утримання, передзабійний (не стресовий) стан тварин. У зв'язку з тим, що в досліді всі ці фактори, за виключенням віку забою, були вирівняні, то і інтенсивність кольору збільшувалась з віком - від розово-червоного у 18-місяців до темно-червоного у ЗО місяців.

Висновки. За органолептичними і технологічними якостями яловичина з бугайців всіх дослідних порід відповідає вимогам споживчого ринку. В умовах степової зони України бажано бугайців герефордської породи забивати у 18-24-місячному віці, а української м'ясної, шаролезької, лімузинської і червоної степової - у 30-місячному, за рахунок чого, без погіршення якісних показників яловичини, подовжиться термін використання поголів'я, що стримуватиме скорочення чисельності худоби і збільшить виробництво м'яса.

СПИСОК ВИКОРИСТАННОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Буйная П.Н. Мясные качества крупного рогатого скота красной степной породы и их улучшение при чистопородном разведении и скрещивании / Автореф. дис. д.с.-х. н. (Одесский СХИ). - Одесса , 1970.-38 с.
2. Гуткин С.С. Мясная продуктивность скота. - М.: Госсельхозиздат, 1975-103 с.
3. Заднепрянский И.П., Родионова Г.Б. Продуктивные и интерьерные показатели бычков мясных пород при интенсивном выращивании -Оренбург, 1976.-127 с.
4. Левантин ДЛ. Теория и практика повышения мясной продуктивности в скотоводстве. - М.: Колос, 1966 -318 с.
5. Минши Г., Фокс Д. Производство говядины в США. - М.: Агропромиздат, 1986 -414 с.
6. Нагорный А.В. Некоторые закономерности возрастной зволюции животного организма// Труды Кубанского СХИ. - Краснодар, 1970. -Вып. 40 (68).-С. 171-185 "
7. Справочник по качеству продуктов животноводства - М.: Агропромиздат, 1986-281 с.

УДК 636.4: 636.082: 575.827

ФІЛОГЕНЕТИЧНІ ЗВ'ЯЗКИ ПІВДЕННОЇ М'ЯСНОЇ ПОРОДИ НА ПІДСТАВІ ПОЛІМОРФІЗМУ ЗА ЛОКУСАМИ МІКРОСАТЕЛІТІВ

Крамаренко О.С. *– аспірант,*
Гиль М.І. – *д.с.-г.н., професор,*
Миколаївський національний аграрний університет
Гладир О.О. – *к.б.н., завідувач лабораторією,*
Зинов'єва Н.А. – *д.б.н., професор, академік РАН та РАСГН,*
Всеросійський науково-дослідний інститут тваринництва імені акад. Л.К. Ернста, с. Дубровиці, РФ

Постановка проблеми. Мікросателіти – короткі тандемні олігонуклеотидні повтори завдовжки 1-8 пар нуклеотидів. Вони завжди присутні в ділян-

ках рекомбінацій, регуляції генної активності, конденсації та упаковки ДНК і хромосом і, можливо, відповідають за процеси транскрипції та трансляції. Високо поліморфний характер і менделівський, кодомінантний тип успадкування мікросателітів робить їх ідеальними ДНК-маркерами в аналізі геному сільськогосподарських тварин [1].

В останній час вони набувають все більшого застосування при вивченні рівня генетичної мінливості та генетичної внутрішньо- та міжпородної диференціації для різних видів свійських тварин: свиней [2, 3], коней [4, 5], великої рогатої худоби [6, 7] та ін.

Стан вивчення проблеми. Південна м'ясна порода великої рогатої худоби (ВРХ) була створена на підставі генетичного матеріалу деяких порід ВРХ м'ясного типу продуктивності, а також кубинського зебу [8]. При цьому, її генетичний аналіз до цього часу було проведено лише з використанням імуногенетичних маркерів та деяких структурних генів [8, 9].

Таким чином, головною метою даного дослідження було встановлення й вивчення філогенетичних зв'язків тварин південної м'ясної породи із вихідними ("батьківськими") породами з використанням більш чутливих генетичних маркерів, а саме, мікросателітів.

