

Пропонуються статистичні моделі розподілу гомологічних хромосом у ряду поколінь великої рогатої худоби і свиней. Розраховуються ймовірності присутності батьківських хромосом в залежності від схеми розведення, що дозволяє визначити племінну цінність особини

Ключові слова: модель, селекція, схрещування, хромосома, каріотип

Предлагаются статистические модели распределения гомологичных хромосом в ряду поколений крупного рогатого скота и свиней. Рассчитываются вероятности присутствия родительских хромосом в зависимости от схемы разведения, что позволяет определить племенную ценность особи

Ключевые слова: модель, селекция, скрещивание, хромосома, каріотип

Statistical models of distribution of homologous chromosomes in a series of generations of cattle and pigs are proposed. the probability of the presence of parental chromosomes is calculated, depending on the scheme of breeding that allows to determine the breeding value of single animal

Keywords: model selection, crossover, chromosome, karyotype

СТАТИСТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ГОМОЛОЧНЫХ ХРОМОСОМ ПО ГАМЕТАМ ПРИ РАЗЛИЧНЫХ СХЕМАХ РАЗВЕДЕНИЯ ЖИВОТНЫХ

В.Т. Сметанин

Доктор сельскохозяйственных наук, профессор,
заведующий кафедрой

Кафедра биотехнологии и безопасности
жизнедеятельности*

Контактный тел.: (0562) 47-24-64; 068-405-50-23

E-mail: smetanin52@yandex.ru

В.И. Олевский

Кандидат технических наук, доцент

Кафедра компьютерных технологий и высшей
математики*

Контактный тел.: (056) 780-22-07

E-mail: volevnew@gmail.com

*Украинский государственный химико-технологический
университет

пр. Гагарина, 8, г. Днепропетровск, Украина, 49000

Л.В. Кунева

Ассистент

Кафедра паразитологии и санветэкспертизы
Днепропетровский государственный аграрный
университет

ул. Ворошилова, 25, г. Днепропетровск, Украина, 49000
Контактный тел.: (0562) 47-24-64

1. Введение

Одним из основных методов совершенствования популяций сельскохозяйственных животных являются различные виды скрещивания, позволяющие объединить в конкретной особи наследственные начала двух и более пород, типов или линий. Поэтому оценка количества наследственной информации, полученной

от исходных форм, в каріотипе потомства весьма актуальна. Для первого поколения ее решение не представляется сложным, т. к. теоретически ожидаемое пятидесятипроцентное присутствие наследственных детерминант двух исходных пород бесспорно и фактически реализуется. Для последующих поколений наблюдаемая доля участия исходных форм в генотипе конкретной особи может значительно отличаться от

теоретически ожидаемой, вычисленной при помощи традиционного расчета долей породности, или как принято говорить в зоотехнии «условной кровности» (1-е поколение: 0,5+0,5; 2-е: 0,25+0,75; 3-е: 0,125+0,875 и так далее, как например, при поглотительном скрещивании).

Формирование наследственной информации в каждом поколении, как известно, определяется объединением наследственности, получаемой от материнской и отцовской гамет, которые, в свою очередь, образованы путем обратного процесса – редукции половины информации в мейозе. Механизмы, обеспечивающие это уменьшение, действуют через диплоидность дискретных ее носителей – хромосом, опираясь на случайные процессы по удалению из формирующейся гаметы по одной хромосоме из каждой гомологичной пары не зависимо от других пар. Поэтому, говоря о судьбе любой популяции, важно знать, гены (они локализованы на конкретных хромосомах) каких родителей, пород, линий попадают в следующее поколение и какова вероятность попадания их в следующие поколения [1, 2, 3].

