Все	0,43	0,57	10	17,2	30	51,8	18	31,0

Наибольшую частоту у хряков имел аллель *A*, а у свиноматок аллель *B*. Наибольшую частоту во всех половозрастных группах имел генотип *AB*, кроме основных хряков. В группе основных хряков наибольшую частоту имел генотип *AA*. Частота генотипа *BB* в группе хряков была ниже относительно частоты генотипа *AA*. В группе свиноматок наоборот, частота генотипа *BB* была ниже частоты генотипа *AA*.

При учете данных ранее проведенных исследований, в 2018 г. можно отметить рост частоты аллеля *A* и снижение аллеля *B*, при этом растут частоты генотипов *AA* и *AB* и падает частота аллеля *B* (Рисунок 22).

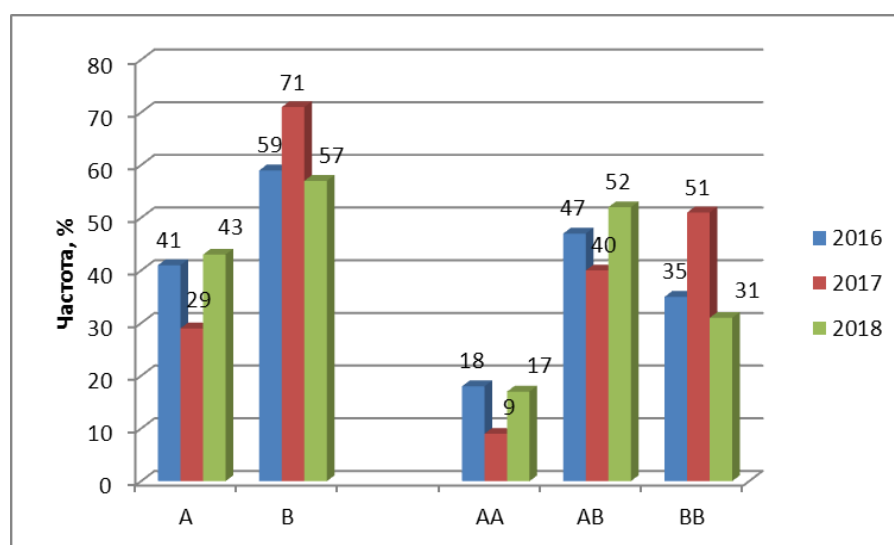


Рисунок 22 - Частота аллелей и генотипов гена *FSHb* у свиней группы V

Результаты всех опоросов показали превосходство свиноматок генотипов *BB* и *AB* над свиноматками генотипа *AA* (Таблица 20). Свиноматки генотипа *BB*, относительно генотипа *AA*, имели большее количество поросят при рождении на 0,47 гол, количество живых поросят при рождении на 0,46 гол, массу гнезда в 21 день на 6,76 кг и индекс J3 на 51,93 ед.

Таблица 20. Воспроизводительные качества свиноматок различных генотипов гена *FSHb* по всем опоросам

Статист. показатель	Генотипы		
	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>
Количество поросят при рождении, гол.			
Среднее	14,44	14,74	14,91
Стандартная ошибка	0,35	0,32	0,40
Станд. отклонение	1,50	1,85	1,90

Минимум	11,00	12,00	12,00
Максимум	17,00	19,00	18,00
Количество живых поросят при рождении, гол.			
Среднее	13,44	13,94	13,91
Стандартная ошибка	0,45	0,29	0,32
Станд. отклонение	1,92	1,67	1,53
Минимум	10,00	11,00	11,00
Максимум	17,00	18,00	17,00
Количество мертворожденных поросят при рождении, гол.			
Среднее	1,00	0,79	1,00
Стандартная ошибка	0,28	0,17	0,27
Станд. отклонение	1,19	1,01	1,28
Минимум	0,00	0,00	0,00
Максимум	4,00	4,00	4,00
Масса гнезда в 21 день, кг			
Среднее	73,19	80,78	79,95
Стандартная ошибка	4,11	1,91	2,46
Станд. отклонение	17,44	11,16	11,81
Минимум	47,73	56,03	56,50
Максимум	109,28	99,60	97,47
Среднее	46,26	111,46	98,19
Стандартная ошибка	24,92	15,79	21,48
Станд. отклонение	105,73	92,09	103,02
Минимум	-135,20	-91,70	-137,13
Максимум	213,97	269,66	270,91

Свиноматки генотипа *AB*, относительно свиноматок генотипа *AA*, отличались большим количеством поросят при рождении на 0,29 гол., количеством живых поросят при рождении на 0,50 гол., массу гнезда в 21 день на 7,59 кг и индекс *I3* на 60,20 ед.

Таким образом, полученные результаты показывают положительное влияние аллеля *B* гена *FSHb* на воспроизводительные показатели свиноматок, которое проявляется как в гомозиготном (генотип *BB*), так и в гетерозиготном (генотип *AB*). Для дальнейшего закрепления в популяции рекомендуется генотип *AA*.

По результатам исследований за 2016-18 гг. в популяции свиней породы ландрас группы *V* в качестве генетических маркеров, связанных с

воспроизводительной продуктивностью свиноматки можно использовать полиморфизм генов *FSHb* (желательный генотип *BB*), *LIF* (желательный генотип *AA*) и *PRLR* (желательный генотип *AA*).

3.5 Разработка селекционных индексов отбора свиней

Для комплектования свиноводческой товарной фермы №7 в 2008 г. был завезен канадский племенной молодняк породы ландрас (компания «Genesus») из которого была сформирована I-ая опытная группа. В целях пополнения стада высокопродуктивными хряками - производителями в 2011 г. были завезены животные из компании «Genetipork» (Канада).

С 2009 г. сформирована и успешно функционирует система линейного разведения. Линейная селекция ведется в ведущей группе свиноматок, путем превращения лучших индивидуальных генотипов в "групповые", которые обеспечивают самовоспроизведение заводской линии (Либизов М.П. [53]). С этого же периода применяется система отбора по индексам, разработанным профессором Михайловым Н.В. в модификации Свинарёва И.Ю.

Оценка хряков-производителей по селекционным индексам проводится в течение года, по мере накопления информации по слученным с хряками – производителями, свиноматкам. Минимальное количество опоросов свиноматок для оценки хряков - 10 голов. Корректировка индекса производится при очередном закреплении хряков-производителей за свиноматками.

Таблица 21. Селекционно – генетические показатели для расчета индекса хряков - производителей – J1

Показатели	Индекс J3, единиц	Оплодотворяющая способность, %
Шифр	X1	X2
2009 год		
Среднее значение признака по популяции	0	83,8
Целевой стандарт	100	94
Селекционный дифференциал	100	10,2
Коэффициент веса в структуре индекса	0,8	1,96
2015 год		
Среднее значение признака по популяции	0	90,2

Целевой стандарт	100	94
Селекционный дифференциал	100	3,80
Коэффициент веса в структуре индекса	0,8	5,263

Индекс оценки показателей воспроизводительного фитнеса хряков-производителей, включает в себя показатели индекса товарной массы гнезда J3 по слученным с хряком свиноматкам и процент оплодотворяемости свиноматок.

$$J1=0,8(X1-0) +1,96(X2-83,8) \text{ (группа I, 2009 год);}$$

$$J1=0,8(X1-0) +5,263(X2-90,2) \text{ (группа I, 2015 год),}$$

где, X_1 – J3 – индекс оценки осемененных хряком свиноматок, X_2 – процент оплодотворяемости свиноматок, осемененных хряком, %.

Таблица 22. Селекционно – генетические показатели для расчета индекса хряков - производителей – J2

Показатели	Многоплодие, гол.	Оплодотворяющая способность, %
Шифр	X1	X2
2009 год		
Среднее значение признака по популяции	12,01	83,8
Целевой стандарт	14	94
Селекционный дифференциал	1,99	10,2
Коэффициент веса в структуре индекса	40,70	1,86
2015 год		
Среднее значение признака по популяции	12,7	90,2
Целевой стандарт	14	94
Селекционный дифференциал	1,30	3,80
Коэффициент веса в структуре индекса	65,38	3,95

$$J2=40,70(X1-12,01) +1,86(X2-83,8) \text{ (группа I, 2009 год);}$$

$$J2=65,38(X1-12,7) +3,95(X2-90,2) \text{ (группа I, 2015 год),}$$

где, X_1 – многоплодие, осемененных хряком свиноматок, X_2 – процент оплодотворяемости свиноматок, осемененных хряком, %.

Для оценки показателей воспроизводительного фитнеса свиноматок разработан индекс - J3. Оценка по данному индексу проводится после отъема. На

основании оценки после первого опороса, свиноматки переводятся в основное стадо и используются в плане внутрилинейного подбора [116,85].

Таблица 23. Селекционно – генетические показатели для расчета индекса товарной массы гнезда – J3

Показатели	Многоплодие, гол	Число поросят при отъеме, гол.	Масса гнезда в 21 день, кг.
Шифр	X1	X2	X3
2009 год			
Среднее значение признака по популяции	12,01	10,6	73,7
Целевой стандарт	14	12	86,4
Селекционный дифференциал	1,99	1,4	12,7
Коэффициент веса в структуре индекса	13,97	34,00	1,94
2015 год			
Среднее значение признака по популяции	12,6	11,1	77,4
Целевой стандарт	14	12	87
Селекционный дифференциал	1,40	0,90	9,60
Коэффициент веса в структуре индекса	34,3	24,4	3,125

$$J3=13,97(X1-12,01) +34,00(X2-10,60) +1,94(X3 -73,7) \text{ (группа I, 2009 год);}$$

$$J3= 34,3(X1-12,6) +24,4(X2-11,1) +3,125(X3-77,4) \text{ (группа I, 2015 год),}$$

где: X_1 - многоплодие, гол; X_2 - молочность, кг; X_3 – число поросят при отъеме, гол.

Таблица 24. Селекционно – генетические показатели для расчета индекса хряков - производителей – J1

Показатели	Индекс J3, единиц	Оплодотворяющая способность, %
Шифр	X1	X2
Среднее значение признака по популяции	0	93,4
Целевой стандарт	100	95
Селекционный дифференциал	100	1,60
Коэффициент веса в структуре индекса	0,8	12,5

$$J1=0,8(X1-0) +12,5(X2-93,4) \text{ (группа II, 2016 г),}$$

где, X_1 – J3 – индекс оценки осемененных хряком свиноматок, X_2 – процент оплодотворяемости свиноматок, осемененных хряком, %.

Таблица 25. Селекционно – генетические показатели для расчета индекса хряков - производителей – J2

Показатели	Многоплодие, гол.	Оплодотворяющая способность, %
Шифр	X1	X2
Среднее значение признака по популяции	12,44	93,4
Целевой стандарт	14,5	95
Селекционный дифференциал	2,06	1,60
Коэффициент веса в структуре индекса	41,26	9,38

$$J2=41,26(X1-12,44) +9,38(X2-93,4) \text{ (группа II, 2016 г),}$$

где, X_1 – многоплодие, осемененных хряком свиноматок, X_2 – процент оплодотворяемости свиноматок, осемененных хряком, %.

Таблица 26. Селекционно – генетические показатели для расчета индекса товарной массы гнезда – J3

Показатели	Многоплодие, гол	Число поросят при отъеме, гол.	Масса гнезда в 21 день, кг.
Шифр	X1	X2	X3
Среднее значение признака по популяции	12,37	11,94	77,4
Целевой стандарт	14,5	12,5	90
Селекционный дифференциал	2,13	0,56	12,60
Коэффициент веса в структуре индекса	22,54	39,29	2,38

$$J3=22,54(X1-12,37) +39,29(X2-11,94) +2,38(X3-77,4) \text{ (группа II, 2016 г),}$$

где: X_1 - многоплодие, гол; X_2 - молочность, кг; X_3 – число поросят при отъеме, гол.

На основании анализа продуктивности хряков и свиноматок породы ландрас была проведена работа по обновлению целевых стандартов селекционных индексов с учетом изменения уровня продуктивности по группе I (2015 г.) и разработаны селекционные индексы отбора для группы II во 2-м квартале 2016 г.

3.6 Множественный корреляционно – регрессионный анализ воспроизводительных качеств свиней

Для изучения связи между признаками продуктивности свиноматок группы I был проведен множественный корреляционно-регрессионный анализ (Таблица 27).

Таблица 27. Корреляционно-регрессионный анализ показателей воспроизводительных качеств свиноматок группы I за 2015-2017 год

Коррелируемые признаки	2015			2016			2017		
	R	±m	R ²	R	±m	R ²	R	±m	R ²
Многоплодие-общее число поросят при рождении	0,85	0,07	0,72	0,6	0,10	0,36	0,53	0,11	0,28
Мертворожденные-общее число поросят при рождении	0,28	0,12	0,08	0,67	0,10	0,45	0,6	0,10	0,36
Мертворожденные-многоплодие	-0,27	0,12	0,07	-0,19	0,13	0,04	-0,36	0,12	0,13
Число поросят при отъеме-общее число поросят при рождении	0,02	0,13	0,00	-0,07	0,13	0,00	0,11	0,13	0,01
Число поросят при отъеме-многоплодие	-0,09	0,13	0,01	0,12	0,13	0,01	-0,04	0,13	0,00
Число поросят при отъеме-Мертворожденные	0,2	0,13	0,04	-0,19	0,13	0,04	0,17	0,13	0,03
Молочность с учетом отсадки/подсадки-общее число поросят при рождении	0,33	0,12	0,11	-0,04	0,13	0,00	0,28	0,12	0,08
Молочность с учетом отсадки/подсадки-многоплодие	0,29	0,12	0,08	0,03	0,13	0,00	0,14	0,13	0,02
Молочность с учетом отсадки/подсадки-Мертворожденные	0,09	0,13	0,01	-0,07	0,13	0,00	0,18	0,13	0,03
Молочность с учетом отсадки/подсадки-число поросят при отъеме	0,54	0,11	0,29	0,63	0,10	0,40	0,49	0,11	0,24
Молочность-общее число поросят при рождении	0,11	0,13	0,01	-0,17	0,13	0,03	0,07	0,13	0,00
Молочность-многоплодие	0,02	0,13	0,00	-0,23	0,13	0,05	-0,22	0,12	0,05
Молочность-Мертворожденные	0,17	0,13	0,03	0	0,13	0,00	0,29	0,12	0,08
Молочность-число поросят при отъеме	0,63	0,10	0,40	0,64	0,10	0,41	0,57	0,11	0,32
Молочность-молочность с учетом отсадки/подсадки	0,93	0,05	0,86	0,9	0,06	0,81	0,9	0,06	0,81
Вес при отъеме-общее число поросят при рождении	0,17	0,13	0,03	-0,06	0,13	0,00	0,11	0,13	0,01
Вес при отъеме-многоплодие	0,14	0,13	0,02	-0,25	0,13	0,06	-0,26	0,12	0,07
Вес при отъеме-Мертворожденные	0,08	0,13	0,01	0,16	0,13	0,03	0,37	0,12	0,14
Вес при отъеме-число поросят при отъеме	0,54	0,11	0,29	0,48	0,11	0,23	0,6	0,10	0,36
Вес при отъеме-молочность с учетом отсадки/подсадки	0,83	0,07	0,69	0,73	0,09	0,53	0,81	0,08	0,66
Вес при отъеме-молочность	0,88	0,06	0,77	0,88	0,06	0,77	0,92	0,05	0,85
Число поросят при отъеме в пересчете-общее число поросят при рождении	0,82	0,07	0,67	0,6	0,10	0,36	0,45	0,11	0,20

Число поросят при отъеме в пересчете-многоплодие	0,97	0,03	0,94	0,97	0,03	0,94	0,97	0,03	0,94
Число поросят при отъеме в пересчете-Мертворожденные	-0,27	0,12	0,07	-0,16	0,13	0,03	-0,42	0,12	0,18
Число поросят при отъеме в пересчете-число поросят при отъеме	-0,11	0,13	0,01	0,12	0,13	0,01	-0,05	0,13	0,00
Число поросят при отъеме в пересчете-молочность с учетом отсадки/подсадки	0,23	0,12	0,05	0,01	0,13	0,00	0,13	0,13	0,02
Число поросят при отъеме в пересчете-молочность	-0,01	0,13	0,00	-0,25	0,13	0,06	-0,21	0,13	0,04
Число поросят при отъеме в пересчете-вес при отъеме	0,11	0,13	0,01	-0,25	0,13	0,06	-0,24	0,12	0,06
J3-общее число поросят при рождении	0,82	0,07	0,67	0,51	0,11	0,26	0,63	0,10	0,40
J3-многоплодие	0,93	0,05	0,86	0,89	0,06	0,79	0,85	0,07	0,72
J3-Мертворожденные	-0,19	0,13	0,04	-0,2	0,13	0,04	-0,11	0,13	0,01
J3-число поросят при отъеме	0,14	0,13	0,02	0,39	0,12	0,15	0,25	0,12	0,06
J3-молочность с учетом отсадки/подсадки	0,60	0,10	0,36	0,44	0,12	0,19	0,61	0,10	0,37
J3-молочность	0,37	0,12	0,14	0,15	0,13	0,02	0,27	0,12	0,07
J3-вес при отъеме	0,43	0,12	0,18	0,15	0,13	0,02	0,21	0,13	0,04
J3-число поросят при отъеме в пересчете	0,90	0,06	0,81	0,87	0,06	0,76	0,82	0,07	0,67

**Число поросят при отъеме является ключевым показателем, характеризующим воспроизводительные качества. В связи с применяющейся отсадкой-подсадкой поросят, фактическое значение показателя имеет минимальную наследственную обусловленность и зависит от «внешних» факторов. В связи с этим для работы селекционного индекса введены поправки на отсадку-подсадку и число пор. при отъеме в пересчете, гол.*

Анализ корреляционной матрицы показывает высокую взаимосвязь приоритетных селекционных показателей воспроизводительных качеств свиноматок группы I с селекционным индексом.

Наблюдается высокая связь селекционного индекса J3 с многоплодием- $r=0,85\pm 0,07$, числом поросят при отъеме (в пересчёте)- $r=0,82\pm 0,07$ и средняя с молочностью (с учетом отсадки/подсадки поросят)- $r=0,61\pm 0,10$. Это подтверждает эффективность использования селекционного индекса J3 в повышении продуктивности.

Графический анализ корреляционных связей и коэффициентов детерминации между приоритетными признаками отбора представлен на Рисунок 23.

