

<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.923-934>

УДК 636.028:575.174

Выравнивание генеалогического ландшафта в селекционной группе мини-свиней© 2026. К. С. Шатохин¹✉, С. В. Никитин², С. П. Князев¹, В. И. Запорожец², Е. В. Коршунова², В. И. Ермолаев¹¹ФГБОУ ВО «Сибирский государственный университет инженерии и биотехнологий», г. Новосибирск, Российская Федерация,²ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН), г. Новосибирск, Российская Федерация

Цель исследований – анализ изменений генеалогического ландшафта в закрытой селекционной группе мини-свиней селекции ИЦиГ СО РАН на протяжении девяти поколений – с 8-го по 16-е. Исследование базируется на изучении динамики показателя «доля крови» крупной формы домашней свиньи в стаде мини-свиней (247 особей). Обработку и оценку достоверности данных осуществляли с использованием комплекса статистических параметров и критериев: Манна-Кендала, Коновера-Имана. В статье рассмотрены результаты применения такого абстрактного, и, как многими принято сейчас считать, архаичного показателя, как «доля крови» для анализа генетико-популяционных процессов. Данный показатель отражает вероятную долю генома родоначальника или исходной для популяции формы в геноме потомков. Он является индивидуальной характеристикой особи и может рассматриваться как количественный признак. В этом качестве показатель «доля крови» применили для анализа процесса стабилизации генеалогического ландшафта, отражающего выравнивание генофонда популяции – автоматического процесса «перемешивания» генетического материала родоначальников в популяциях и выравнивание отдельных особей по доле этого материала в геноме. Под термином «генеалогический ландшафт» понимается количественный, но не качественный вклад родоначальников в геном особей, составляющих популяцию. Последствием этого процесса является выравнивание генеалогического ландшафта. Величина «долей крови» родоначальников будет изменяться в ряду поколений до тех пор, пока между особями существуют различия по данному показателю. В каждом следующем поколении эти различия будут уменьшаться до тех пор, пока не исчезнут. Признаками, по которым можно судить об окончании выравнивания генеалогического ландшафта, являются нулевые значения наблюдаемых диапазонов вариации и стандартных отклонений, а также равенство минимального, максимального и среднего значений «доли крови» каждого родоначальника. Исследование полностью подтвердило выполнение всех последствий данного процесса в «закрытой» селекционной группе мини-свиней ИЦиГ СО РАН, а также показало, что данный процесс предположительно должен закончиться в 17–30-м поколениях. Таким образом, было показано, что, несмотря на свою архаичность, показатель «доля крови» вполне пригоден для корректного анализа внутривидовых процессов.

Ключевые слова: «доля крови», стабилизация, крупная форма домашней свиньи, мелкая форма домашней свиньи, сельское хозяйство

Благодарности: исследование выполняли при поддержке Минобрнауки в рамках Государственного задания ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (тема № FWNR-2026-0028).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Шатохин К. С., Никитин С. В., Князев С. П., Запорожец В. И., Коршунова Е. В., Ермолаев В. И. Выравнивание генеалогического ландшафта в селекционной группе мини-свиней. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2026;27(4):923–934. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.923-934>

Поступила: 20.10.2025

Принята к публикации: 05.08.2026

Доработана после рецензирования: 22.01.2026

Опубликована онлайн: 31.08.2026

Leveling the genealogical landscape in the breeding group of mini pigs

© 2026. Kirill S. Shatokhin¹✉, Sergey V. Nikitin², Sergey P. Knyazev¹, Vera I. Zaporozhets², Elena V. Korshunova², Victor I. Ermolaev¹

¹Siberian State University of Engineering and Biotechnology, Novosibirsk, Russian Federation,

²Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (IC&G SB RAS), Novosibirsk, Russian Federation

The purpose of the research is to analyze changes in the genealogical landscape in a closed breeding group of mini pigs bred by the IC&G SB RAS over nine generations – from the 8th to the 16th. The research is based on the study of the dynamics of the "blood proportion" indicator of a large form of domestic pig in a herd of mini pigs (247 individuals). The data were processed and evaluated using a set of statistical parameters and criteria: Mann-Kendall, Conover-Iman. The article presents the results of using the abstract and, as is now widely recognized, archaic concept of "blood proportion" for the analysis of genetic and population processes. This indicator represents the expected proportion of the founder's genome or the original population form retained in the genomes of its descendants. It is an individual characteristic of an organism and can be considered a quantitative feature. As such, "blood proportion" indicators were used to analyze the process of stabilizing the genealogical landscape, reflecting the equalization of the population's gene pool – the automatic process of "mixing" the genetic material of the population founders and the leveling of individuals according to the proportion of this material in the genome. The term "genealogical landscape" refers to the quantitative, but not qualitative, contribution of the founders to the genome of the individuals making up the population. The consequence of this process is the leveling of the genealogical landscape. The founders' "blood proportions" will continue to change over successive generations as long as variation in this measure persists among individuals. In each succeeding generation, these differences will decrease until they disappear. The signs by which one can judge the end of the leveling of the genealogical landscape are the zero values of the observed ranges of variation and standard deviations, as well as the equality of the minimum, maximum and average values of the blood proportion of each ancestor. The study fully confirmed the fulfillment of all the consequences of this process in the "closed" breeding group of mini pigs bred by IC&G SB RAS and showed that this process should be over in the 17–30th generations. Thus, the results demonstrate that, despite its archaic nature, the "blood proportion" indicator remains a valid tool for analyzing intrapopulation processes.

Keywords: "blood proportion", stabilization, large form of domestic pig, small form of domestic pig, agriculture

Acknowledgments: the research was carried out under the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the state assignment of the Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (theme No. FWNR-2026-0028).

The authors thank the reviewers for their contributions to the peer review of the work.

Conflict of interest: the authors declared no conflict of interest.

For citation: Shatokhin K. S., Nikitin S. V., Knyazev S. P., Zaporozhets V. I., Korshunova E. V., Ermolaev V. I. Leveling the genealogical landscape in the breeding group of mini pigs. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2026;27(4):923–934. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.923-934>

Received: 20.10.2025

Revised: 22.01.2026

Accepted for publication: 05.08.2026

Published online: 31.08.2026

Начиная с 2000-х годов, в генетике появляется термин «генетический ландшафт», означающий распределение частот аллелей под влиянием естественного отбора, дрейфа генов, мутаций и потока генов [1, 2]. Было показано, что изучение вклада родоначальников популяции по данным родословных может быть альтернативой привычному изучению генетического ландшафта [3]. Для популяций лабораторных и сельскохозяйственных животных это наблюдение особенно актуально, так как позволяет изучать генетический ландшафт, базируясь чисто на информации о происхождении стада без привлечения данных изучения однонуклеотидных полиморфизмов (*Single Nucleotide Polymorphism*, SNP) и микросателлитных локусов (*Short Tan-*

dem Repeats, STR) при условии качественного ведения записей родословных [4, 5]. В исследованиях применяли так называемые «доли крови», показывающие условный вклад генов родоначальника в структуру популяции [6, 7]. Поэтому в настоящем исследовании термин «генетический ландшафт» был заменён на более корректный – «генеалогический ландшафт». Генеалогический ландшафт популяции является отражением её генофонда, но не идентичен ему. Он показывает количественный, но не качественный вклад родоначальников в геном особей, составляющих популяцию.

