

**Гришина Л.П.**, доктор с.-г. наук,  
Інститут свинарства та агропромислового виробництва. НААНУ  
**Акнєвський Ю.П.**, кандидат с.-г. наук,  
ПрАТ «Бахмутський Аграрний Союз» Донецької області

## МЕТОДОЛОГІЧНІ ПІДХОДИ ЩОДО ВИЗНАЧЕННЯ НОВИХ СЕЛЕКЦІЙНИХ СТРУКТУР У ПОРОДІ

*Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук О.Г.Фесенко*

*В статті представлені результати досліджень з визначення ступеня генетичної відокремленості свиней спеціалізованого типу створеного з використанням тварин датської селекції. Результати досліджень свідчать, що на етапах створення заводського типу свині української селекції та тварини з різною часткою спадковості достатньо диференційовані, значення T-критерію трансгресії не перевищує 0,5. Свині нового типу наближуються до груп з більшою високою часткою спадковості генотипів датської селекції. З використанням кластерного аналізу було встановлено, що свині української селекції і заводського типу «Бахмутський» займають два окремих кластери. Оцінка лінійних дистанцій на основі розрахунку евклідових відстаней показала значні відмінності між свинями української селекції і з різною спадковістю датських тварин. Українська велика біла порода займає окремий кластер і має значні показники евклідової відстані (більше 20 одиниць) порівняно з іншими групами свиней з різною часткою спадковості, які увійшли у новостворений заводський тип з поліпшеними м'ясними якостями.*

*Отримані дані свідчать про ефективне використання трансгресивного і кластерного аналізів для оцінки відмінностей новостворених селекційних досягнень від базових генотипів.*

*Ключевые слова: коефіцієнт трансгресії, евклідові відстані, кластери, заводський тип «Бахмутський», заводські лінії, родини*

У свинарстві Україні інтенсивно проводяться роботи з раціонального використання в селекційних програмах тварин вітчизняних порід, крім того для поліпшення продуктивних ознак використовується кращий світовий генофонд [1]. Практичний досвід показує, що високопродуктивних тварин закордонної селекції найефективніше використовувати при виведенні нових типів і ліній свиней, залишаючи при цьому в якості вихідної материнської основи тварин української селекції, які мають високу адаптаційну здатність свиней, резистентність до захворювань та високу якість продукції. За такого методологічного прийому були створені три внутрішньо породних типа у великій білій породі свиней.

Інтенсифікація селекційних процесів у свинарстві вимагає особливої уваги до удосконалення методології генетико-популяційних процесів, що відбуваються при різних формах відбору. При цьому необхідно вирішувати такі селекційні проблеми, як обґрунтування методології породополіпшуючого процесу у свинарстві, розробки методичних питань комплексної оцінки тварин за господарськи корисними ознаками [2]. Теоретичні розробки з вказаних проблем і розроблені методичні підходи до їх реалізації будуть сприяти більш ефективному процесу поліпшення порід свиней. Виходячи з цих передумов слід вважати актуальними дослідження, що ставлять за мету удосконалення методологічних прийомів створення нових селекційних структур у породі, зокрема використання статистичного аналізу.

Заводські типи створюються для закріплення селекційних досягнень на певному етапі розвитку породи, консолідації продуктивних ознак і підтримки цього рівня продуктивності протягом декількох поколінь (не менше трьох) при розведенні „у собі”, без використання інбридингу.

Тварини, що належать до заводського типу, лінії або родини не повинні мати нижчі показники розвитку ніж внутрішньопородний тип або перевищувати його в межах 5-7%, маючи на увазі, що він створений методом переважаючої селекції за окремими провідними ознаками [3].

Для ефективного функціонування та прогресивного розвитку, запобігання стихійних інбридингів та систематизації внутрішньопородного підбору порода повинна мати чітку, розгалужену внутрішньопородну селекційну і генеалогічну структуру, що включає [4]:

- заводські лінії з достатнім для внутрішнього удосконалення числом гілок та відгалужень через кращих їх продовжувачів;
- споріднені групи, які за умови їх прогресивного розвитку з часом формуються у нові заводські лінії;
- заводські родини, що закладаються переважно на видатних за продуктивністю тварин;
- заводські стада (як первинна селекційна одиниця) з внутрішньою специфічною генеалогічною структурою і особливостями екстер’єрно-конституційних характеристик та ознак продуктивності;
- окремі видатні плідники-поліпшувачі та високопродуктивні матки, як складові ліній і родин.

