

A., Vasilyuk O. Ya. [i dr.] ; zayavitel Respublikanskoe unitarnoe predpriyatie "Nauchno-prakticheskij centr Nacionalnoj akademii nauk Belarusi po zhivotnovodstvu".

11. Yatusevich, V. P. Svinovodstvo : rabochaya tetrad' dlya studentov po spetsial'nosti «Zootekhnika» – 6-ye izd., pererab / V. P. Yatusevich, V. A. Doylidov. – Vitebsk : VGAVM, 2024. – 44 p.

Поступила в редакцию 11.08.2025.

DOI 10.52368/2078-0109-2025-61-4-31-36

УДК 636.4.082

## ПОЛИМОРФИЗМ КОМПЛЕКСОВ ДНК-МАРКЕРОВ И ПРОДУКТИВНОСТЬ СВИНЕЙ

Дойлидов В.А. ORCID ID 0000-0002-3922-6993

УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины»,  
г. Витебск, Республика Беларусь

Оценка влияния различных полиморфных сочетаний аллелей в комплексных генотипах хряков-производителей и свиноматок по ряду ДНК-маркеров на последующее проявление у животных и их потомков детерминируемых этими аллелями продуктивных признаков позволила установить тенденцию к повышению сохранности поросят от хряков с минимальным наличием в комплексном генотипе *ECR F18/FUT1 MUC4 (in 17)* аллелей A и G в сравнении с полным их отсутствием. Установлено достоверное снижение многоплодия свиноматок на 8,1% и сохранности поросят на 10,3 п.п. у животных-носителей в комплексном генотипе 25% аллелей генов *EPORT* и *MUC4 (in 7)C* при сравнении с полным их наличием. Установлено достоверное снижение среднесуточного прироста на 41-90 г убойного выхода – на 1,0-1,6 п.п. и площади «мышечного глазка» – на 1,7 см<sup>2</sup>, при повышении возраста достижения массы 100 кг на 5-12 дн. у потомков хряков-носителей 66,6% и менее аллелей N, C и Q в комплексном генотипе *RYR1 MUC4 (in 7) IGF-2* в сравнении со 100% их наличием. **Ключевые слова:** комплексный генотип, хряки, свиноматки, откормочные и мясные качества, многоплодие, сохранность поросят.

## POLYMORPHISM OF DNA MARKER COMPLEXES AND SWINE PERFORMANCE

Doylidov V.A.

Vitebsk State Academy of Veterinary Medicine, Vitebsk, Republic of Belarus

*Evaluation of the influence of the presence of various polymorphic combinations of alleles in complex genotypes of boars and sows for a number of DNA markers on the subsequent manifestation in animals and their offspring of productive traits determined by these alleles, allowed us to establish a tendency towards an increase in the safety rate of piglets from boars with a minimal presence of the desired alleles A and G in the complex genotype *ECR F18/FUT1 MUC4 (in 17)* in comparison with their complete absence. A reliable decrease in the prolificacy of sows by 8.1% and the survival rate of piglets by 10.3 percentage points was established in animals carrying a complex genotype of 25% of alleles of the *EPORT* and *MUC4 (in 7) C* genes when compared with their full presence. A reliable decrease in average daily gain by 41-90 g, slaughter yield by 1.0-1.6 percentage points, and the area of the "muscle eye" by 1.7 cm<sup>2</sup> was established, with an increase in the age of reaching a weight of 100 kg by 5-12 days in the offspring of boars carrying 66.6% or less of the N, C and Q alleles in the complex genotype *RYR1 MUC4 (in 7) IGF-2* in comparison with 100% of their presence. **Keywords:** complex genotype, boars, sows, fattening and meat quality, prolificacy, piglets' safety rate.*

**Введение.** Вследствие того, что реальный, фактически достижимый уровень продуктивности свиней определяется генетическими и паратипическими факторами, успех проводимой с ними селекционной работы базируется на оценке их продуктивности как фенотипическими, так и генетическими методами. И, к сожалению, в ряде случаев при использовании традиционных методик оценки животных по фенотипу их истинный генетический потенциал бывает занижен. Именно поэтому разработка методов для объективной оценки свиней по генотипу и прогнозирования таким образом выраженности их продуктивных качеств еще на ранней стадии развития является одной из ключевых задач генетики, применительно к свиноводству [4, 10].