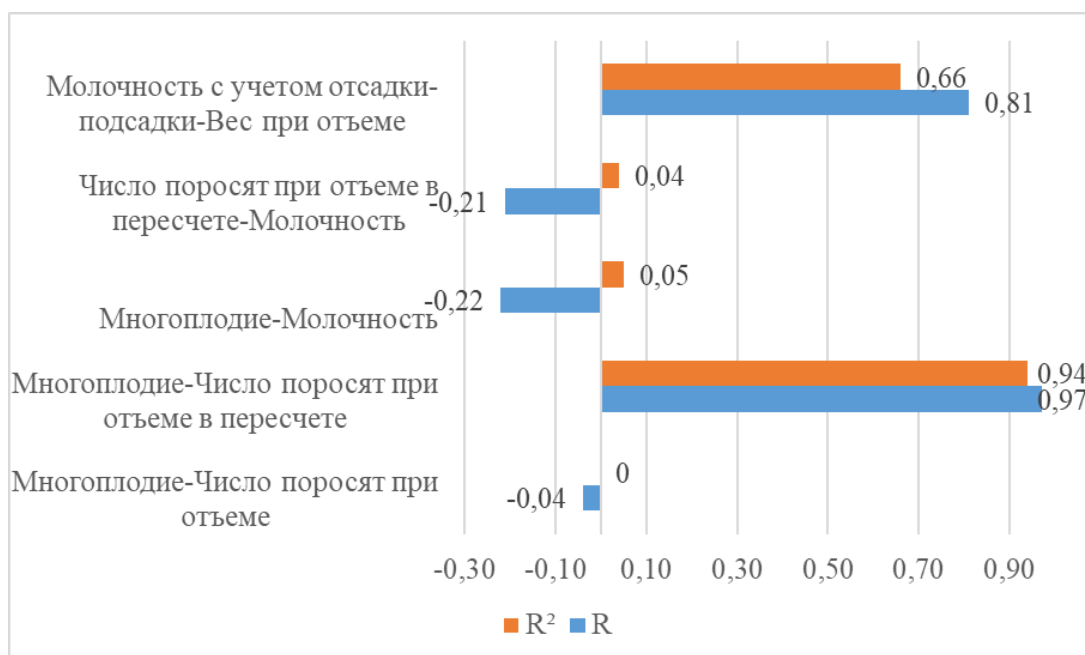


Рисунок 23 - Коэффициенты корреляции между приоритетными признаками отбора

Представляет интерес связь многоплодия и молочности с показателями воспроизводительных качеств при учете и без учета корректировки на отсадку-подсадку поросят.

Связь многоплодия с числом поросят при отъеме без учета поправки практически отсутствует ($r=-0,04$, 2017 г.), при низком коэффициенте корреляции с молочностью- $r=-0,22$ (2017 г.).

Однако, число поросят при отъеме, с учетом поправки, коррелирует с многоплодием- $r=0,97$ (2017 г.). Молочность с учетом поправки высоко коррелирует с весом при отъеме (26 дней)- $r=0,81$ (2017 г.).

Таким образом, анализ корреляционных связей воспроизводительных качеств показывает существенное влияние технологических факторов на достоверность оценки племенной ценности свиноматок.

Использование поправочных коэффициентов на отсадку-подсадку поросят, разработанных нами по методике лаборатории теоретических основ селекции животных Донского ГАУ, позволяет проводить эффективный отбор по репродуктивным качествам [86].

Для изучения связи между признаками свиноматок группы II был проведен множественный корреляционно-регрессионный анализ (Таблица 28).

Таблица 28 Корреляционно-регрессионный анализ показателей воспроизводительных качеств за 2015-2017 год

Коррелируемые признаки	2015			2016			2017		
	R	±m	R ²	R	±m	R ²	R	±m	R ²
Многоплодие-общее число поросят при рождении	0,77	0,09	0,59	0,8	0,08	0,64	0,83	0,07	0,69
Мертворожденные-общее число поросят при рождении	0,44	0,12	0,19	0,45	0,13	0,20	0,46	0,10	0,21
Мертворожденные-многоплодие	-0,24	0,13	0,06	-0,18	0,14	0,03	-0,11	0,12	0,01
Число пор. при отъеме-общее число поросят при рождении	0,01	0,14	0,00	-0,26	0,14	0,07	-0,15	0,12	0,02
Число поросят при отъеме-многоплодие	0,06	0,14	0,00	-0,26	0,14	0,07	-0,22	0,11	0,05
Число поросят при отъеме-Мертворожденные	-0,08	0,14	0,01	-0,04	0,14	0,00	0,08	0,12	0,01
Молочность с учетом отсадки/подсадки-общее число поросят при рождении	-0,09	0,14	0,01	0,38	0,13	0,14	0,25	0,11	0,06
Молочность с учетом отсадки/подсадки-многоплодие	-0,04	0,14	0,00	0,39	0,13	0,15	0,2	0,11	0,04
Молочность с учетом отсадки/подсадки-Мертворожденные	-0,08	0,14	0,01	0,06	0,14	0,00	0,12	0,12	0,01
Молочность с учетом отсадки/подсадки-число поросят при отъеме	0,36	0,13	0,13	0,35	0,13	0,12	0,37	0,11	0,14
Вес при отъеме-общее число поросят при рождении	-0,15	0,14	0,02	0,01	0,14	0,00	0,01	0,12	0,00
Вес при отъеме-многоплодие	-0,13	0,14	0,02	0,02	0,14	0,00	-0,03	0,12	0,00
Вес при отъеме-Мертворожденные	-0,04	0,14	0,00	-0,01	0,14	0,00	0,08	0,12	0,01
Вес при отъеме-число поросят при отъеме	0,37	0,13	0,14	0,83	0,08	0,69	0,5	0,10	0,25
Вес при отъеме-молочность с учетом отсадки/подсадки	0,94	0,05	0,88	0,96	0,04	0,92	0,9	0,05	0,81
Число поросят при отъеме в пересчете-общее число пор. при рождении	0,7	0,10	0,49	0,76	0,09	0,58	0,82	0,07	0,67
Число поросят при отъеме в пересчете-многоплодие	0,96	0,04	0,92	0,94	0,05	0,88	0,99	0,02	0,98
Число поросят при отъеме в пересчете-Мертворожденные	-0,29	0,13	0,08	-0,15	0,14	0,02	-0,11	0,12	0,01
Число поросят при отъеме в пересчете-число поросят при отъеме	0,09	0,14	0,01	-0,19	0,14	0,04	-0,24	0,11	0,06
Число поросят при отъеме в пересчете-молочность с учетом отсадки/подсадки	-0,05	0,14	0,00	0,47	0,12	0,22	0,19	0,11	0,04
Число поросят при отъеме в пересчете-вес при отъеме	-0,12	0,14	0,01	0,18	0,14	0,03	-0,02	0,12	0,00
IЗ-общее число поросят при рождении	**_	-	-	0,78	0,09	0,61	0,77	0,07	0,59
IЗ-многоплодие	-	-	-	0,94	0,05	0,88	0,9	0,05	0,81

ЛЗ-Мертворожденные	-	-	-	-0,13	0,14	0,02	-0,08	0,12	0,01
ЛЗ-число поросят при отъеме	-	-	-	-0,09	0,14	0,01	-0,03	0,12	0,00
ЛЗ-молочность с учетом отсадки/подсадки	-	-	-	0,61	0,11	0,37	0,53	0,10	0,28
ЛЗ-вес при отъеме	-	-	-	0,29	0,14	0,08	0,3	0,11	0,09
ЛЗ-число поросят при отъеме в пересчете	-	-	-	0,96	0,04	0,92	0,9	0,05	0,81

* На СТФ-8 практикуется отсадка-подсадка поросят, в связи с этим для работы селекционного индекса разработаны и введены поправки на отсадку-подсадку и число поросят при отъеме.

**Индексы для оценки продуктивности свиноматок разработаны в 2016 г.

Анализ корреляционной матрицы позволил выявить высокую связь селекционного индекса ЛЗ с многоплодием свиноматок группы II - $r=0,9\pm 0,05$, числом поросят при отъеме (в пересчёте)- $r=0,9\pm 0,05$ и среднюю связь с молочностью (с учетом отсадки/подсадки поросят)- $r=0,53\pm 0,10$.

Графический анализ корреляционных связей и коэффициентов детерминации изучаемых признаков продуктивности представлен на Рисунк 24.

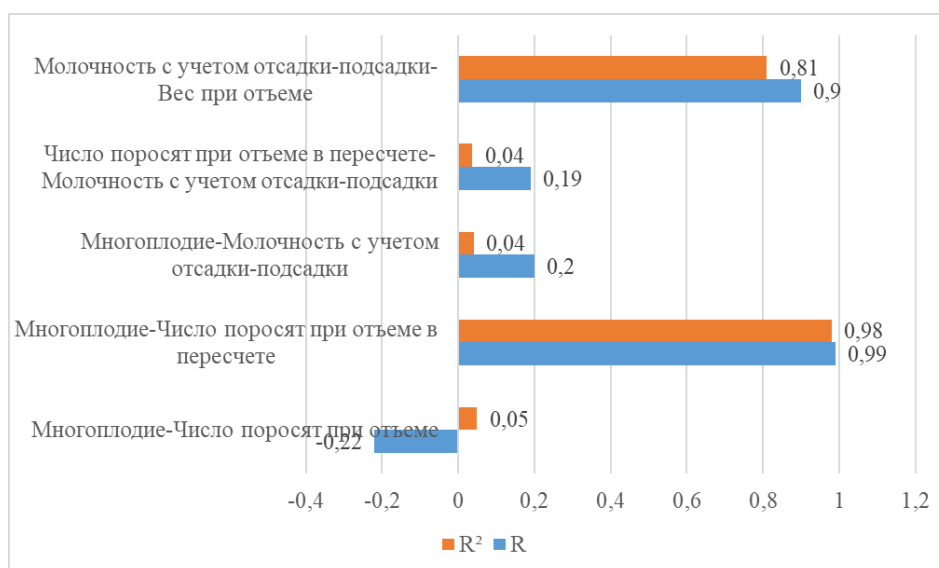


Рисунок 24 - Коэффициенты корреляции между приоритетными признаками отбора

Наблюдается слабая отрицательная связь многоплодия свиноматок группы II с числом поросят при отъеме без учета поправки ($r=-0,22\pm 0,11$, 2017 г.). При условии поправки на отсадку-подсадку поросят данная связь составляет $-0,99\pm 0,02$.

Коэффициент корреляции веса и числа поросят при отъеме составил $0,5 \pm 0,10$, но с учетом поправки данный показатель составляет $-0,02 \pm 0,12$, что свидетельствует об отсутствии взаимосвязи между этими признаками.

Молочность с учетом поправки высоко коррелирует с весом при отъеме (28 дней) $r=0,9$ (2017 г.).

Анализ корреляционных связей воспроизводительных качеств свиноматок группы II свидетельствует о существенном влиянии технологических факторов на достоверность оценки племенной ценности свиноматок и подтверждает необходимость использования поправочных коэффициентов на отсадку-подсадку поросят в производственных условиях.

3.7 Подтверждение эффективности индексной селекции

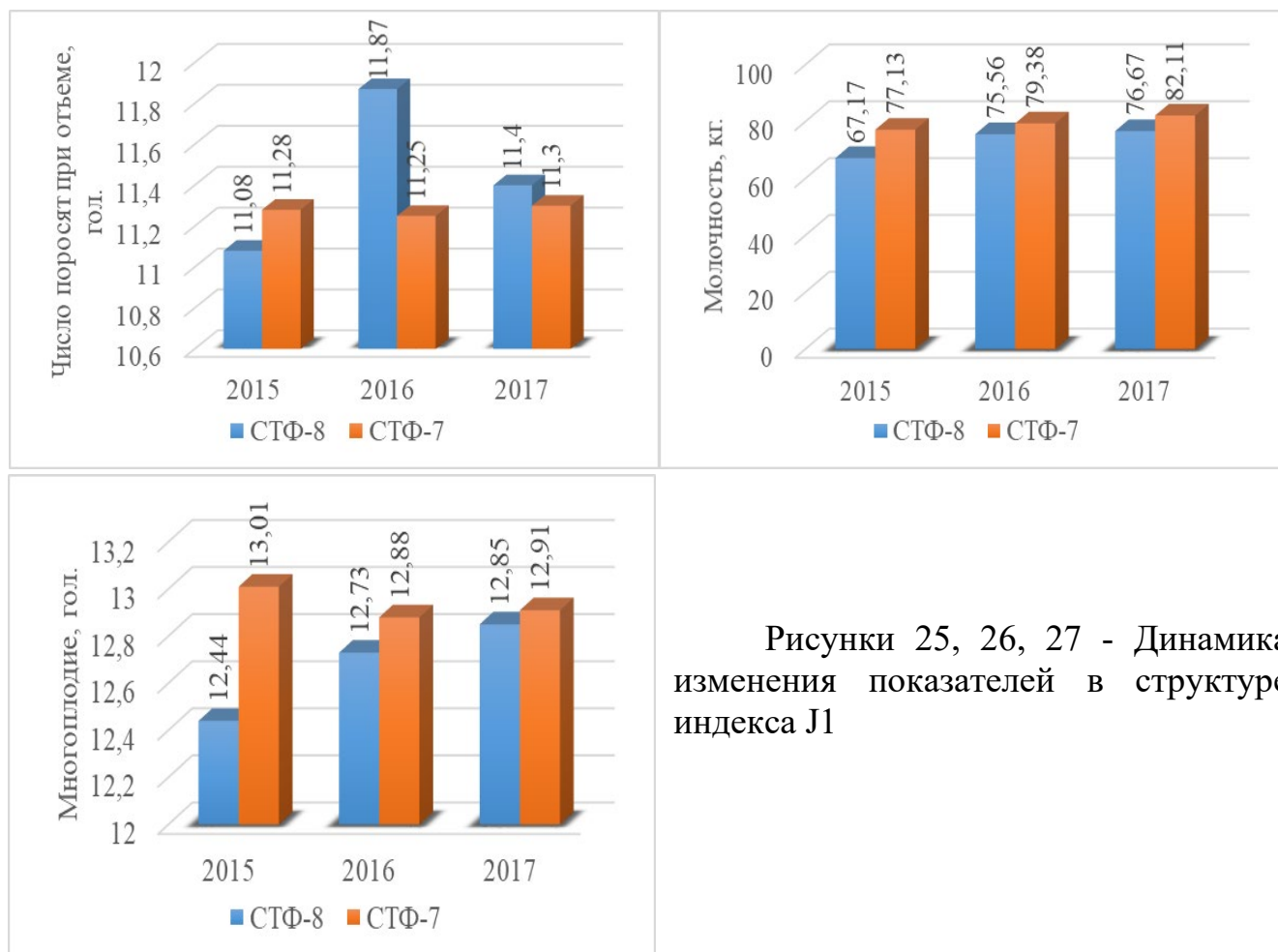
Эффективность разработанных индексов для группы I и группы II, определялась в период с 2015 по 2017 гг.

Таблица 29. Продуктивность хряков – производителей группы I и II

Показатели	Год				Изменение	
	2015		2017		2015 г. к 2017 г.	
	X	Cv, %	X	Cv, %	Ед.	%
Группа I						
Многоплодие, гол.	13,01	19,58	12,91	6,88	-0,10	-0,77
Молочность, кг.	77,13	13,13	82,11	5,05	4,98	6,07
Число поросят при отъеме, гол.	11,28	13,34	11,3	4,17	0,02	0,18
Селекционный индекс J1, ед.	34,09	318,42	30,29	110,08	-3,80	-12,55
Селекционный индекс J2, ед.	35,5	464,57	18,3	317,62	-17,20	-48,45
Группа II						
Многоплодие, гол.	12,44	16,2	12,85	5,88	0,41	3,19
Молочность, кг.	67,17	17,37	76,67	4,21	9,50	12,39
Число поросят при отъеме, гол.	11,08	13,01	11,4	3,8	0,32	2,81
Селекционный индекс J1, ед.	*		-28,11	204,03		
Селекционный индекс J2, ед.			3,84	1284,96		

* Индексы для оценки продуктивности хряков разработаны в 2016 г

Анализ продуктивности хряков-производителей группы I показал хороший уровень воспроизводительных качеств. По ряду признаков продуктивности в составе селекционного индекса J1 наблюдается положительная динамика (Рисунки 25, 27, 28).



Рисунки 25, 26, 27 - Динамика изменения показателей в структуре индекса J1

Показатели многоплодия и числа поросят при отъеме у свиноматок, слученных хряками группы I, не существенно изменились, в 2017 году они составили 12,91 голов и 11,30 голов соответственно. Напротив, существенно изменилась молочность с уровня 77,13 кг. в 2015 году до 82,11 кг. в 2017 году (+4,98 кг.) на фоне снижения индекса J1 на 3,8 единицы.

Многоплодие, число поросят при отъеме и молочность свиноматок, осемененных хряками группы II, увеличились на 0,41 гол., 0,32 гол. и 9,5 кг соответственно.

Следует отметить, что обе популяции характеризуются заметным снижением уровня изменчивости в динамике 2015-2017 гг. (Рисунок 28).

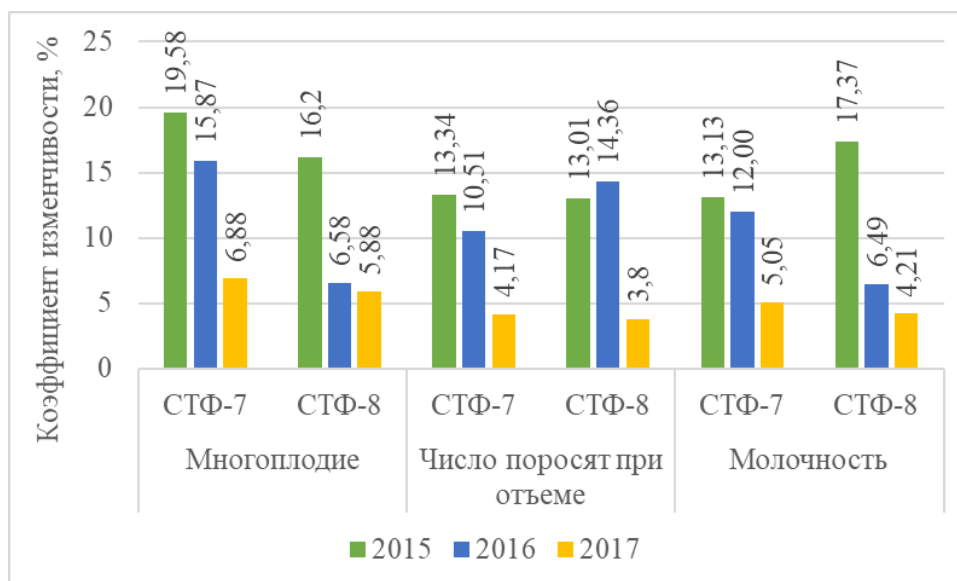


Рисунок 28 - Динамика коэффициентов вариации признаков индекса J1

Изменчивость селекционного индекса J1 хряков группы I, снизилась с 318,42 до 110,08, а индекса J2 с 464,57 до 317,86 единиц соответственно. Коэффициент вариации многоплодия снизился с 19,58% до 6,88%, числа поросят при отъеме-с 13,34% до 4,17%, молочности-с 13,13% до 5,05% соответственно, что свидетельствует о эффективности применения селекционного индекса J1 и повышении консолидации стада хряков-производителей по продуктивным качествам.