У процесі закладки заводських ліній важливо забезпечити більш широку вихідну генетичну базу. Для цього на основі ретельного зоотехнічного і генеалогічного аналізу, слід виявити достатню кількість рекордних за продуктивністю тварин зі споріднених груп кнурів і свиноматок даного стада. Вони повинні мати всі цінні ознаки, які необхідні для досягнення параметрів цільового стандарту та забезпечення наступного прогресу створюваних ліній на основі спрямованого відбору, при збереженні конституційного типу [3].

**Мета досліджень** – обґрунтування використання трансгресивного та кластерного аналізів для підтвердження різниці між базовими та новоствореними селекційними структурами при виведенні заводського типу «Бахмутський»..

**Матеріали і методи досліджень.** Дослідження були проведені на чистопородних свинях великої білої породи з різною часткою спадковості за датською селекцією на етапах виведення заводського типу великої білої породи з поліпшеними м’ясними якостями «Бахмутський» в умовах племінного заводу ПрАТ «Бахмутський Аграрний Союз» Артемівського районі Донецької області.

Вивчалася ступінь генетичної схожості (генетичні відстані) заводських ліній і споріднених груп заводського типу свиней, який був створений з використанням тварин датської селекції. Дискретність селекційних груп оцінювалася за трансгресією варіаційних рядів, що характеризують розподіл за декількома ознаками (М.О.Плохинський, 1961) [5]. Коефіцієнти  $n$ -мірної трансгресії груп розраховували за формулою:

$$T = \frac{V}{6^n(R_1 + R_2 - V)}$$

де:  $T$  – коефіцієнт трансгресії;

$V$  – частина трансгресуючих частот в кожному з рядів, що мають спільну площину;

$R_1 + R_2$  – сума добутків середньоквадратичних відхилень;

$n$  – число ознак.

Кластерний аналіз був проведений методом  $k$ -середніх за стандартизованими значеннями відгодівельних і м’ясних ознак тварин з використанням комп’ютерної програми Statistica 6.0.

**Результати досліджень.** Як вважає О.Г. Блізнюченко [6] «...теоретичні закони розподілу становлять логічну основу біометрії, на них спирається статистичний аналіз

масових явищ і вони є основою об'єктивних і безпомилкових висновків в експериментальній справі». При цьому він зауважує, що трансгресуючі ряди повинні бути основою для затвердження нових порід, типів, ліній тварин, оскільки вони вказують на суттєвість різниці між базовими породами і новими.

У наших дослідженнях показники трансгресії визначались за показниками розвитку, відтворними та відгодівельними ознаками. Отримані дані свідчать (табл.1), що генотипи достатньо диференційовані. Значення коефіцієнта трансгресії вище 0,5 підтверджує наявність генетичної схожості між різними генотипами. Свині української селекції значно відрізнялися від інших генотипів, коефіцієнт трансгресії знаходився в межах від 0,120 до 0,300. Найбільш генетично подібними з тваринами української селекції виявилися свині зі спадковістю 38 % і 56 % датської селекції.

### 1. Коефіцієнти трансгресії за селекційними ознаками свиней з різною часткою спадковості датської селекції

Частка спадковості свиней за датською селекцією	УВБ	1/2	3/4	3/8	5/8	7/8	9/16	11/16
УВБ	X	0,169	0,202	0,284	0,268	0,261	0,300	0,120
1/2		X	0,475	0,439	0,406	0,338	0,385	0,310
3/4			X	0,546	0,660	0,565	0,627	0,241
3/8				X	0,633	0,585	0,569	0,283
5/8					X	0,612	0,772	0,276
7/8						X	0,551	0,373
9/16							X	0,221
11/16								X

Найбільше значення коефіцієнта трансгресії було у свиней зі спадковістю 56 і 63 %. Встановлено, що тварини нового заводського типу вивчаємими ознаками, що вивчалися мали більшу схожість із свинями великої білої породи датської селекції. Мінімальна величина трансгресії у тварин зі спадковістю 69% датської селекції вказує на наявність відокремленого генофонду, який був створений у процесі цілеспрямованої селекційної роботи. Схожість заводського типу «Бахмутський» збільшується зі збільшенням частки спадковості свиней датської селекції, у той же час тварини з низькою часткою спадковості мали також суттєву різницю між собою (0,385).