Завдання і методика досліджень. Біоматеріал для лабораторного дослідження (вушні вищипи) було відібрано від корів південної м'ясної породи (ПМП; n = 192 голови) стада ДПДГ "Асканійське" НААН України (Каховський район Херсонської області), з яких 100 голів належало до низькокровного підтипу ("санта-гертруда" – SG), а 92 – до висококровного ("зебу" – ZB1).

Крім того, було використано матеріали чистокровного зебу (n = 12; ZB2), а також помісей зебу х швицька порода (n = 29; ZB3) із банку генетичного матеріалу Всеросійського науково-дослідного інституту тваринництва імені академіка Л.К. Ернста. У якості референтної групи було використано тварин червоної степової породи (KS; n = 40) племзаводу ДПДГ "Степове" (Миколаївський район Миколаївської області).

Лабораторні дослідження було проведено в умовах лабораторії молекулярної генетики тварин Центру біотехнології та молекулярної діагностики тварин ВІТ ім. Л.К. Ернста (РФ).

Екстракцію ДНК проводили на колонках Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Germany) згідно з рекомендаціями виробника і перхлоратним методом – за методиками ВІТ ім. Л.К. Ернста. Аналіз ДНК і постановку ПЛР виконано згідно методичних розробок Центру біотехнології і молекулярної діагностики ВІТ [1].

У дослідженнях використовували наступні локуси мікросателітів: TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH3, ETH225, BM1824. Для їх аналізу виконували одну мультиплексну ПЛР, що дозволяла діагностувати поліморфізм всіх локусів одночасно.

Аналіз ампліфікованих фрагментів здійснювали за допомогою приладу для капілярного електрофорезу ABI 3130xl (Applied Biosystems, США). Для ідентифікації алелей мікросателітних локусів використовували програму GeneMapper ID v. 3.2.

Обробку даних капілярного електрофорезу проводили шляхом переведення довжин фрагментів в числове вираження на підставі порівняння їх рухливості зі стандартом ДНК.

Для оцінки рівня генетичної мінливості тварин із різних популяцій було використано наступні показники: середня кількість алелей на локус (*Na),* середня кількість алелей із частотою не менше 0,05 на локус (*Na* (95%)), середня ефективна кількість алелей (*Ae*) на локус, середня фактична (*Ho*) та очікувана (*He*) гетерозиготність на локус, середня частота локусів із "унікальними" алелями (*Ppa*).

Для оцінки ступеня генетичної подібності порід ВРХ та зебу (та підтипів південної м'ясної худоби різного походження) було використано два підходи. По перше, Assignment-тест на підставі мікросателітних мультилокусних генотипів за алгоритмом Paetkau et al. [10]. По друге, розрахована матриця попарних генетичних відстаней на підставі метрики М.Нея [11]. В подальшому на підставі останньої було побудовано дендрограму подібності (на підставі методу UPGMA), а також графік розподілу центроїдів груп у просторі перших двох головних координат.

Всі розрахунки було проведено з допомогою програми GenAIEx [12].

Результати досліджень. Тварини ПМП значно переважали решту використаних в аналізі популяцій за рівнем їх алельного різноманіття (табл. 1). В цілому, із 138 алелей, що було зареєстровано для 12 локусів мікросателітів, у тварин ПМП обох підтипів було відмічено більше 3/4, проте як для корів KS, ZB2 та ZB3 – 56,5, 44,9 та 50,7%, відповідно.

З іншого боку, певна частина цих алелей зустрічалась з дуже низькою частотою, про що свідчить більш-менш однакові значення у відношенні середньої кількості алелей із частотою не менше 0,05 на локус.

Таблиця 1 – Показники генетичної мінливості різних порід ВРХ та зебу

Показники	Популяція				
	SG	ZB1	KS	ZB2	ZB3
Na	8,83±0,56	9,08±0,74	6,50±0,58	5,17±0,51	5,83±0,87
Na (95%)	4,67±0,31	5,17±0,32	5,00±0,25	4,17±0,34	3,92±0,51
Ae	4,15±0,41	4,65±0,36	3,80±0,34	3,52±0,29	3,15±0,48
Ho	0,604±0,062	0,684±0,059	0,583±0,081	0,664±0,044	0,510±0,613
He	0,739±0,019	0,769±0,019	0,708±0,031	0,694±0,025	0,613±0,064
Ppa	0,583±0,229	0,333±0,188	0,333±0,225	0,000	0,667±0,284

Значний дефіцит гетерозиготності було відмічено для всіх досліджених груп, за виключенням чистокровних зебу (табл. 1). Для тварин цієї групи також не було зареєстровано жодного локусу із "унікальними" алелями (тобто, алелями, що притаманні тільки певній групі). Для решти груп частота локусів з "унікальними" алелями в середньому коливалася у межах 0,333-0,667 (табл. 1).