С современным развитием молекулярной генетики возможна четкая идентификация генотипов по целому ряду прямо либо косвенно связанных с хозяйственными полезными признаками свиней ДНК-маркеров, что позволяет оценивать и отбирать особей с желательным потенциалом развития признаков [3].

В то же время в большинстве своем проводившиеся ранее исследования сводились к изучению влияния на продуктивность животных полиморфизма каждого из ДНК-маркеров в отдельности даже при изучении сразу нескольких. В то же время, исходя из того, что влияние любого из изучаемых ДНК-маркеров не способно распространяться на широкий спектр полезных признаков, вытекает необходимость проведения оценки особей по комплексам таких маркеров с установлением желательных из возможных комбинаций аллелей для последующего использования при отборе [9].

Интересные исследования в данном направлении провела Епишко О. А. Ею были исследованы в различных комплексных генотипах ДНК-маркеры ESR, PRLR, FSH $\beta$  и RYR1. Было предложено отбирать для воспроизводства свиноматок с комплексным генотипом ESR<sup>BB</sup>PRLR<sup>AA</sup>FSH $\beta$ <sup>BB</sup>RYR1<sup>NN</sup> [2].

Подобное усовершенствование в направлении ведения маркерзависимой селекции позволит, при его дальнейшем развитии, проводить отбор хряков и свиноматок по полиморфизму комплексных генотипов, представленных сразу несколькими ДНК-маркерами, детерминирующими разные продуктивные признаки, с учетом наличия в этих генотипах желательной концентрации позитивных аллелей в общем возможном их количестве.

Государственной программой «Аграрный бизнес» в Подпрограмме 4 «Развитие племенного дела в животноводстве» предусмотрена организация селекционно-племенной работы по совершенствованию племенных и продуктивных качеств разводимых животных, включая разработку системы оценки поголовья с применением геномного анализа на детерминированные заболевания. Поэтому в число исследуемых были включены ДНК-маркеры, определяющие устойчивость поросят к заболеванию колибактериозом, тесно связанную с их сохранностью.

Исходя из вышесказанного, **цель работы** заключалась в оценке влияния наличия различных полиморфных сочетаний аллелей в комплексных генотипах хряков-производителей и свиноматок по ряду ДНК-маркеров на последующее проявление у животных и их потомков детерминируемых этими аллелями продуктивных признаков.

**Материалы и методы исследований.** Исследования проводились на поголовье популяции белорусской крупной белой породы, разводившейся в селекционно-гибридном центре «Западный» Брестского района, а также популяции белорусской мясной породы из селекционно-гибридного центра «Заднепровский» Оршанского района.

Объектом исследований были хряки-производители, свиноматки, поросята и молодняк на откорме. Генотипы исследовались у случайно выбранных животных из каждой популяции с последующим выявлением полиморфных вариантов изучаемых ДНК-маркеров в научно-исследовательской лаборатории ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларусь» и в лаборатории молекулярной генетики ГНУ «ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста» (Российская Федерация). Был определен полиморфизм следующих ДНК-маркеров: ECR F18/FUT1, MUC4 (in 17), MUC4 (in 7), EPOR, IGF-2 (in 3) и RYR1.

Исследовалось влияние на воспроизводительные качества свиноматок различных полиморфных проявлений комплекса ДНК-маркеров EPOR и MUC4 (in 7), влияние полиморфизма в комплексном генотипе MUC4 (in 17) ECR F18/FUT1 у хряков-производителей на сохранность их потомков за подсосный период, а также для изучения был выбран комплексный генотип хряков-производителей IGF-2 (in 3), MUC4 (in 7), RYR1, способный оказать влияние на проявление у потомков откормочных и мясных качеств при одновременной устойчивости к синдрому PSS-MHS.

Затем по результатам тестирования и результатам изучения продуктивности животных была проанализирована детерминация показателей их продуктивных признаков комплексными генотипами с разными аллеломорфами генов. Были изучены следующие показатели: многоплодие (гол.), количество поросят при отъеме (гол.), масса гнезда при отъеме (кг), среднесуточный прирост поросят за подсосный период (г), сохранность поросят к отъему (%), среднесуточный прирост на откорме (г), возраст достижения живой массы 100 кг (дн.) и затраты комбикорма на 1 кг прироста (кг). После убоя у потомков были определены: убойный выход (%), масса задней трети полутуши, кг и площадь «мышечного глазка» (см<sup>2</sup>).

Расчеты выполнялись на ПЭВМ с помощью программы «Microsoft Office Excel».