Показники трансгресії ознак дозволяють визначити ступінь генетичної подібності заводських ліній і споріднених груп, що селекціонуються. Тому ці показники необхідно використовувати для оцінки нових селекційних досягнень, до яких відноситься новий заводський тип свиней великої білої породи. Саме з цією метою нами були визначені показники трансгресії заводських ліній і родин свиней заводського типу (табл. 2 і 3).

### 2. Коефіцієнти трансгресії за відгодівельними ознаками заводських ліній і споріднених груп свиней заводського типу

Лінії, споріднені групи	1067	0415	2595	2828	5925	1934
1067	X	0,578	0,521	0,633	0,168	0,507
0415		X	0,487	0,278	0,383	0,564
2595			X	0,629	0,261	0,616
2828				X	0,213	0,651
5925					X	0,241
1934						X

**3. Коефіцієнти трансгресії за показниками розвитку  
та відтворними якостями між родинами свиноматок**

Родина свиноматок	Кїя	Тайга	Хуке	Герань	Майє	Волшебниця	Сяла	Алле	Соя	Елле	Беатриса	Красуня
Кїя	x	0,626	0,573	0,574	0,571	0,517	0,721	0,684	0,729	0,463	0,473	0,509
Тайга		x	0,685	0,692	0,621	0,645	0,758	0,623	0,719	0,540	0,494	0,541
Хуке			x	0,613	0,470	0,772	0,643	0,568	0,512	0,599	0,687	0,439
Герань				x	0,634	0,693	0,786	0,574	0,630	0,612	0,506	0,558
Майє					x	0,459	0,525	0,477	0,715	0,403	0,390	0,513
Волшебниця						x	0,703	0,334	0,495	0,366	0,599	0,458
Сяла							x	0,620	0,620	0,585	0,504	0,583
Алле								x	0,611	0,454	0,442	0,282
Соя									x	0,421	0,423	0,602
Елле										x	0,618	0,418
Беатриса											x	0,381
Красуня												x

Аналіз отриманих даних свідчить про генетичну подібність заводського типу за відгодівельними якостями. Так, тварини заводської лінії №1067 значно схожі майже з усіма лініями та спорідненими групами типу, окрім заводської лінії № 5925, показник трансгресії якої знаходився в межах від 0,168 до 0,383 од., що свідчить про генетичну відмінність цієї лінії від інших заводських структур типу. Значно відрізняються за продуктивними ознаками свині заводських ліній №0415 і №2828, коефіцієнт трансгресії у яких становив 0,278, що необхідно враховувати при підборі. Крім цього, була визначена подібність родин стада за показниками розвитку та відтворними якостями. Встановлено високий коефіцієнт трансгресії між основними родинами заводського типу (без урахування частки спадковості за датською селекцією), яких було найбільше задіяне в селекційному процесі. Так, найбільш подібними виявилися свиноматки родин Герані та Сяли (0,786), Волшебниці та Хуке (0,772) і Тайги та Сяли (0,758). Водночас, між окремими родинами значення Т-критерію не перевищувало 0,5 од., що свідчить про генетичну роз'єднаність вищевказаних родин заводського типу, а саме: Алле та Красуня (0,282), Алле та Волшебниця (0,334), Елле і Волшебниця (0,366).

Отже, процес селекції свиней супроводжується розходженням ознак, тому враховуючи те, що нові заводські лінії створювалися шляхом селекції з використанням різних поєднань свиней української і датської селекції, слід очікувати певну подібність тварин з різною часткою спадковості та їх відмінність від вихідних генотипів.

Встановлення генетичних дистанцій між генотипами тварин проводили також і за результатами розрахунку евклідової відстані. Вивчені відмінності за відгодівельними (вік досягнення живої маси 100 кг, середньодобовий приріст, витрати корму на 1 кг приросту) і м'ясними якостями (забійний вихід, довжина туші, товщина шпиків, маса окосту, площа «м'язового вічка» між тваринами 8 груп. На першому етапі визначені евклідові відстані методом кластерного аналізу між генотипами з різною часткою спадковості (табл.4,5) і побудовані відповідні дендрограми (рис.1,2;3). Дані таблиць свідчать, що між свинями вітчизняної селекції та іншими генотипами встановлені високі значення генетичних відстаней: за відгодівельними ознаками – від 21,9 до 36,9, а за м'ясними – від 9,9 до 18,7 од.