Наибольшей изменчивостью показателей в структуре индекса J1 хряков группы II, обладает многоплодие ($C_v = 5,88\%$), что свидетельствует о потенциале увеличения продуктивности при отборе.

За период с 2015 по 2017 год наблюдается рост показателей воспроизводительных качеств свиноматок группы I и II.

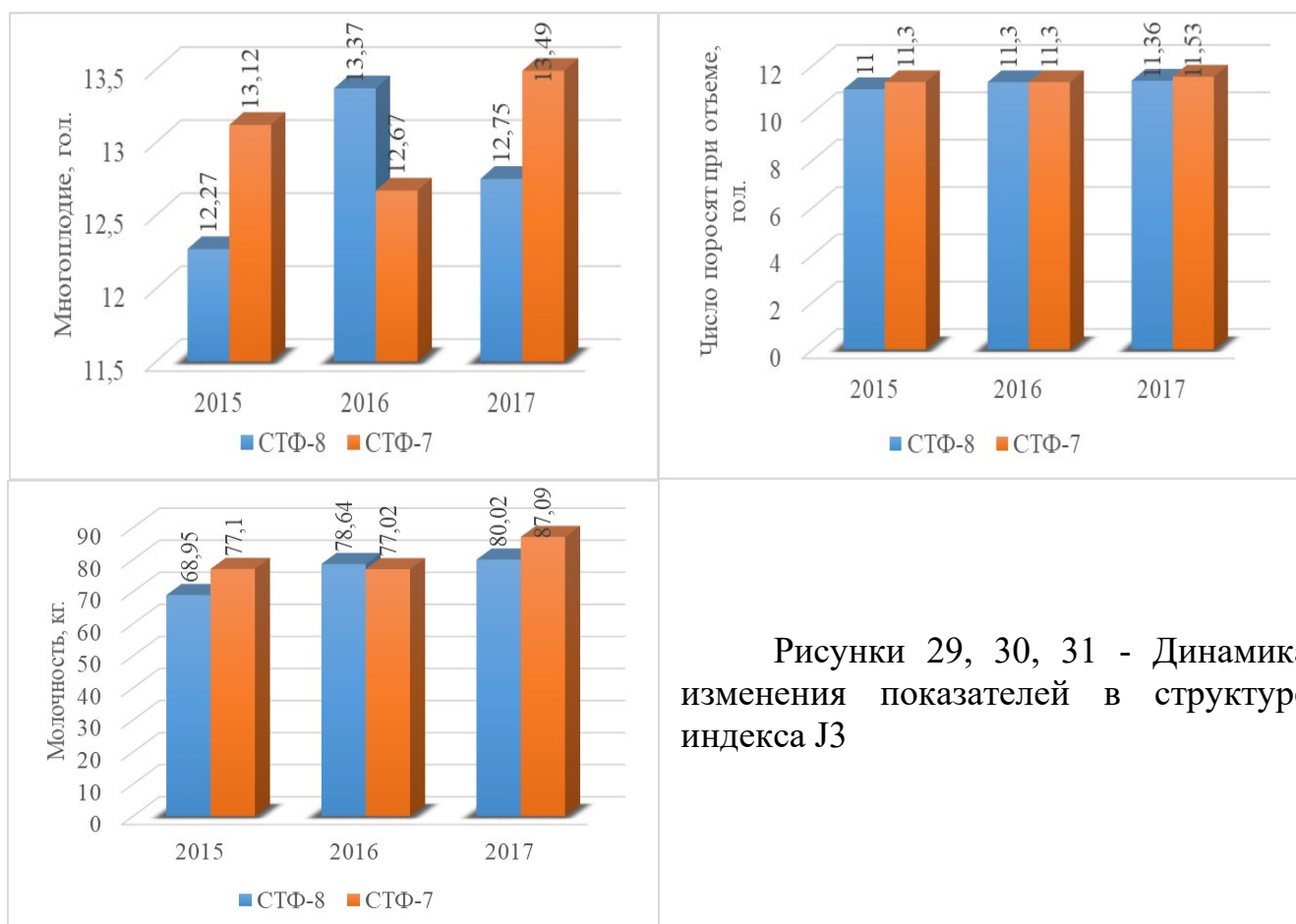
Таблица 30. Продуктивность свиноматок группы I и II

Показатели	Год				Изменение	
	2015		2017		2015 г. к 2017 г.	
	X	$C_v, \%$	X	$C_v, \%$	Ед.	%
Группа I						
Многоплодие, гол.	13,12	11,96	13,49	9,72	0,37	2,74

Молочность, кг.	77,1	14,06	87,09	11,58	9,99	11,47
Число поросят при отъеме, гол.	11,5	8,75	11,76	7,31	0,26	2,21
Селекционный индекс J3, ед.	26,5	345,65	80,04	90,88	53,54	66,89
Группа II						
Многоплодие, гол.	12,27	16,17	12,75	10,34	0,48	3,76
Молочность, кг.	68,95	18,19	80,02	13,32	11,07	13,83
Число поросят при отъеме, гол.	11	12,42	11,36	8,1	0,36	3,17
Селекционный индекс J3, ед.	*					

* Индексы для оценки продуктивности свиноматок разработаны в 2016 г

Наиболее значительный рост наблюдается по молочности свиноматок группы I - +9,99 кг. Многоплодие и число поросят при отъеме в 2017 году по отношению к 2015 году увеличились на 0,37 и 0,26 гол. соответственно. Селекционный индекс J3 увеличился с 26,5 до 80,4 единиц (+53,9) (Рисунки 29, 31, 32).



Рисунки 29, 30, 31 - Динамика изменения показателей в структуре индекса J3

Многоплодие, число поросят при отъеме и молочность свиноматок группы II увеличились на 0,48 гол, 0,36 гол. и 11,07 кг. соответственно.

Среди признаков воспроизводительных качеств свиноматок группы I, характеризующихся наибольшей изменчивостью за исследуемый период, выделяются молочность (11,58%) и многоплодие (9,72%). Это указывают на наличие генотипического разнообразия популяции и возможность проведения эффективного отбора, так как в этом случае можно отобрать более ценных в племенном отношении животных по сравнению с другими признаками. Наименьшей изменчивостью обладает число поросят при отъеме (6,12%). По селекционному индексу J3 наблюдается заметное снижение изменчивости с 345,65 до 90,88% (-254,77%) (Рисунок 32).

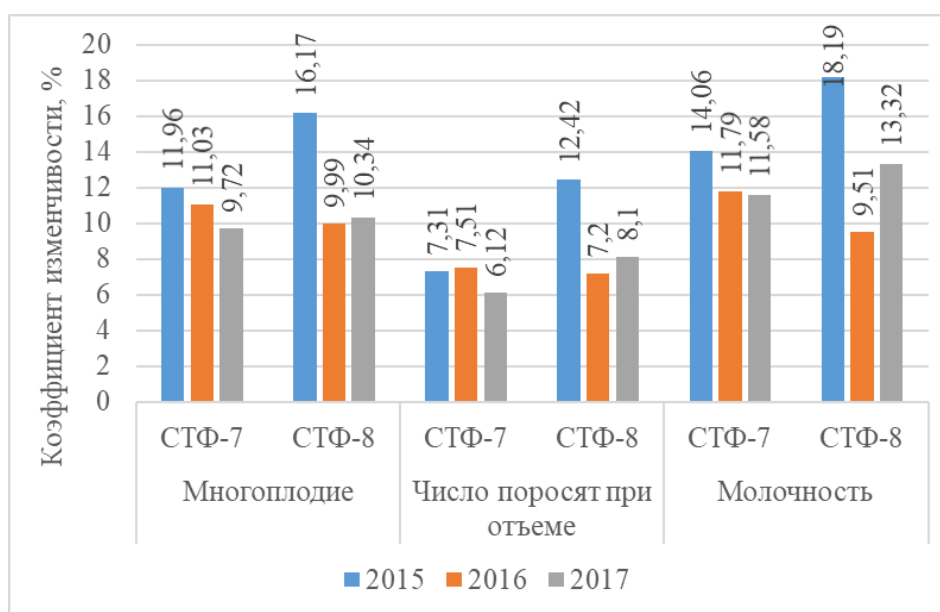


Рисунок 32 - Динамика коэффициентов вариации признаков индекса J3

Свиноматки группы II обладают более высокой изменчивостью по всем признакам продуктивности в составе индекса J3 в сравнении со свиноматками группы I.

Среди признаков воспроизводительных качеств свиноматок группы II, характеризующихся наибольшей изменчивостью за исследуемый период, выделяются молочность (13,32%) и многоплодие (10,34%). Наименьшей изменчивостью обладает число поросят при отъеме (8,1%).

Проведенный анализ подтвердил практическую эффективность индексной селекции. Существенные колебания многоплодия и молочности, признаков с

низкой степенью наследуемости, свидетельствуют о высокой изменчивости факторов кормления, содержания и менеджмента, что в значительной степени снижает эффективность племенного отбора.

Селекционные индексы проявляют существенно большую степень изменчивости по сравнению с признаками, входящими в их состав, что позволяет увеличить селекционный дифференциал в стадах, имеющих высокий уровень продуктивности и низкую степень изменчивости селекционных показателей [85].

3.8 Анализ эффективности отбора ремонтного молодняка по селекционным индексам

Система отбора ремонтного молодняка АО «Кубань» представляет собой следующий алгоритм. Поросята из гнезда с высоким индексом товарной массы гнезда в 6 мес., полученные от заказных вариантов спариваний свиноматок ведущей группы, имеющие высокую живую массу, отбираются в группу ремонтного молодняка, в процессе роста оцениваются по показателям развития и поступают на контрольное выращивание. По окончании контрольного выращивания в 100 кг, ремонтные хрячки и свинки оцениваются по комплексным индексам J8 и J9. Лучшим отобраным молодняком комплектуется группа проверяемых хряков и свиноматок.

На основании анализа данных по оценке ремонтного молодняка породы ландрас группы I и группы II по собственной продуктивности в 100 кг, была проведена работа по конструированию селекционных индексов отбора. Эффективность разработанных индексов определялась в период с 2015 по 2017 гг.

Целевые стандарты определены с учётом фактической изменчивости показателей контрольного выращивания на основании графиков распределения для достижения максимального эффекта селекции (Таблица 31 Таблица 32).

Таблица 31. Целевые стандарты для ремонтных хрячков

Признаки	Группа I	Группа II
	Ландрас	Ландрас
Конституция	крепкая	крепкая
Скороспелость, дн.	145	148

Длина туловища, см	126	132
Толщина шпика, мм	12	12
Глубина «мышечного глазка», мм.	65	70

Таблица 32. Целевые стандарты для ремонтных свинок

Признаки	Группа I	Группа II
	Ландрас	Ландрас
Конституция	крепкая	крепкая
Количество сосков	7/7	7/7
Скороспелость, дн.	147	148
Длина туловища, см	125	130
Толщина шпика, мм	14	14
Глубина «мышечного глазка», мм.	68	68

Отбор молодняка для выращивания ремонта основного стада осуществляется только от свиноматок ведущей группы, имеющих высокий гнездовой индекс J3 и в соответствии с планом внутрилинейного подбора. Внутри гнезда отбираются поросята, имеющие хорошую живую массу. Животные, имеющие менее 12 сосков, в группу ремонта не отбираются.

Первый отбор ремонтного молодняка производится при передаче в группу доращивания. Основные учитываемые признаки при отборе: величина гнездового индекса J3, индивидуальная живая масса поросенка при отборе, конституциональные и экстерьерные особенности. Живая масса поросят при отборе в группу ремонтного молодняка в 2 мес., не должна быть менее требований класса элита.

Второй отбор ремонтного молодняка проводится при достижении 90 дневного возраста. Основные учитываемые признаки: величина гнездового индекса J3, индивидуальная живая масса поросенка, конституциональные и экстерьерные особенности. Живая масса поросят при отборе в группу ремонтного должна соответствовать классу "Элита" для соответствующей группы пород по бонитировочной шкале.

Третий отбор ремонтного молодняка (основной) проводится после оценки по результатам контрольного выращивания на основании индексной оценки. Оценка

ремонтного молодняка и последующий отбор проводится по достижении 100 кг живой массы.

По результатам этой оценки делается окончательный отбор ремонтного молодняка. В соответствии с целями и задачами селекции, производится закрепление ремонтных хрячков за свиноматками, они переводятся в проверяемые и используются в плане индивидуального подбора.

При отборе ремонтного молодняка для ввода в группу проверяемых используются комплексные индексы J8 и J9. Индексы ориентированы на оценку свинок (J9) и хрячков (J8) по мясным и откормочным качествам.

$$J_{8,9} = \beta_1(M - X_1) + \beta_2(X_2 - M) + \beta_3(X_3 - M) + \beta_4(M - X_4);$$

где: X_1 – скороспелость, дн; X_2 – длина туловища, см; X_3 – толщина шпика, мм; X_4 – глубина «мышечного глазка», мм.

$$J_8 = 4,17 (151 - X_1) + 4,67 (X_2 - 118,5) + 5 (15 - X_3) + 2,5 (X_4 - 55) \text{ (СТФ-7)}$$

$$J_9 = 10 (151 - X_1) + 5 (X_2 - 119) + 5 (15 - X_3) + 2,27 (X_4 - 57) \text{ (СТФ-7)}$$

$$J_8 = 15,0 (149 - X_1) + 2,92 (X_2 - 120) + 4,17 (18 - X_3) + 1,14 (X_4 - 55) \text{ (СТФ-8)}$$

$$J_9 = 10 (150 - X_1) + 3 (X_2 - 120) + 6,25 (18 - X_3) + 1,14 (X_4 - 46) \text{ (СТФ-8)}$$

Комплексные индексы оценки ремонтного молодняка J8 и J9 построены с учётом селекции на комплексную откормочную и мясную продуктивность. Эти индексы являются основными при отборе ремонтного молодняка по результатам оценки на контрольном выращивании.

За период с 2015 по 2017 гг, индекс J8 (группа I) вырос на 6,32 ед., индекс J9 (группа I) на 8,12 ед.

В селекционной работе по группе II индексы отбора используются с 2016 г. Повышение индекса J8 и J9 в период 2016-2017 гг. составило 11,96 и 0,75 ед., соответственно (Таблица 34).

Таблица 33. Мониторинг продуктивных качеств ремонтного молодняка свиней группы I в период 2015 – 2017 гг.

Показатели	n	2015 год			n	2017 год		
		M±m	σ±m	Cv±m		M±m	σ±m	Cv±m
Свинки группы I								
Скороспелость, дн.	124	150,64±0,59	6,55±0,42	4,35±0,28	157	149,65±0,55	6,89±0,39	4,60±0,26
Среднесуточный прирост, г.	124	879,74±5,16	57,49±3,65	6,53±0,42	157	866,67±5,81	72,86±4,11	8,41±0,47
Шпик в точке P2, мм.	124	15,04±0,12	1,32±0,08	8,79±0,56	157	14,47±0,20	2,48±0,14	17,17±0,97
Глубина мышечного глазка, мм. *	124	57,32±0,34	3,81±0,24	6,65±0,42	157	54,52±0,26	3,27±0,18	6,01±0,34
Длина туловища, см.	124	120,04±0,26	2,89±0,18	2,41±0,15	157	120,39±0,25	3,14±0,18	2,61±0,15
Сел. индекс J9	124	9,36±5,37	59,78±3,80	638,33±40,53	157	17,48±5,38	67,36±3,80	385,23±21,74
Хрячки группы I								
Скороспелость, дн.	27	150,98±1,52	7,89±1,07	5,22±0,71	22	148,56±1,45	6,81±1,03	4,59±0,69
Среднесуточный прирост, г.	27	833,11±13,97	72,61±9,88	8,71±1,18	22	854,41±16,25	76,24±11,49	8,92±1,35
Шпик в точке P2, мм. *	27	14,96±0,17	0,88±0,12	5,89±0,80	22	14,02±0,44	2,05±0,31	14,60±2,20
Глубина мышечного глазка, мм.	27	54,61±0,57	2,95±0,40	5,39±0,73	22	53,94±0,72	3,40±0,51	6,30±0,95
Длина туловища, см.	27	118,54±0,49	2,56±0,35	2,16±0,29	22	117,09±0,58	2,74±0,41	2,34±0,35
Сел. индекс J8	27	-0,52±8,43	43,79±5,96	8461,09±1151,41	22	5,80±7,19	33,74±5,09	582,06±87,75

* - P≥0,95 (достоверность разницы генеральных средних)

Таблица 34. Мониторинг продуктивных качеств ремонтного молодняка свиней группы II в период 2016 – 2017 гг.