В таблиці 2 наведено перелік "унікальних" алелей у тварин різних порід ВРХ та зебу. Всього було відмічено 23 такі алелі, але їх розподіл серед тварин різних популяцій не рівномірний – найбільша кількість "унікальних" алелей притаманна тваринам ПМП низькокровного підтипу (вісім алелей) та помісним тваринам зебу х швицька худоба (сім алелей).

Таблиця 2 – "Унікальні" алелі у різних порід ВРХ та зебу

Локуси	Популяція				
	SG	ZB1	KS	ZB2	ZB3
TGLA227	-	85, 99	-	-	-
BM2113	-	-	-	-	121
TGLA53	184	154	-	-	-
ETH10	-	-	-	-	-
SPS115	244	-	-	-	-
TGLA122	-	-	133, 139	-	147, 157, 167
INRA23	-	196	-	-	200, 204
TGLA126	109	-	111, 117	-	-
BM1818	-	-	-	-	280
ETH3	101, 131	-	-	-	-
ETH225	136, 138	-	-	-	162
BM1824	-	-	-	-	-
Разом	7	4	4	0	8

Примітка. Алелі надано відповідно їх довжині у п.н.

В цілому, "унікальні" алелі зустрічалися майже серед усіх 12 використаних в аналізі локусів мікросателітів. Виключення складають лише два локуси – ETH10 та BM1824.

16 алелей восьми локусів були "унікальними" для тварин ПМП у цілому (тобто, зустрічалися лише серед тварин ПМП обох підтипів). При цьому, їх найбільшу кількість зафіксована для локусів ETH225 (п'ять алелей) та TGLA53 (три алелі).

Результати Assignment-тесту на підставі мультилокусних генотипів за мікросателітами свідчать про те, що тварини із дослідних груп характеризуються відносно високим рівнем генетичної унікальності (консолідації). Точність віднесення тварин до власної популяції складає в середньому 87% (табл. 3). При цьому, найбільшого рівня вона досягала у корів червоної степової породи (95,0%).

Таблиця 3 – Результати Assignment-тесту різних порід ВРХ та зебу

Фактична група	Теоретична група					Точність (%)
	SG	ZB1	KS	ZB2	ZB3	
SG	**88**	12	0	0	0	88,0
ZB1	11	**76**	2	2	1	82,6
KS	0	0	**38**	2	0	95,0
ZB2	0	1	1	**9**	1	75,0
ZB3	1	0	0	2	**26**	89,7

Найменшою генетичною унікальність характеризувалися чистокровні зебу (75,0%). Але, можливо, це пов'язано із відносно невисокою чисельністю цієї групи тварин.

Як і можна було очікувати, корови червоної степової породи були значно відокремлені від решти тварин (рис. 1). При цьому тварини ПМП обох підтипів формують відособлений від чистокровного зебу та зебувидної худоби кластер.