#### 4. Евклідові відстані між групами тварин (за відгодівельними якостями)

Генотипи	У/с	1/2 д/с	3/4 д/с	3/8	5/8	7/8 д/с	9/16 д/с	11/16 д/с
				д/с	д/с			
У/С	<b>0,0</b>	31,8	31,2	26,5	26,0	21,9	36,3	29,2
½ д/с		<b>0,0</b>	0,6	5,3	5,8	9,9	4,5	2,6
¾ д/с			<b>0,0</b>	4,7	5,2	9,3	5,1	2,0
3/8 д/с				<b>0,0</b>	0,5	4,6	9,8	2,8
5/8 д/с					<b>0,0</b>	4,1	10,3	3,2
7/8 д/с						<b>0,0</b>	14,4	7,3
9/16 д/с							<b>0,0</b>	7,1
11/16 д/с								<b>0,0</b>

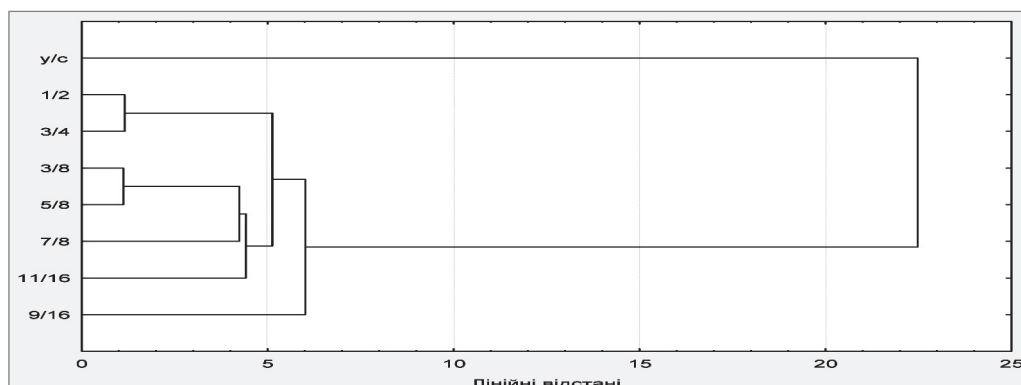
#### 5. Евклідові відстані між групами тварин (за м'ясними якостями)

Генотипи	У/с	1/2 д/с	3/4 д/с	3/8	5/8	7/8 д/с	9/16 д/с	11/16 д/с
				д/с	д/с			
У/с	<b>0,0</b>	9,9	16,5	14,2	14,3	13,9	11,5	18,7
½ д/с		<b>0,0</b>	7,7	5,9	6,2	4,5	3,0	9,5
¾ д/с			<b>0,0</b>	3,4	3,8	5,2	6,3	4,2
3/8 д/с				<b>0,0</b>	1,2	4,6	4,9	5,2
5/8 д/с					<b>0,0</b>	4,6	4,7	5,1
7/8 д/с						<b>0,0</b>	2,7	6,0
9/16 д/с							<b>0,0</b>	8,0
11/16 д/с								<b>0,0</b>

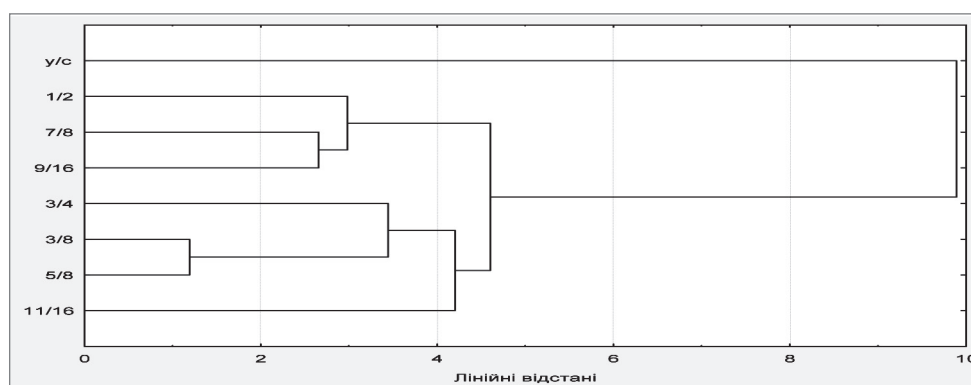
Розрахунки евклідових відстаней доводять, що тварини української селекції утворюють окремий кластер, відособлений від інших, що свідчить про значну різницю між групами.