**Результаты исследований.** Для изучения влияния на продуктивность свиней было подобрано несколько комплексов ДНК-маркеров. При этом в предварительных исследованиях было установлено влияние полиморфизма каждого из генов на повышение либо воспроизводительных, либо откормочных и мясных качеств животных.

Так, вместимость матки у свиноматок, а, следовательно, и размер гнезда поросят при рождении – многоплодие – детерминируется полиморфизмом гена эритропоэтинового рецептора (EPOR). Поэтому этот маркер предпочтительно использовать в комплексном генотипе для оценки свиноматок [1].

Поскольку на повышение сохранности поросят и поддержание высокой скорости роста у молодняка влияет заболеваемость животных в раннем возрасте колибактериозом, необходимо в комплексных генотипах учитывать влияние полиморфизма таких ДНК-маркеров, как ECRF18/FUT, MUC4 (in 7) и MUC4 (in 17) [2, 5, 6, 7, 11].

На уровень откормочных качеств и мясной продуктивности получаемого молодняка свиней оказывает влияние полиморфизм гена IGF-2 (in 3) в генотипах хряков-производителей, поскольку данный ген наследуется патернально [2, 8].

Учитывая, что селекционную работу на повышение откормочной и мясной продуктивности

молодняка необходимо вести параллельно с поддержанием устойчивости свиней к проявлению стрессового синдрома PSS-MHS, отбору на воспроизведение должны подлежать только хряки с гомозиготным генотипом гена RYR1 – NN – при элиминации носителей рецессивного аллеля – n [2].

Таким образом, у протестированных хряков-производителей белорусской крупной белой породы был изучен комплексный генотип с включением только генов, оказывающих влияние на заболеваемость колибактериозом, а значит – на сохранность потомков – MUC4 (in 17) ECRF18/FUT1. Был проведен анализ влияния разных полиморфных вариантов отцовского генотипа на сохранность поросят-сосунов и другие воспроизводительные качества свиноматок.

Анализ результатов ДНК-анализа показал наличие в случайной выборке нескольких вариантов комплексного генотипа хряков по генам MUC4 (in 17) и ECR F18/FUT1, хотя охватить все возможные генотипы не удалось. Так, в зависимости от концентрации желательных аллелей, были выявлены варианты генотипа: MUC4 (in 17)<sup>GG</sup> ECRF18/FUT1<sup>GG</sup>, MUC4 (in 17)<sup>AG</sup> ECRF18/FUT1<sup>AG</sup> и MUC4 (in 17)<sup>AA</sup> ECRF18/FUT1<sup>AA</sup> с концентрацией 50,0%, генотипы MUC4 (in 17)<sup>AG</sup> ECR F18/FUT1<sup>GG</sup> и MUC4 (in 17)<sup>AA</sup> ECRF18/FUT1<sup>AG</sup> с концентрацией 25,0%, а также генотип MUC4 (in 17)<sup>AA</sup> ECR F18/FUT1<sup>GG</sup> с полным их отсутствием. При изучении влияния комплексного отцовского генотипа на воспроизводительные качества покрытых этими хряками маток учитывалось возрастание в генотипе процентного количества желательных аллелей MUC4 (in 17)<sup>G</sup> и ECRF18/FUT1<sup>A</sup> (таблица 1).

**Таблица 1 – Влияние полиморфизма в комплексном генотипе хряков по генам MUC4 (in 17) и ECRF18/FUT1 на воспроизводительные качества свиноматок (СГЦ «Западный»)**

| Доля желательных аллелей ECR F18/FUT1 <sup>A</sup> и MUC4 (in 17) <sup>G</sup> в комплексном генотипе хряков, % | Количество опоросов | Многоплодие, гол. | Крупноплодность, кг | Масса 1 гол. при отъеме, кг | Сохранность поросят, % |
|---|---------------------|-------------------|---------------------|-----------------------------|------------------------|
| 50  | 205                 | 11,7±0,11         | 1,20±0,01           | 7,2±0,05                    | 85,3                   |
| 25  | 225                 | 11,5±0,10         | 1,20±0,01           | 7,3±0,05                    | 85,8                   |
| 0   | 133                 | 11,4±0,18         | 1,20±0,01           | 7,1±0,07                    | 83,9                   |

Как видно из таблицы 1, многоплодие свиноматок, осемененных хряками с разным полиморфизмом в комплексных генотипах, достоверных различий не имело. Средние значения крупноплодности и массы 1 головы при отъеме также не имели существенных различий. Что касается сохранности сосунов, то установлена тенденция к ее повышению у потомков, полученных от производителей с наличием хотя бы небольшой концентрации желательных аллелей в комплексном генотипе в сравнении с их полным отсутствием. Так, по показателю сохранности генотипы с концентрацией желательных аллелей 50 и 25% превосходят генотип ECR F18/FUT1<sup>GG</sup> MUC4 (in 17)<sup>AA</sup> на 1,4 и 1,9 п.п., соответственно.