В основе формирования наследственной информации у особи лежат следующие явления, которые достаточно подробно рассмотрены классической генетикой. Во-первых, это независимое распределение гомологичных хромосом из каждой пары по половым клеткам – гаметам, позволяющее образовывать огромное количество разнообразных гамет. Во-вторых, процесс кроссинговера, ведущий к обмену наследственной информации внутри каждой пары хромосом. В-третьих, это случайное комбинирование гамет при половом процессе (образование зиготы). И, в-четвертых – мутации. Практически названные явления опираются на стохастические, случайные события, происходящие с наследственностью на трех различных временных уровнях, следующих один за другим. Поэтому принципиально возможна оценка и прогнозирование ожидаемых комбинаций наследственности исходных пород в ряду поколений на основе математического моделирования.

В настоящей работе предпринята попытка построить статистические модели прогнозирования хромосомного набора для идеального случая скрещивания крупного рогатого скота и свиней. На их основе оцениваются «доли кровности» в поколениях стада, сравниваются различные схемы селекции и оценивается минимальная величина популяции, для которой традиционный теоретический расчет близок к фактическому.

Под идеальным случаем понимается то, что все генетически разнообразные гаметы, образуемые у животных, имеют одинаковую выживаемость, и при оплодотворении не присутствует элемент избирательности. Бесспорно, в реальных условиях это не так. Но многообразие и разнонаправленность влияний на всех этапах формирования и использования половых клеток так велико, что не позволяет сформировать выраженный вектор их отбора, и дает право рассматривать передачу конкретных наследственных детерминант – генов и их материальных носителей – хромосом как вероятностное событие.

2. Методика моделирования при поглотительном скрещивании

Рассмотрим задачу нахождения вероятности появления полукровных животных при поглотительном скрещивании в рамках статистического подхода, т. е. определения чистокровности стада крупного рогатого скота при скрещивании животных одной породы с производителем другой породы на протяжении ряда поколений. При анализе данной задачи примем следующие допущения.

Во-первых, исключим из рассмотрения явление кроссинговера и мутации, т.е. будем считать, что хромосомы каждой из пород переходят без изменения из поколения в поколение.

Во-вторых, будем считать процесс формирования каждой хромосомной пары независимым от остальных пар.

В-третьих, исключим из рассмотрения процесс естественного отбора, т.е. будем считать, что каждая из особей способна к воспроизводству, доживает до половозрелого возраста и дает способное к воспроизводству потомство, что исключает потерю какой-либо части генетического материала.

При изложенных предположениях получим следующие исходы в каждом поколении животных: А – чистокровное первой породы, В – чистокровное второй породы (производителя), С – «полукровное». Под «полукровной» парой хромосом подразумевается пара гомологичных хромосом в кариотипе особи, одна из которых принадлежит первой исходной форме, а другая – второй. Данные исходы относятся к одной паре хромосомного набора. При этом имеем: в первом поколении $P(A)=P(B)=0, P(C)=1$; во втором поколении $P(A)=0, P(B)=1/4, P(C)=3/4$; в третьем – $P(A)=0, P(B)=3/4, P(C)=1/4$. Отметим, что данные вероятности вычисляются по формуле элементарной вероятности (1), что справедливо ввиду независимости испытаний (поколений) и конечного числа возможных исходов. Таким образом, для каждой пары хромосом вероятность реализации «полукровности» (событие С) в n-ом поколении составляет:

$$P_n(C) = 2 \times 2^{-n} = 2^{1-n} \quad (1)$$

Учитывая независимость формирования хромосомных пар, вероятность появления полукровной пары хромосом в e парах может быть вычислена по биномиальному закону и составляет в n-ом поколении при хромосомном наборе в k пар:

$$P_k(e) = C_e^k 2^{(1-n)e} (1 - 2^{1-n})^{k-e} \quad (2)$$

Для 30 пар хромосом:

$$P_{30}(e) = C_e^{30} 2^{(1-n)e} (1 - 2^{1-n})^{30-e} \quad (3)$$

Таким образом, получена вероятность появления определенного количества полукровных хромосом для конкретного животного с известной родословной. Она может быть непосредственно определена и применена, например, при определении необходимых объемов ин-

дивидуального генетического исследования животного, либо при выяснении врожденности того или иного признака при различных условиях содержания стада.