За м'ясними ознаками значення генетичних відстаней дещо менше – від 9,9 до 18,7 од., але тенденція збереглася, про що свідчать дендрограми.

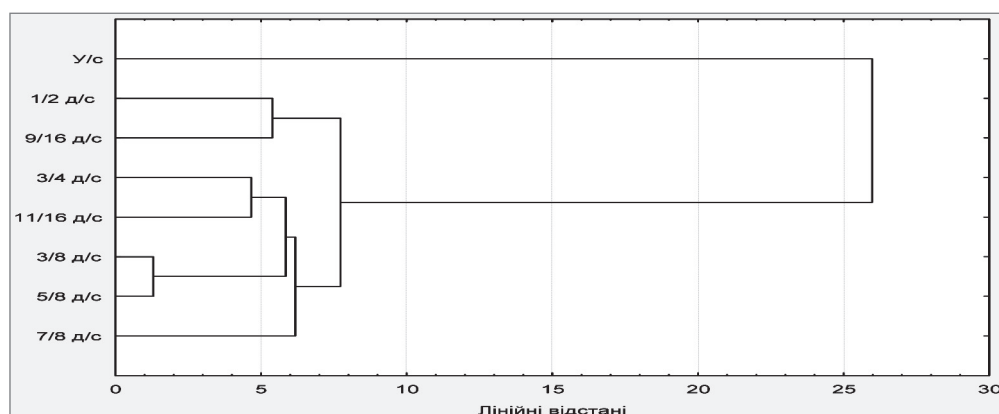
Проведений аналіз відгодівельних і м'ясних ознак свиней різних селекційних груп підтвердив отримані нами результати, що наочно можна спостерігати на дендрограмі (рис. 3).



**Рис. 1. Дендрограма генетичних відстаней між генотипами за відгодівельними якістьями**



**Рис. 2. Дендрограма генетичних відстаней між генотипами за м'ясними якістьями**



**Рис.3. Дендрограма лінійних відстаней між генотипами за відгодівельними та м'ясними якістьями**

У таблиці 6 наведені результати кластерного аналізу при використанні декількох поєднань ознак (3,5,8 варіантів). Свині української селекції відрізняються від інших генотипів за всіма поєднаннями відгодівельних і м'ясних якостей.

## 6. Розподіл тварин з різною часткою спадковості свиней датської селекції на кластери за кількісними ознаками

Генотипи	Ознаки											
	x1, x2, x3				x4, x5, x6, x7, x8				x1, x2, x3, x4, x5, x6, x7, x8			
	кластери				кластери				кластери			
	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
У/С			X				X				X	
1/2 Д/С	X				X							X
3/4 Д/С		X				X				X		
3/8 Д/С		X				X			X			
5/8 Д/С		X				X			X			
7/8 Д/С	X				X				X			
9/16 Д/С	X				X							X
11/16 Д/С				X				X		X		
%	37,5	37,5	12,5	12,5	37,5	37,5	12,5	12,5	37,5	25,0	12,5	25,0

Найбільш чітка різниця між генотипами отримана при використанні якомога більшого числа ознак (у нашому випадку – 8). У цьому варіанті в 3 кластер увійшли тільки тварини української селекції, які склали 12,5 % від усієї вибірки генотипів. У перший та третій кластер увійшли «проміжні» генотипи. Свині заводського типу увійшли переважно у другий кластер, який займає 25 % від загальної чисельності свиней.

Висновок підтверджується при розподілі генотипів на три кластери. У таблиці 7 наведено співвідношення генотипів в залежності від комбінації ознак, узятих для оцінки подібності генотипів.

Привертає увагу стабільність свиней української селекції та заводського типу, які входять, відповідно, у третій і другий кластер. Проміжні форми не мають стійкого розподілу на класи за виключенням тварин з часткою спадковості 9/16 за датською селекцією, які входять в 1 кластер.