У свиноматок белорусской мясной породы изучался комплексный генотип EPOR MUC4 (in 7), в котором желательные аллели, соответственно, Т и С по удельному весу, распределились следующим образом: EPOR<sup>CC</sup> MUC4 (in 7)<sup>GG</sup> – 0%, EPOR<sup>CC</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> – 25%, EPOR<sup>CT</sup> MUC4 (in 7)<sup>GG</sup> – 25%, EPOR<sup>CT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> – 50%, EPOR<sup>TT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> – 75%, EPOR<sup>CT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> – 75% и EPOR<sup>TT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> – 100%.

На основании результатов опоросов свиноматок была установлена взаимосвязь полиморфизма их комплексного генотипа с воспроизводительными качествами с учетом возрастания в нем процентной доли желательных аллелей (таблица 2).

**Таблица 2 – Влияние полиморфизма в комплексном генотипе свиноматок по генам EPOR и MUC4 (in 7) на их воспроизводительные качества (СГЦ «Заднепровский»)**

| Доля желательных аллелей EPOR <sup>T</sup> и MUC4 (in 7) <sup>C</sup> в комплексном генотипе маток, % | n  | Многоплодие, гол. | Масса гнезда при рождении, кг | Масса гнезда при отъеме в 35 дн., кг | Сохранность поросят за подсосный период, % |
|---|----|-------------------|-------------------------------|--------------------------------------|--|
| 25  | 14 | 11,3±0,38*        | 16,9±1,06                     | 81,4±4,13                            | 79,8±4,07*                                 |
| 50  | 27 | 11,6±0,32         | 17,6±0,76                     | 89,8±3,03                            | 85,9±1,50                                  |
| 75  | 48 | 11,9±0,23         | 17,1±0,35                     | 89,6±1,46                            | 86,6±1,42                                  |
| 100   | 26 | 12,3±0,31         | 17,5±0,90                     | 89,8±2,36                            | 89,0±1,62                                  |

Примечания: здесь и далее достоверная разница рассчитана по отношению к животным с долей позитивных аллелей 100%: \* – ( $P \leq 0,05$ ), \*\* – ( $P \leq 0,01$ ), \*\*\* – ( $P \leq 0,001$ ).

При анализе данных таблицы 2 установлено негативное влияние снижения в генотипе свиноматок процентной доли желательных аллелей EPOR<sup>T</sup> и MUC4 (in 7)<sup>C</sup> на такие их воспроизводительные качества, как многоплодие и сохранность поросят за подсосный период. В то же время при

удельном весе в генотипе позитивных аллелей 50% и 75% отмечается незначительное снижение указанных показателей в сравнении со 100% их наличием без достоверной разницы.

При снижении удельного веса позитивных аллелей до уровня 25% у свиноматок установлено снижение многоглодия на 0,3-1,0 гол., или 2,7-8,1%, и сохранности поросят к отъему – на 6,1-9,2 п.п., по сравнению с матками остальных групп. При этом снижение количества живых поросят в гнезде на 1,0 гол., или 8,1%, и уменьшение показателя их сохранности на 9,2 п.п. в сравнении с матками-носительницами 100% положительных аллелей было достоверным ( $P \leq 0,05$ ).

Кроме того, анализ изменения скорости роста поросят показал, что при снижении удельного веса положительных аллелей в генотипе маток до 25% среднесуточный прирост живой массы поросят снижается на 5,0-5,2%, что может объясняться последствием их переболевания колибактериозом, при котором выжившие поросята, могут терять до 30% потенциальной скорости роста.