Показатели	n	2016 год			n	2017 год		
		M±m	σ ±m	Cv±m		M±m	σ ±m	Cv±m
Свинки группы II								
Скороспелость, дн.	134	148,69±0,53	6,13±0,37	4,12±0,25	222	147,49±0,35	5,16±0,25	3,50±0,17
Среднесуточный прирост, г.*	134	877,92±5,24	60,64±3,71	6,91±0,42	222	899,64±4,24	63,13±2,99	7,02±0,33
Шпик в точке P2, мм.	134	17,1±0,20	2,30±0,14	13,47±0,82	222	17,45±0,14	2,02±0,09	11,60±0,55
Глубина мышечного глазка, мм.*	134	49,35±0,57	6,65±0,41	13,47±0,82	222	52,18±0,39	5,94±0,28	11,38±0,54
Длина туловища, см.*	134	121,36±0,31	3,54±0,22	2,91±0,18	222	117,26±0,32	4,81±0,23	4,09±0,19
Сел. индекс J9	134	26,62±5,47	63,27±3,86	237,71±14,52	222	27,37±3,56	53,02±2,52	193,73±9,19
Хрячки группы II								
Скороспелость, дн.	18	148,30±0,83	3,53±0,59	2,38±0,40	27	146,61±1,03	5,32±0,72	3,63±0,49
Среднесуточный прирост, г.*	18	859,77±8,89	37,75±6,29	4,39±0,73	27	892,44±10,09	52,45±7,13	5,88±0,79
Шпик в точке P2, мм.*	18	15,32±0,41	1,72±0,29	11,20±1,87	27	16,49±0,39	2,06±0,28	12,51±0,71
Глубина мышечного глазка, мм.	18	51,76±1,23	5,22±0,87	10,09±1,68	27	51,52±0,73	3,77±0,51	7,32±0,99
Длина туловища, см.*	18	120,65±0,75	3,18±0,53	2,63±0,44	27	117,83±0,75	3,88±0,53	3,29±0,44
Сел. индекс J8	18	28,71±12,85	54,52±9,08	189,91±31,65	27	40,67±14,63	76,03±10,35	186,94±25,44

* - P≥0,95 (достоверность разницы генеральных средних)

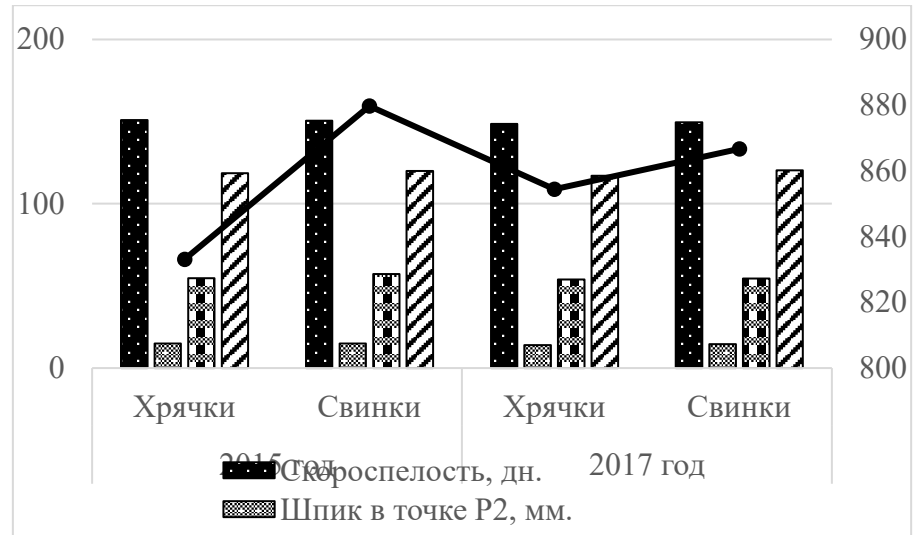


Рисунок 33 – Динамика изменения показателей собственной продуктивности ремонтного молодняка свиней группы I

Толщина шпика в точке P2 снизилась по хрячкам и свинкам группы I на 0,94 и 0,57 мм, соответственно (Рисунок 33). Увеличился уровень среднесуточных привесов (за период выращивания) хрячков группы I на 21,3 г.

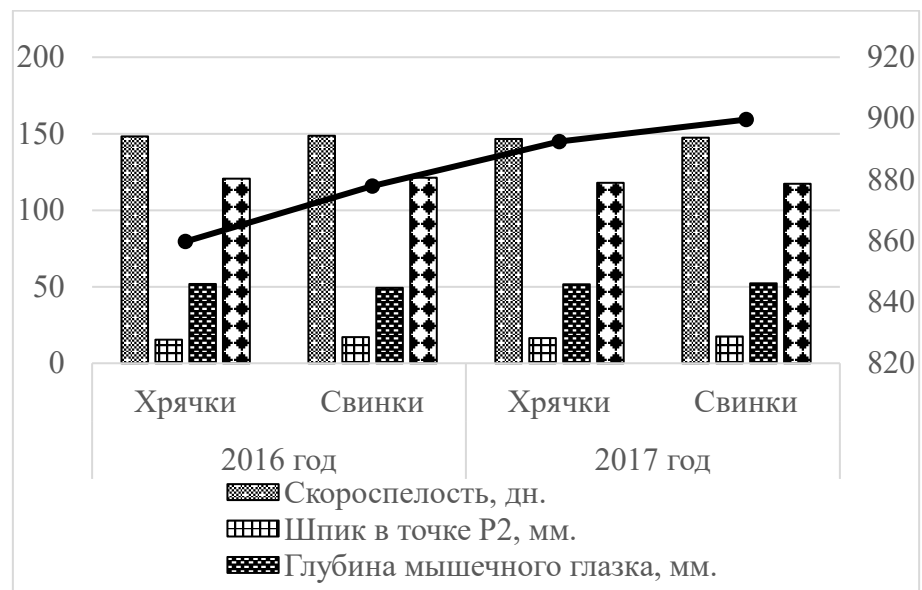


Рисунок 34 – Динамика изменения показателей собственной продуктивности ремонтного молодняка группы II

Скороспелость по хрячкам и свинкам группы I сократилась на 2,42 и 1,58 дня, по группе II на 1,69 и 1,2 дня соответственно (Рисунок 33, Рисунок 34).

Глубина мышечного глазка свинок группы II увеличилась с 49,35 до 52,18 мм (+2,83 мм). Среднесуточный привес хрячков и свинок группы II заметно вырос на 32,67 и 21,72 г.

Большой интерес представляет динамика изменчивости изученных признаков. По скороспелости хрячков группы I тоже наблюдается снижение изменчивости (-0,63%), однако по шпику увеличение составило +8,71% (Рисунок 35).

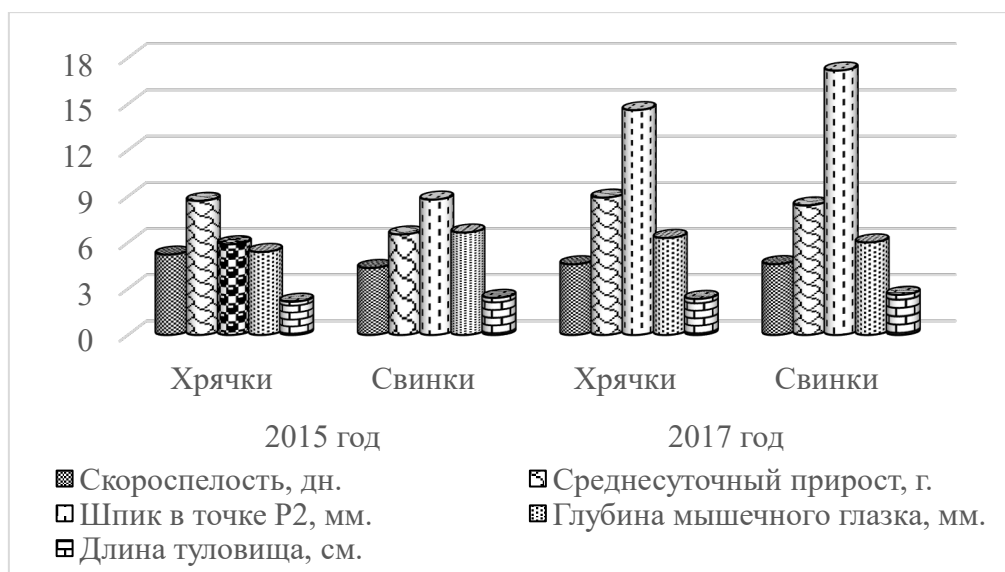


Рисунок 35 - Динамика коэффициентов вариации показателей собственной продуктивности ремонтного молодняка группы I

Коэффициенты вариации по признакам индексов J8 и J9 уменьшились по глубине мышечного глазка у хрячков и свинок группы II на 2,77 и 2,09% (Рисунок 36).

В то же время Cv индексов J8 и J9 уменьшился по хрячкам и свинкам группы I на 7879,03 и 253,1% и по группе II на 2,97 и 43,98%. Размах изменчивости по селекционным индексам значительно выше, чем по отдельным показателям, что обуславливает высокую эффективность селекции [85].

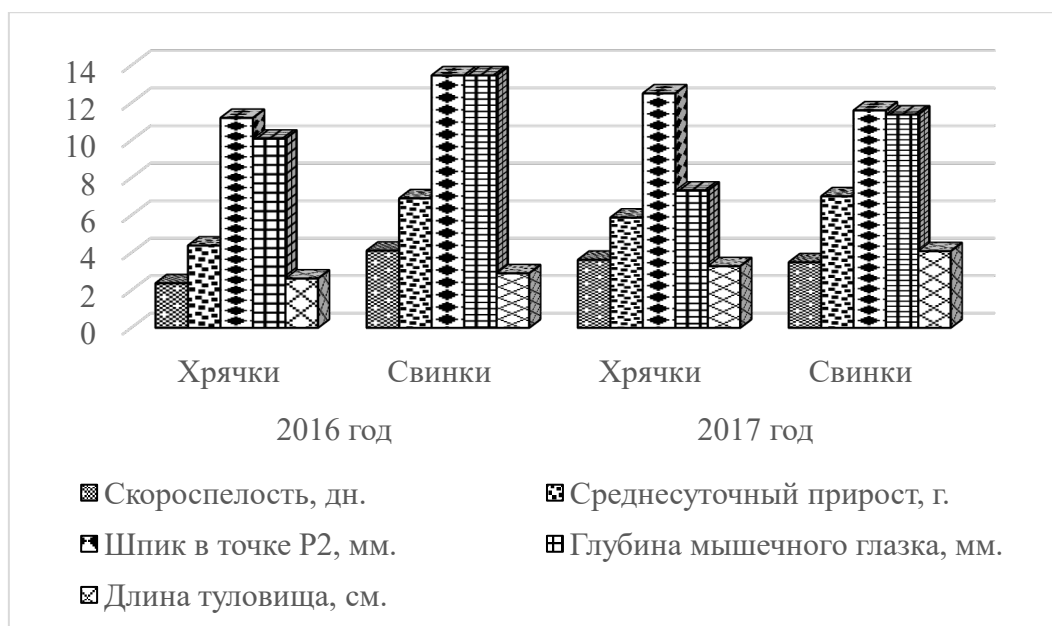


Рисунок 36 - Динамика коэффициентов вариации показателей собственной продуктивности ремонтного молодняка группы II

Проведенный анализ подтвердил практическую эффективность селекционных индексов в условиях поддерживающей интенсивности селекционного отбора ремонтного молодняка для воспроизводства материнской линии свиней породы ландрас в себе.

3.9 ЭКОНОМИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ РЕЗУЛЬТАТОВ ИССЛЕДОВАНИЙ

3.9.1 Экономическая эффективность применения селекционных индексов в оценке племенной ценности свиней

Расчет экономической эффективности использования индексной селекции выполнен по показателю многоплодия свиноматок группы II за период 2015-2023 г. (Таблица 35). В расчете приняты следующие производственные показатели: количество опоросов на свиноматку в год – 2,41, технологический отход молодняка свиней от рождения до реализации – 12%, живой вес товарного молодняка к реализации – 112 кг, цена реализации 1 кг живой массы – 103,1 руб. (без НДС) за 2015 г, 96,5 руб. (без НДС) за 2017 г и 114,3 руб. (без НДС) за 2023 г, себестоимость 1 кг. живой массы – 83,41 руб. за 2015 г, 73,26 руб. за 2017 г и 85,28 руб. за 2023 г соответственно.

Таблица 35. Расчет экономической эффективности использования индексной селекции по показателю многоплодия свиноматок

Производственный показатель	Группа свиноматок II		
	2015	2017	2023
Поголовье свиноматок, гол	63	63	63
Многоплодие, гол	12,27	12,75	13,36
Получено молодняка за год	1863	1936	2028
Реализовано молодняка, гол	1639	1704	1785
Валовый объем реализации, т	183,6	190,8	199,9
Валовая прибыль в сопоставимых ценах, тыс. руб.*	18929,2	18724,0	15866,1
Чистая прибыль в сопоставимых ценах, тыс. руб.*	3615,1	4509,3	4028,9
Рентабельность, %	19,1	24,1	25,4

*В расчете применены индексы цен производителей продукции животноводства по РФ в 2010-2023 гг по данным Федеральной службы государственной статистики.

Таким образом, увеличение уровня рентабельности от повышения многоплодия на 1,09 гол, составило 6,3%. Чистая прибыль выросла на 413,8 тыс. руб.

3.9.2 Экономическая эффективность самостоятельного производства ремонтного молодняка

Экономическая эффективность самостоятельного производства ремонтного молодняка в сравнении с покупкой в племенных организациях РФ рассчитана на примере СТФ-7 и СТФ-8 АО «Рассвет».

Плановая ежегодная браковка основного маточного стада комплексов находится на уровне 50%, что составляет 331 чистопородных свинок ландрас и 1714 свинок F1 в год с учетом прохолостов и брака (20%). При средней стоимости чистопородных свинок 69 000 руб., а F1 27 000 руб., ежегодные затраты на закупку ремонтного молодняка составили бы 60 062 000 руб. (Таблица 36).

Таблица 36. Экономическая эффективность ведения собственной программы производства ремонтного молодняка

Ферма	Порода/кросс, гол.	Стоимость 1 гол. руб.	Сумма, руб.
Ландрас			
СТФ-7	161	69000	11 109 000
СТФ-8	170	69000	11 730 000

F1			
СТФ-7	588	27000	15 876 000
СТФ-8	1126	27000	30 402 000
Итого	2045		69 117 000

Затраты АО «Рассвет» на производство этого же количества свинок весом 100 кг, с учетом себестоимости 84,81 руб./кг. (в 2022 г) составляют $2045 \text{ гол} \times 84,81 \text{ руб./кг} \times 100 \text{ кг} = 17\,344 \text{ тыс. руб.}$

Эффективность самостоятельного производства ремонтного молодняка работы выражается в отсутствии необходимости ежегодной закупки поголовья для замены маточного стада и хряков породы ландрас, и как следствие, в обеспечении высокого уровня биологической защищенности (исключен риск заноса инфекции с ремонтным поголовьем). Разница в затратах на приобретение ремонтного молодняка и собственное производство свинок и хрячков составляет 69 117 тыс. руб. – 17 344 тыс. руб. = 51 773 тыс. руб. в год.

4. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

4.1 Выводы

1. Хряки-производители группы I имеют более высокий уровень воспроизводительных качеств в сравнении с хряками группы II, за исключением показателя числа поросят при отъеме, который снизился на 0,1 гол. по отношению к 2017 г. Многоплодие хряков группы I выше на 0,06 гол, молочность на 5,44 кг, соответственно. Наибольшую изменчивость имеет многоплодие (6,88%) по группе I, наименьшую – число поросят при отъеме (3,80%) по группе II;
2. Свиноматки группы I превосходят свиноматок группы II по многоплодию – 0,74 гол, молочности – 7 кг и числу поросят при отъеме – 0,4 гол. Воспроизводительные качества свиноматок группы II характеризуются сравнительно высокой изменчивостью относительно показателей свиноматок группы I. Наибольшая изменчивость установлена по молочности (13,32%);

3. Установлена необходимость более тщательного подхода к браковке ремонтных свинок с аномалиями развития сосков. Визуальная оценка соска даже при условии его пальпации не позволяет сделать достоверный прогноз о его функциональности в будущем. Выявленная наследственная обусловленность наличия нефункционирующих сосков требует дальнейшего подтверждения в более репрезентативной выборке, но предварительные результаты свидетельствуют о значимом влиянии хряков-производителей на морфологическое строение сосков дочерей;
4. Определены индивидуальные целевые стандарты и коэффициенты веса признаков отбора. Сконструированы селекционные индексы отбора свиноматок, хряков и ремонтного молодняка;
5. Подтверждена практическая эффективность индексной селекции. Молочность свиноматок, слученных хряками группы I, существенно изменилась с уровня 77,13 кг. в 2015 году до 82,11 кг. в 2017 году (+4,98 кг.). Многоплодие, число поросят при отъеме и молочность свиноматок, осемененных хряками группы II, увеличились на 0,41 гол., 0,32 гол. и 9,5 кг соответственно;
6. Молочность свиноматок группы II повысилась на 9,99 кг. Многоплодие и число поросят при отъеме в 2017 году по отношению к 2015 году увеличились на 0,37 и 0,26 гол. соответственно. Многоплодие, число поросят при отъеме и молочность свиноматок группы II увеличились на 0,48 гол, 0,36 гол. и 11,07 кг, соответственно;
7. Установлена положительная динамика мясных качеств по ряду признаков у подсвинков французской селекции при условии их линейного разведения. Убойных выход подсвинков группы IV вырос с 76,7 до 81,3% (+4,6%), масса окорока увечилась с 11,7 до 12,2 кг (+0,5 кг);
8. Подсвинки группы IV характеризуются более высоким выходом мышечной ткани и площадью «мышечного глазка», превышая показатели подсвинков группы III по данным признакам на 3,2 и 4,5% соответственно;
9. В качестве генетических маркеров, связанных с воспроизводительной продуктивностью свиноматки группы VI, можно использовать полиморфизм

генов ESR (желательный генотип AA), PRLR (желательный генотип AA) и LIF (желательный генотип AA);

10. В качестве генетических маркеров, связанных с воспроизводительной продуктивностью свиноматки группы V, можно использовать полиморфизм генов FSHb (желательный генотип BB), LIF (желательный генотип AA) и PRLR (желательный генотип AA);

11. Увеличение уровня рентабельности от повышения многоплодия на 1,09 гол, составило 6,3%. Чистая прибыль выросла на 413,8 тыс. руб;

12. Разница в затратах на приобретение ремонтного молодняка и собственное производство свинок и хрячков составляет 69 117 тыс. руб. – 17 344 тыс. руб. = 51 773 тыс. руб. в год.

4.2 Предложения производству

1. Селекционные индексы оценки воспроизводительных качеств J1, J2 и J3 для отбора хрячков и свиноматок породы ландрас;
2. Селекционные индексы отбора ремонтного молодняка породы ландрас J8 и J9;
3. Генетические маркеры ESR (желательный генотип AA), PRLR (желательный генотип AA), LIF (желательный генотип AA), FSHb (желательный генотип BB) как часть системы отбора по селекционным индексам;
4. Методика диагностики пороков вымени ремонтных свинок при оценке экстерьера в 100 кг.

4.3 Перспективы дальнейшей разработки темы

Планируется продолжить работу по совершенствованию методики построения селекционных индексов и повышению эффективности индексной селекции.

