
ЗООТЕХНИЯ, БИОЛОГИЯ И ВЕТЕРИНАРНАЯ МЕДИЦИНА

**Анализ селекционно-генетических параметров
в популяции свиней породы йоркшир и ландрас**

**Антон Васильевич Савинов^{1✉}, Мария Сергеевна Круткина²,
Александр Михайлович Колов², Наталья Сергеевна Алтухова¹,
Марина Владимировна Белова³, Андрей Иванович Рудь³,
Илья Владимирович Рукин²**

¹Российский государственный аграрный университет –
МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

²АО «Агроплем», Москва, Россия

³ООО «Башкирская мясная компания», Уфа, Россия

✉ Автор, ответственный за переписку: savinovantonv@mail.ru

Аннотация

Расчет селекционно-генетических параметров является важным компонентом генетического совершенствования экономически важных признаков, в частности, в племенной работе в свиноводстве, и определяет стратегию селекции при комплексной оценке племенной ценности животных. В статье представлены результаты разработки линейной модели смешанного типа для оценки компонентов дисперсии и прогноза племенной ценности свиней породы йоркшир и ландрас по признакам: количество рожденных живых поросят, гол.; средняя живая массы поросенка в помете, кг; скорость роста живой массы от рождения до достижения 100 кг, г/сут. Выполнен анализ влияния факторов паратипической природы на разнообразие признаков продуктивности свиней. Выявлена нелинейная зависимость показателей многоплодия и крупноплодности и фиксированного фактора «Номер опороса». В закрытой популяции свиней двух пород рассчитаны коэффициенты фенотипической и генетической корреляции и коэффициенты наследуемости селекционных признаков. Так, по признакам многоплодия, крупноплодности и скорости роста для породы йоркшир коэффициенты наследуемости определились на уровне 0.14, 0.20, 0.40, а для породы ландрас – 0.13, 0.18, 0.43 соответственно. Выявлены отрицательная генетическая корреляция между показателями многоплодия и крупноплодности (–0.24 и –0.33 для породы йоркшир и ландрас соответственно) и положительная связь между крупноплодностью и скоростью роста (+0.23 и +0.28 для породы йоркшир и ландрас соответственно). На основе рассчитанных селекционно-генетических параметров в дальнейшем будет сделан прогноз племенной ценности свиней и осуществлена комплексная оценка животных двух пород.

Ключевые слова

Анализ вариантов, смешанные модели, наследуемость признаков, генетическая корреляция

Для цитирования

Савинов А.В., Круткина М.С., Колов А.М. и др. Анализ селекционно-генетических параметров закрытой популяции свиней породы йоркшир и ландрас // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2025. № 2. С. 151–166.

Analysis of selection and genetic parameters in Yorkshire and Landrace pigs

Anton V. Savinov¹✉, Maria S. Krutkina², Alexander M. Kolov²,
Natalia S. Altukhova¹, Marina V. Belova³, Andrey I. Rud³, Ilya V. Rukin²

¹Russian State Agrarian University –
Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russian Federation

²JSC “Agroplem”, Moscow, Russia

³LLC “Bashkir Meat Company”, Republic of Bashkortostan, Russia

✉Corresponding author: savinovantonv@mail.ru

Abstract

Calculating selection and genetic parameters is an important step in improving economically significant genetic traits, particularly in pig breeding. These calculations determine the breeding strategies for assessing the breeding value of animals. This article presents the results of developing linear mixed models to assess variance components and predict breeding values in Yorkshire and Landrace pigs for the following traits: the number of piglets born alive (NBA), the average birth weight (ABW) per, and the average daily weight gain (ADWG) until reaching 100 kg. The effect of fixed factors on the variability of pig productivity traits was analyzed. A nonlinear relationship was revealed between NBA and ABW and the factor “parity number”. Phenotypic and genetic correlations and heritability estimates of the analyzed pig populations’ breeding traits were calculated. The heritability estimates were 0.14, 0.20, and 0.40 for NBA, ABW, and ADWG, respectively, in Yorkshire pigs and 0.13, 0.18, and 0.43, respectively, in Landrace pigs. Negative genetic correlations were found between NBA and ABW (–0.24 and –0.33 for Yorkshire and Landrace pigs, respectively), as well as positive correlations between ABW and ADWG (+0.23 and +0.28 for Yorkshire and Landrace pigs, respectively). These selection and genetic parameters will be used to predict the breeding value of pigs and assess selection indexes in the two breeds.

Keywords

Analysis of variance, mixed models, heritability of traits, genetic correlation

For citation

Savinov A.V., Krutkina M.S., Kolov A.M., Altukhova N.S. et al. Analysis of selection and genetic parameters in Yorkshire and Landrace pigs. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2025. No. 2. P. 151–166.

Введение Introduction

Для максимизации генетического прогресса необходим научно обоснованный подход к основным этапам разведения животных [1]. Прогноз племенной ценности является важной составляющей племенной работы, позволяющей ранжировать кандидатов на отбор для определения животных с наиболее ценным генотипом. Фенотипическое проявление признака представляется как $P = G + E$, то есть обуславливается суммой генетических факторов (G) и условиями внешней среды (E). В свою очередь, генетическая компонента (ее разнообразие) обусловлена различными эффектами генов: аддитивными (суммарными) и неаддитивными (доминирование и эпистаз). Поскольку условия внешней среды не являются постоянными, а также взаимодействуют с генотипом (взаимодействие

«генотип-среда»), фенотипическое проявление признака имеет слабую корреляцию с генотипом, что делает отбор животных на основании фенотипа малоэффективным ввиду того, что животные с лучшими фенотипами не всегда имеют лучший генотип [2]. Вследствие невозможности прямого измерения генетической ценности животного по количественному признаку(ам) в животноводстве применяют математическо-статистические методы, основанные на определении компонентов общей изменчивости признака и расчете на их (компонентов) основе селекционно-генетических параметров и прогноза генетической ценности животных. Селекционно-генетические параметры являются важными статистическими показателями исследуемой популяции, характеризующими уровень развития, разнообразия и сопряженности признаков.