Отже, дослідження підтверджують доцільність використання кластерного аналізу для оцінки дискретності нового селекційного матеріалу, а в нашій роботі створеного заводського типу з поліпшеними якостями у великій білій породі «Бахмутський» [7].

## 7. Розподіл генотипів при 3-х кластерному аналізі

Генотипи	Посадження ознак							
	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8
У/С	3	3	3	3	3	3	3	3
У/С	2	2	1	1	1	1	1	1
1/2 Д/С	2	2	2	2	2	2	2	2
3/4 Д/С	1	1	2	2	2	2	2	2
3/8 Д/С	1	1	2	2	2	2	2	2
5/8 Д/С	2	2	1	1	1	1	1	1
7/8 Д/С	1	1	1	1	1	1	1	1
9/16 Д/С	2	2	2	2	2	2	2	2

Результати кластерного аналізу переконливо довели відособлений генофонд свиней нового типу та його суттєву відмінність від тварин української селекції та проміжних генотипів.

Отже, тварин зі значною різницею між значеннями евклідових відстаней можна використовувати у селекційній роботі для отримання внутрішньопородного гетерозису.

Таким чином, проведені дослідження виявили високу ефективність використання трансгресивного та кластерного аналізів для оцінки дискретності свиней різних генеалогічних груп, що різняться за рівнем продуктивності.

**Висновки.** Проведені нами дослідження дозволили встановити дискретність заводських структур стада, до того ж доцільно запропонувати у процесі апробації нових селекційних досягнень (порід, типів, ліній) проводити трансгресивний і кластерний аналізи для підтвердження різниці між базовими та новоствореними генотипами.

#### БІБЛІОГРАФІЯ

1. Племінна робота: Довідник / Кол. авт. М.З.Басовський, В.П.Буркат, М.В.Зубець та ін.; За ред. М.В.Зубця, М.З.Басовського. – К.: Асоціація «Україна», 1995. – 435 с.
2. Столповский Ю.А. Консервация генетических ресурсов сельскохозяйственных животных: проблемы и принципы их решения / Столповский Ю.А. – М.: Эребус. 1997. – 112 с.
3. Близнюченко О.Г. Биометрия: монографія/ О.Г.Близнюченко. – Полтава: „Тerra” ПДАА, 2003. – 346 с.
4. Положення про апробацію селекційних досягнень у тваринництві/[під заг. Редакцією Ю.М.Карасика, М.В.Зубця]. – К.: Асоціація «Україна», 1992. – 24 с.
5. Програма селекції української червоної молочної породи великої рогатої худоби на 2003-2012 роки. За редакцією Ю.П.Полупана, В.П.Бурката]. К.: ТОВ „Атмосфера”, 2004. – 216 с.
6. Плохинский Н.А. Биометрия / Плохинский Н.А. – Новосибирск: Сиб. отд. АН СССР, 1961. – с.75–79.(364 с.)
7. Гришина Л.П. Визначення дискретності заводських ліній свиней великої білої породи / Л.П.Гришина// Матеріали II міждун. наук.-практ.конференції (14-16 березня 2012 р.) Кам’янець – Подільський, 2012, – С.176–177.

**Гришина Л.П., АКНЕВСКИЙ Ю.П.** Методологические подходы к определению новых селекционных структур в породе

*В статье представлены результаты исследований по определению степени генетической обособленности свиней специализированного типа, созданного с использованием животных датской селекции. Результаты исследований свидетельствуют, что на этапах создания заводского типа свиньи украинской селекции и животные с разной долей наследственности датских свиней достаточно дифференцированы, значения T-критерия трансгрессии не превышало 0,5 ед. Свиньи нового типа более схожи со свиньями с более высокой долей наследственности генотипов датской селекции. С использованием кластерного анализа было установлено, что свиньи украинской селекции и заводского типа «Бахмутский» занимают два отдельных кластера. Оценка линейных дистанций на основе расчета евклидовых расстояний показала значительные различия между свиньями украинской селекции и с разной наследственностью датских животных. Украинская крупная белая порода занимает отдельный кластер и имеет значительные показатели евклидового расстояния (более 20 единиц) по сравнению с другими группами свиней с разной долей наследственности, которые вошли в заводской тип с улучшенными мясными качествами. Полученные данные свидетельствуют об эффективном использовании трансгрессивного и кластерного анализов для оценки различий новых селекционных достижений от базовых генотипов.*