У хряков-производителей белорусской мясной породы изучался комплексный генотип RYR1 MUC4 (in 7) IGF-2. При оценке результатов ДНК-анализа было установлено распределение его полиморфных вариантов с учетом процентной доли желательных аллелей: RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>GG</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> – 33,3%, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> – 50,0%, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>GG</sup> IGF-2<sup>Qq</sup> – 50,0%, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> IGF-2<sup>Qq</sup> – 66,6%, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> – 66,6%, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>GG</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> – 66,6%, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> IGF-2<sup>Qq</sup> – 83,3%, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> – 83,3% и RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> – 100%.

Затем был проведен анализ взаимосвязи выявленных вариантов комплексного генотипа производителей с откормочными и мясными качествами, полученных от них потомков с учетом возрастания в генотипах отцов процентной доли позитивных аллелей (таблица 3).

**Таблица 3 – Влияние полиморфизма комплексного генотипа хряков по генам RYR1, MUC4 (in 7) и IGF-2 (in 3) на откормочные и мясные качества потомков (СГЦ «Заднепровский»)**

| Доля желательных аллелей RYR1N, MUC4 (in 7)C и IGF-2Q в комплексном генотипе хряков, % | n  | Откормочные качества                       |                                       |  | Убойные и мясные качества |                                 |   |
|--|----|--|---------------------------------------|--|---------------------------|---------------------------------|---|
|  |    | возраст достижения живой массы 100 кг, дн. | Среднесуточный прирост живой массы, г | затраты корма на 1 кг прироста, к. ед. | убойный выход, %          | масса задней трети полутуши, кг | площадь «мышечного глазка», см <sup>2</sup> |
| 50,0   | 16 | 195±1,7***                                 | 662±11,1***                           | 3,83±0,060***                          | 68,6 ±0,49*               | 11,3±0,12                       | 40,9±0,49*                                  |
| 66,6   | 98 | 188±0,8*                                   | 711±6,0*                              | 3,59±0,024*                            | 69,2 ±0,22*               | 11,3±0,05                       | 41,9±0,23                                   |
| 83,3   | 66 | 185±1,3                                    | 736±11,1                              | 3,56±0,030                             | 69,3 ±0,18                | 11,3±0,05                       | 42,2±0,29                                   |
| 100  | 14 | 183±1,9                                    | 752±16,6                              | 3,44±0,051                             | 70,2 ±0,45                | 11,4±0,14                       | 42,6±0,61                                   |

Установлено (таблица 3), что с увеличением в геноме хряков концентрации желательных аллелей по исследуемым генам уровень показателей откормочных качеств их потомков возрастал. Так, животные, отцы которых имели в комплексном генотипе 100% желательных аллелей, в сравнении с носителями 66,6% и 50,0% достоверно достигали живой массы 100 кг раньше на 5 дней ( $P \leq 0,05$ ) и 12 дней ( $P \leq 0,001$ ). Они при этом имели достоверно более высокие среднесуточные приросты живой массы – на 41 г, или 5,5% ( $P \leq 0,05$ ), и на 90 г, или 12,0% ( $P \leq 0,001$ ), при более низких затратах корма на 1 кг прироста – на 0,15 кг, или 4,4% ( $P \leq 0,05$ ), и на 0,39 кг, или 11,3% ( $P \leq 0,001$ ), соответственно.

При анализе убойных и мясных качеств молодняка (таблица 3) установлено снижение убойного выхода, а также площади «мышечного глазка» у животных по мере снижения в генотипах их отцов процентной доли желательных аллелей. Так, уже при концентрации желательных аллелей у отцов 66,6% убойный выход у их потомков достоверно снизился на 1,0 п.п. ( $P \leq 0,05$ ), в сравнении с концентрацией аллелей 100%. При снижении в генотипе хряков доли желательных аллелей до 50% у их потомков установлено достоверное снижение убойного выхода и площади «мышечного глазка», соответственно, на 1,6 п.п. и на 1,7 см<sup>2</sup> ( $P \leq 0,05$ ), в сравнении с молодняком, полученным от хряков I группы. Отмечена также соответствующая тенденция к снижению массы задней трети полутуши.