Одним из важных параметров для осуществления тех или иных селекционных мероприятий в популяции является коэффициент наследуемости (h^2). В узком смысле он представляет собой отношение аддитивной генетической дисперсии ($\sigma_{G_A}^2$) к общей фенотипической дисперсии ($\sigma_G^2 + \sigma_e^2$) и рассчитывается по формуле: $h^2 = \frac{\sigma_{G_A}^2}{\sigma_G^2 + \sigma_e^2}$.

В широком смысле коэффициент наследуемости определяется как отношение суммарной генетической дисперсии (σ_G^2) к общей фенотипической дисперсии и рассчитывается по формуле: $h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_e^2}$. При этом механизм наследования генетического материала таков, что аддитивные эффекты генов имеют наибольшую вероятность быть унаследованными потомством, поэтому коэффициент наследуемости определяется в узком смысле [3].

Генетическая корреляция представляет собой связь между признаками, обусловленную генетическими факторами. Коэффициент генетической корреляции необходим для анализа сопряженности между селекционируемыми признаками при осуществлении комплексной оценки племенной ценности и максимизации генетического прогресса по нескольким производственным показателям.

В 1973 г. Чарльз Рой Хендерсон предложил метод наилучшего линейного несмещенного прогноза (Best Linear Unbiased Prediction – BLUP), в котором одновременно учитывается оценка различных источников изменчивости, представленных в виде фиксированных и рандомизированных (случайных) факторов, что позволяет нивелировать влияние окружающей среды и с максимальной точностью прогнозировать аддитивную генетическую ценность животных. В данном методе используются все доступные источники информации (собственная продуктивность, продуктивность потомков, племенная ценность родителей и сибсов) [4]. Методология BLUP имеет множество модификаций, ранней из которых является *Sire Model* (модель отца), показавшая высокую эффективность при оценке быков-производителей по продуктивности дочерей в молочном скотоводстве. Модификация *Animal Model* (модель животного) была разработана для прогноза племенной ценности всех животных, учитываемых в модели, что достигается за счет использования матрицы родства A , основанной на родословной и содержащей информацию о всех имеющихся предках и потомках животных.

В последние годы широкое распространение получил метод геномного прогноза племенной ценности GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction), в котором матрица родства представлена как матрица отношений G , основанная на геномных данных, а также метод ssGBLUP (single step Genomic Best Linear Unbiased Prediction), в котором используется комбинированная матрица отношений H , включающая в себя как отношения, основанные на геноме, так и отношения, основанные на родословной. В методе ssGBLUP прогноз племенной ценности рассчитывается за один шаг и позволяет оценить как генотипированных, так и негенотипированных животных [5].

Для применения метода BLUP необходимы значения компонентов дисперсии, которые могут быть оценены с помощью различных статистических методов: дисперсионный анализ (ANOVA), квадратичная несмещенная оценка с минимальной нормой (MINQUE), метод максимального правдоподобия (ML), метод ограниченного максимального правдоподобия (REML) и метод ограниченного максимального правдоподобия с усредненной информацией (AIREML) [6].

Большинство модификаций метода BLUP, основанных на данных о родословной или геномных данных, базируется на решении уравнений смешанной модели, в которой паратипические эффекты представлены как классификационные или регрессионные факторы. Точность линейной модели смешанного типа для оценки аддитивных генетических эффектов зависит от полноты и корректности исходных данных, а также от набора фиксированных факторов, входящих в состав уравнения.

Определение влияния категориальных и регрессионных факторов, описывающих часть фенотипического разнообразия конкретного признака, обусловленного влиянием внешней среды, является важным этапом при прогнозировании племенной ценности животных [7–9]. Поэтому определение факторов, достоверно влияющих на изменчивость селекционных показателей, расчет компонентов дисперсии и селекционно-генетических параметров, является актуальным как для геномного прогноза племенной ценности, так и для генетического прогноза животных.

Цель исследований: построение уравнений смешанной модели для оценки селекционно-генетических параметров основных показателей продуктивности в закрытой популяции свиней породы йоркшир и ландрас.

Методика исследований Research method

Материалом исследований послужили записи о продуктивности свиней породы йоркшир и ландрас, родившихся в период с 2018 по 2024 гг. в условиях ООО «Башкирская мясная компания» (Республика Башкортостан, Благоварский район). В качестве признаков продуктивности были взяты: количество рожденных живых поросят, гол. (*Number Born Alive – NBA*); крупноплодность, кг (*Average piglet weight at birth per litter – ABW*); среднесуточный прирост от рождения до достижения живой массы 100 кг, г/сут. (*Average daily weight gain – ADWG*).

Для определения факторов, имеющих статистически значимое влияние на разнообразие отдельного признака, использовался многофакторный дисперсионный анализ (ANOVA). Для проверки мультиколлинеарности факторов использовались V-критерий Крамера для категориальных факторов и коэффициент корреляции для регрессионных факторов. Сила влияния факторов на разнообразие отдельных признаков рассчитывалась по формуле:

$$\eta^2 = \frac{SS_f}{SS_t}, \quad (1)$$

где η^2 – коэффициент, характеризующий долю дисперсии, объясняемую фактором; SS_f – факториальная сумма квадратов; SS_t – общая сумма квадратов.