Изучение связи между селекционными индексами и генетическими маркерами продуктивности будет направлено на оценку полиморфизма по локусам, распространенным по всему геному (методы определения SNP).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Анкер, А. Актуальные вопросы прикладной генетике в животноводстве / А. Анкер, С. Венжик, Л. Дохи. – М: Колос, 1982. – 251 с.
2. Бажов Г. М., Погодаев В. А. Свиноводство. – 2009.
3. Бажов, Г.М. Племенное свиноводство: учебное пособие / Г.М. Бажов. – СПб.: Издательство «Лань», 2006. – 384 с.
4. Бальников, А.А. Мясосальные качества и сортовая разрубка туш чистопородного и помесного молодняка свиней различных генотипов [Электронный ресурс] / А.А. Бальников // Ветеринария, зоотехния и биотехнология. – 2016. – № 3. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_25910378_82543771.htm.
5. Бальников, А.А. Использование регрессионных моделей при оценке мясности свиней различных генотипов [Электронный ресурс] / А.А. Бальников // Farm Animals. – 2014. – № 2. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_22295144_61260507.pdf.
6. Бальников, А.А. Оценка продуктивных качеств свиней с применением методов популяционной селекции и молекулярно-генетических маркеров / А. А. Бальников, Н. М. Костомахин, Е. С. Гридюшко [и др.] // Главный зоотехник. – 2020. – № 7. – С. 36-49. – DOI 10.33920/sel-03-2007-05. – EDN HQRHNS.
7. Бальников, А.А. Селекционно-генетические параметры откормочных и мясосальных признаков чистопородного и поместного молодняка свиней различных генотипов [Электронный ресурс] / А.А. Бальников // Ученые записки учреждения образования Витебская Орден Знак почета Государственная академия ветеринарной медицины. – 2013. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_21523020_46400124.pdf.
8. Баньковская, И.Б. Влияние генотипа и способа содержания свиней на убойные и мясные качества [Электронный ресурс] / И.Б. Баньковская // Научный фактор в стратегии инновационного развития свиноводства: сб. мат. XXII Междунар. науч.-практ. конф. – 2015.

9. Бараников, А. Интенсификация племенного отбора в свиноводстве / А. Бараников, Н. Михайлов // . – 2006. – № 4. – С. 2-5. – EDN HVJTP.
10. Белоногова, Н.М. «Прямая» и «обратная» генетика. Генетика количественных признаков // Вавиловский журнал генетики и селекции, 2014, Том 18, № 1, С. 147-157.
11. Бурцева, С. В. Влияние прилития крови йоркширов на мясные качества и качество мяса свиней [Электронный ресурс] / С. В. Бурцева // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2016. – № 10. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_27257745_88127572.pdf.
12. Буяров, В.С. Инновационные технологии производства свинины [Электронный ресурс] / В.С. Буяров // Орловский государственный аграрный университет. – 2009. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_21331663_30479562.pdf.
13. Быканов, А.В. Кому от свиньи больше достается? / А.В. Быканов // Промышленное и племенное свиноводство. – 2009. – IV.
14. Вовк, В.О. Вплив комбінаційної здатності на репродуктивні якості свиней при чистопородному розведенні та схрещуванні [Электронный ресурс] / В.О. Вовк // Свиноводство: Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інститут свинарства і АПВ НААН. – № 60. – 2012. – Режим доступа: http://www.irbis-nbuv.gov.ua/cgi-bin/irbis_nbuv/cgiirbis_64.exe?I21DBN=LINK&P21DBN=UJRN&Z21ID=&S21REF=10&S21CNR=20&S21STN=1&S21FMT=ASP_meta&C21COM=S&2_S21P03=FILE=&2_S21STR=svun_2012_60_12.
15. Геранина, Л. А. Эффективность применения нового метода оценки племенной ценности свиней [Электронный ресурс] / Л. А. Геранина // Науковий вісник "Асканія - Нова ". – 2015. – № 8– Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_24328635_28812386.pdf.
16. Геранина, Л.А. Эффективность применения нового метода оценки племенной ценности свиней [Электронный ресурс] / Л.А. Геранина // Науковий вісник «Асканія-Нова». – 2015. – № 8. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_24328635_10785195.pdf.

17. Гетманцева Л. В. Влияние полиморфизма генов MC4R, IGF2 и POU1F1 на продуктивные качества свиней : дис. – Донской государственный аграрный университет, 2012.
18. Гетманцева Л.В., Леонова М.А., Третьякова О.Л., Усатов А.В. Взаимосвязь полиморфизма гена LIF / DraIII с продуктивными качествами свиней // Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии. 2014. № 3. С. 36-39.
19. Гетманцева, Л.В., Взаимосвязь полиморфизма гена FSHb с продуктивными качествами свиней/ Л.В. Гетманцева, Н.В. Михайлов, Н.А. Святогоров // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. – 2013. – № 6 – С. 107-108.
20. Глазко, В.И. ISSR-PCR маркеры и мобильные генетические элементы в геномах сельскохозяйственных видов млекопитающих/ В.И. Глазко, Е.А. Гладырь, А.В. Феофилов, Н.В. Бардуков, Т.Т. Глазко // Сельскохозяйственная биология – 2013. - II. – С. 71-76.
21. Гончаров А. Ю. Оценка продуктивности чистопородного и гибридного молодняка свиней // пос. Персиановский. – 2011.
22. Гордеева Н., Мышкина М. Использование хряков породы йоркшир для улучшения откормочных и мясных качеств свиней крупной белой породы // Свиноводство. — 2008. — № 2. — С. 6-9.
23. Горлов И.Ф., Злепкин В.А. Влияние треонина и ферментных препаратов на технологические и кулинарные свойства свинины // Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование. — 2010. — № 3 (19). — С. 1-5.
24. Гришкова, А. П. Селекционно-генетические основы промышленной технологии производства свинины [Электронный ресурс] / А. П. Гришкова // Общество с ограниченной ответственностью "Авторское издательство Кузбассвуиздат». — 2015. — Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_26035194_11241128.pdf.
25. Джунельбаев, Е. Т. Мясная продуктивность и интерьерные особенности свиней разных генотипов [Электронный ресурс] / Е. Т. Джунельбаев // Сборник

научных трудов Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства. – 2015. – Режим доступа: <https://cyberleninka.ru/article/v/myasnaya-produktivnost-i-interiernye-osobennosti-sviney-razlichnyh-genotipov>.

26. Диагностика полиморфизма ДНК-маркеров селекционных признаков с.-х. животных методом ПЦР-ПДРФ: учебно – методическое пособие / Л.В. Гетманцева, М.А. Леонова, Н.В. Широкова, А.Ю. Колосов. – п. Персиановский: Донской ГАУ, 2016 – 30 с.

27. Дойлидов, В. А. Оценка влияния использования на заключительном этапе трехпородного скрещивания хряков специализированных пород разной селекции на эффективность производства свинины [Электронный ресурс] / В. А. Дойлидов // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины. – 2015. – № 2. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_25604595_61927926.pdf.

28. Дойлидов, В.А. Оценка влияния генотипа на мясные качества свиней на заключительном этапе откорма с применением метода математической статистики [Электронный ресурс] / В.А. Дойлидов // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена «Знак почета» Государственная академия ветеринарной медицины. – 2017. – № 1. – Режим доступа: <http://repo.vsavm.by/bitstream/123456789/1411/1/z-2017-53-1-200-205.pdf>.

29. Долматова, И. Ю. Полиморфизм микросателлитных локусов в оценке достоверности происхождения свиней [Электронный ресурс] / И. Ю. Долматова // Конференция «Достижение науки и инновации – аграрному производству». – 2017. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_32808197_72911507.pdf.

30. Дунина, В. А. Селекция свиней крупной белой породы на повышение откормочной и мясной продуктивности [Электронный ресурс] / В. А. Дунина // Современные тенденции развития науки и производства. – 2017. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_28946594_50805642.pdf

31. Елишко, О.А. Полиформизм маркерного гена FSHb у свиней пород белорусская мясная и дюрок / Елишко О. А., Пестис В. К., Танана Л. А. Кузьмина

- Т. И. // Научные основы повышения продуктивности сельскохозяйственных животных: сборник научных трудов СНИИЖ. – Краснодар. 2015. С. 23-28.
32. Жеребилов Н.И. и др. Влагосвязывающая способность мяса // Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. — 2011. — № 6. — С. 60-61.
33. Закопин, В. Е. Мясная продуктивность свиней, откормленных до разных весовых кондиций / В. Е. Закопин // Актуальные вопросы зоотехнической науки и практики как основа улучшения продуктивных качеств и здоровья сельскохозяйственных животных : тезисы докладов VI Международной научно-практической конференции. – 2009.
34. Зельдин, В. Ф. Использование селекционных признаков развития и продуктивности при оценке племенных качеств свиней [Электронный ресурс] / В. Ф. Зельдин // Научно-технический бюллетень института животноводства национальной академии аграрных наук Украины. – 2017. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_30454119_74879434.pdf.
35. Зиновьева, Н. А. Молекулярно-генетические методы и их использование в свиноводстве [Электронный ресурс] / Н. А. Зиновьева // Достижение науки и техники АПК. – 2008. – № 10– Режим доступа: <https://cyberleninka.ru/article/v/molekulyarno-geneticheskie-metody-i-ih-ispolzovanie-v-svinovodstve>.
36. Зиновьева, Н.А. Современные генетические методы в селекции / Зиновьева Н.А., Доцев А.В., Шахин А.В., Маурчева В.Н., Чинаров Ю.И. // Дубровицы. 2011. 71 с.
37. Иоганссон, И. Генетика и разведение домашних животных / И. Иоганссон, Я. Рендель, О. Граверт; под ред. З.С. Никоро. – М.: Колос, 1970. - 343 с.
38. Иоганссон, И. Методы разведения и селекции / И. Иоганссон, Д. Лаш. – в кн.: Руководство по разведению животных. Т.2, М, 1963.
39. Казанцева, Н.П. Характеристика товарных гибридов свиней по мясным и откормочным качествам / Н.П. Казанцева // Перспективное свиноводство: теория и практика. – 2012. – VI. – С. 8-10.

40. Колосов, А.Ю. Оценка силы статистического влияния полиморфизма гена ESR1 на воспроизводительные признаки свиней / Колосов А.Ю., Широкова Н.В., Максимов Г.В., Радюк А.В., Колосова М.А. // Аграрный вестник Урала. 2016. II. С. 17-19.
(<http://avu.usaca.ru/media/BAhbBlshOgZmSSIVMjAxNi8wMy8xMS8wNF8zOF8zM18yNDJfX19fXzIwMTYuMTdfMTkucGRmBjoGRVQ>)
41. Колосова, М. А. ДНК-маркеры продуктивности в свиноводстве / М. А. Колосова, А. Ю. Колосов, Ф. С. Бакоев // Вестник Донского государственного аграрного университета. – 2019. – № 4-1(34). – С. 16-20. – EDN QUAUCG.
42. Комлацкий В. И., Величко Л. Ф. Селекция свиней // Краснодар, КубГАУ.– 2019.–192с. – 2019.
43. Коско, И.С. Полиморфизм гена RYR1, асоциация и полиморфизм гена ESR с репродуктивными качествами гибридных свиней / И. С. Коско, И. П. Шейко, О. А. Епишко, А. С. Чернов // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2017. – № 1. – С. 70-78. – EDN XWNMVD.
44. Костылев, Э.В. Оптимизация определения племенной ценности сельскохозяйственных животных [Электронный ресурс] / Э.В. Костылев // Труды Кубанского аграрного университета. – 2008. – № 15. – Режим доступа:
45. 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.
46. Кочнева, М.Л. Селекционно-генетические параметры продуктивных качеств свиней скороспелой мясной породы новосибирской селекции [Электронный ресурс] / М.Л. Кочнева // Вестник Новосибирского аграрного университета. – 2008. – № 7. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_11908742_53291299.pdf.
47. Красавцев, Ю. Ф. Корреляционно-регрессионная модель оценки адаптационной способности свиней при промышленной технологии [Электронный

ресурс] / Ю. Ф Красавцев // Вестник нижегородской государственной сельскохозяйственной академии . – 2015. – № 3. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_24986952_93247201.pdf.

48. Красота, В.Ф. Разведение с.-х. животных / В.Ф. Красота, В.Т. Лобанов, Т.Г. Джапаридзе. -М.: Агропромиздат, 1990. - 461с.

49. Лакин, Г.Ф. Биометрия / Г.Ф. Лакин. – М.: Высшая школа, 1968. – 278 с.

50. Леонова М. А. Оценка продуктивности свиней различных генотипов по генам LIF, MC4R, PRLR //Дис... к. с.-х. н., пос. Персиановский. – 2015.

51. Леонова М.А., Гетманцева Л.В., Колосов А.Ю. Распределение частот аллелей и генотипов гена лейкемия ингибирующего фактора у свиней различных пород // Современные проблемы науки и образования. 2015. № 2. С. 155.

52. Леонова М.А., Колосов А.Ю., Святогорова А. Е., Радюк А.В., Бакоев Н.Ф. Интенсификация селекционного процесса в животноводстве с использованием метода ПЦР // Молодой учёный. 2014. № 11 (70). С. . 172-175.

53. Либизов, М.П. Разведение свиней по линиям как метод селекции на гетерозис / М.П. Либизов, Я.И. Поляничко // Труды. Куб. СХИ. - Краснодар: КСХИ, 1982. - Вып. 214 (242). - С. 3-16.

54. Лобан, Н. А. Повышение продуктивных качеств свиней Белорусской крупной белой породы с использованием маркерных генов [Электронный ресурс] / Н. А. Лобан // Весці нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2011. – № 3. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_28856668_40652902.pdf.

55. Лобан, Н.А. Система селекционно-генетических методов оценки откормочных и мясных качеств свиней белорусской белой породы [Электронный ресурс] / Н.А. Лобан // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена «Знак почета» Государственная академия ветеринарной медицины. – 2014. – № 2. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_22531428_84997842.pdf.

56. Максимов, Г.В. SNPs маркеры в селекции животных/ Г.В. Максимов, Л.В. Гетманцева // В сборнике: Проблемы и тенденции инновационного развития агропромышленного комплекса и аграрного образования России Материалы

Международной научно-практической конференции: В 4-х томах. пос. Персиановский, 2012. С. 176-178.

57. Максимов, Г.В. Биологические аспекты продуктивности свиней интенсивных пород и типов: Автор. Дисс. докт. с.-х- наук. Персиановка, 1995. 50 с.

58. Малай Д. Ремонт и откорм: в чем разница? / Д. Малай // Свиноводство. – 2013. – VI. – С. 64.

59. Мамонтов, Н.Т. О современных принципах оценки племенных качеств (генотипа) свиней / Н.Т. Мамонтов, Н.В. Михайлов, И.Ю. Свиначев // Промышленное и племенное свиноводство. – 2008 - V. – С. 4-7.

60. Мамонтов, Н.Т. Проблемы селекции и гибридизации свиней / Н.Т. Мамонтов, Н.В. Михайлов, И.Ю. Свиначев // Промышленное и племенное свиноводство. – 2008 - VI. – С. 4-6.

61. Меркурьева, Е.К. Биометрия в селекции и генетике с.-х. животных // Е.К. Меркурьева. – М.: Колос, 1970 – 423с.

62. Методика комплексной оценки мясной продуктивности и качества мяса свиней разных генотипов / Кармышова Л.Ф., Миттельштейн Т.М., Хвыля С.И. и др. – М.: Полиграфсервис, 2000. – 43 с.

63. Михайлов, Н. В. Селекция свиней на мясные качества [Электронный ресурс] / Н. В. Михайлов // Зоотехния. – 2011. – № 9. – Режим доступа: <https://cyberleninka.ru/article/v/selektsiya-sviney-na-myasnye-kachestva>.

64. Михайлов, Н.В. Организация комплектования свиноводческих комплексов ремонтным молодняком / Н.В. Михайлов, И.Ю. Свиначев // Свиноводство. – 2012 - № 2. - С. 17 – 20.

65. Михайлов, Н.В. Оценка эффектов общей и специфической комбинационной способности линий / Н.В. Михайлов, А.И. Рудь, И.Ю. Свиначев и др. // в сборнике материалов девятого заседания межвузовского координационного совета по свиноводству и республиканской научно-производственной конференции”. Персиановский 2000 г. (1 стр.) стр. 70.

66. Михайлов, Н.В. Свиноводство. Технология производства свинины: учебник / Н.В. Михайлов, А.И. Бараников, И.Ю. Свиначев. – Ростов-на-Дону: ООО «Издательство «Юг», 2009. – 420 с.
67. Михайлов, Н.В. СИФ. Селекционно-информационный фильтр. Автоматизированная информационная система управления селекционным процессом в племенном животноводстве. Часть 1 / Н.В. Михайлов, О.Л. Третьякова, А.И. Рудь. – Новочеркасск. – 2004. – 112с.
68. Небылица, Н. С. Система отбора и подбора свиней материнской формы с использованием оценки по методу BLUP [Электронный ресурс] / Н. С. Небылица // Научно-технический бюллетень института животноводства национальной академии аграрных наук Украины. – 2016. – № 115. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_26528875_61671121.pdf
69. Овчинников А.В., Зацаринин А.А. Совершенствование свиней крупной белой породы путем вводного скрещивания маток с хряками породы йоркшир // Зоотехния. — 2013. — № 12. — С. 11-12.
70. Остапчук П.С. Комбінаційна здатність відтворних якостей свиноматок за умами міжпородного поєднання [Электронный ресурс] / П.С. Остапчук // Свиначество: Міжвідомчий тематичний науковий збірник Інституту свиначества і АПВ НААН. – № 60. – 2012. – Режим доступа:
71. Остапчук, П. С. Современные селекционные методы в свиноводстве [Электронный ресурс] / П. С. 71 // Таврический вестник аграрной науки. – 2015. – № 3. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_25659496_27377297.pdf.
72. Остапчук, П.С. Комбінаційна здатність м'ясних порід та типів свиней [Электронный ресурс] / П.С. Остапчук // Тваринництво України. – 2008. – № 5. – Режим доступа:
73. Пахомов, И.Я. Основы научных исследований в животноводстве и патентоведения / И.Я. Пахомов, Н.П. - Учебно-методическое пособие для студентов высших учебных заведений по специальности 1-74 03 01 «Зоотехния» / И.Я. Пахомов, Н.П. Разумовский. – Витебск: УО ВГАВМ, 2007. - 116с.