**Заключение.** Полученные результаты исследований позволяют сделать следующие выводы:

- экспериментально установлена тенденция к повышению средних показателей сохранности поросят, полученных от производителей с наличием в комплексном генотипе по ДНК-маркерам MUC4 (in 17) и ECR F18/FUT1 даже невысокого – 50% и 25% – удельного веса желательных алле-

лей G и A в сравнении с их полным отсутствием, с превосходством на 1,4 и 1,9 п.п., соответственно, над хряками-носителями негативного генотипа MUC4 (in 17)<sup>AA</sup> ECR F18/FUT1<sup>GG</sup>;

- отбор свиноматок в основное стадо с ограничением выбора только носителями комплексных генотипов EPOR<sup>TT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup>, EPOR<sup>TT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup>, EPOR<sup>CT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> и EPOR<sup>CT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> при удельном весе указанных аллелей 50-100 %, обеспечивает увеличение многоплодия на 0,3-1,0 гол., или 2,7-8,1%, и сохранности поросят к отъему – на 6,1-9,2 п.п. с достоверностью при  $P \leq 0,05$  в сравнении с матками-носительницами в комплексном генотипе EPOR MUC4 (in 7) менее 50% аллелей Т и С;

- при снижении в комплексных генотипах хряков процентной доли желательных аллелей RYR1<sup>N</sup>, MUC4<sup>C</sup> и IGF-2 (in 3)<sup>Q</sup> до 66,6% у их потомков достоверно снижается убойный выход – на 1,0 п.п. ( $P \leq 0,05$ ), а при концентрации желательных аллелей 50% достоверно уменьшаются и убойный выход, и площадь «мышечного глазка», соответственно, на 1,6 п.п. и на 1,7  $\text{cm}^2$  ( $P \leq 0,05$ ), в сравнении с потомками носителей в генотипе 100% желательных аллелей, при одновременном достоверном ( $P \leq 0,05$ ;  $P \leq 0,001$ ) снижении среднесуточного прироста живой массы на 41-90 г., повышении возраста достижения живой массы 100 кг на 5-12 дн. и расхода корма на 1 кг прироста на 0,15-0,39 к. ед. С целью повышения откормочных и мясных качеств молодняка рекомендуется преиуущественный отбор хряков-производителей, имеющих комплексные генотипы RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> IGF-2<sup>QQ</sup>, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> и RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> IGF-2<sup>QQ</sup>.

**Conclusion.** The obtained research results allow us to draw the following conclusions:

1. A tendency towards an increase in the average survival rate of piglets obtained from producers with the presence of even not high levels of MUC4 (in 17) and ECR F18/FUT1 in the complex genotype according to DNA markers has been experimentally established – 50% and 25% – the specific weight of the desired alleles G and A in comparison with their complete absence, with a superiority of 1.4 and 1.9 percentage points, respectively, over boars carrying the negative genotype MUC4 (in 17)<sup>AA</sup> ECR F18/FUT1<sup>GG</sup>.

2. Selection of sows for the main herd with the choice limited to carriers of the complex genotypes EPOR<sup>TT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup>, EPOR<sup>TT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup>, EPOR<sup>CT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> and EPOR<sup>CT</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> with the specific weight of the indicated alleles of 50-100%, provides an increase in multiple pregnancy by 0,3-1,0 heads or 2,7-8,1% and the survival of piglets at weaning by 6,1-9,2 percentage points with reliability at  $P \leq 0,05$  in comparison with sows that are carriers of the complex genotype EPOR MUC4 (in 7) of less than 50% of the T and C alleles.

3. When the percentage of desirable alleles RYR1<sup>N</sup>, MUC4<sup>C</sup> and IGF-2 (in 3)<sup>Q</sup> in the complex genotypes of boars decreases to 66,6%, the slaughter yield of their offspring significantly decreases by 1.0 percentage points ( $P \leq 0,05$ ), and when the concentration of desirable alleles is 50%, both the slaughter yield and the area of the “muscle eye” significantly decrease, respectively, by 1.6 percentage points and by 1.7  $\text{cm}^2$  ( $P \leq 0,05$ ), compared with the offspring of carriers in the genotype of 100% of the desired alleles, with a simultaneous reliable ( $P \leq 0,05$ ;  $P \leq 0,001$ ) decrease in the average daily gain in live weight by 41-90 g, an increase in the age of reaching a live weight of 100 kg by 5-12 days and feed consumption per 1 kg of gain by 0,15-0,39 feed units. In order to improve the fattening and meat qualities of young animals, it is recommended to preferentially select breeding boars with complex genotypes RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> IGF-2<sup>QQ</sup>, RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CC</sup> IGF-2<sup>QQ</sup> and RYR1<sup>NN</sup> MUC4 (in 7)<sup>CG</sup> IGF-2<sup>QQ</sup>.