В данном исследовании был принят следующий исходный набор факторов для признаков «Многоплодие» и «Крупноплодность»:

- «ферма-год-сезон опороса»;
- «ферма-год-месяц опороса»;
- «ферма-год-неделя опороса»;

- «ферма-год-сезон рождения»;
- «ферма-год-месяц рождения»;
- «ферма-год-неделя рождения»;
- «номер опороса»;
- «количество сибсов в помете»;
- «возраст первого опороса»;
- «возраст опороса».

Для показателя «Среднесуточный прирост» были выбраны следующие факторы:

- «ферма-год-сезон рождения»;
- «ферма-год-месяц рождения»;
- «ферма-год-неделя рождения»;
- «пол»;
- «количество сибсов в помете»;
- «номер опороса матери на момент рождения животного»;
- «индивидуальная масса при рождении» [10].

Включение факторов «ферма-год-сезон рождения», «ферма-год-месяц рождения», «ферма-год-неделя рождения», а также «ферма-год-сезон опороса», «ферма-год-месяц опороса» и «ферма-год-неделя опороса» в модель оценки племенной ценности осуществлялось с помощью последовательного дисперсионного анализа, выполненного отдельно для каждого из взаимосвязанных факторов по очереди, на основании рассчитанного коэффициента η^2 , характеризующего силу влияния конкретного фактора.

Анализ влияния фактора «Возраст опороса» на разнообразие признаков многоплодия и крупноплодности выполнялся с помощью сравнения линейной и полиномиальной модели второго порядка.

Компоненты (ко)варианс, коэффициенты наследуемости и коэффициенты генетической корреляции были рассчитаны с помощью построения линейных моделей смешанного типа с использованием модуля AIREML программного пакета BLUPF90.

Коэффициент наследуемости рассчитывался по формуле:

$$h^2 = \frac{\sigma_{G_A}^2}{\sigma_G^2 + \sigma_e^2}, \quad (2)$$

где h^2 – коэффициент наследуемости; σ_G^2 – генетическая дисперсия; $\sigma_{G_A}^2$ – аддитивная генетическая дисперсия; σ_e^2 – остаточная дисперсия.

Генетическая корреляция была рассчитана по формуле:

$$r_{G_{12}} = \frac{\sigma_{G_{12}}}{\sqrt{\sigma_{G_1}^2 \sigma_{G_2}^2}}. \quad (3)$$

Фенотипическая корреляция рассчитывается по формуле:

$$r_{P_{12}} = \frac{\sigma_{P_{12}}}{\sqrt{\sigma_{P_1}^2 \sigma_{P_2}^2}}, \quad (4)$$

где $r_{G_{12}}$ – коэффициент генетической корреляции между признаками 1 и 2; $r_{P_{12}}$ – коэффициент фенотипической корреляции между признаками 1 и 2; σ_G – генетическая коварианса; σ_P – фенотипическая коварианса; σ_P^2 – фенотипическая дисперсия.

Анализ и подготовка данных осуществлялись с использованием языка программирования Python.

Результаты и их обсуждение

Results and discussion

Общее количество животных в породе йоркшир составило 12704 хряка и 103296 свиноматок, в породе ландрас – 7603 хряка и 26192 свиноматки. Фенотипические записи показателей опоросов для породы йоркшир составили 31051 по многоплодию и 7037 по крупноплодности. Для породы ландрас количество фенотипических показателей опороса составило 6073 для многоплодия и 1303 для крупноплодности. Показатели среднесуточного прироста были представлены 15611 записями для породы йоркшир и 2457 – для породы ландрас.

Среди высоко коррелирующих факторов, обусловленных совокупным влиянием фермы и даты рождения животного, а также фермы и даты опороса животного, наибольшую силу влияния имели факторы «ферма-год-месяц рождения» и «ферма-год-месяц опороса», которые были включены в итоговую модель для признаков «Многоплодие» и «Крупноплодность» у исследуемых пород.

Для анализа влияния высококоррелирующих факторов «Возраст опороса» и «Номер опороса» на признаки многоплодия и крупноплодности были построены линейные и квадратичные регрессионные модели, на основании которых осуществлялся выбор оптимального фактора. Результаты анализа представлены на рисунках 1–4.

Как следует из представленных графиков, при описании изменчивости с помощью квадратичной модели средние показатели многоплодия и крупноплодности возрастают к 3–4 опоросам и убывают к последующим опоросам.

Для сравнения моделей были рассчитаны коэффициенты детерминации и средний квадрат ошибок модели. Коэффициенты детерминации линейной регрессионной модели для породы йоркшир составили $R^2 = 0.02$ и $R^2 = 0.06$, в квадратичной регрессионной модели коэффициенты детерминации составили $R^2 = 0.07$ и $R^2 = 0.09$ для показателей многоплодия и крупноплодности соответственно. Для породы ландрас коэффициенты детерминации составили $R^2 = 0.001$ и $R^2 = 0.02$ в линейной модели, в квадратичной модели $R^2 = 0.013$ и $R^2 = 0.06$ для показателей многоплодия и крупноплодности соответственно. Средняя сумма квадратов ошибки в квадратичной регрессионной модели была меньше, чем в линейной регрессионной модели, для всех исследуемых показателей по всем породам.