Перейдем к оценке вероятности появления конкретного числа животных с заданным числом полукровных хромосом в конкретном стаде. Непосредственно применить к стаду какой-либо из известных законов распределения не представляется возможным при заданном виде скрещивания, поскольку вероятность появления полукровных хромосом меняется в различных поколениях. Возникающие математические трудности решим следующим образом. Рассмотрим имеющееся стадо животных как композицию μ слов-поколений. Для i -го поколения ($i = \overline{1, \mu}$) рассмотрим следующие случаи: Д – е хромосомных пар – полукровные; Е – другие случаи. Таким образом, мы приводим данный случай в соответствие с биномиальным законом (1) и вероятность появления ровно e полукровных хромосомных пар у β животных в стаде из α голов i -го поколения составляет:

$$P_{\alpha}(\beta) = C_{\alpha}^{\beta} p^{\beta} q^{\alpha-\beta} \quad (4)$$

где C_{α}^{β} – число сочетаний из α по β ; $P = P_{30}(e)$, $q = 1 - p$.

Таким образом, вероятность появления в i -том поколении животных данного стада, состоящем из α голов i -го поколения, ровно β животных с ровно e парами полукровных хромосом составляет:

$$P_{\alpha}(\beta) = C_{\alpha}^{\beta} \left(C_e^{30} 2^{(1-i)e} (1 - 2^{(1-i)e})^{30-e} \right)^{\beta} \left(1 - C_e^{30} 2^{(1-i)e} (1 - 2^{(1-i)e})^{30-e} \right)^{\alpha-\beta} \quad (5)$$

Если в стаде содержится два поколения, то вероятность появления ровно β животных с ровно e парами полукровных хромосом составляет:

$$P_{\alpha_1, \alpha_2}(\beta) = \sum_{j=1}^{\beta-1} P_{\alpha_1}(j) P_{\alpha_2}(\beta-j) \quad (6)$$

где $P_{\alpha_1}(j)$, $P_{\alpha_2}(\beta-j)$ – вероятности появления ровно j и $(\beta-j)$ животных в соответственно n_1 и (n_1+1) -ом поколении. Соответственно, для трех поколений $(i, i+1, i+2)$ вероятность рассматриваемого события составляет:

$$P_{\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3}(\beta) = \sum_{K=1}^{\beta-1} P_{\alpha_1}(K) \sum_{j=1}^{\beta-K} P_{\alpha_2}(j) P_{\alpha_3}(\beta-K-j) \quad (7)$$

Построив таблицы значений $P_{\alpha}(\beta)$ для различных i, μ, α, β можно найти объем необходимого числа голов для получения заданной вероятности появления голов с полукровными парами хромосом. Данная задача может быть также разрешена численно на основе известных вычислительных методов [4-6]. Нетрудно видеть, что с увеличением номера поколения вероятность появления полукровных хромосом уменьшается.

луковных пар хромосом и породности разного вида при разведении «в себе» во всех поколениях, начиная с первого. В этом случае схема определения элементарных вероятностей несколько усложнена и требует анализа пола животного.

Рассмотрим следующую схему, изображающую возможные варианты сочетания хромосомной пары в некотором поколении (n -ном) при разведении «в себе». Будем считать, что вероятности появления указанных случаев составляют при $2p+q=1$

$$P(A) = P(B) = p; \quad P(C) = q, \quad (8)$$

В этом случае при разведении «в себе» можно показать, что в $(n+1)$ -ом поколении вероятности преобразуются следующим образом:

$$\begin{aligned} P(A) &= P(B) = p^2 + pq + 0,25q^2, \\ P(C) &= 2p^2 + 2pq + 0,5q^2, \end{aligned} \quad (9)$$

$$\begin{aligned} P(A) + P(B) + P(C) &= \\ &= 2(p^2 + pq + 0,25q^2) + 2pq + 0,5q^2 = (2p+q)^2 = 1 \end{aligned}$$