В любой популяции всегда происходит автоматический процесс, который можно назвать «перемешиванием» генетического материала родоначальников. Результатом этого

процесса является выравнивание вклада родоначальников в геном особей, составляющих популяцию. При выравнивании генеалогического ландшафта индивидуальные значения «долей крови» могут изменяться в ряду поколений до момента исчезновения различий между особями. Однако в каждом следующем поколении эти различия будут уменьшаться до тех пор, пока не исчезнут. Таким образом, данный процесс постепенно сужает диапазон вариации значений «долей крови», что приводит к снижению их стандартных отклонений. В отсутствии отбора средние для поколений значения «долей крови» родоначальников будут колебаться вокруг общих для всех поколений постоянных величин [8]. При наличии отбора, колебания средних будут следовать за изменениями, производимыми отбором [9, 10, 11]. Окончание выравнивания генеалогического ландшафта означает нулевые значения наблюдаемых диапазонов вариации и стандартных отклонений, а также равенство минимального, максимального и среднего значений «доли крови» каждого родоначальника.

Генеалогический ландшафт, являясь отражением генофонда популяции и, соответственно, присущего ей генетического груза, гипотетически может служить своеобразным индикатором его распределения между особями [12, 13, 14]. Если предположить, что в ходе селекции генеалогическое разнообразие популяции значительно сокращается, это может создать условия для накопления и проявления ранее скрытых рецессивных мутаций, унаследованных от ограниченного круга основателей. В свиноводстве показательным примером является повышение частоты рецессивного аллеля гена (*R_{YR-1}*), ассоциированного со стрессчувствительностью [15], при селекции стада на высокий убойный выход [16]. Теоретически, подобные процессы способны привести к постепенному снижению жизнеспособности всей популяции и в перспективе – к её исчезновению. Подобный сценарий, возможно, был причиной исчезновения некоторых пород сельскохозяйственных животных [17, 18].

Мини-свиньи селекции ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН) уже 16 поколений существуют как малочис-

ленная группа, происходящая от семи хряков и пяти свиноматок, представляющих крупную и мелкую формы домашней свиньи [19]. С 8-го по 16-е поколение группа существовала без скрещиваний с животными из других стад. Всё это делает мини-свиней ИЦиГ СО РАН удобным объектом для проверки положений, следующих из концепции выравнивания генеалогического ландшафта. Подтверждением тому служит исследование динамики выщепления генетического груза [20].

Цель исследований – анализ изменений генеалогического ландшафта в закрытой селекционной группе мини-свиней ИЦиГ СО РАН на протяжении девяти поколений – с 8-го по 16-е.

Научная новизна – описание процесса выравнивания генеалогического ландшафта в ряде поколений с использованием «доли крови» крупной формы домашней свиньи в качестве исходных данных.

Материал и методы. Исследование базируется на изучении динамики «доли крови» крупной формы домашней свиньи в стаде мини-свиней ИЦиГ СО РАН. В анализ данных вовлечены записи зоотехнического учёта 247 особей репродуктивного ядра (эффективной части популяции, Ne) мини-свиней ИЦиГ СО РАН 8–16-го поколений. В анализ были включены лишь те животные, по которым имеются записи об отце и матери. Таким образом, анализ данных осуществляли только на тех животных, полнота родословных которых была максимально известна. Подробное описание родословных представлено в одной из предыдущих работ [19].

Для каждой особи были рассчитаны «доли крови» крупной и мелкой форм домашней свиньи по формуле:

$$P_i = \frac{P_m + P_f}{2},$$

где P_i – «доля крови» крупной/мелкой форм у особи, P_m и P_f – «доли крови» крупной/мелкой формы у отца и матери [19]. Были изучены динамики следующих показателей вариации: минимального значения (*min*); максимального значения (*max*); диапазона вариации (*RANGE*) и стандартного отклонения (*SD*). Диапазон вариации «долей крови» вычисляли как разность максимального и минимального значений по формуле $RANGE = max - min^1$.

¹Conover W. J. Practical nonparametric statistics. New York, NY Weinheim: Wiley, 1999. 3 ed. 584 p.
URL: https://books.google.ru/books?id=dYEpAQAAAJ&redir_esc=y

«Доли крови» крупной и мелкой форм домашней свиньи являются двумя дополняющими друг друга количественными признаками отдельной особи, сумма которых равна единице: $P_k + P_m = 1$, где P_k – «доля крови» крупной, P_m – «доля крови» мелкой формы. Поэтому стандартные отклонения и статистические ошибки P_k и P_m идентичны; все динамики показателей вариации P_k и P_m зеркально-симметричны; коэффициенты корреляции и регрессии P_k и P_m имеют равные абсолютные значения, но противоположные знаки. Благодаря перечисленным свойствам достаточно рассчитать показатели и построить динамики для «доли крови» одной из форм, чтобы получить их и для второй. В исследовании для этой цели использовали «долю крови» крупной формы (P_k). Перечисленные величины являются количественными признаками отдельной особи, поэтому все статистические операции с ними проводили соответствующими методами².

Обработку данных осуществляли в среде программирования R. Достоверность динамики «доли крови» крупной формы домашней свиньи оценивали с помощью критерия Манна-Кен-

дала [21]. В качестве дополнительного метода оценки динамики был использован регрессионный анализ. Так как зависимая переменная представляет собой десятичные дроби от 0 до 1, было решено воспользоваться бета-регрессией при помощи библиотеки *betareg* (3.2-3) [22, 23]. Доверительные интервалы моделей были получены с уровнем доверия 95 %. Сравнение коэффициентов регрессии проводили с использованием t-критерия Стьюдента³.