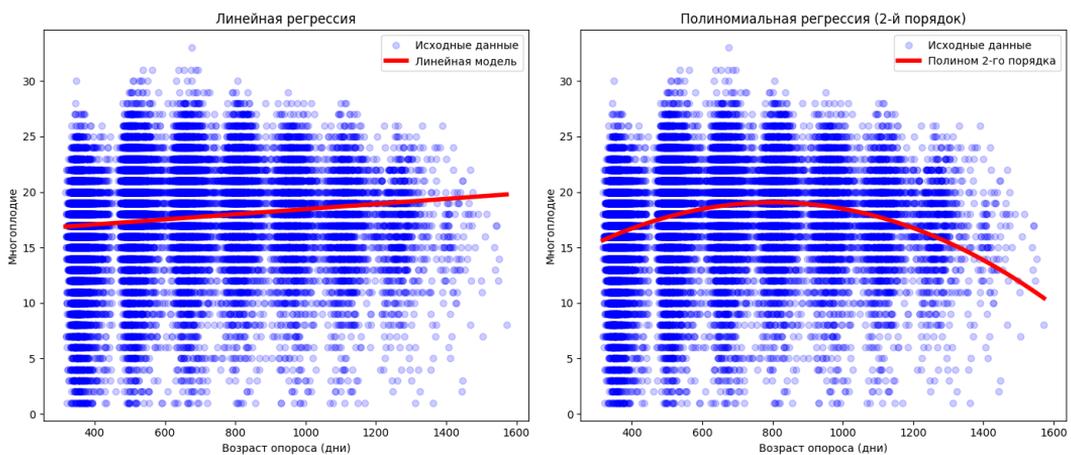


Рис. 1. График регрессионной и полиномиальной модели влияния фактора «Возраст опороса» на показатель NBA в породе йоркшир

Figure 1. Regression and polynomial model graph of the effect of parity age on NBA in Yorkshire pigs

Таким образом, было показано, что квадратичная регрессия объясняет изменчивость показателей многоплодия и крупноплодности более точно, чем линейная регрессия, так как имеет более высокий коэффициент детерминации и меньшую сумму квадратов остаточных (неучтенных) эффектов.

В результате анализа было установлено нелинейное влияние фактора «Возраст опороса» на исследуемые показатели для каждой из пород. Ввиду высокой положительной корреляции ($r = +0.99$) между факторами «Возраст опороса» и «Номер опороса» фактор «Номер опороса» был включен в итоговую модель в качестве классификационного фактора для показателей многоплодия и крупноплодности всех исследуемых пород.

Результаты дисперсионного анализа итоговых моделей по показателям многоплодия и крупноплодности представлены в таблицах 1–4.

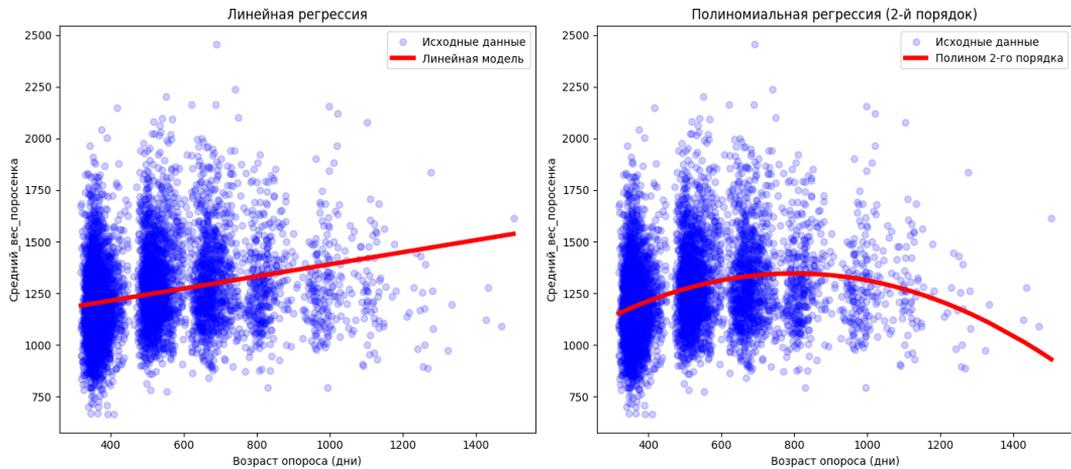


Рис. 2. График регрессионной и полиномиальной модели влияния фактора «Возраст опороса» на показатель крупноплодности в породе йоркшир

Figure 2. Regression and polynomial model graph of the effect of parity age on ABW in Yorkshire pigs

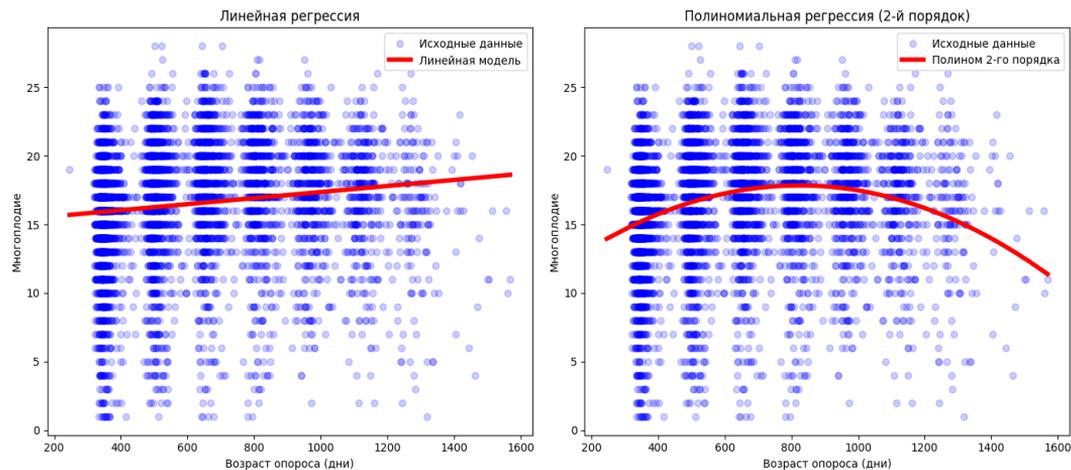


Рис. 3. График регрессионной и полиномиальной модели влияния фактора «Возраст опороса» на показатель многоплодия в породе ландрас

Figure 3. Regression and polynomial model graph of the effect of parity age on NBA in Landrace pigs

Данные таблиц демонстрируют, что факторы «ферма-год-месяц рождения», «ферма-год-месяц опороса» и «номер опороса» имели достоверное влияние на все исследуемые показатели для всех пород. Фактор «количество сибсов в помете» не имел достоверного влияния на показатели многоплодия и крупноплодности. Фактор «номер опороса матери на момент рождения животного» имел достоверно влияние только на показатель крупноплодности в породе ландрас. Фактор «возраст первого опороса» имел значимое влияние на все признаки, кроме показателя многоплодия в породе ландрас.