74. Перевойко, Ж.А. Селекционно-генетические параметры продуктивности свиней при использовании линейно-группового подбора [Электронный ресурс] / Ж.А. Перевойко // Свиноводство. – 2016. – № 6. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_17929647_92027718.pdf.
75. Передовые практики в отечественном племенном животноводстве: науч. аналит. обзор/ В.Ф. Федоренко, Н.П. Мишуков, Т.Н. Кузьмина, А.И. Тихомиров, С.В. Гуськова, И.Ю. Свиначев, В.А. Бекенёв, Ю.А. Колосов, В.И. Фролова, И.В. Большакова – М.: ФГБНУ «Росинформагротех», 2018. – 72 с.
76. Плохинский, Н.А. Руководство по биометрии для зоотехников // М.: Колос, 1969, 225 с.
77. Полковникова, В. И. Откормочные качества и мясная продуктивность свиней разных генотипов [Электронный ресурс] / В. И. Полковникова // Известие оренбургского государственного аграрного университета. – 2015. – № 6. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_25113571_99771706.pdf.
78. Радюк А. В. ВЗАИМОСВЯЗЬ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ С ПРОДУКТИВНОСТЬЮ СВИНЕЙ.
79. Рачков, И. Г. Использование ДНК-маркеров для эффективности селекции свиней [Электронный ресурс] / И. Г. Рачков // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – 2016. – № 9.
80. Рудь А. И. Селекционные и технологические методы интенсификации животноводства: дис. – Донской государственный аграрный университет, 2006.
81. Рясков, В. И. Продуктивность и мясные качества свиней крупной белой породы с использованием животных породы дюрок: дис. ...канд. с.-х. наук: 06.02.04 / Рясков Виктор Иванович. С. 2006.– 126 с.
82. Самойлов, В.С. Интенсификация племенного отбора свиней по неппродуктивным, откормочным и мясным качествам: дис. ... кандидата сельскохозяйственных наук: 06.02.01 / Самойлов Виктор Сергеевич. – п. Персиановский, 2002. – 172 с.

83. Самсонов, Д. В. Селекционно-генетические показатели репродуктивной ценности свиней и их использование в системе племенного отбора: дис. ... канд. с.-х. наук: 06.02.01 / Самсонов Дмитрий Владимирович. – 2008. – 166 с. – Режим доступа: <http://earthpapers.net/preview/259014/d?#?page=1>.
84. Свиначев И. Ю. Селекционные и технологические аспекты интенсификации свиноводства // Автореферат дис.... доктора с.-х. наук.-п. Персиановский. – 2014.
85. Свиначев, И. Ю. Анализ эффективности применения селекционных индексов отбора / И. Ю. Свиначев, О. Л. Третьякова, А. В. Шевченко // Животноводство Юга России. – 2015. – № 6(8). – С. 28-33. – EDN UZFАНН.
86. Свиначев, И.Ю. Разработка поправочных коэффициентов для технологического выравнивания гнезда при опоросе свиноматок / И.Ю. Свиначев, А.Ю. Гончаров // Зоотехния. – 2011. - №7. – с. 19-20.
87. Свиначев, И.Ю. Селекционно – генетические параметры популяций свиней Северного Кавказа и их использование в практике племенного отбора: диссертация... кандидата сельскохозяйственных наук: 06.02.01 / Свиначев Иван Юрьевич. – п. Персиановский, 2005. – 247 с.
88. Свиначев, И.Ю. Селекционно-генетические характеристики популяций свиней. – LAP LAMBERT Academic Publishing GmbH, 2011. – 200 с.
89. Святогорова, А.Е. Использование современных селекционных методов для повышения продуктивных качеств свиней: автореферат дис. ... кандидата сельскохозяйственных наук: 4.2.5 / Святогорова Александра Николаевна. - п. Персиановский, 2022.
90. Святогоров, Н. А. Оптимизация племенного отбора по репродуктивным, откормочным и мясным качествам свиней: автореферат дис. ... кандидата сельскохозяйственных наук: 06.02.07 / Святогоров Николай Алексеевич. - п. Персиановский, 2011. - 24 с.
91. Соколов, Н. В. Влияние на репродуктивные качества свиноматок линии крупной белой породы вводного скрещивания с производителями Йоркшира [Электронный ресурс] / Н. В. Соколов // Сборник научных трудов Северо-

Кавказского научно-исследовательского института животноводства. – 2017. – № 6.
– Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_29883257_46946694.pdf.

92. Соколов, Н. В. Наследуемость и корреляция признаков продуктивности ремонтных свинок крупной белой породы мясного типа [Электронный ресурс] / Н. В. Соколов // Сборник научных трудов Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства. – 2015. – № 4. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_24384961_73191659.pdf.

93. Соколов, Н. В. Селекция свиней крупной белой породы [Электронный ресурс] / Н. В. Соколов // Свиноводство. – 2015. – № 2. – Режим доступа:

94. Соколов, Н. В. Сравнительная продуктивность свиней пород крупная белая и ландрас при линейном разведении и скрещивании [Электронный ресурс] / И. Г. Рачков // Достижение науки и техники АПК. – 2018. – № 4. – Режим доступа: <https://cyberleninka.ru/article/v/sravnitelnaya-produktivnost-sviney-porod-kрупnaya-belaya-i-landras-pri-lineynom-razvedenii-i-skreschivanii>.

95. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства / ФАО, 2010. Москва / Перевод с англ. ФАО. 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture? Edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Rome.

96. Стрельцов, В.А. Откормочная и мясная продуктивность молодняка свиней, полученного от скрещивания поместных свиноматок с хряками породы дюрок и топигс [Электронный ресурс] / В.А. Стрельцов // Вестник брянской сельскохозяйственной академии. – 2017. – № 1. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_28305720_82098824.pdf.

97. Сулимова, Г. Анализ полиморфизма ДНК с использованием метода полимеразной цепной реакции/ Г.Е. Сулимова, И. Удина, В. Зинченко — Макс-Пресс Москва, 2006. —78 с.

98. Суслина Е.Н., Новиков А.А., Бельтюкова А.Ю. Селекционные методы улучшения качественных показателей мяса свиней // Свиноводство. — 2013. — № 4. — С. 7-9.

99. Суслина, Е. Н. Повышение эффективности производства свинины на основе метода гибридизации: автореф. дис. ...д-ра с.- х. наук: 06.02.07/ Елена Никоглаевна Суслина. – 2011. – Режим доступа: <https://dlib.rsl.ru/viewer/01005020405#?page=1>.
100. Ткач, И. катастрофы не будет. селекционно-генетическая работа в свиноводстве в новых условиях //эффективное животноводство Учредители: Общество с ограниченной ответственностью" Институт развития сельского хозяйства". – №. 6. – С. 12-15.
101. Третьякова, О.Л. Оценка сочетаемости линий свиней / О.Л. Третьякова, Н.В. Михайлов, Л.И. Сидоренко, Г.А. Толпенко. – Персиановский, 2001. – 89 с.
102. Файзуллин, Р.А. Индексная оценка свиней крупной белой породы по продуктивным качествам / Файзуллин, Р.А., Сайфутдинов М.Р. // Ветеринария, зоотехния и биотехнология. – 2017. – N1. – С.71-74.
103. Федоренко, В.Ф., Передовые практики в отечественном племенном животноводстве // Федоренко В.Ф., Мишуров Н.П., Кузьмина Т.Н., Тихомиров А.И., Гуськова С.В., Свиначев И.Ю., Бекенев В.А., Колосов Ю.А., Фролова В.И., Большакова И.В. // Научный аналитический обзор / Москва, 2018.
104. Федоренкова, Л. А. Современные подходы в определении продуктивности и племенной ценности свиней [Электронный ресурс] / Л. А. Федоренкова // Зоотехническая наука Беларуси. – 2014. – № 1. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_25051064_46700875.pdf
105. Хватова, М. А. Уточнение оценки продуктивных качеств хряков за счет привлечения информации прямых и боковых родственников [Электронный ресурс] / М. А. Хватова // Научно-технический бюллетень института животноводства академии аграрных наук Украины. – 2017. – № 117. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_30454141_26532723.pdf.
106. Храменко, Н. М. Использование современных методов определения весовых коэффициентов при конструировании комплексных индексов оценки племенной ценности свиней животных [Электронный ресурс] / Н. М. Храменко //

Животноводство и ветеринарная медицина. – 2016. – № 21. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_32398295_93616616.pdf

107. Черкасов, Ф. Ю. Индексы телосложения при внутрилинейной селекции и кроссировании [Электронный ресурс] / Ф. Ю. Черкасов // Вестник Бурятской сельскохозяйственной академии имени В. Р. Филиппова. – 2009. – № 4 – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_13054254_37135903.pdf.

108. Черубанова, Е.С. Методические аспекты определения полиморфизма гена эстрогенового рецептора у овец местных пород / Е. С. Чебуранова, О. А. Епишко, А. В. Малец [и др.] // Сельское хозяйство - проблемы и перспективы: Сборник научных трудов / Под редакцией В. К. Пестиса. – Гродно: Гродненский государственный аграрный университет, 2017. – С. 298-303. – EDN YOZVJP.

109. Чинаров, Ю. И. ЗИНОВЬЕВА Н.А., ЭРНСТ Л.К. Метод племенной оценки свиней на основе BLUP [Электронный ресурс] / Ю. И. Чинаров // Животноводство России II. – 2007. – с.45-46 Режим доступа: Журнал "Животноводство России" - содержание выпуска № 2 за 2007 год (elibrary.ru)

110. Шарнин, В.Н. Интенсификация племенного отбора в свиноводстве / В.Н. Шарнин, Н.В. Михайлов, И.Ю. Свиначев, А.А. Ковалев // Свиноводство. – 2011. - № 2. - С. 8 – 10.

111. Шейко, И.П. Свиноводство / И.П. Шейко, В.С. Смирнов. – Мн.: Новое знание, 2005. – 384 с.

112. Шейко, Р. И. Откормочно-мясные признаки молодняка разводимых в Беларуси пород свиней, их изменчивость и корреляция [Электронный ресурс] / Р. И. Шейко // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. – 2017. – № 20. – Режим доступа: https://elibrary.ru/download/elibrary_32351344_57810799.pdf.

113. Широкова Н.В. Генетическое детерминирование плодовитости овец // Молодой ученый, 2013. VI. - С. 785-787.

114. Юдина, Н.П. Прогнозирование эффективности различных вариантов отбора племенных свиней [Электронный ресурс] / Н.П. Юдина // Свиноводство. – 2014. – № 4. – Режим доступа: http://www.svinoprom.ru/pdf/2014-04_04-07.pdf.

115. Apostolov, A. Breeding value estimation on some selection traits of performance productivity of small pig populations from the danube white breeds [Электронный ресурс] / A. Apostolov // Bulgarian Journal of Agricultural Science. – 2009. – № 15. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/d2f0/16911b5f4c79ce8dc9b9a3f8fb7c1011762a.pdf>.
116. Backus, G.B.C. Evaluation of producing and marketing entire male pigs [Электронный ресурс] / G.B.C. Backus // NJAS - Wageningen Journal of Life Sciences. – 2016. – № 76. – Режим доступа: https://ac.els-cdn.com/S157352141530004X/1-s2.0-S157352141530004X-main.pdf?_tid=b88805f0-69fd-4a04-8344-f25c8819c9be&acdnat=1529916093_f529380a516d5c24e27a22320471d725.
117. Badke, Y. M. Accuracy of Estimation of Genomic Breeding Values in Pigs Using Low-Density Genotypes and Imputation [Электронный ресурс] / Y. M. Badke // G3: Genes, Genomes, Genetics. – 2014. – Режим доступа: <http://www.g3journal.org/content/ggg/4/4/623.full.pdf>.
118. Badke, Y. M. Accuracy of Estimation of Genomic Breeding Values in Pigs Using Low-Density Genotypes and Imputation [Электронный ресурс] / Y. M. Badke // G3: Genes, Genomes, Genetics. – 2014. – 2014. – № 4. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4059235/>.
119. Badke, Y. M. Accuracy of Estimation of Genomic Breeding Values in Pigs Using Low-Density Genotypes and Imputation [Электронный ресурс] / Y. M. Badke // G3: Genes | Genomes | Genetics. – 2014. – № 4. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4059235/>
120. Badke, Y. M. Methods of tag SNP selection and other variables affecting imputation accuracy in swine [Электронный ресурс] / Y. M. Badke // BMC Genetics. – 2013. – Режим доступа: <https://bmcgenet.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/1471-2156-14-8>.
121. Bekenev, V.A. Accelerated Improvement of Carcass Characteristics in Pigs [Электронный ресурс] / V.A. Bekenev // International Journal of Veterinary Science & Technology. - 2018. - Режим доступа: <http://scireslit.com/Veterinary/IJVST-ID18.pdf>.

122. Bendixen, E. Advances in porcine genomics and proteomics – a toolbox for developing the pig as a model organism for molecular biomedical research [Электронный ресурс] / E. Bendixen // Briefings in Functional Genomics. – 2010. – №9. – Режим доступа: <https://academic.oup.com/bfg/article/9/3/208/206941>.
123. Bernal Rubio, Y. L. Implementing meta-analysis from genome-wide association studies for pork quality traits [Электронный ресурс] / Bernal Y. L. Rubio // Journal of Animal Science. – 2015. - № 93. – Режим доступа: <https://academic.oup.com/jas/article/93/12/5607/4717808?searchresult=1#supplementary-data>
124. Biermann, A. D. M. From phenotyping towards breeding strategies: using in vivo indicator traits and genetic markers to improve meat quality in an endangered pig breed [Электронный ресурс] / A. D. M. Biermann // The Animal Consortium. – 2015. - № 9. – Режим доступа: https://www.cambridge.org/core/services/aop-cambridge-core/content/view/AD3794A98233F48BACF02F532C762956/S1751731115000166a.pdf/from_phenotyping_towards_breeding_strategies_using_in_vivo_indicator_traits_and_genetic_markers_to_improve_meat_quality_in_an_endangered_pig_breed.pdf.
125. Blicharski, T. Methods of Improvement of Quantitative Traits in Pig Breeding and Their Efficacy in Polish Conditions [Электронный ресурс] / T. Blicharski // Journal of Central European Agriculture. – 2008. – № 9. – Режим доступа: https://pdfs.semanticscholar.org/62e6/1040f8763f866ee50cec8e63dbaf9f1570cd.pdf?_ga=2.163727999.1107042617.1529918491-1897374703.1529564386.
126. Blicharski, T. Methods of improvement of quantitative traits in pig breeding and their efficacy in polish conditions [Электронный ресурс] / T. Blicharski // Central European Agriculture. – 2008. – № 4. – Режим доступа:
127. Bloemhof, S. Genetic aspects of heat stress in pigs expressed in fertility traits [Электронный ресурс] / S. Bloemhof // Options méditerranéennes en ligne. – 2013. – Режим доступа: <http://om.ciheam.org/om/pdf/a107/00007046.pdf>.
128. Bosse, M. Artificial selection on introduced Asian haplotypes shaped the genetic architecture in European commercial pigs [Электронный ресурс] / M. Bosse //

- Proceedings. Biological science. – 2015. - № 282. – Режим доступа: <http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/royprsb/282/1821/20152019.full.pdf>.
129. Cai, W. Selection response and genetic parameters for residual feed intake in Yorkshire swine [Электронный ресурс] / W. Cai // Journal of Animal Science. – 2008. - № 86. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/a2a6/ee847812e059abd60860d36d5a44e8995247.pdf>.
130. Cassady, J. P. Heterosis and recombination effects on pig growth and carcass traits [Электронный ресурс] / J. P. Cassady // Journal of Animal Science. – 2002. - № 80. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/c3e9/85027a7ac6180d50b898b9091e6c597a1e57.pdf>.
131. Chen, K., Baxter T, Muir W, Groenen M, Schook L. Genetic resources, genome mapping and evolutionary genomics of the pig (*Sus scrofa*) // Int J. Biol Sci.- 2007.- N.3.- P.153-165.
132. Chimonyo, M. Estimation of genetic parameters for growth performance and carcass traits in Mukota pigs [Электронный ресурс] / M. Chimonyo // Animal. – 2007. - № 1. – Режим доступа: https://www.cambridge.org/core/services/aop-cambridge-core/content/view/C8E3C7CCCEC47F8FCFF127D88FB0194F/S1751731107661849a.pdf/estimation_of_genetic_parameters_for_growth_performance_and_carcass_traits_in_mukota_pigs.pdf.
133. Choi, J. G. Genetic Parameter Estimation in Seedstock Swine Population for Growth Performances [Электронный ресурс] / J. G. Choi // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2013. - № 26. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4093385/>.
134. Chu, Q. Behavioural genetic differences between Chinese and European pigs [Электронный ресурс] / Q. Chu // Journal of Genetics. – 2017. - № 96. – Режим доступа: <https://www.ias.ac.in/article/fulltext/jgen/096/04/0707-0715>.
135. Cleveland M.A., Forni S., Garrick D.J., Deeb N. Prediction of Genomic Breeding Values in a Commercial Pig Population. , 2010, pp. 0266 in 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 1-6, 2010, Leipzig, Germany.

136. Clop, A. Identification of genetic variation in the swine toll-like receptors and development of a porcine TLR genotyping array [Электронный ресурс] / A.Clop // *Genetics Selection Evolution*. – 2016. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4818456/>.
137. Cortés, O. Conservation priorities of Iberoamerican pig breeds and their ancestors based on microsatellite information [Электронный ресурс] / O. Cortés // *Heredity*. – 2016. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4901353/>.
138. Cross, A. J. Genome-wide association of changes in swine feeding behaviour due to heat stress [Электронный ресурс] / A. J. Cross // *Genetics Selection Evolution*. – 2018. – Режим доступа: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-018-0382-1>.
139. Dekkers J.C.M., Hospital F. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations // *Nat.Rev.Genet*. -2002. - III. - P. 22-32.
140. Doo, J. H. Effects of Curing Methods on the Quality Characteristics of Pork Jerky [Электронный ресурс] / J. H. Doo // *Food Sci. Technol. Res*. – 2011. - № 11. – Режим доступа: https://www.jstage.jst.go.jp/article/fstr/17/3/17_3_179/_pdf.
141. Drüing, S.B. A Genome-Wide Association Study in Large White and Landrace Pig Populations for Number Piglets Born Alive [Электронный ресурс] / S.B.Drüing // *Plos*. – 2015. – Режим доступа: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0117468>.
142. Duarte, J. L. G. Genotype imputation accuracy in a F2 pig population using high density and low density SNP panels [Электронный ресурс] / J. L. G.Duarte // *BMC Genetics*. – 2013. – Режим доступа: <https://bmccgenet.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/1471-2156-14-38>.
143. Edwards, D.B. Evaluation of Duroc- vs. Pietrain-sired pigs for growth and composition [Электронный ресурс] / D.B. Edwards // *Journal of Animal Science*. – 2006. - № 84. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16424252>.
144. Filho, R. D. A. T. Genetic trends in the performance and reproductive traits of pigs [Электронный ресурс] / R. D. A. T. Filho // *Genetics and Molecular Biology*. – 2005. –

Режим доступа: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-47572005000100017.