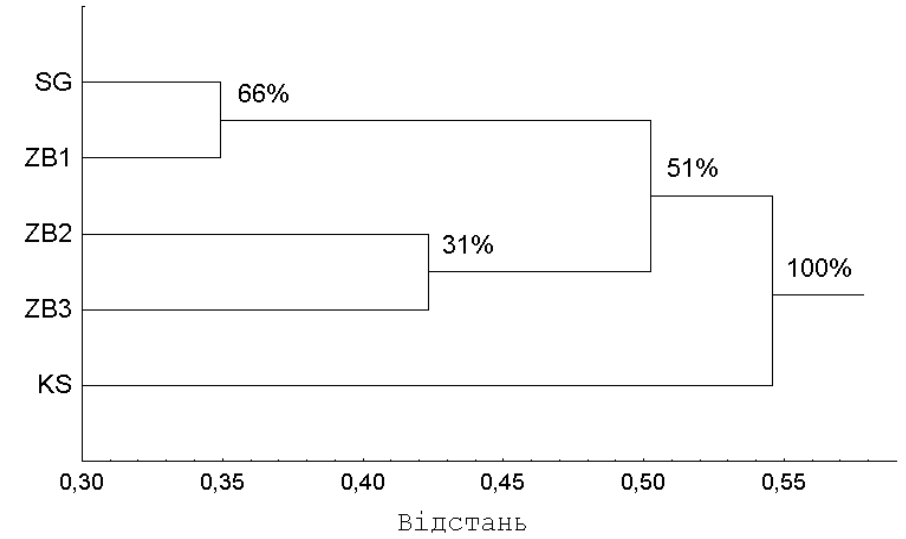

Рисунок 1. – UPGMA-дендрограма подібності на підставі матриці генетичної дистанції М. Нея за 12 локусами мікросателітів між тваринами різних порід ВРХ та зебу. (Надано bootstrap-оцінки ймовірності формування кожної "гілки".)

Більш детальний аналіз розташування центроїдів різних груп у просторі перших двох головних координат наведено на рис. 2.

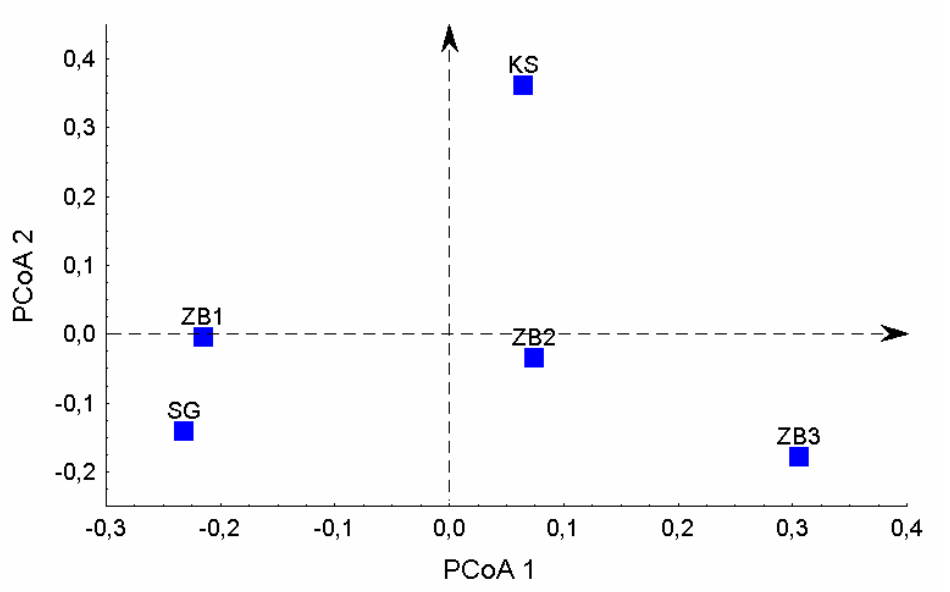

Рисунок 2. Положення центроїдів у просторі перших двох головних координат, розрахованих на підставі матриці генетичної дистанції М. Нея за 12 локусами мікросателітів між тваринами різних порід ВРХ та зебу

Тварини ПМП знову ж формують відособлений генетичний пул. При цьому, тварини молочного напряму продуктивності (KS) віддалені від них відносно вісі як першої, так і другої головної координат (тобто, на максимально можливу генетичну відстань). У той час як тварини груп ZB2 та ZB3 дуже близькі до них відносно вісі другої головної координати, що описує біля 36% матриці загальної генетичної мінливості (рис. 2). Це свідчить, що має місце часткова подібність генетичної структури худоби ПМП і зебу (чи їх помісей), що є однією з "батьківських" порід.

Висновки та пропозиції. Встановлено, що генетичне різноманіття тварин ПМП значно вище, ніж решти досліджених порід. За характером розподілу частот алелей за різних локусів мікросателітів тварини різних підтипів ПМП формують єдиний генетичний пул, що відокремлений як від тварин молочного напрямку продуктивності, так і від зебу. При цьому, частка генетичної мінливості у тварин ПМП та зебу (однієї з "батьківських" порід) все ж таки є спільною.

Перспектива подальших досліджень. На наступному етапі передбачається провести генетичний аналіз інших порід ВРХ м'ясного напряму продуктивності, що також використовувалися при створенні ПМП для визначення ступеня їх генетичної подібності/відособленості. Крім того, бажано провести аналіз генетичної мінливості та диференціації серед внутрішньопородних груп (генеалогічних ліній ПМП різних підтипів).