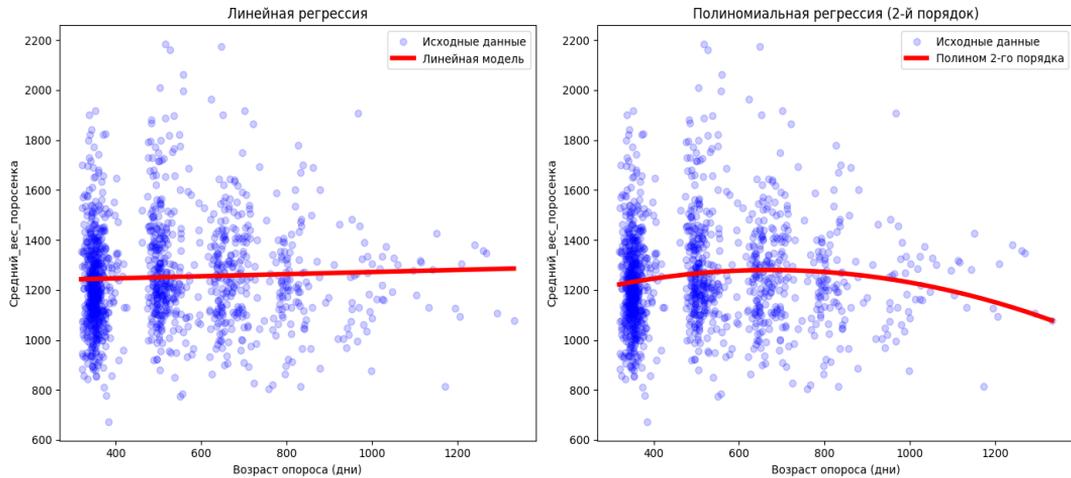


Рис. 4. График регрессионной и полиномиальной модели влияния фактора «Возраст опороса» на показатель крупноплодности в породе ландрас

Figure 4. Regression and polynomial model graph of the effect of parity age on ABW in Landrace pigs

Таблица 1

Дисперсионный анализ факторов по признаку *NBA* в породе йоркшир

Table 1

Analysis of variance (ANOVA) of factors for NBA in Yorkshire pigs

Источник изменчивости	df число степеней свободы	SS сумма квадратов	MS средний квадрат	F-критерий	p-value
Ферма-год-месяц рождения	132	12620	96	4,60***	<0,001
Ферма-год-месяц опороса	93	7054	76	3,65***	<0,001
Номер опороса	7	3680	526	25,30***	<0,001
Количество сибсов в помете	22	528	24	1.14	<0.293
Номер опороса матери	6	174	29	1,40	<0,211
Возраст первого опороса дни	129	4844	38	1,81***	<0,001
Остаток	17154	356467	21	–	–

Таблица 2

Дисперсионный анализ факторов по признаку ABW в породе йоркшир

Table 2

Analysis of variance (ANOVA) of factors for ABW in Yorkshire pigs

Источник изменчивости	df число степеней свободы	SS сумма квадратов	MS средний квадрат	F-критерий	p-value
Ферма-год-месяц рождения	90	8278016	91978	2,32***	<0,001
Ферма-год-месяц опороса	63	3800550	60326	1,52**	<0,005
Номер опороса	6	911819	151970	3,84***	<0,001
Количество сибсов в помете	25	1322878	52915	1,34	<0,121
Номер опороса матери	5	461865	92373	2,33*	<0,039
Возраст первого опороса дни	119	8148685	68476	1,73***	<0,001
Остаток	2213	87586406	39578	–	–

Таблица 3

Дисперсионный анализ факторов по признаку NBA в породе ландрас

Table 3

Analysis of variance (ANOVA) of factors for NBA in Landrace pigs

Источник изменчивости	df число степеней свободы	SS сумма квадратов	MS средний квадрат	F-критерий	p-value
Ферма-год-месяц рождения	129	4588	36	1,82***	<0,001
Ферма-год-месяц опороса	94	3003	32	1,64***	<0,001
Номер опороса	7	961	137	7,02***	<0,001
Количество сибсов в помете	22	633	29	1,47	0,072
Номер опороса матери	5	179	36	1,84	0,102
Возраст первого опороса, дней	82	1519	19	0,95	0,606
Остаток	3233	63156	20	–	–

Результаты дисперсионного анализа по показателю «Скорость роста» представлены в таблицах 5 и 6.

В результате проведенного анализа было установлено, что факторы «ферма-год-рождения», «количество сибсов в помете» и «масса при рождении» имеют достоверное влияние на показатель среднесуточного прироста для всех исследуемых пород. Фактор «пол» не имел достоверного влияния на среднесуточный прирост в породе йоркшир. Фактор «номер опороса матери на момент рождения животного» не имел статистической значимости влияния на признак среднесуточного прироста в обеих исследуемых породах.