Результаты и их обсуждение. Динамики показателей «доли крови» крупной формы домашней свиньи полностью соответствуют изменениям, ожидаемым при выравнивании генеалогического ландшафта. Стандартное отклонение, фактический диапазон вариации и максимальные значения достоверно снижаются; минимальные значения достоверно растут; снижение среднего значения «доли крови» крупной формы статистически незначимо, что отражено критерием Манна-Кендала (табл. 1). В целом, можно констатировать, что происходит достоверное сужение диапазона вариации признака при относительно стабильном среднем значении.

Таблица 1 – Динамики изменений показателей «доли крови» крупной формы домашней свиньи у мини-свиней /

Table 1 – Dynamics of changes in the “blood proportion” indicators of a large form of domestic pig in mini pigs

Поколение / Generation	Число особей / Number of individuals	SD	RANGE	max	min	P_k
8	21	0,0527	0,266	0,414	0,148	0,263
9	20	0,0416	0,152	0,379	0,227	0,269
10	25	0,0329	0,137	0,334	0,197	0,257
11	19	0,0268	0,087	0,308	0,221	0,257
12	17	0,0217	0,065	0,297	0,232	0,264
13	28	0,0202	0,066	0,300	0,234	0,261
14	63	0,0169	0,064	0,298	0,234	0,259
15	39	0,0114	0,046	0,282	0,236	0,258
16	15	0,0121	0,029	0,270	0,241	0,252
τ	-	-0,944 (0,0006)	-0,944 (0,0006)	-0,889 (0,0012)	+0,873 (0,0017)	-0,004 (0,9202)

Примечания: SD – стандартное отклонение; RANGE – диапазон вариации; P_k – «доля крови» крупной формы; τ – значение критерия Манна-Кендала при соответствующем уровне значимости (p-value) /

Notes: SD is the standard deviation; RANGE is the range of variation; P_k is the “blood proportion” of a large shape; τ is the value of the Mann-Kendall criterion at the appropriate level of significance (p-value)

²Conover W. J. Указ. соч.

³Wooldridge J. M. Introductory econometrics: a modern approach. 4 ed., student ed. Mason, Ohio: South-Western, 2009. 865 p. URL: https://commecsinsitute.edu.pk/wp-content/uploads/2024/08/IntroductoryEconometrics_AModernApproach_Fourth-Edition_Jeffrey_Wooldridge.pdf

Динамику «доли крови» крупной формы представили на графике (рис. 1), где показано, что тренд среднего значения показателя практически параллелен оси абсцисс. С учётом недо-

стоверного значения критерия Манна-Кендала (табл. 1) можно сказать, что «доля крови» крупной формы домашней свиньи стабильна в ряде поколений.

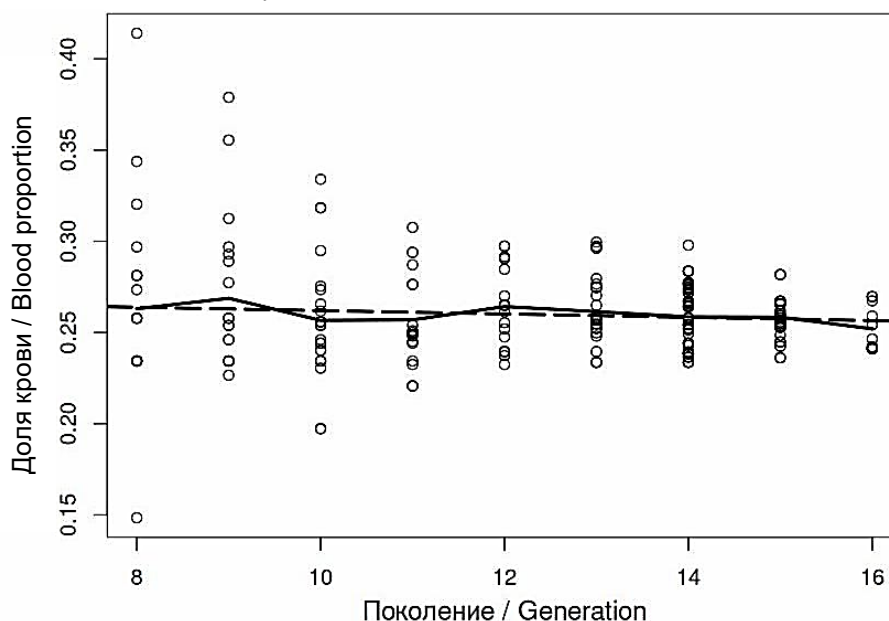


Рис. 1. Динамика «доли крови» крупной формы домашней свиньи в стаде мини-свиней. Сплошная линия – фактическая динамика, пунктирная – тренд линейной бета-регрессии /

Fig. 1. Dynamics of «blood proportion» of a large form of domestic pig in a herd of mini pigs. The blue line is the actual dynamics, the dotted line is the trend of linear beta regression

Создаётся впечатление, что динамики минимального и максимального значений нелинейны (рис. 1). С учётом достоверности динамики показателей вариации, например *min*, *max*, *SD*, *RANGE* (табл. 1), был проведён их детальный анализ с помощью линейной модели бета-регрессии (табл. 2), а их графики представлены на рисунке 2. Низкие значения критерия Акаике указывают на хорошее качество моделей. Значения критерия детерминации

(P_s , R^2) показывают, что представленная модель описывает $\approx 54\%$ изменчивости минимума, более 80% максимума и размаха изменчивости «доли крови» крупной формы домашней свиньи в стаде мини-свиней ИЦиГ СО РАН. Доля изменчивости стандартного отклонения, описываемая моделью, приближается к 100% . Все коэффициенты бета-регрессии были в пределах доверительного интервала (табл. 2)

Таблица 2 – Параметры линейной модели зависимости «доли крови» крупной формы домашней свиньи от номера поколения мини-свиней /

Table 2 – Parameters of the linear model of the dependence of the «blood proportion» of a large form of domestic pig on the generation number of mini pigs

Показатель / Parameter	<i>beta</i>	<i>std. error</i>	<i>z</i>	<i>p-value</i>	P_s , R^2	<i>LCI</i>	<i>UCI</i>	<i>AIC</i>
min	0,049	0,015	3,296	0,001	0,54	0,0199	0,0783	-39,25
max	-0,073	0,010	-7,059	<0,001	0,85	-0,0931	-0,0526	-41,61
RANGE	-0,284	0,029	-9,987	<0,001	0,93	-0,3399	-0,2284	-42,85
SD	-0,200	0,009	-22,830	<0,001	0,97	-0,2173	-0,1829	-85,28

Примечания: *beta* – коэффициент бета-регрессии β_1 ; *std. error* – ошибка коэффициента регрессии; *z* – оценка достоверности модели с помощью *z*-критерия; P_s , R^2 – аналог коэффициента детерминации в обычной линейной модели; *LCI* – нижняя граница доверительного интервала; *UCI* – верхняя граница доверительного интервала; *AIC* – критерий Акаике /