#### Список литературы.

- Ген эритропоэтинового рецептора (EPOR) – новый ген-маркер многоплодия свиноматок / В. А. Дойлидов, Д. А. Каспирович, Н. А. Лобан, А. Д. Банникова // Ученые записки Витебской государственной академии ветеринарной медицины. – 2009. – Т. 45, вып. 1, ч. 2. – С. 82–85.
- Достижения и перспективы использования ДНК-технологий в свиноводстве: монография / Т. И. Епишко, В. А. Дойлидов, Д. А. Каспирович [и др.]. ; Витебская государственная академия ветеринарной медицины. – Витебск : ВГАВМ, 2012. – 256 с.
- Зиновьев, Н. А. Перспективы использования молекулярной генной диагностики сельскохозяйственных животных / Н. А. Зиновьев, Е. А. Гладырь // ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркирование признаков сельскохозяйственных животных : материалы Международной конференции. – Дубровицы, 2001. – С. 44–49.
- Калашникова, Л. А. Проблемы использования методов анализа ДНК в генетической экспертизе племенных животных / Л. А. Калашникова // Материалы Международной конференции. – Дубровицы, 2002. – С. 46–51.
- Каспирович, Д. А. Влияние полиморфизма гена ECR F4 (MUC 4) на воспроизводительные способности хряков и репродуктивные качества свиноматок крупной белой породы / Д. А. Каспирович, В. А. Дойлидов, Н. А. Лобан // Ученые записки Витебской государственной академии ветеринарной медицины. – 2008. – Т. 44, вып. 1. – С. 200–203.
- Коновалова, Е. Н. Полиморфизм гена рецептора *E. coli* F18 (ECR F18/FUT1) и его влияние на хозяйственно-полезные признаки свиней : диссертация на соискание ученой степени кандидата биологических наук : специальность 03.00.23 / Коновалова Елена Николаевна ; Всероссийский государственный научно-исследовательский институт животноводства. – Дубровицы, 2004. – 95 с.

7. Максимович, В. В. Инфекционные болезни свиней : монография / В. В. Максимович. – Витебск : УО ВГАВМ, 2007. – 373 с.

8. Рекомендации по использованию гена-маркера *IGF-2* в селекции свиней / Витебская государственная академия ветеринарной медицины ; разраб. В. А. Дойлидов, Д. А. Каспирович. – Витебск : ВГАВМ, 2010. – 15 с.

9. Федоренкова, Л. А. Свиноводство : учебное пособие / Л. А. Федоренкова, В. А. Дойлидов, В. П. Ятусевич. – Минск : ИВЦ Минфина, 2018. – 303 с.

10. Ятусевич, В. П. Свиноводство : рабочая тетрадь для студентов по специальности «Зоотехния» / В. П. Ятусевич, В. А. Дойлидов. – 6-е изд., перераб. – Витебск : ВГАВМ, 2024. – 44 с.

11. The g. 243 A>G mutation in intron 17 of *MUC4* is significantly associated with susceptibility/resistance to *ETEC F4ab/ac* infection in pigs / Q. L. Peng [et al.] // Anim. Genet. – 2007. – Vol. 38, N 4. – P. 397–400.

#### References.

1. Gen eritopoetinovogo receptora (EPOR) – novyj gen-marker mnogoplodiya svinomatok / V. A. Dojlidov, D. A. Kaspирович, N. A. Loban, A. D. Bannikova // Uchenye zapiski Vitebskoj gosudarstvennoj akademii veterinarnoj mediciny. – 2009. – Т. 45, vyp. 1, ch. 2. – S. 82–85.

2. Dostizheniya i perspektivi ispolzovaniya DNK-tehnologij v svinovodstve: monografiya / T. I. Epishko, V. A. Dojlidov, D. A. Kaspирович [i dr.]. ; Vitebskaya gosudarstvennaya akademiya veterinarnoj mediciny. – Vitebsk : VGAVM, 2012. – 256 s.

3. Zinoveva, N. A. Perspektivnye ispolzovaniya molekulyarnoj gennoj diagnostiki selskohozyajstvennyh zhivotnyh / N. A. Zinoveva, E. A. Gladyr // DNK-tehnologii v kletochnoj inzhenerii i markirovanie priznakov selskohozyajstvennyh zhivotnyh : materialy Mezhdunarodnoj konferencii. – Dubrovic, 2001. – S. 44–49.