Таблица 4

Дисперсионный анализ факторов по признаку ABW в породе ландрас

Table 4

Analysis of variance (ANOVA) of factors for ABW in Landrace pigs

Источник изменчивости	df число степеней свободы	SS сумма квадратов	MS средний квадрат	F-критерий	p-value
Ферма-год-месяц рождения	71	7800205	109862	2,59***	<0,001
Ферма-год-месяц опороса	59	9459417	160329	3,77***	<0,001
Номер опороса	5	512472	102494	2,41*	0,036
Количество сибсов в помете	18	693860	38548	0,91	0,566
Номер опороса матери	5	211971	42394	1,00	0,417
Возраст первого опороса дни	79	6732038	85216	2,01**	<0,001
Остаток	307	13046851	42498	–	–

Таблица 5

Дисперсионный анализ факторов по признаку «Скорость роста» в породе йоркшир

Table 5

Analysis of variance (ANOVA) of factors for ADWG in Yorkshire pigs

Источник изменчивости	df число степеней свободы	SS сумма квадратов	MS средний квадрат	F-критерий	p-value
Ферма-год-месяц рождения	71	7556571	106431	25,00***	<0,001
Количество сибсов в помете	28	186571	6663	1,57**	<0,029
Номер опороса матери	7	52847	7550	1,77	<0,088
Пол	1	4927	4927	1,16	<0,281
Масса при рождении	1145	9612568	8395	1,97***	<0,001
Остаток	14814	63067177	4257	–	–

**Дисперсионный анализ факторов по признаку «Скорость роста»
в породе ландрас**

Table 6

Analysis of variance (ANOVA) of factors for ADWG in Landrace pigs

Источник изменчивости	df число степеней свободы	SS сумма квадратов	MS средний квадрат	F-критерий	p-value
Ферма-год-месяц рождения	68	1583788	23291	5,19***	<0,001
Количество сибсов в помете	23	283825	12340	2,75***	<0,001
Номер опороса матери	5	27536	5507	1,23	0,292
Пол	1	43745	43745	9,75**	0,002
Масса при рождении	566	3873282	6843	1,52***	<0,001
Остаток	1926	8644753	4488	–	–

Далее, на основании выбранных факторов, были построены следующие уравнения смешанной модели:

1. Для признака многоплодия в породе йоркшир

$$y_{ijkl} = FYMb_i + FYMw_j + N_k + A_l + e_{ijkl}$$

2. Для признака крупноплодности в породе йоркшир

$$y_{ijklm} = FYMb_i + FYMw_j + N_k + M_l + A_m + e_{ijklm}$$

3. Для признака многоплодия в породе ландрас

$$y_{ijk} = FYMb_i + FYMw_j + N_k + e_{ijk}$$

4. Для признака крупноплодности в породе ландрас

$$y_{ijkl} = FYMb_i + FYMw_j + N_k + A_l + e_{ijkl}$$

5. Для признака скорости роста в породе йоркшир

$$y_{ijk} = FYMb_i + F_j + W_k + e_{ijk}$$

6. Для признака скорости роста в породе ландрас

$$y_{ijkl} = FYMb_i + S_j + F_k + W_l + e_{ijkl}$$

где y – фенотипическое значение признака; $FYMb$ – «ферма-год-месяц рождения»; $FYMw$ – «ферма-год-месяц опороса»; N – «номер опороса»; S – «пол животного»; F – «количество сибсов в помете»; M – «номер опороса матери, в который родилось животное»; A – «возраст первого опороса»; W – «живая масса при рождении»; e – остаточный эффект модели.

Приведенные уравнения модели в последующем будут использованы для расчета генетического и геномного прогноза племенной ценности свиней пород йоркшир и ландрас по признакам многоплодия, крупноплодности и скорости роста.

Эффективность отбора животных во многом зависит от величины коэффициентов наследуемости, генетических и фенотипических корреляций между признаками, а также от точности их расчета. На основе построенных линейных моделей были вычислены компоненты дисперсии и ковариансы, коэффициенты наследуемости, фенотипические и генетические ковариансы и фенотипические и генетические корреляции. Результаты представлены в таблицах 7, 8.

Как следует из полученных результатов, обе популяции пород свиней характеризуются низкими (многоплодие и крупноплодность) и средними (скорость роста) значениями коэффициентов наследуемости и не выходят за пределы общепринятых величин.

В результате исследований установлено, что показатель количества живых поросят при рождении имеет отрицательную генетическую корреляцию со средней массой поросенка в опросе. Также показатель индивидуальной массы при рождении имеет положительную корреляцию со скоростью роста. Поэтому отбор животных, направленный исключительно на повышение показателей многоплодия, может отрицательно повлиять на показатель средней массы поросенка в опоросе, что в свою очередь отрицательно влияет на скорость роста, а также на другие показатели продуктивности. Этот тезис подтверждается результатами исследований других авторов. Так, по данным Б.И.М. Лопез и соавт. [11], генетическая корреляция между многоплодием и скоростью роста составила $-0,07$ для породы ландрас и $-0,18$ для породы йоркшир. По сообщению Р.О. Репрото [12], увеличение показателя многоплодия отрицательно влияет на показатели однородности поросят по живой массе, что приводит к увеличению доли слабых поросят и снижению их сохранности к отъему. В исследованиях других ученых по оценке генетических параметров свиней породы йоркшир и ландрас [13] была определена отрицательная генетическая корреляция между показателями многоплодия и крупноплодности ($r = -0,35$), а также положительная генетическая корреляция между крупноплодностью и общей массой поросят в помете при рождении ($r = +0,55$).

Таблица 7

Компоненты дисперсии и коэффициенты наследуемости

Table 7

Variance components and heritability estimates

Параметры	Признаки					
	Многоплодие		Крупноплодность		Скорость роста	
	йоркшир	ландрас	йоркшир	ландрас	йоркшир	ландрас
δ_R^2	18,148	17,357	28526,0	27302,0	2974,6	3233,0
δ_G^2	2,9271	2,4897	7132,8	6078,1	1956,3	2471,2
h^2	0,14	0,13	0,20	0,18	0,40	0,43

Примечание. δ_R^2 – остаточная вариация; δ_G^2 – генетическая вариация.