Notes: *beta* is the beta regression coefficient β_1 ; *std. error* is the error of the regression coefficient; *z* – estimation of the reliability of the model using the *z*-criterion; P_s , R^2 – is an analog of the coefficient of determination in a conventional linear model; *LCI* – lower confidence interval; *UCI* – upper confidence interval; *AIC* is the Akaike criterion

Сравнительный визуальный анализ фактической динамики и линейной аппроксимации (рис. 2) в сочетании с относительно низким коэффициентом детерминации (табл. 2) показывают, что нелинейная динамика характерна только для минимальных значений «доли крови». Основная причина нелинейности – резкий скачок минимума между 8-9-м поколениями. С учётом малочисленности выборки и практикуемой в стаде цикличной системы подбора [24] данный факт можно объяснить

особенностями разведения, характерными именно для мини-свиней ИЦиГ СО РАН, или же случайностью. Так или иначе, это отразилось на качестве модели динамики минимума: наименьший коэффициент детерминации и наибольший критерий Акаике среди всех показателей. Динамика максимума, диапазона вариации и стандартного отклонения вполне подходят для описания линейной моделью бета-регрессии (рис. 2, табл. 2).

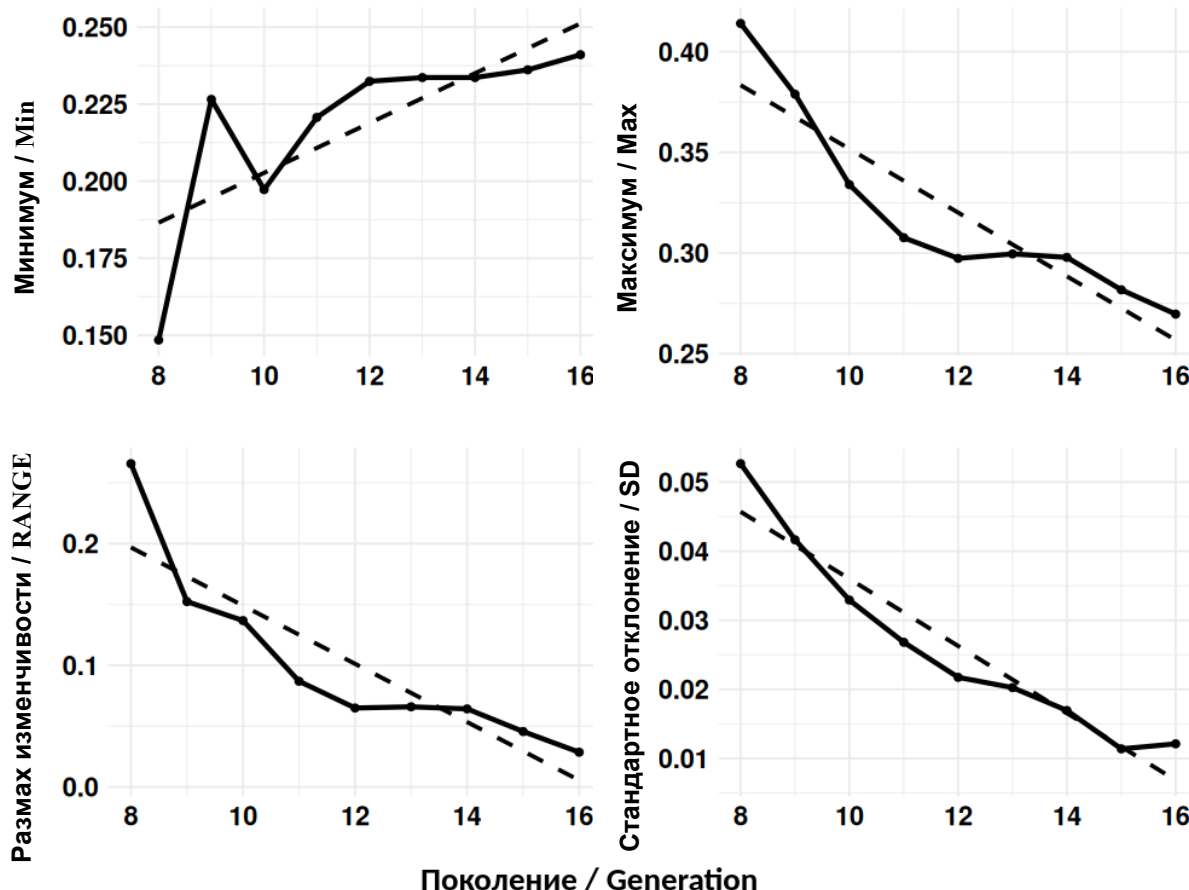


Рис. 2. Динамика показателей изменчивости «доли крови» крупной формы домашней свиньи в стаде мини-свиней. Пунктирной линией обозначен линейный тренд /

Fig. 2. Dynamics of the variability of «blood proportions» of a large form of domestic pig in the herd of mini pigs. The dotted line indicates a linear trend

Однако заметно, что динамики минимума и максимума имеют перегиб в 12-м поколении (рис. 1, 2), поэтому динамику показателей вариации разделили на два линейных отрезка – с 8-го по 12-е и с 12-го по 16-е поколение. Получившиеся фрагменты динамики были описаны двумя независимыми линейными моделями бета-регрессии (табл. 3). Коэффициенты регрессии у всех используемых моделей находились в пределах доверительного интервала.

Качество модели динамики минимального и среднего значений при разделении на два отрезка улучшилось, что можно наблюдать по критерию Акаике и P_s . R^2 за 12–16 поколение. Можно предположить, что недостоверность коэффициента регрессии среднего значения в 8–12-м поколениях является результатом более широкого диапазона случайной вариации в данный период и соответственно большими статистическими ошибками, на что указывает низкий P_s . R^2 (табл. 3).