145. Fontanes, L. Molecular Genetics of Coat Colour in Pigs [Электронный ресурс] / L.Fontanes // 8 th International Symposium on the Mediterranean Pig. – 2013. – Режим доступа: <http://aas.bf.uni-lj.si/zootehnika/supl/4-2013/PDF/4-2013-15-20.pdf>.

146. Foxcroft, G.R. Prenatal programming of postnatal development in the pig [Электронный ресурс] / G.R.Foxcroft // Society for Reproduction and Fertility. – 2009.

– Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/7cfa/9c409172b53734dfb50a202ffc9b00ce4362.pdf>.

147. Gjurgji, F. Genetic Variation Degree for Meat Production Traits in Pure-Bred Pigs [Электронный ресурс] / F. Gjurgji // Biotechnology & Biotechnological Equipment. – 2010.

– Режим доступа: <https://www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1080/13102818.2010.10817865>.

148. Goldstein, D. B. Microsatellites: Evolution and Applications / Goldstein D. B., Schlötterer C. // Genetics Research, Volume 75, Issue 1, February 2000, 123 – 125.

149. Griffing B. // Heredity, 1956. Vol. 10. P. 31-50.

150. Guy, S. Z. Y. Selection of pigs for improved coping with health and environmental challenges: breeding for resistance or tolerance? [Электронный ресурс] / S. Z. Y. Guy // Frontiers in Genetics. – 2012. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3522143/>.

151. Guy, S. Z. Y. Selection of pigs for improved coping with health and environmental challenges: breeding for resistance or tolerance? [Электронный ресурс] / S. Z. Y. Guy // Frontiers in Genetics. – 2012. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3522143/>.

152. Hermes, S. Adoption of further traits to increase genetic gain in the \$Index [Электронный ресурс] / S.Hermesch // AGBU Pig Genetics Workshop. – 2008. – Режим

доступа: https://pdfs.semanticscholar.org/b74d/1334497c47f30951ad4dbca2b39e40fd67c6.pdf?_ga=2.60895276.1011288185.1529564386-1897374703.1529564386.

153. Hlengiwe, W.K. Body Weight and Morphological Traits of Large White and Kolbroek Pig Breeds [Электронный ресурс] / W.K. Hlengiwe // International Journal of Advanced Research. – 2015. – Режим доступа: http://www.journalijar.com/uploads/50_IJAR-6862.pdf.
154. Holl, J. W. A genome scan for quantitative trait loci and imprinted regions affecting reproduction in pigs [Электронный ресурс] / J.W.Holl // Journal of Animal Science. – 2004. - № 82. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/a510/bf2770ccc1f1b22d8d9606843bf3970b12c7.pdf>.
155. Huang, Y. Estimation of U.S. Yorkshire breed composition using genomic data [Электронный ресурс] / Y. Huang // Journal of Animal Science. – 2014. - № 94. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/64b5/f7c7659249c186224290e30093a4f68d9168.pdf>.
156. Huisman, A. E. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs [Электронный ресурс] / A. E. Huisman // Journal of Animal Science. – 2002. - № 80. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/fda9/5200e0f316757653dcbdaef8b203bdc78a56.pdf>.
157. Ilatsia, E.D. Genetic parameter estimates for growth traits of Large white pigs in Kenya [Электронный ресурс] / E.D. Ilatsia // South African Journal of Animal Science. – 2008. – Режим доступа: http://www.scielo.org.za/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-15892008000300002.
158. Jafarikia, M. Genomics Tools for Improving Health and Production Performance of Canadian Pigs [Электронный ресурс] / M. Jafarikia // 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. – 2014. – Режим доступа: https://www.ccsi.ca/Abstracts/WCGALP_GEBV_MNS_11APR14.pdf.
159. Jarne, P. Microsatellites, from molecules to populations and back / Jarne, P., Lagoda, P.J.L. // Trends Ecol Evol. 1996. Tree, 11: 424–429.
160. Jian, Y. Genetic parameters for reproductive traits at different parities in Large White pigs Pigs [Электронный ресурс] / Y. Jian // Asian-Australasian Journal of Animal

Sciences. – 2015. - № 28. – Режим доступа: <https://academic.oup.com/jas/article/96/4/1215/4970694>.

161. Jiang, Y.Z. Carcass and meat quality traits of four commercial pig crossbreeds in China [Электронный ресурс] / Y.Z.Jiang // Genetics and Molecular Research. – 2012. - № 11. – Режим доступа: <http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2012/vol11-4/pdf/gmr2050.pdf>.

162. Jung-Taek Kang. Production of 1,3-galactosyltransferase targeted pigs using transcription activator-like effector nuclease-mediated genome editing technology [Электронный ресурс] / Jung-Taek Kang // Journal of Veterinary Science. – 2016. – 17. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4808648/>.

163. Kai Wang. Detection of Selection Signatures in Chinese Landrace and Yorkshire Pigs Based on Genotyping-by-Sequencing Data [Электронный ресурс] / Kai Wang // Frontiers. – 2018. – Режим доступа: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2018.00119/full>.

164. Kapell, D. N. R. G. Integration of quantitative and molecular genetic approaches to improve characteristics associated with pig welfare: thesis. ... the doctors Philosophical Sciences: 06.02.10 / Kapell, Dagmar Nicoline Reinhildis Gertrud. – 2011. – 172 с. – Режим доступа: <https://www.era.lib.ed.ac.uk/bitstream/handle/1842/5028/Kapell2011.pdf?sequence=4&isAllowed=y>.

165. Knott, S. A. Approaches to interval mapping of QTL in a multigeneration pedigree: e example of porcine chromosome 4 [Электронный ресурс] / S.A. Knott // International Society for Animal Genetics, Animal Genetics. – 2002. - Режим доступа: <https://www.animalgenome.org/QTLdb/references/11849134.pdf>.

166. Koćwin-Podsiadła, M. Pork quality and methods of its evaluation [Электронный ресурс] / M. Koćwin-Podsiadła // Polish Journal Of Food And Nutrition Sciences. – 2006. – Режим доступа: http://journal.pan.olsztyn.pl/pdfy/2006/3/01_rozdzial.pdf.

167. Kolosov Yu., Getmantseva L., Shirockova N. Sheep breeding resources in Rostov region Russia. World Applied Sciences Journal, 2013, 23 (10): 1322-1324.

168. Lankin, V. S. Genotypic and modification variability of passive-defensive behavior toward humans in domestic pigs [Электронный ресурс] / V.S.Lankin // Russian Journal of Genetics: Applied Research. – 2014. - № 1. – Режим доступа: <https://link.springer.com/article/10.1134/S2079059714010055>.
169. Le, T. H. Genome-wide association study for conformation traits in three Danish pig breeds [Электронный ресурс] / Т. Н. Le // Genetics Selection Evolution. – 2017. – Режим доступа: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-017-0289-2>.
170. Lee, J.H. Genetic Parameters of Reproductive and Meat Quality Traits in Korean Berkshire Pigs [Электронный ресурс] / J.H Lee // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2015. - № 28. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4554845/>.
171. Lipiński, K. Effects of magnesium on pork quality [Электронный ресурс] / K.Lipiński // Journal of Elementology. – 2011. – Режим доступа: <http://www.uwm.edu.pl/jold/poj1622011/DOI-10.5601.jelem.2011.16.2.14.pdf>.
172. Long, T. E. Estimating Genetic Merit [Электронный ресурс] / Т. Е. Long // Pork Information Gateway. – 2006. – Режим доступа: <http://porkgateway.org/wp-content/uploads/2015/07/estimating-genetic-merit1.pdf>.
173. Lukač, D. Estimation of genetic parameters and Breeding values for litter size in the first three parity of landrace sows [Электронный ресурс] / D. Lukač // Biotechnology in Animal Husbandry. – 2016. – № 32. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/d674/08364fb1f2ea34ac0a3a8543a5e9edf6789e.pdf>.
174. Lukač, D. Quantitative – genetic analysis of intensity growth of gilts fertile breed and their hybrids in the nucleus farm [Электронный ресурс] / D. Lukač // Biotechnology in Animal Husbandry. – 2015. – № 31. – Режим доступа: <https://scindeks-clanci.ceon.rs/data/pdf/1450-9156/2015/1450-91561502193L.pdf>.
175. Ma, Y. A. Genome Scan for Selection Signatures in Pigs [Электронный ресурс] / Y. A. Ma // Plos. – 2015. – Режим доступа: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0116850>.

176. MacNeil, M. D. Genetic parameter estimation and evaluation of Duroc boars for feed efficiency and component traits [Электронный ресурс] / M. D. MacNeil // Canadian Science Publishing. – 2014. – Режим доступа: <http://www.nrcresearchpress.com/doi/pdf/10.4141/cjas-2014-089>.
177. Madzimure, J. Breeding Practices Of Indigenous Pig Genetic Resources In Communal Production Systems Of South Africa [Электронный ресурс] / J. Madzimure // World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. – 2010. – Режим доступа: <http://www.wcgalp.org/system/files/proceedings/2010/breeding-practices-indigenous-pig-genetic-resources-communal-production-systems-south-africa.pdf>.
178. Marinus, F.W. te Pas. Invited review: Measurable biomarkers linked to meat quality from different pig production systems [Электронный ресурс] / Marinus F.W. te Pas // Archives Animal Breeding. – 2017. - № 60. – Режим доступа: <https://www.arch-anim-breed.net/60/271/2017/aab-60-271-2017.pdf>.
179. Merks, J.W.M. New phenotypes for new breeding goals in pigs [Электронный ресурс] / J.W.M. Merks // Animal. – 2012. – Режим доступа: https://www.cambridge.org/core/services/aop-cambridge-core/content/view/215ACC69D4623805C9A7C9F55DF541BB/S1751731111002266a.pdf/new_phenotypes_for_new_breeding_goals_in_pigs.pdf.
180. Meuwissen T.H.E. Genomic selection: The future of animal breeding // Norwegian University of Life Sciences. - 2007.- Vol. 5003.- P. 88-91.
181. Michalska, G. Analysis of the performance test results of young pure breed boars from the Bydgoszcz breeding region in Poland [Электронный ресурс] / G. Michalska // Journal of Central European Agriculture – 2016. – № 17. – Режим доступа: <https://pdfs.semanticscholar.org/1f07/3c760f05ca11c7f4af28a9928ed6a060f82e.pdf>.
182. Mihailov N.V., Getmantseva L.V. Association polymorphism in the POU1F1/MspI, PRLR/AluI и ESR1/PvuII gene with reproductive traits in Pigs // European Applied Sciences, 2013. - № 2. – P.7-10.
183. Miller, Phillip S. Effects of Nutrition During Gilt Development on Lifetime Productivity of Sows of Two Profile Maternal Lines: Summary of Growth Characteristics and Sow Productivity [Электронный ресурс] / Phillip S. Miller // University of Nebraska

- Lincoln. – 2008. – Режим доступа: https://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?referer=https://www.google.ru/&httpsredir=1&article=1039&context=coopext_swine.
184. Mingzhou Li. Comprehensive variation discovery and recovery of missing sequence in the pig genome using multiple de novo assemblies [Электронный ресурс] / Mingzhou Li // *Genome Res.* – 2017. – Режим доступа: <https://genome.cshlp.org/content/27/5/865.full?rss=1>.
185. Mostyn, A. Influence of genotype on the differential ontogeny of uncoupling protein 2 and 3 in subcutaneous adipose tissue and muscle in neonatal pigs [Электронный ресурс] / A. Mostyn // *Journal of Endocrinology.* – 2004. – Режим доступа: <http://joe.endocrinology-journals.org/content/183/1/121.full>.
186. Mutua, F.K. Prediction of live body weight using length and girth measurements for pigs in rural Western Kenya [Электронный ресурс] / F.K. Mutua // *Journal of Swine Health and Production.* – 2011. – Режим доступа: <https://www.aasv.org/shap/issues/v19n1/v19n1p26.pdf>.
187. Nevrkla, P. Effect of Genotype and Sex of Piglets on Their Losses Before Weaning [Электронный ресурс] / P. Nevrkla // *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis.* – 2017. - № 65. – Режим доступа: https://acta.mendelu.cz/media/pdf/actaun_2017065030893.pdf.
188. Newman, S. Utilizing Crossbred Records To Increase Accuracy Of Breeding Values In Pigs [Электронный ресурс] / S. Newman // *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.* – 2010. – Режим доступа: <http://www.wcgalp.org/system/files/proceedings/2010/utilizing-crossbred-records-increase-accuracy-breeding-values-pigs.pdf>.
189. Ni, G., Kipp, S., Simianer, H., Erbe, M., 2017. Accuracy of genomic breeding values revisited: Assessment of two established approaches and a novel one to determine the accuracy in two-step genomic prediction. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 134, 242–255.. doi:10.1111/jbg.12273
190. Nonneman, D. J. Genome-wide association and identification of candidate genes for age at puberty in swine [Электронный ресурс] / D. J. Nonneman // *BMC Genetics.*

- 2016. – Режим доступа: <https://bmcgenet.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12863-016-0352-y>.
191. Ogah, D. M. PATH COEFFICIENT MODEL FOR ASSESSMENT OF WEIGHT USING LINEAR TRAITS AT BIRTH AND AT WEANING IN NIGERIAN INDIGENOUS PIG [Электронный ресурс] / D. M. Ogah // *Biotechnology in Animal Husbandry*. – 2014. – № 30. Режим доступа: <http://istocar.bg.ac.rs/wp-content/uploads/2017/05/11.-BAH-14-2-45-22.4.2014.-Ogah-et-al..pdf>.
192. Ogah, D.M. Path coefficient model for assessment of weight using linear traits at birth and at weaning in Nigerian indigenous pig [Электронный ресурс] / D.M Ogah // *Biotechnology in Animal Husbandry*. – 2014. – Режим доступа: <http://istocar.bg.ac.rs/wp-content/uploads/2017/05/11.-BAH-14-2-45-22.4.2014.-Ogah-et-al..pdf>.
193. Ostersen, T. Sparse single-step method for genomic evaluation in pigs [Электронный ресурс] / T. Ostersen // *Genetics Selection Evolution*. – 2016. – Режим доступа: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12711-016-0227-8>.
194. Perevoyko, Z.A. Comparative Evaluation of Fattening, Slaughter and Meat Qualities of Purebred and Hybrid Swine [Электронный ресурс] / Z.A. Perevoyko // *Published by Canadian Center of Science and Education*. – 2015. - № 9. – Режим доступа: <http://ccsenet.org/journal/index.php/mas/article/viewFile/51825/27820>.
195. Pirchner, P. *Populationsgenetik in der Tierzucht* / Paul Parey, Hamburg und Berlin, 1979, 72.
196. Pisula, A. Critical points in the development of pork quality – a review [Электронный ресурс] / A.Pisula // *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences*. – 2006. – № 15. – Режим доступа: http://journal.pan.olsztyn.pl/pdfy/2006/3/02_rozdzial.pdf.
197. Pogodaev, V.A. Reproductive and fattening quality of pigs various genotypes [Электронный ресурс] / V.A.Pogodaev // *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. – 2017. – Режим доступа: [https://www.rjpbcs.com/pdf/2017_8\(1\)/\[136\].pdf](https://www.rjpbcs.com/pdf/2017_8(1)/[136].pdf).

198. Põldvere, A. Effect of imported Duroc boars on meat quality of finishing pigs in Estonia [Электронный ресурс] / A.Põldvere // *Agronomy Research*. – 2015. - № 15. – Режим доступа: http://www.eau.ee/~alo/artiklid/2015_agr_res_pig.pdf.
199. Pramod, K. Genetic Selection to Enhance Animal Welfare Using Meat Inspection Data from Slaughter Plants [Электронный ресурс] / K. Pramod // *Animals (Basel)*. – 2018. - № 8. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5836024/>.
200. Quinton, V.M. Economic weights for sow productivity traits in nucleus pig populations [Электронный ресурс] / V.M.Quinton // *Livestock Science*. – 2006. – № 99. – Режим доступа: <http://www.prairieswine.com/pdf/34609.pdf>.
201. Ramírez, O. Genome data from a sixteenth century pig illuminate modern breed relationships [Электронный ресурс] / O. Ramírez // *Heredity*. – 2015. – № 114. – Режим доступа: <https://www.nature.com/articles/hdy201481>.
202. Rempel L. A., Nonneman D. J., Wise T. H., Erkens T., Peelman L. J., Rohrer G.A. Association analyses of candidate single nucleotide polymorphisms on reproductive traits in swine: *Journal of Animal Science*. – 2010. – 88. – 1: 1-15.doi:10.2527/jas.2009-1985.
203. Rempel, L. A. Association analyses of candidate single nucleotide polymorphisms on reproductive traits in swine [Электронный ресурс] / L. A. Rempel // *Journal of Animal Science*. – 2010. - № 88. – Режим доступа: http://prairieswine.com/wp-content/uploads/2011/08/1.full_.pdf.
204. Reye, H. Genetics of body fat mass and related traits in a pig population selected for leanness [Электронный ресурс] / H.Reye // *Scientific Reports*. – 2017. – Режим доступа: <https://www.nature.com/articles/s41598-017-08961-4.pdf>.
205. Rothschild, M. F. Advances in pig molecular genetics, gene mapping and genomics [Электронный ресурс] / M. F. Rothschild // *Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario*. – 2000. – Режим доступа: http://www.aida-itea.org/aida-itea/files/itea/revistas/2000/96A-3/96A-3_21.pdf.
206. Rubin, C. J. Strong signatures of selection in the domestic pig genome [Электронный ресурс] / C. J. Rubin // *Proceedings of the National Academy of Sciences*.