**Генетические и фенотипические ковариансы
и коэффициенты корреляции между признаками**

Table 8

Genetic and phenotypic covariances and correlation coefficients between traits

Порода	Параметры	Признаки	
		Многоплодие – крупноплодность	Крупноплодность – скорость роста
Йоркшир	Covar (P)	-266.22	+2395.01
Ландрас		-296.01	+3288.27
Йоркшир	Covar (G)	-34.68	+896.52
Ландрас		-40.59	+1085.17
Йоркшир	r(P)	-0.37	+0.26
Ландрас		-0.43	+0.35
Йоркшир	r(G)	-0.24	+0.23
Ландрас		-0.33	+0.28

Примечание. Covar (P) – фенотипическая коварианса; Covar (G) – генетическая коварианса; r(P) – фенотипическая корреляция; r(G) – генетическая корреляция.

Таким образом, при формировании селекционных целей и построения селекционного индекса для максимизации генетического прогресса по показателю «Многоплодие» необходимо принимать во внимание и коррелирующие с ним признаки, поскольку улучшение одного признака может повлечь за собой снижение общего генетического прогресса по другим экономически важным признакам.

**Выводы
Conclusions**

Проведен дисперсионный анализ по показателям многоплодия, крупноплодности и скорости роста у свиней породы ландрас и йоркшир. Выявлены факторы, достоверно влияющие на изменчивость данных показателей продуктивности. Установлена нелинейная зависимость влияния фактора «Возраст опороса» на показатели многоплодия и крупноплодности. Построены уравнения смешанной модели для оценки вариантных компонентов и прогноза племенной ценности свиней. Рассчитаны селекционно-генетические параметры: фенотипические и генетические (ко)вариансы, коэффициенты наследуемости и коэффициенты корреляции. Выявлена отрицательная генетическая корреляция между показателями многоплодия и крупноплодности, а также положительная генетическая корреляция между показателями крупноплодности и скорости роста животных. Для максимизации генетического прогресса по комплексу признаков продуктивности отбор по показателю многоплодия рекомендуется производить с учетом показателей средней массы поросенка в помете и скорости роста.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Trukhachev V.I., Oleinik S.A., Zlydnev N.Z., Morozov V.Yu. Adaptation of the Recommendations of the International Committee for Animal Recording (Icar) in Evaluating the Quality of Milk. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2015;6(6):1317-1320. EDN: UWNRFR
2. Dekkers J.C.M., Mathur P.K., Knol E.F. Genetic Improvement of the Pig. In: *The Genetics of the Pig*. Wallingford, UK: CABI. 2011;390-425. <https://doi.org/10.1079/9781845937560.0390>
3. *Теоретические основы генетического совершенствования популяций животных*: Руководство / Сост. С.Н. Харитонов, А.А. Сермягин, Е.Е. Мельникова и др. Дубровицы: Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, 2020. 151 с.
4. Henderson C.R. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics*. 1975;31(2):423. <https://doi.org/10.2307/2529430>
5. Legarra A., Christensen O.F., Aguilar I., Misztal I. Single Step, a General Approach for Genomic Selection. *Livestock Science*. 2014;166:54-65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.04.029>
6. Hofer A. Variance Component Estimation in Animal Breeding: a Review. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 1998;155(6):247-265. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1998.tb00347.x>
7. Храмченко Н.М., Романенко А.В., Ераховец И.А. Расчет селекционно-генетических параметров свиней на основе компонентов общей дисперсии // *Зоотехническая наука Беларуси*. 2017. Т. 52, № 1. С. 132-146
8. Garrick D.J. An Animal Breeding Approach to the Estimation of Genetic and Environmental Trends from Field Populations. *Journal of Animal Science*. 2010;88(13): E3-E10. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2329>
9. Невар К.В. Биометрические модели и селекционно-генетические параметры селекционируемых признаков популяции племенных свиней // *Зоотехническая наука Беларуси*. 2024. Т. 59, № 1. С. 63-73
10. Fu C., Ostersen T., Christensen O.F., Xiang T. Single-step Genomic Evaluation with Metafounders for Feed Conversion Ratio and Average Daily Gain in Danish Landrace and Yorkshire Pigs. *Genet Sel Evol*. 2021;53(1):79. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00670-x>
11. Lopez B.I.M., Song C., Seo K. Genetic Parameters and Trends for Production Traits and Their Relationship with Litter Traits in Landrace and Yorkshire Pigs. *Animal Science Journal*. 2018;89(10):1381-1388. <https://doi.org/10.1111/asj.13090>
12. Reproto R.O. Genetic Selection and Advances in Swine Breeding: a Review of Its Impact on Sow's Reproductive Traits. *International Journal of Research and Review*. 2020;7(10):41-52
13. Zhao Y.X., Gao G.X., Zhou Y. et al. Genome-wide Association Studies Uncover Genes Associated with Litter Traits in the Pig. *Animal*. 2022;16(12):100672. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100672>

References

1. Trukhachev V.I., Oleinik S.A., Zlydnev N.Z., Morozov V.Yu. Adaptation of the Recommendations of the International Committee for Animal Recording (Icar) in Evaluating the Quality of Milk. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2015;6(6):1317-1320.