Таблица 3 – Описание динамик показателей изменчивости «долей крови» крупной формы домашней свиньи с учётом разделения по поколениям /

Table 3 – Description of the dynamics of the variability of «blood proportions» of a large form of domestic pig, considering the division by generations

Показатель / Criterion	beta	std. error	z	p-value	Ps. R ²	LCI	UCI	AIC
8–12-е поколение / 8 th –12th generation								
mean	-0,005	0,007	0,683	0,495	0,085	-0,019	0,009	-34,082
min	0,102	0,041	2,485	0,013	0,557	0,022	0,184	-18,375
max	-0,135	0,012	11,592	<0,001	0,963	-0,158	-0,112	-27,782
RANGE	-0,404	0,040	10,052	<0,001	0,964	-0,482	-0,325	-22,932
SD	-0,231	0,004	60,580	<0,001	0,999	-0,238	-0,224	58,395
12–16-е поколение / 12th–16th generation								
mean	-0,014	0,002	7,171	<0,001	0,911	-0,018	-0,010	-46,968
min	0,011	0,002	4,832	<0,001	0,823	0,007	0,015	-46,313
max	-0,036	0,009	4,171	<0,001	0,781	-0,052	-0,019	-31,757
RANGE	-0,186	0,050	-3,707	0,0002	0,772	-0,284	-0,088	-31,756
SD	-0,177	0,027	-6,484	<0,001	0,881	-0,230	-0,123	-45,903

Примечания: beta – коэффициент бета-регрессии β_1 ; std.error – ошибка коэффициента регрессии; z – оценка достоверности модели при помощи z-критерия; Ps. R² – аналог коэффициента детерминации в обычной линейной модели; LCI – нижняя граница доверительного интервала; UCI – верхняя граница доверительного интервала; AIC – критерий Акаике /

Notes: beta is the beta regression coefficient β_1 ; std.error is the error of the regression coefficient; z – estimation of the reliability of the model using the z-criterion; Ps. R² – is an analog of the coefficient of determination in a conventional linear model; LCI – lower confidence interval; UCI – upper confidence interval; AIC – Akaike criterion

Коэффициенты линейной бета-регрессии диапазона вариации признака и максимального значения «доли крови» крупной формы домашней свиньи в 8–12-м поколениях статистически значимо выше, чем в 12–16-м (табл. 4).

Наибольший интерес вызывает следующая особенность. Коэффициент регрессии средних значений недостоверен в 8–12-м поколениях и статистически значим в 12–16-м (табл. 3). Разница между коэффициентами регрессии,

как и в случае минимального значения и стандартного отклонения, недостоверна (табл. 4). Так как общая динамика «доли крови» была недостоверной (табл. 1), было принято решение о проверке её статистической значимости с помощью критерия Коновера-Имана⁴, позволяющего построить матрицу оценки достоверности значений доли крови между всеми поколениями. Достоверных различий между поколениями таким способом не обнаружено (табл. 5).

Таблица 4 – Оценка различий коэффициентов регрессии между динамиками «доли крови» крупной формы домашней свиньи в 8–12-м и 12–16-м поколениях /

Table 4 – Assessment of the differences in regression coefficients between the dynamics of «blood proportions» of a large form of domestic pig in the 8th–12th and 12th–16th generations

Показатель / Criterion	t-критерий Стьюдента / Student's t-test	Уровень значимости, P _f / The level of significance, P _f
Mean	1,342	Незначимо / Unimportant
Min	2,222	
Max	21,543	< 0,001
Range of variation	7,267	< 0,001
SD	2,022	Незначимо / Unimportant

Примечания: табличные значения P_t при df = 4: для P < 0,05 = 2,78, P < 0,01 = 4,60, P < 0,001 = 8,61 /

Notes: table values P_t by df = 4: for P < 0.05 = 2.78, P < 0.01 = 4.60, P < 0.001 = 8.61

⁴Conover W. J. Указ. соч.

Таблица 5 – Оценка достоверности различий «доли крови» между поколениями с помощью метода Коновера-Имана /

Table 5 – Assessment of the reliability of differences in «blood proportion» between generations using the Conover-Iman method

Поколение / Generation	8	9	10	11	12	13	14	15	16
8	-	-0,475	-0,202	-0,080	1,073	0,787	0,643	0,771	-0,410
9	0,317	-	-0,694	-0,543	0,611	0,268	0,052	0,219	-0,841
10	0,420	0,244	-	-0,113	-1,304	-1,043	-0,938	-1,048	0,242
11	0,468	0,294	0,455	-	-1,125	-0,850	-0,716	-0,837	0,328
12	0,142	0,271	0,097	0,131	-	0,400	0,689	0,486	1,380
13	0,216	0,394	0,149	0,198	0,345	-	0,287	0,074	1,143
14	0,261	0,479	0,175	0,237	0,246	0,387	-	-0,230	1,046
15	0,221	0,413	0,148	0,202	0,314	0,470	0,409	-	1,143
16	0,341	0,201	0,405	0,372	0,084	0,127	0,148	0,127	-

Примечания: сверху от диагонали представлены значения критерия Коновера-Имана, снизу – оценка их достоверности (p-value) /

Notes: The values of the Conover-Iman criterion are shown on top of the diagonal, and their reliability (p-value) is shown below

По результатам моделирования на протяжении всего исследования (табл. 2) и в период с 12-го по 16-е поколение (табл. 3) было спрогнозировано окончание выравнивания генеалогического ландшафта (рис. 3). Конечной точкой прогнозирования было выбрано 30-е поколение. Основным критерием, указывающим на окончание генеалогического ландшафта, служила точка пересечения минимума и максимума. Результаты прогнозирования по данным 12–16 поколений показывают, что минимальное и максимальное значения «доли крови» крупной формы домашней свиньи сравниваются в 20-м поколении (рис. 3, А). Моделирование динамики по данным 8–16 поколений показывает равенство минимальных и максимальных значений уже в 17-м поколении (рис. 3, Г).

Примечательно, что динамики прогнозирования стандартного отклонения (рис. 3, Б, 3, Д) и диапазона вариации (рис. 3, В, 3, Е) на этом не угадают, и стремятся к нулю лишь к 30-му поколению. Следовательно, завершение выравнивания генеалогического ландшафта в стаде мини-свиней ИЦиГ СО РАН по «доле крови» крупной формы домашней свиньи ожидается в интервале между 16-м и 30-м поколениями. При моделировании до 30-го поколения становится очевидным нелинейный характер снижения показателей изменчивости: стандартное отклонение и диапазон вариации.

Результаты разделения динамик оказались весьма интересными (табл. 3). Значения коэффициентов детерминации (P_s , R^2) в 8–12-м (0,085) и в 12–16-м поколениях (0,911) позволяют выделить два этапа изменений «доли крови» крупной формы в стаде мини-свиней. 1-й этап: «доля крови» крупной формы случайна у каждой особи, и в целом статична. Для данного этапа характерна стабилизация значения у каждой конкретно взятой особи и выравнивание показателя в целом по стаду. 2-й этап – систематическое снижение «доли крови» от поколения к поколению. Впрочем, полностью подтвердить данный факт не удалось, на что указывает отсутствие достоверной разницы между поколениями по методу Коновера-Имана (табл. 5). В принципе эти результаты позволяют отвергнуть гипотезу о присутствии в селекционной группе мини-свиней ИЦиГ СО РАН отбора, направленного против фрагментов генома крупной формы домашней свиньи. Вполне возможно, что выравнивание генеалогического ландшафта по «доле крови» крупной формы домашней свиньи в стаде в данном случае является следствием инбридинга и малочисленности стада. Подробнее об инбридинге и его эффекте на воспроизводство в условиях малочисленного стада мини-свиней ИЦиГ СО РАН было рассмотрено в предыдущих работах [20, 25, 26].