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Зиновьева Н.А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // Достижения науки и техники АПК. – 2011. – № 9. – С. 19–20.
2. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості української м'ясної породи свиней за локусами мікросателітів ДНК / С. І. Луговий // Збірник наукових праць Вінницького НАУ. Серія: Сільськогосподарські науки. – 2013. – Вип. 2 (72). – С. 109–114.
3. Луговий С. І. Оцінка внутрішньопородної мінливості свиней породи дюрок за локусами мікросателітів ДНК / С. І. Луговий // Вісник Житомирського національного агроекологічного університету. – 2013. – Вип. № 1. (35) – Т. 2 – С. 105–113.
4. Генотипування коней української верхової породи з використанням панелі SSR-маркерів / [А. В. Шельов, В. Г. Спиридонов, М. Ф. Парій та ін.] // Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів. – 2009. – Т. 7. – С. 257–261.
5. Дзіцюк В. Мікросателітні ДНК-маркери у збереженні генетичного різноманіття коней / В. Дзіцюк, О. Мельник // Тваринництво України. – 2013. – № 12. – С. 7–10.
6. Мохначова Н. Б. Застосування мікросателітних маркерів для генотипування великої рогатої худоби / Н. Б. Мохначова // Розведення і генетика тварин. – 2008. – Вип. 42. – С. 198–203.

7. Зиновьева Н. А. Оценка роли ДНК-микросателлитов в генетической характеристике популяции черно-пестрого скота / Н. А. Зиновьева, Н. И. Стрекозов, Л. А. Молофеева // Зоотехния. – 2009. – № 1. – С. 2–4.
8. М'ясне скотарство в степовій зоні України / [Ю. В. Вдовиченко, В. І. Вороненко, В. О. Найдьонова та ін.] – Нова Каховка: ПИЕЛ, 2012. – 307с.
9. Копилова К. В. Особливості генетичної структури різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак (QTL) / К. В. Копилова, К. В. Копилов, К. О. Арнаут // Науковий вісник Національного університету біоресурсів та природокористування України. – 2009. – Вип. 138. – С. 239–246.
10. Paetkau D. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears / [D. Paetkau, W. Calvert, I. Sterling et al.] // Molecular Ecology. – 1995. – V. 4. – P. 347-354.
11. Nei M. Genetic distance between populations / M. Nei // American Naturalist. – 1972. – V. 106. – P. 283-392.
12. Peakall R. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update / R. Peakall, P. E. Smouse // Bioinformatics. – 2012. – V. 28. – P. 2537–2539.

УДК 631.17:631. 2:66.548

ЕФЕКТИВНІСТЬ ОЗОНУВАННЯ ТЕХНОЛОГІЧНОГО ОБЛАДНАННЯ НА ПІДПРИЄМСТВАХ МОЛОЧНОЇ ПРОМИСЛОВОСТІ

Пушкар Т.Д. *- к.с.-г.наук, доцент,*
Одеський державний аграрний університет
Антоненко П.П. *- д.с.-г. н., професор,*
Козирь В.С. *- д.с.-г. н, професор,*
академік НААН, Дніпропетровський державний аграрно-економічний університет

Постановка проблеми. Молочні продукти займають значне місце в раціоні людини. Разом з тим молоко це швидкопсувний продукт і сприятливе середовище для розвитку збудників різних харчових інфекцій і мікроорганізмів, що викликають отруєння. Мікробне зараження молока призводить до псування готового продукту. Ще більшу небезпеку, ніж псування продуктів, є можливість інфікування харчової сировини під час переробки і подальшого потрапляння токсичних мікроорганізмів у готові харчові продукти промислового виробництва. Патогенні мікроорганізми включають різноманітну за властивостями мікрофлору - від порівняно нешкідливих до тих, які викликають небезпечні для життя інфекційні захворювання (черевний тиф, дизентерію, паратифи та ін.). Тому якість дезінфекції виробничих ємностей і технологічного обладнання, які слугують джерелом обсіменіння сировини патогенною мікрофлорою, робить істотний вплив на мікробіологічні показники при переробці молока та молочних продуктів.