2. Dekkers J.C.M., Mathur P.K., Knol E.F. Genetic Improvement of the Pig. In: *The Genetics of the Pig*. Wallingford, UK: CABI, 2011;390-425. <https://doi.org/10.1079/9781845937560.0390>
3. Kharitonov S.N., Sermyagin A.A., Melnikova E.E., Osadchaya A.Yu. et al.. *Theoretical basis of genetic improvement of animal populations*. Dubrovitsy, Russia: L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 2020:151. (In Russ.)
4. Henderson C.R. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics*. 1975;31(2):423. <https://doi.org/10.2307/2529430>
5. Legarra A., Christensen O.F., Aguilar I., Misztal I. Single Step, a General Approach for Genomic Selection. *Livestock Science*. 2014;166:54-65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.04.029>
6. Hofer A. Variance component estimation in animal breeding: a review. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 1998;155(6):247-265. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1998.tb00347.x>
7. Hramchenko N.M., Romanenko A.V., Erahovets I.A. Calculation of selection and genetic parameters of pigs based on components of general dispersion. *Zootekhnicheskaya nauka Belarusi*. 2017;52(1):132-146. (In Russ.)
8. Garrick D.J. An Animal breeding approach to the estimation of genetic and environmental trends from field populations. *Journal of Animal Science*. 2010;88(13):E3-E10. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2329>
9. Nevar K.V. Biometric models and selection-genetic parameters of selectable traits of breeding pig population. *Zootekhnicheskaya nauka Belarusi*. 2024;59(1):63-73. (In Russ.)
10. Fu C., Ostersen T., Christensen O.F., Xiang T. Single-step genomic evaluation with metafounders for feed conversion ratio and average daily gain in Danish Landrace and Yorkshire pigs. *Genet Sel Evol*. 2021;53(1):79. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00670-x>
11. Lopez B.I.M., Song C., Seo K. Genetic parameters and trends for production traits and their relationship with litter traits in Landrace and Yorkshire pigs. *Animal Science Journal*. 2018;89(10):1381-1388. <https://doi.org/10.1111/asj.13090>
12. Reproto R.O. Genetic Selection and Advances in Swine Breeding: a Review of Its Impact on Sow's Reproductive Traits. *International Journal of Research and Review*. 2020;7(10):41-52.
13. Zhao Y.X., Gao G.X., Zhou Y., Guo C.X. et al. Genome-wide association studies uncover genes associated with litter traits in the pig. *Animal*. 2022;16(12):100672. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100672>

Сведения об авторах

Антон Васильевич Савинов, аспирант кафедры разведения, генетики и биотехнологии животных, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»; 127550, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: savinovantonv@mail.ru; <http://orcid.org/0000-0002-6770-1990>

Мария Сергеевна Круткина, руководитель аналитического отдела, АО «Агроплем»; 115409, г. Москва, Каширское шоссе, 49; e-mail: info@agroplem.ru; <http://orcid.org/0009-0003-7337-4361>

Александр Михайлович Колов, аналитик, АО «Агроплем»; 115409, г. Москва, Каширское шоссе, 49; e-mail: info@agroplem.ru; <http://orcid.org/0009-0003-7337-4361>

Наталья Сергеевна Алтухова, канд. с.-х. наук, доцент кафедры разведения, генетики и биотехнологии животных, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»; 127550, Российская

Федерация, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49; e-mail: n.altukhova@rgau-msha.ru;
<http://orcid.org/0000-0001-6169-3953>

Белова Марина Владимировна, начальник селекционно-генетического управления, ООО «Башкирская мясная компания»; 450001, Российская Федерация, г. Уфа, ул. Проспект Октября, 1; <http://orcid.org/0009-0006-5259-6549>

Андрей Иванович Рудь, д-р с.-х. наук, руководитель научно-исследовательского отдела селекции животных, ООО «Башкирская мясная компания»; 450001, Российская Федерация, г. Уфа, ул. Проспект Октября, 1; <http://orcid.org/0000-0001-8893-2846>

Илья Владимирович Рукин, директор по научным исследованиям и разработкам, АО «Агроплем»; 115409, г. Москва, Каширское шоссе, 49; e-mail: info@agroplem.ru; <http://orcid.org/0000-0003-4093-3254>

Information about the authors

Anton V. Savinov, post graduate student of the Department of Animal Breeding, Genetics and Biotechnology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 49 Timiryazevskaya St., Moscow, 127550, Russian Federation; e-mail: savinovantonv@mail.ru; <http://orcid.org/0000-0002-6770-1990>

Maria S. Krutkina, Head of Analytics Department, JSC “Agroplem”; 49 Kashirskoe Hwy., Moscow, 115409, Russia; e-mail: info@agroplem.ru; <https://orcid.org/0009-0008-0616-3990>

Aleksandr M. Kolov, Analyst, JSC “Agroplem”; 49 Kashirskoe Hwy., Moscow, 115409, Russia; e-mail: info@agroplem.ru; <http://orcid.org/0009-0003-7337-4361>

Natalia S. Altukhova, CSc (Ag), Associate Professor, Associate Professor at the Department of Animal Breeding, Genetics and Biotechnology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 49 Timiryazevskaya St., Moscow, 127550, Russian Federation; e-mail: n.altukhova@rgau-msha.ru; <http://orcid.org/0000-0001-6169-3953>

Marina V. Belova, Head of the Selection Department, LLC “Bashkir Meat Company”; 1 Prospekt Oktyabrya St., Ufa, 450001, Republic of Bashkortostan, Russia; <http://orcid.org/0009-0006-5259-6549>

Andrey I. Rud, DSc (Ag), Head of the Research Department of Animal Breeding, LLC “Bashkir Meat Company”; 1 Prospekt Oktyabrya St., Ufa, 450001, Republic of Bashkortostan, Russia; <http://orcid.org/0000-0001-8893-2846>

Ilya V. Rukin, Director of Research and Development, JSC “Agroplem”; 49 Kashirskoe Hwy., Moscow, 115409, Russia; e-mail: info@agroplem.ru; <http://orcid.org/0000-0003-4093-3254>