4. Kalashnikova, L. A. Problemy ispolzovaniya metodov analiza DNK v geneticheskoy ekspertize plemennyh zhivotnyh / L. A. Kalashnikova // Materialy Mezhdunarodnoj konferencii. – Dubrovic, 2002. – S. 46–51.

5. Kaspирович, D. A. Vliyanie polimorfizma gena *ECR F4* (*MUC 4*) na vosproizvoditelnye sposobnosti hryakov i reproduktivnye kachestva svinomatok krupnoj beloj porody / D. A. Kaspирович, V. A. Dojlidov, N. A. Loban // Uchenye zapiski Vitebskoj gosudarstvennoj akademii veterinarnoj mediciny. – 2008. – Т. 44, vyp. 1. – S. 200–203.

6. Konovalova, E. N. Polimorfizm gena receptora *E. coli F18* (*ECR F18/FUT1*) i ego vliyanie na hozyajstvenno-poleznye priznaki svinej : dissertaciya na soiskanie uchenoj stepeni kandidata biologicheskikh nauk : specialnost 03.00.23 / Konovalova Elena Nikolaevna ; Vserossijskij gosudarstvennyj nauchno-issledovatelskij institut zhivotnovodstva. – Dubrovic, 2004. – 95 s.

7. Maksimovich, V. V. Infekcionnye bolezni svinej : monografiya / V. V. Maksimovich. – Vitebsk : UO VGAVM, 2007. – 373 s.

8. Rekomendacii po ispolzovaniyu gena-markera *IGF-2* v selekcii svinej / Vitebskaya gosudarstvennaya akademiiya veterinarnoj mediciny ; razrab. V. A. Dojlidov, D. A. Kaspирович. – Vitebsk : VGAVM, 2010. – 15 s.

9. Fedorenkova, L. A. Svinovodstvo : uchebnoe posobie / L. A. Fedorenkova, V. A. Dojlidov, V. P. Yatusevich. – Minsk : IVC Minfina, 2018. – 303 s.

10. Yatusevich, V. P. Svinovodstvo : rabochaya tetrad dlya studentov po specialnosti «Zootehnika» / V. P. Yatusevich, V. A. Dojlidov. – 6-e izd., pererab. – Vitebsk : VGAVM, 2024. – 44 s.

11. The g. 243 A>G mutation in intron 17 of *MUC4* is significantly associated with susceptibility/resistance to *ETEC F4ab/ac* infection in pigs / Q. L. Peng [et al.] // Anim. Genet. – 2007. – Vol. 38, N 4. – P. 397–400.

Поступила в редакцию 11.08.2025.

DOI 10.52368/2078-0109-2025-61-4-36-42

УДК 636.4.082

## АКТУАЛИЗАЦИЯ ФОРМУЛ ИНДЕКСОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ ВОСПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫХ КАЧЕСТВ СВИНОМАТОК С УЧЕТОМ ЭФФЕКТИВНОСТИ ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

Дойлидов В.А. ORCID ID 0000-0002-3922-6993

УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия ветеринарной медицины»,  
г. Витебск, Республика Беларусь

Научно обоснована необходимость внесения изменений в комплексные селекционные индексы КПВК и ИВК с разработкой новых усовершенствованных индексов РСОС и РСОСм для ведения селекции в маточных стадах, использование которых отличается большей достоверностью при оценке материнских качеств, а также возможностью проведения целенаправленной селекции на повышение многоплодия. На примере белорусской мясной породы установлено, что отбор свиноматок по величине индекса РСОС позволяет достоверно повысить у маток селекционной группы молочность – на 3,3-4,5 кг ( $P \leq 0,05$ ,  $P \leq 0,01$ ), количество поросят к отъему – на 0,5-0,6 гол. ( $P \leq 0,05$ ,  $P \leq 0,001$ ), сохранность поросят – на 4,4-5,8 п. п. ( $P \leq 0,05$ ,  $P \leq 0,01$ ), массу гнезда при отъеме – на 7,3-10,6 кг ( $P \leq 0,001$ ), однако без достоверного повышения многоплодия. Использование для отбора индекса РСОСм позволяет достоверно повысить многоплодие в селекционной группе на 0,8-1,0 гол. ( $P \leq 0,05$ ,  $P \leq 0,01$ ) при сохранении значений остальных показателей продуктивности маток на одном уровне с показателями селекционной группы, отобранный с помощью индекса РСОС, без достоверных различий. **Ключевые слова:** отбор, многоплодие свиноматок, селекционный индекс, сохранность поросят.