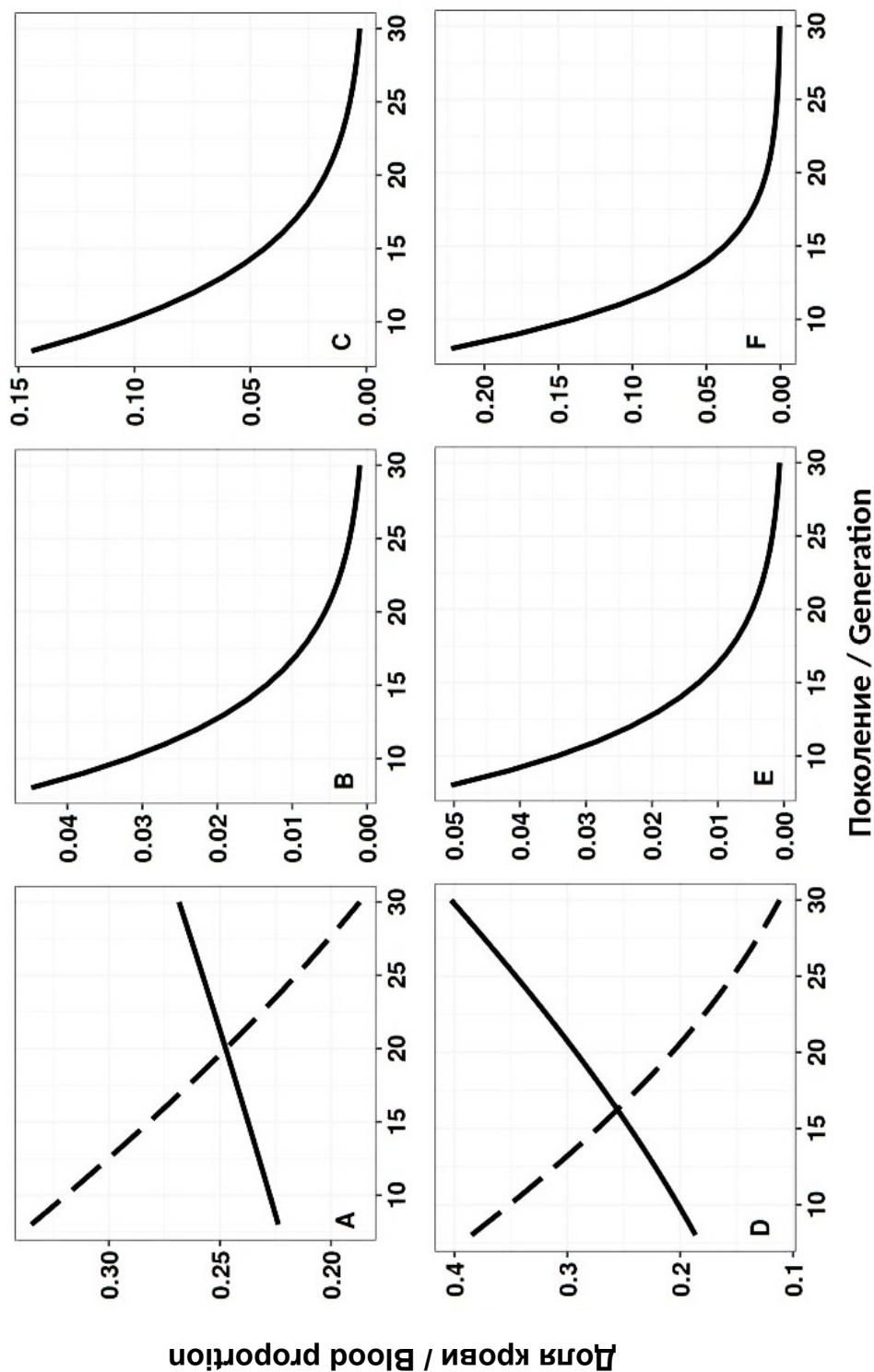


Рис. 3. Прогнозирование показателей вариации «доли крови»: А – минимум и максимум (пунктиром) с 8-го по 12-е поколения, Б – стандартное отклонение с 8-го по 12-е поколения, В – размах изменчивости с 8-го по 12-е поколения, Г – минимум и максимум (пунктиром) с 8-го по 16-е поколения / Д – стандартное отклонение с 8-го по 16-е поколения, Е – размах изменчивости с 8-го по 16-е поколения /
Fig 3. Prediction of variation indicators of «blood proportion»: А – minimum and maximum (dotted) 8th-12th generations, В – standard deviation 8th-12th generations, С – the range of variability 8th-12th generations, D – minimum and maximum (dotted) 8th-16th generations, Е – standard deviation 8th-16th generations, F – the range of variability 8th-16th generations

Выводы. 1. В ходе исследования были получены аргументы, которые на данный момент демонстрируют несостоятельность теории отбора против фрагментов генома, унаследованных мини-свиньями ИЦиГ СО РАН от крупной формы домашней свиньи. Это отсутствие достоверных изменений «доли крови» крупной формы на протяжении всего изучаемого периода, на что указывает оценка методом Манна-Кендала, а также не выявлено

разницы между всеми поколениями, показанной методом Коновера-Имана.

2. Теоретически окончание выравнивания генеалогического ландшафта ожидается в 17–30-м поколениях. Следует учитывать, что данные по поколениям зависимы, и это ограничивает интерпретацию трендов. Анализ до 30-го поколения носит условный/иллюстративный характер, а не точный популяционный прогноз.