Для рассматриваемого случая имеем: в первом поколении $P(A) = P(B) = 0$, $P(C) = 1$; во втором, третьем и n -ом поколениях $P(A) = P(B) = 1/4$, $P(C) = 1/2$. Аналогично предыдущему случаю, учитывая независимость испытаний (поколений), вероятность появления в n -ном поколении e_1 пар полукровных хромосом, e_2 пар хромосом первой породы и e_3 пар хромосом второй породы составляет, согласно обобщенному биномиальному закону (6), следующую величину:

$$P_k(e_1, e_2, e_3) = \left[\frac{k!}{e_1! e_2! e_3!} \right] P^{e_2}(A) P^{e_3}(B) P^{e_1}(C), \quad (10)$$

где k – общее число хромосомных пар.

Для имеющихся вероятностей для всех поколений, кроме первого имеем:

$$P_{30}(e_1, e_2, e_3) = \frac{(30!)}{e_1! e_2! e_3!} 2^{-(e_2+e_3+2e_1)}. \quad (11)$$

Для рассматриваемого случая нет необходимости разбивать стадо по поколениям, поскольку вероятность реализации полукровности не изменяется с увеличением номера поколения. Таким образом, в соответствии с биномиальным законом [1], вероятность появления в стаде из α животных β особей с e_1 полукровными парами хромосом, e_3 парами первой породы и e_2 парами второй породы составляет:

$$P(D) = C_{\beta}^{\alpha} P_k^{\beta} (e_1 e_2 e_3) (1 - P_k(e_1 e_2 e_3))^{\alpha-\beta} \quad (12)$$

или

$$P(D) = \frac{\alpha!}{\beta!(\alpha-\beta)!} \left(\frac{30!}{e_1! e_2! e_3!} \frac{1}{2^{2e_1+e_2+e_3}} \right)^{\beta} \left(1 - \frac{30!}{e_1! e_2! e_3!} \frac{1}{2^{2e_1+e_2+e_3}} \right)^{\alpha-\beta} \quad (13)$$

Таким образом, при разведении «в себе» не происходит изменение породности, а лишь рекомбинация «полукровных» и «чистопородных» хромосомных пар

3. Определение вероятности появления полукровных животных при разведении «в себе»

Рассмотрим в рамках принятых в предыдущем разделе предположений вероятность появления по-

от поколения к поколению, что соответствует закону Харди-Вайнберга [7]. Таким образом, при разведении «в себе» генетический материал исходных форм может сохраняться в популяции достаточно долго [9-11], а выведение «чистой» породы возможно только путем формирования вектора отбора направленного на элиминацию гомологических хромосом одной из исходных форм.

4. Моделирование хромосомного набора стада

Полученные расчетные формулы (3, 5, 11 и 13) содержат быстрорастущие и громоздкие коэффициенты, вычисление которых требует значительного числа арифметических действий, большой точности промежуточных вычислений и, таким образом, больших затрат времени.

В практике статистических расчетов приняты некоторые обоснованные приближения, ускоряющие процесс вычислений и сохраняющие основные важнейшие свойства полученных решений. Так, в случае, если вероятность определяется при помощи биномиального закона с вероятностями заданных элементарных исходов p и q , то допустимо следующее приближение:

$$P_{r,k} = C_k^r p^k q^{r-k} \cong (2\pi r q)^{-\frac{1}{2}} \exp\left(-0,5\left(\frac{k-r}{(r q)}\right)^2\right). \quad (14)$$

Преобразуя полученные решения по формуле (14), найдем, например, для соотношения (3)

$$P_{30}(e) \cong \left(60\pi \frac{2^{n-1}-1}{2^{2n-2}}\right)^{-\frac{1}{2}} \exp\left(-\frac{1}{2}\left(\frac{e-30\frac{1}{2^{n-1}}}{\left(30\frac{2^{n-1}-1}{2^{2n-2}}\right)}\right)^2\right) \quad (15)$$