*Ключевые слова: коэффициент трансгрессии, евклидовы расстояния, кластеры, заводской тип «Бахмутский», заводские линии, семейства.*

**L.P.Grishina, J.P. Aknevskyu.** Methodological approaches to identify new breeding structures in the rock

*The article gives the results of research to determine the degree of genetic isolation of pigs created a specialized type using animal Danish breeding. Studies indicate that the stages of plant type breeding pigs Ukrainian and animals with different particle heredity sufficiently differentiated value T-test transgression does not exceed*



0.5. Pigs near to the new type groups with a higher share of inheritance genotypes Danish breeding. Using cluster analysis found that Ukrainian pig breeding and plant type "Bahmutskiy" occupy two separate clusters. Evaluation of linear distances by calculating Euclidean distances showed significant differences between pigs Ukrainian selection and heredity Danish different animals. Ukrainian large white breed occupies a single cluster and has significant performance Euclidean distance (20 units) compared to other groups of pigs with different share of inheritance that are included in the newly created plant type with improved meat quality. These data suggest the effective use of transgressive and cluster analysis to assess differences between newly established breeding achievements from basic genotypes. Key words: coefficient transgression, Euclidean distance, clusters, serial type "Bahmutskiy" factory line, family.

УДК 636.4.082

Агапова Є.М., Сусол Р.Л.

Одеський державний аграрний університет

## **ВПЛИВ ВЗАЄМОДІЇ «ГЕНОТИП Х СЕРЕДОВИЩЕ» НА ВІДГОДІВЕЛЬНІ ПОКАЗНИКИ МОЛОДНЯКУ СВИНЕЙ ПОРОДИ П'ЄТРЕН**

*Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук В.О. Вовк*

*Мета досліджень полягала у визначенні залежності відгодівельних ознак молодняку свиней породи п'єтрєн від вмісту основних засвоюваних незамінних амінокислот на фоні підвищеного вмісту обмінної енергії. Проведено декілька серій науково-господарських дослідів, суть яких полягала в тому, що молодняк породи п'єтрєн контрольної групи одержував раціон годівлі прийнятий у господарстві, а дослідної – з децю підвищеним рівнем ОЕ, ЧЕ, жиру, засвоюваних незамінних амінокислот, кальцію, фосфору. Відгодівельні ознаки та товщина шпигу у свиней породи п'єтрєн покращуються при збільшенні рівнів обмінної енергії, кальцію, фосфору на 5%, а рівень основних незамінних перетравних амінокислот слід збільшувати на 5% у період росту тварин від 15 до 60 кг та на 20% у період росту тварин від 60 до 120 кг в порівнянні з нормами годівлі придатних для свиней ВБ породи, ландрас. За умови використання покращених раціонів годівлі молодняк свиней породи п'єтрєн дослідної групи досягає живої маси 100 кг за 165 днів при середньодобовому прирості 689,22 г, що вище від контрольної групи відповідно на 21,34 дні та на 107,22 г при  $P < 0,001$ . Слід продовжити подальший пошук та розробку питань оптимізації годівлі свиней породи п'єтрєн як ультрам'ясного генотипу з високим генетичним потенціалом в умовах вітчизняних господарств із проведенням балансових дослідів, гематологічних досліджень, вивченні особливостей росту.*

*Ключові слова: відгодівельні ознаки, товщина шпигу, порода, п'єтрєн, раціон годівлі, обмінна енергія, незамінні перетравні амінокислоти.*

Тварин породи п'єтрєн широко використовують для поліпшення м'ясних якостей інших порід та помісей при промисловому схрещуванні з іншими породами у багатьох країнах світу – Франції, Англії, Німеччині, Польщі, Аргентині, Іспанії та інших [9,18], а сьогодні і у вітчизняному виробництві свинини використання свиней породи п'єтрєн як батьківської форми у схемах схрещування набуває масового поширення.

П'єтрєни набули значного поширення і мають перспективу при створенні сучасних синтетичних ліній свиней у системі гібридизації [1,2,3,11,17].