References

1. Соколова Е. А., Филипенко М. Л., Воронина Е. Н., Барсукова М. А., Донченко Н. А., Афонюшкин В. Н., Шеманаев С. А. Изучение частот однонуклеотидного полиморфизма *Ser638Arg* гена *CAST* у свиней кросса PIC. Ветеринария и кормление. 2019;(7):6–8. DOI: <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2019-7-1> EDN: GVVCM5
1. Sokolova E. A., Filipenko M. L., Voronina E. N., Barsukova M. A., Donchenko N. A., Afonyushkin V. N., Shemanayev S. A. Study of the frequencies of the singlenucleotide polymorphism *Ser638Arg* of the *CAST* gene in pigs of the crossbred pic. *Veterinariya i kormleniye*. 2019;(7):6–8. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2019-7-1>
2. Montgelard C., Zenboudji S., Ferchaud A.-L., Arnal V., van Vuuren B. J. Landscape genetics in mammals. *Mammalia*. 2014;78(2):139–157. DOI: <https://doi.org/10.1515/mammalia-2012-0142>
3. Chen N., Juric I., Cosgrove E. J., Bowman R., Fitzpatrick J. W., Schoech S. J. et al. Allele frequency dynamics in a pedigreed natural population. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2019;116(6):2158–2164. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1813852116>
4. Камалдинов Е. В., Петров А. Ф., Нарожных К. Н., Пальчиков П. Н. Оценка качества генеалогических данных в племенных предприятиях Западной Сибири. Животноводство и кормопроизводство. 2024;107(4):53–67. DOI: <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-4-53> EDN: MPPSIX
4. Kamaldinov E. V., Petrov A. F., Narozhnykh K. N., Pal'chikov P. N. Assessment of the quality of genealogical data in breeding enterprises of Western Siberia. *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo = Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(4):53–67. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-4-53>
5. Saura M., Pérez-Figueroa A., Fernández J., Toro M. A., Caballero A. Preserving population allele frequencies in ex situ conservation programs. *conservation biology*. 2008;22(5):1277–1287. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2008.00992.x>
6. Дубинин Н. П., Глембоцкий Я. Л. Генетика популяций и селекция. М.: Наука, 1967. 591 с. Режим доступа: https://rusneb.ru/catalog/000199_000009_006143479/
6. Dubinin N. P., Glembockiy Ya. L. Population genetics and breeding. Moscow: *Nauka*, 1967. 591 p. URL: https://rusneb.ru/catalog/000199_000009_006143479/
7. Животовский Л. А. Две ветви исследования популяционной структуры вида - экологическая и генетическая: история, проблемы, решения. *Генетика*. 2017;53(11):1244–1253. DOI: <https://doi.org/10.7868/S0016675817110133> EDN: ZSUGUF
7. Zhivotovskiy L. A. Two branches, ecological and genetic, in studying the species population structure: history, problems, and solutions. *Genetika = Russian Journal of Genetics*. 2017;53(11):1244–1253. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.7868/S0016675817110133>
8. Martin S. H., Amos W. Signatures of Introgression across the allele frequency spectrum. *Molecular Biology and Evolution*. 2021;38(2):716–726. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa239>
9. Iwasa Y. Conflict theory of genomic imprinting in mammals. *Population Ecology*. 2020;62(1):28–37. DOI: <https://doi.org/10.1002/1438-390X.12016>
10. Hay B. A., Guo M. Gene drive-mediated population elimination for biodiversity conservation. When You Come to a Fork in the Road, Take It. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2022;119(51):e2218020119. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.2218020119>
11. Zagoskin M. V., Wang J. Programmed DNA elimination: silencing genes and repetitive sequences in somatic cells. *Biochemical Society Transactions*. 2021;49(5):1891–1903. DOI: <https://doi.org/10.1042/BST20190951>
12. Arias K. D., Fernández I., Gutiérrez J. P., Álvarez I., Goyache F. Population Dynamics of potentially harmful haplotypes: a pedigree analysis. *BMC Genomics*. 2024;25(1):487. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10407-x>

13. Robinson J., Kyriazis C. C., Yuan S. C., Lohmueller K. E. Deleterious variation in natural populations and implications for conservation genetics. *Annual Review of Animal Biosciences*. 2023;11(1):93–114. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-080522-093311>
14. Subramanian S. Deleterious protein-coding variants in diverse cattle breeds of the world. *Genetics Selection Evolution*. 2021;53(1):80. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00674-7>
15. Stoykova-Grigorova R., Stefanova K., Bozhilova-Sakova M. Genetic variability in myostatin (*MSTN*) and ryanodine (*RYR1*) receptor genes in crossbred pigs Youna x Pietrain. *Bulgarian Journal of Agricultural Scienc.* 2023;29(2):378–383. URL: <https://www.agrojournal.org/29/02-22.pdf>
16. Rybarczyk A., Pietruszka A., Jacyno E., Dvořák J. Carcass and meat quality traits of pig reciprocal crosses with a share of Pietrain breed. *Czech Journal of Animal Science*. 2011;56(2):47–53. DOI: <https://doi.org/10.17221/363/2010-CJAS>
17. Bertorelle G., Raffini F., Bosse M., Bortoluzzi C., Iannucci A., Trucchi E. et al. Genetic load: genomic estimates and applications in non-model animals. *Nature Reviews Genetics*. 2022;23(8):492–503. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41576-022-00448-x>
18. Kasprzyk A., Walenia A. Native pig breeds as a source of biodiversity—breeding and economic aspects. *Agriculture*. 2023;13(8):1528. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture13081528>
19. Шатохин К. С., Никитин С. В., Князев С. П., Гончаренко Г. М., Ермолаев В. И., Запорожец В. И. Зоотехнические, физиологические и генетические особенности мини-свиней селекции ИЦиГ СО РАН: монография. Новосибирск: Сибирский ФНИ агробиотехнологий РАН, 2019. 191 с. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=37637082> EDN: NBWRLO
- Shatokhin K. S., Nikitin S. V., Knyazev S. P., Goncharenko G. M., Ermolayev V. I., Zaporozhets V. I. Zootechnical, physiological and genetic features of mini pigs bred by IC&G SB: monograph. Novosibirsk: *Sibirskiy FNTs agrobiotekhnologii RAN*, 2019. 191 p. URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=37637082>
20. Nikitin S. V., Shatokhin K. S., Zaporozhets V. I., Kochnev N. N., Bashur D. S., Khodakova A. V., Ermolaev V. I. ‘Genetic load’ and changes in the chronology of early mortality in mini-pigs of ICG SB RAS. *Agronomy Research*. 2020;18(3):2156–2165. DOI: <https://doi.org/10.15159/AR.20.171>
21. Hamed K. H. Trend detection in hydrologic data: the mann–kendall trend test under the scaling hypothesis. *Journal of Hydrology*. 2008;349(3–4):350–363. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jhydrol.2007.11.009>
22. Cribari-Neto F., Zeileis A. Beta Regression in R. *Journal of Statistical Softw.* 2010;34(2):1–24. DOI: <https://doi.org/10.18637/jss.v034.i02>
23. Salinas Ruiz J., Montesinos López O. A., Hernández Ramírez G., Crossa Hiriart J. Generalized linear mixed models with applications in agriculture and biology. Springer International Publishing: Cham, 2023. 436 p. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-3-031-32800-8>
24. Schachler K., Minx J.-O., Sürie C., Distl O., Metzger J. Genetic characterisation of Mini-LEWE as resource population for experimental research. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift*. 2020;133:1–12. DOI: <https://doi.org/10.2376/1439-0299-2020-15>
25. Шатохин К. С., Никитин С. В., Кочнев Н. Н., Запорожец В. И., Седович М. Е., Коршунова Е. В., Ермолаев В. И. Изменение структуры стада мини-свиней ИЦиГ СО РАН в условиях систематического инбридинга. *Аграрный вестник Верхневолжья*. 2021;(3):45–52. DOI: <https://doi.org/10.35523/2307-5872-2021-36-3-45-52> EDN: QREMTA
- Shatokhin K. S., Nikitin S. V., Kochnev N. N., Zaporozhets V. I., Sedovich M. E., Korshunova E. V., Ermolayev V. I. Change of herd structure of mini-pigs of ICG SB RAS, in terms of systematic inbreeding. *Agrarnyy vestnik Verkhnevolzh'ya* = *Agrarian Journal of Upper Volga Region*. 2021;(3):45–52. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.35523/2307-5872-2021-36-3-45-52>
26. Шатохин К. С., Никитин С. В., Кочнев Н. Н., Запорожец В. И., Седович М. Е., Коршунова Е. В., Ермолаев В. И. Инбридинг и репродуктивные признаки у мини-свиней ИЦиГ СО РАН. *Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет)*. 2023;(1):241–252. DOI: <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2023-66-1-241-252> EDN: JDPEHA
- Shatokhin K. S., Nikitin S. V., Kochnev N. N., Zaporozhets V. I., Sedovich M. E., Korshunova E. V., Ermolaev V. I. Inbreeding and reproductive signs in mini-pigs ICG SB RAS. *Vestnik NGAU (Novosibirskiy gosudarstvennyy agrarnyy universitet)* = *Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2023;(1):241–252. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2023-66-1-241-252>