или (для $n > 3$)

$$P_{30}(e) \cong \left(2^{n-1}/60\pi\right)^{\frac{1}{2}} \exp\left(-\frac{1}{2}\left(\frac{(2^{n-1}e-30)/30}{30}\right)^2\right) \quad (16)$$

Считая e непрерывной величиной и производя по ней дифференцирование, можно найти число e^* , вероятность реализации которого максимальна:

$$\frac{d}{de} P_{30}(e) = -\frac{1}{2}\left(\frac{2^{n-1}}{60\pi}\right)^{\frac{1}{2}} 2\left(\frac{2^{n-1}e-30}{30}\right) \frac{2^{n-1}}{30} \times \exp\left(-\frac{1}{2}\left(\frac{2^{n-1}e-30}{30}\right)^2\right) = 0, e^* \cong \frac{30}{2^{n-1}}, P_{30}(e^*) \cong \sqrt{\frac{2^{n-1}}{60\pi}} \quad (17)$$

Учитывая, что e^* целое и $e^* \in [1,30]$, получим (табл. 1), что для ранних поколений $n=1,5$ значение e^* находится внутри интервала и смещается от больших значений к малым, а при $n \geq 6$ – выходит за нижнюю границу области определения. Это означает, что с первого по седьмое поколение имеется вполне определенная величина, определяющая наиболее вероятное число полукровных пар хромосом, а начиная с восьмого поколения появление «полукровных» пар маловероятно.

Таблица 1

Наиболее вероятное число «полукровных» пар хромосом и вероятность его реализации для различных поколений крупного рогатого скота (30 пар хромосом) при поглотительном скрещивании

n	1	2	3	4	5	6	7	8
e^*	30	15	7	4	2	1	1	1
$P_{30}(e^*)$	≈ 1	0,103	0,146	0,206	0,291	0,411	0,307	0,004

Таблица 2

Наиболее вероятное число «полукровных» пар хромосом и вероятность его реализации для различных поколений свиней (19 пар хромосом) при поглотительном скрещивании

n	1	2	3	4	5	6	7
e^*	19	9	5	2	1	1	1
$P_{19}(e^*)$	≈ 1	0,129	0,183	0,256	0,362	0,409	0,043

Аналогичные результаты можно получить для головы свиней. При этом число хромосомных пар равно 19 и чистопородность может быть достигнута практически в седьмом поколении (табл. 2). Таким же образом могут быть проанализированы формулы (5, 11 и 13). Однако, ввиду сложности такого анализа, предпочтительнее рассматривать численные результаты.

Рассмотрим еще один аспект приближенного расчета вероятности появления «полукровных» хромосом, отражающий фундаментальное свойство случайных величин.

Если поставить задачу определения не точно значения числа «полукровных» хромосом, а не превосходящего некоторого, наперед заданного, что приводит к суммированию элементарных вероятностей, то при некоторых условиях мы получим приближенно нормальное распределение (1), а именно: вероятность того, что у данного животного в n -ом поколении не более чем K_0 «полукровных» хромосомных пар выражается приближенно формулой:

$$P(e \leq K_0) \cong \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{\frac{1-np}{npq}}^{\frac{K_0-np}{npq}} \exp\left(-\frac{t^2}{2}\right) dt, \quad (18)$$

или

$$P(e \leq K_0) \cong \Phi\left(\frac{K_0 - np}{\sqrt{npq}}\right) - \Phi\left(\frac{1 - np}{\sqrt{npq}}\right),$$

где p – вероятность реализации одной «полукровной» пары, $\Phi(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_0^x \exp\left(-\frac{t^2}{2}\right) dt$ – функция Лапласа.

Отметим, что применение нормального закона позволяет использовать хорошо разработанные точечные и интервальные оценки точности определения статистических параметров распределения. Так, для оценки наиболее вероятного числа «полукровных» пар хромосом можно использовать t – критерий Стьюдента, а для оценки его дисперсии – F – критерий Фишера.