- 2012. – № 109. – Режим доступа: <http://www.pnas.org/content/pnas/109/48/19529.full.pdf>.
207. Sachidanandam, R. International SNP Map Working Group. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms // Sachidanandam R, Weissman D, Schmidt SC, Kakol JM, Stein LD, Marth G, Sherry S, Mullikin JC, Mortimore BJ, Willey DL, Hunt SE, Cole CG, Coggill PC, Rice CM, Ning Z, Rogers J, Bentley DR, Kwok PY, Mardis ER, Yeh RT, Schultz B, Cook L, Davenport R, Dante M, Fulton L, Hillier L, Waterston RH, McPherson JD, Gilman B, Schaffner S, Van Etten WJ, Reich D, Higgins J, Daly MJ, Blumenstiel B, Baldwin J, Stange-Thomann N, Zody MC, Linton L, Lander ES, Altshuler D. *Nature*. 2001. Feb 15. 409: 928-933.
208. Samorè, A. B. Genomic selection in pigs: state of the art and perspectives [Электронный ресурс] / A. B. Samorè // *Journal Italian Journal of Animal Science*. – 2016. – Режим доступа: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/1828051X.2016.1172034>.
209. Sarita, Z. Y. Guy, Selection of pigs for improved coping with health and environmental challenges: breeding for resistance or tolerance? [Электронный ресурс] / Z.Y.Guy Sarita // *Frontiersin*. – 2012. – Режим доступа: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2012.00281/full>.
210. Satake, N. Sperm selection and competition in pigs may be mediated by the differential motility activation and suppression of sperm subpopulations within the oviduct [Электронный ресурс] / N. Satake // *Journal of Experimental Biology*. – 2009. – Режим доступа: <http://jeb.biologists.org/content/jexbio/209/8/1560.full.pdf>.
211. Silva, F. F. Genomic growth curves of an outbred pig population [Электронный ресурс] / F. F. e Silva // *Genetics and Molecular Biology*. – 2013. – Режим доступа: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-47572013000400010/
212. Silva, F. F. Genomic growth curves of an outbred pig population [Электронный ресурс] / F. F. Silva // *Genetics and Molecular Biology*. – 2013. – № 36. – Режим доступа: <http://www.scielo.br/pdf/gmb/v36n4/2012-378.pdf>.

213. Sironen A. I., Uimari P., Serenius T., Mote B., Rothschild M., Vilkki J. Effect of polymorphisms in candidate genes on reproduction traits in Finnish pig populations: *Journal of Animal Science*. – 2010, 88, 3: Pp. 821-827.
214. Skorput D. Reliability of genetic evaluation using purebred and crossbred data from different pig farms [Электронный ресурс] / D. Skorput // *Animal Science Papers and Reports*. – 2017. – № 1. – Режим доступа: http://archiwum.ighz.edu.pl/files/objects/7619/66/str_47-56.pdf.
215. Skorput, D. Reliability of genetic evaluation using purebred and crossbred data from different pig farms [Электронный ресурс] / D. Skorput // *Animal Science Papers and Reports*. – 2017. – № 35. – Режим доступа: http://archiwum.ighz.edu.pl/files/objects/7619/66/str_47-56.pdf.
216. Spötter, A., C. Drögemüller, H. Hamann and O. Distl, 2005. Evidence of a new leukemia inhibitory factor-associated genetic marker for litter size in a synthetic pig line. *J.Anim. Sci.* 83, 2264-2270.
217. Stachowiak, M., Szydlowski M., Flisikowski K., Flisikowska T., Bartz M., Schnieke A., and Switonski M. Polymorphism in 3'UTR of the pig PPARA gene influences on its transcript level and is associated with adipose tissue accumulation. *Journal of Animal Science* (accepted), 2014.
218. Stalder, K. Porcine Stress Syndrome and Its Effects on Maternal, Feedlot and Carcass Quantitative and Qualitative Traits [Электронный ресурс] / K. Stalder // *Agricultural Extension Service the University of Tennessee*. – 2015. – Режим доступа: <https://extension.tennessee.edu/publications/Documents/PB1606.pdf>.
219. Stas, N. M. Effect of sire line and selection index category on pig growth performance from weaning to harvest and carcass characteristics
220. Stewart, C.L., P. Kaspar, L. Brunet, 1992. Blastocyst implantation depends on maternal expression of leukaemia inhibitory factor. *J.Nature* 359, 76-79.
221. Sundruma, A. Effects of feeding strategies, genotypes, sex, and birth weight on carcass and meat quality traits under organic pig production conditions [Электронный ресурс] / A. Sundruma // *NJAS - Wageningen Journal of Life Sciences*. – 2011. - № 58. – Режим доступа:

S1573521411000455-main.pdf?_tid=349b8c20-35b3-4f4b-a375-

67d37e15dc66&acdnat=1529569426_e2234fb710ff15f3ad46af069539dda9.

222. Sungirai, M. Validity of Weight Estimation Models in Pigs Reared under Different Management Conditions [Электронный ресурс] / M. Sungirai // *Veterinary Medicine International*. – 2014. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4058125/>.

223. Thekkoot D.M., Young J.M., Rothschild M.F., Dekkers J.C.M. Genomewide association analysis of sow lactation performance traits in lines of Yorkshire pigs divergently selected for residual feed intake during grow–finish phase. *Journal of Animal Science*. – 2016, 94, 6: 2317-2331. Doi: 10.2527/jas.2015-0258.

224. Toghiani, S. Quantitative Genetic Application in the Selection Process for Livestock Production [Электронный ресурс] / S. Toghiani // *livestock Production*. – 2012. – Режим доступа: <https://www.intechopen.com/books/livestock-production/quantitative-genetic-application-in-the-selection-process-for-livestock-production>.

225. Tribout, T. Economic aspects of implementing genomic evaluations in a pig sire line breeding scheme [Электронный ресурс] / T. Tribout // *Genetics Selection Evolution*. – 2013. – Режим доступа: <https://gsejournal.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/1297-9686-45-40>.

226. Veroneze, R. Linkage disequilibrium patterns and persistence of phase in purebred and crossbred pig (*Sus scrofa*) populations [Электронный ресурс] / R. Veroneze // *BMC Genetics*. – 2014. – Режим доступа: <https://bmcgenet.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/s12863-014-0126-3>.

227. Vidović, V. Growth intensity of the fertile breed gilts in the nucleus pig farm [Электронный ресурс] / V. Vidović // *Biotechnology in Animal Husbandry*. – 2012. - № 4. – Режим доступа: <http://www.doiserbia.nb.rs/img/doi/1450-9156/2012/1450-91561204787V.pdf>.

228. Vos, P. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting / P. Vos, [et al.] // *Nucleic Acids Res*. – 1995. – Vol. 23. – № 21. – P. 4407–4414.

229. Vrtková, I. Genetic admixture analysis in Prestice Black-Pied pigs [Электронный ресурс] / I. Vrtková // Archives Animal Breeding. – 2015. – № 58. – Режим доступа: <https://www.arch-anim-breed.net/58/115/2015/aab-58-115-2015.pdf>.
230. Wallenbeck, A. GxE interactions for growth and carcass leanness: Re-ranking of boars in organic and conventional pig production [Электронный ресурс] / A. Wallenbeck // Livestock Science. – 2009. - № 123. – Режим доступа: <http://www.prairieswine.com/pdf/39024.pdf>.
231. Wallenbeck, A. Preferences for pig breeding goals among organic and conventional farmers in Sweden [Электронный ресурс] / A. Wallenbeck // Organic Agriculture. – 2016. – № 6. – Режим доступа: <https://link.springer.com/content/pdf/10.1007%2Fs13165-015-0125-3.pdf>.
232. Wang, C. Bayesian methods for jointly estimating genomic breeding values of one continuous and one threshold trait [Электронный ресурс] / C. Wang // Plos. – 2017. – № 4. – Режим доступа: <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0175448/>
233. White, J. J Genetic Modifications of Pigs for Medicine and Agriculture Traits [Электронный ресурс] / J. J White // Molecular Reproduction and Development. – 2011. – Режим доступа: https://pdfs.semanticscholar.org/a97f/7885d371f5f8059fe3a2f0e0184976cd13b4.pdf?_ga=2.94919324.1011288185.1529564386-1897374703.1529564386.
234. Williams, J. L. Genetic Control of Meat Quality Traits [Электронный ресурс] / J.L.Williams // Meat Biotechnology. – 2008. – Режим доступа: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-0-387-79382-5_2.
235. Wolf, J. Genetic parameters for a joint genetic evaluation of production and reproduction traits in pigs [Электронный ресурс] / J. Wolf // Czech Journal of Animal Science. – 2005. - № 50. – Режим доступа: <https://www.agriculturejournals.cz/publicFiles/52522.pdf>.
236. Wrigt S. Evaluation in Mendelian populations. – Genetics 1931. V. 16, p. 97-159.

237. Zhang, L. Genome Wide Screening of Candidate Genes for Improving Piglet Birth Weight Using High and Low Estimated Breeding Value Populations [Электронный ресурс] / L. Zhang // International Journal of Biological Sciences. – 2014. – № 10. – Режим доступа: <http://www.ijbs.com/v10p0236.pdf>.
238. Zotti, E. Impact of piglet birthweight and sow parity on mortality rates, growth performance, and carcass traits in pigs [Электронный ресурс] / E. Zotti // Revista Brasileira de Zootecnia. – 2017. – Режим доступа: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982017001100856.

ПРИЛОЖЕНИЯ

Приложение А. Протокол молекулярно – генетического исследования
свиней группы V за 2017 г.

Протокол №2 от 25.11.2017
молекулярно-генетического исследования свиней породы ландрас
ОАО «Агрообъединения Кубань», СТФ-8

№п/п	Инд№	LIF	MC4R	PRLR	ESR	LEP
58	1480	AA	AG	AB		TT
59	52700	AA	GG	AA	AA	TT
60	52760	AA	AA	AB	AA	TT
61	53874	AB	AG	AB	BB	TT
62	53940	AB	AA	AA	AA	TC
63	O3741	AB	AA	AA	AA	TT
64	O3873	AB	AG	AB	AB	TT
65	O4053	AA	AA	AB	AB	TT
66	O4258	BB	AG	AA	AA	TT
67	O4317	AB	GG	AA	AA	TT
68	O4319	AB	GG	AB	AA	TT
69	O4352	BB	AG	AA	AA	TT
70	O4679	BB	AG	AB	AB	TT
71	O4871	BB	AG	AB	AA	TT
72	O5032	AB	AG	AA	AA	TT
73	O5206	AB	AG	AB	AB	TT
74	O5207	AB	AA	AB	AB	TT
75	O5290	AB	AG	AB	BB	TT
76	O5485	AB	AG	AB	BB	TT
77	O5487	AA	GG	AB	AA	TT
78	O5663	AA	AG	AB	AA	TT
79	O5666	AB	AG	AB	AB	TT
80	O5667	BB	AG	AA	AA	TT
81	O5681	AA	AG	AB	AB	TT
82	O5700	AB	AG	AB	AB	TT
83	O5724	AB	AG	AB	AB	TT
84	O5793	AA	AG	AB	AB	TT
85	O5796	AA	AG	AB	AA	TT
86	O5831	AA	AG	BB	AB	TT
87	O5856	AB	AG	AB	AB	TT
88	O5925	AA	AG	AB	AA	TT
89	O5943	AB	AA	AB	AB	TT
90	O5946	AB	AA	AB	AB	TT

№п/п	Инд№	LIF	MC4R	PRLR	ESR	LEP
91	O5950	AB	AG	AA	AA	TT
92	O5953	AB	AG	AA	AB	TT
93	O5961	BB	AG	AB	AA	
94	O5964	AB	AG	AB	AA	TT
95	O6004	AA	AA	AB	AA	TT
96	O6005	AB	AA	AB	AA	TT
97	P6497	AB	GG	AA	BB	TT
98	O6072	AB	AG	BB	AA	TT
99	P6139	AB ¹ -	AA	AB	BB	TT
100	P6162	AA	AA	AB	AB	TT
101	P6222	AA	AG	AB	AA	TT
102	P6258	AB	AA	AB	AA	TT
103	P6259	AB	AA	AA	AA	TT
104	P6265	AB	AA	AB	AA	TT
105	P6303	AB	AG	AA	BB	TT
106	P6412	AB	GG	AA	BB	TT
107	L7294	BB	GG	AB	AA	TT
108	L7305	AB	GG	AA	AA	TT
109	L7306	AA	AG	AB	AA	TT
110	L7356	AB	GG	AB	AA	TT
111	O3699	AA	AG	AA	AB	TT
112	O4043	AB	AG	AB	AB	TT
113	O4126	AB	AG	BB	AB	TT
114	O4440	AB	AA	AB	AB	TT
115	O4492	AB	AG	AA	AB	TT
116	O4509	AA	AG	AB	AB	TC
117	O4696	AB	AG	AA	AB	TT
118	O5013	AB	AG	AB	AA	TT
119	O5043	AA	AG	AB	AA	TT
120	O5212	AB	AA	AB	AB	TT
121	P6478	BB	AG	AB	AB	TT
122	P6696	AA	AG	AA	AB	TT

Зав. лаборатории
молекулярной диагностики и биотехнологии
сельскохозяйственных животных
ФГБОУ ВО Донской ГАУ, к с.-х. н.



Гетманцева Л.В.

Приложение Б. Протокол молекулярно – генетического исследования
свиней группы V за 2017 г.

Протокол №1 от 25.11.2017
молекулярно-генетического исследования свиней породы ландрас
ОАО «Агрообъединения Кубань», СТФ-7

№п/п	Инд.№	Пол	LIF	MC4R	PRLR	FSHb
1	F371	П хряк	AB	GG	AA	AA
2	F1063	П хряк	AB	AG	BB	AB
3	F269	О хряк	BB	AG	AB	AA
4	F1043	О хряк	AB	GG	AB	BB
5	J1926	Р хряк	AB	AA	AA	BB
6	F791	П хряк	AB	AA	AB	BB
7	F1010	О св	AB	GG	BB	BB
8	F76	О хряк	AA	AA	AA	AA
9	F1042	П хряк	AA	AG	AB	BB
10	F790	О хряк	AB	AG	AB	BB
11	C8571	О св	BB	AG	BB	AB
12	F457	О св	AB	AA	AA	AB
13	E9606	О св	AB	AG	AA	AB
14	F1564	П св	BB	AG	AB	BB
15	F199	О св	AB	AA	AB	AB
16	E9300	О св	AB	AG	AB	BB
17	F24	О св	AB	AG	BB	AB
18	E8959	О св	BB	AA	AB	AB
19	F1476	П св	AB	AG	AB	AB
20	F1606	П св	BB	GG	AB	AB
21	F1614	П св	AB	AG	AB	BB
22	F1011	О св	AB	AG	AA	BB
23	E9316	О св	AB	AG	BB	BB
24	F1533	П св	AA	AA	AA	AB
25	F1619	П св	AB	AA	AA	AB
26	F116	О св	AB	AG	AB	BB
27	F1539	П св	AA	AG	AB	AB
28	F872	О св	AB	AA	AA	AB
29	E8988	О св	AA	AA	AA	AB
30	C8736	О св	AB	AG	BB	BB
31	C8468	О св	AB	GG	AB	AB
32	F23	О св	AB	AG	AB	AA
33	F1230	О св	AB	GG	BB	BB
34	F786	О св	AB	AG	AB	BB
35	F1469	П св	AB	AG	AA	AB
36	F140	О св	AB	AA	AA	AB
37	F1006	О св	AB	AG	AB	BB
38	F9	О св	AB	AG	AB	AA
39	E9838	О св	AA	AG	AB	BB
40	F1008	О св	AB	GG	AA	BB
41	F463	О св	AB	AG	BB	BB

№п/п	Инд.№	Пол	LIF	MC4R	PRLR	FSHb
42	E8960	О св	AA	AA	BB	BB
45	F1276	П св	AB	AA	AB	BB
46	F64	О св	AA	GG	AB	AB
47	F1576	П св	AB	AG	BB	BB
48	F1275	О св	AB	AG	AA	BB
49	F1543	П св	AB	AG	AB	BB
50	E9819	О св	AB	AG	AA	AA
51	F441	О св	AB	AA	AB	BB
52	F1346	О св	AB	AA	AB	BB
54	F1581	П св	AB	GG	AA	BB
55	F1444	П св	AB	AG	AA	BB
56	F83	О св	BB	GG	AA	AA
57	E9817	О св	AB	AG	AA	AB

Зав. лаборатории
молекулярной диагностики и биотехнологии
сельскохозяйственных животных
ФГБОУ ВО Донской ГАУ, к с.-х. н.



Гетманцева Л.В.

Приложение В. Протокол оценки сосков свиноматок породы ландрас и
кросса Ландрас × Йоркшир

Номер бирки	Порода / кросс	Кол. сосков	Количество аномальных сосков	Осмотр сосков на 3 день лактации
X1597	ЛхЛ	14	3	функциональные
X1960	ЛхЛ	12	2	нефункциональные
X2045	ЛхЛ	14	2	функциональные
X2082	ЛхЛ	12	1	функциональные
X2128	ЛхЛ	12	3	функциональные
X2127	ЛхЛ	12	2	функциональные
X2096	ЛхЛ	14	2	функциональные
X2115	ЛхЛ	12	1	функциональные
X2129	ЛхЛ	13	1	функциональные
X2102	ЛхЛ	12	2	функциональные
X2119	ЛхЛ	14	1	функциональные
X2145	ЛхЛ	12	3	функциональные
X1999	ЛхЛ	14	2	функциональные
X2118	ЛхЛ	14	4	функциональные
X2264	ЛхЛ	14	2	функциональные
X2267	ЛхЛ	14	2	функциональные
X1625	ЛхЙ	14	2	функциональные
X1816	ЛхЙ	14	2	функциональные
X1798	ЛхЙ	14	2	функциональные
X1808	ЛхЙ	14	1	функциональные
X1838	ЛхЙ	14	3	функциональные
X1837	ЛхЙ	14	2	функциональные
X1992	ЛхЙ	14	1	функциональные
X2001	ЛхЙ	14	4	функциональные
X1993	ЛхЙ	14	3	функциональные
X2199	ЛхЙ	14	4	функциональные
X2152	ЛхЙ	14	2	нефункциональные
X2208	ЛхЙ	14	4	функциональные
X2200	ЛхЙ	14	1	нефункциональные
X2229	ЛхЙ	10	2	функциональные
X2220	ЛхЙ	14	4	функциональные
X2243	ЛхЙ	12	3	функциональные
X2255	ЛхЙ	16	3	функциональные
X2256	ЛхЙ	16	4	нефункциональные
X2275	ЛхЙ	14	2	нефункциональные

X2276	ЛхЙ	12	2	функциональные
X2283	ЛхЙ	14	2	функциональные
X2293	ЛхЙ	14	1	функциональные
X2295	ЛхЙ	14	3	функциональные
X2296	ЛхЙ	14	2	функциональные