Вклад авторов: Шатохин К. С. – анализ данных, подготовка рукописи; Никитин С. В. – концепция и план исследования, анализ данных, подготовка рукописи; Князев С. П. – концепция и план исследования, подготовка рукописи; Запорожец В. И., Коршунова Е. В. – анализ данных; Ермолаев В. И. – подготовка рукописи.

Сведения об авторах

✉ **Шатохин Кирилл Сергеевич**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории прикладной биоинформатики, ФГБОУ ВО «Сибирский государственный университет инженерии и биотехнологий», ул. Добролюбова, 160, г. Новосибирск, Российская Федерация, 630039, e-mail: rector@nsau.edu.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0885-2772>, e-mail: true_genetic@mail.ru

Никитин Сергей Вячеславович, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики и селекции пушных и сельскохозяйственных животных, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», пр-т Академика Лаврентьева д.10, г. Новосибирск, Российская Федерация, 630090, e-mail: icg-adm@bionet.nsc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8239-5450>

Князев Сергей Павлович, кандидат биол. наук, доцент кафедры частной зоотехнии и кормления животных, ФГБОУ ВО «Сибирский государственный университет инженерии и биотехнологий», ул. Добролюбова, 160, г. Новосибирск, Российская Федерация, 630039, e-mail: rector@nsau.edu.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4767-0795>

Запорожец Вера Ивановна, зоотехник лаборатории молекулярной генетики и селекции пушных и сельскохозяйственных животных, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», пр-т Академика Лаврентьева д.10, г. Новосибирск, Российская Федерация, 630090, e-mail: icg-adm@bionet.nsc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1337-5093>

Коршунова Елена Викторовна, старший лаборант лаборатории молекулярной генетики и селекции пушных и сельскохозяйственных животных, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», пр-т Академика Лаврентьева д.10, г. Новосибирск, Российская Федерация, 630090, e-mail: icg-adm@bionet.nsc.ru

Ермолаев Виктор Иванович, доктор биол. наук, старший научный сотрудник Центра разработки и внедрения программного обеспечения, ФГБОУ ВО «Сибирский государственный университет инженерии и биотехнологий», ул. Добролюбова, 160, г. Новосибирск, Российская Федерация, 630039, e-mail: rector@nsau.edu.ru

Author Contributions: Shatokhin K. S. – data analysis, manuscript preparation; Nikitin S. V. – study conception and design, data analysis and manuscript preparation; Knyazev S. P. – study conception and design, manuscript preparation; Zaporozhets V. I., Korshunova E. V. – data analysis; Ermolaev V. I. – manuscript preparation.

Information about the authors

✉ **Kirill S. Shatokhin**, PhD in Biological Science, Associate Professor, Senior Researcher, the Laboratory of Applied Bioinformatics, Siberian State University of Engineering and Biotechnology, 160 Dobrolyubova Street, Novosibirsk, Russian Federation, 630039, e-mail: rector@nsau.edu.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0885-2772>, e-mail: true_genetic@mail.ru

Sergey V. Nikitin, PhD in Biological Science, Senior Researcher, the Laboratory of Molecular Genetics and Breeding of Fur and Farm Animals, Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, 10, Ac. Lavrentieva ave., Novosibirsk, Russian Federation, 630090, e-mail: icg-adm@bionet.nsc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8239-5450>

Sergey P. Knyazev, PhD in Biological Science, Associate Professor, the Department of Private Animal Science and Animal Feeding, Siberian State University of Engineering and Biotechnology, 160 Dobrolyubova St., Novosibirsk, Russian Federation, 630039, e-mail: rector@nsau.edu.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4767-0795>

Vera I. Zaporozhets, Zootechnician, the Laboratory of Molecular Genetics and Breeding of Fur and Farm Animals, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, 10, Ac. Lavrentieva ave., Novosibirsk, Russian Federation, 630090, e-mail: icg-adm@bionet.nsc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1337-5093>

Elena V. Korshunova, Senior Laboratory Assistant, the Laboratory of Molecular Genetics and Breeding of Fur and Farm Animals, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, 10, Ac. Lavrentieva ave., Novosibirsk, Russian Federation, 630090, e-mail: icg-adm@bionet.nsc.ru

Viktor I. Ermolaev, DSc in Biological Science, Senior Researcher, the Center for Software Development and Implementation, Siberian State University of Engineering and Biotechnology, 160 Dobrolyubova St., Novosibirsk, Russian Federation, 630039, e-mail: rector@nsau.edu.ru

✉ – Для контактов / Corresponding author