Предложенный метод вычисления дает возможность оценить помесные стада животных на наличие в них генетического материала исходных пород и позволяет тем самым обеспечить селекционера реальной информацией о ценности генетических ресурсов, с которыми он работает (табл. 3).

Как видно из полученных расчетов, даже при поглотительном скрещивании требуется 7-8 и более поколений, чтобы наполнить генофонд преобразуемого стада наследственностью улучшающей породы.

Это значительно дольше, чем принято считать в практической зоотехнии, когда животные от такого скрещивания в 3-4 поколения признаются чистопородными. Полученные в данных исследованиях теоретически ожидаемые величины сохранения хромосом улучшаемой (по сути, вытесняемой из генофонда при поглотительном скрещивании) родительской формы, подтверждают экспериментальные материалы на другом уровне интеграции наследственного материала – хромосомном [8].

Естественно, что разнообразие гомологичных хромосом, после первого поколения будет отличаться у различных особей не только стада, но и внутри поколения. Судить об этом можно при помощи уровня гетерозиготности, вычисляемому по конкретным экспериментальным данным.

Таблица 3

Вероятность реализации в гомологичных парах хромосом потомства встречи хромосом принадлежащих различным родительским формам при поглотительном скрещивании

Поколение	Кариотип 2N=38 (Sus scrofa domestica)		Кариотип 2N=60 (Bos Taurus)	
	Число пар	вероятность, %	число пар	вероятность, %
1	19	100,0	30	100,0
2	9	12,9	15	10,3
3	5	18,3	7	14,6
4	2	25,6	4	20,6
5	1	36,2	2	29,1
6	1	40,9	1	41,1
7	1	4,3	1	30,7
8	маловероятно	маловероятно	1	0,4
9	маловероятно	маловероятно	маловероятно	маловероятно

Проведенный мониторинг генофонда свиней различных классов по продуктивности и вычисление на основании полученных данных среднего уровня гомозиготности на особь (по 11 локусам, детерминирующим эритроцитарные антигены) очень показательно. Гетерозиготность, как известно, а точнее, ее уровень является одним из генетических параметров, которые, как правило, непосредственно влияют на продуктивность и жизнеспособность животных. Поэтому количественная оценка гетерозиготности представляется очень важной и информативной. Средняя гетерозиготность на особь (\bar{H}) представлена на рис. 1. Как видно из рисунка, по всем рассмотренным признакам наблюдается увеличение средней гетерозиготности на особь (\bar{H}) с продвижением вправо по шкале распределений (с увеличением продуктивности).

Как видно, по мере удаления от среднего арифметического значения на периферию, как к высокой, так и низкой продуктивности, в крайних классах наблюдается заметное, достаточно резкое снижение гетерозиготности.

Полученные в наших исследованиях результаты подтверждают данные о положительной связи уровня гетерозиготности и продуктивности свиней, но в данной работе нас больше интересовала возможность использования полученных результатов для построения селекционных программ и прогнозирования формирования кариотипов при той или иной схеме разведения. В частности, какими будут кариотипы при инбредном разведении части популяции, что необходимо для формирования нуклеарных линий и стад?

Анализируя результаты представленные на рис. 1 можно увидеть, что несмотря на то, что уровень гетерозиготности в плюсовых и минусовых классах был одинаков, но он вызван альтернативными гомозиготными состояниями аллелей, а значит и идентичность внутри гомологичных пар основана на различных хромосомах. Поэтому при выборе исходных родительских форм для создания эффективной и жизнеспособной инбредной субпопуляции (линии) свиней следует выбирать животных в диапазоне от +0,7 до +1,0 сигмы по всем изученным признакам. При этом можно ожидать, что животные, реализовавшие свой генетический потенциал, через фенотипы с названной продуктивностью будут обладать достаточным уровнем гомозиготности (это важно для нуклеарных родительских форм) и в то же время, не отягощены в значительной степени генетическим грузом.

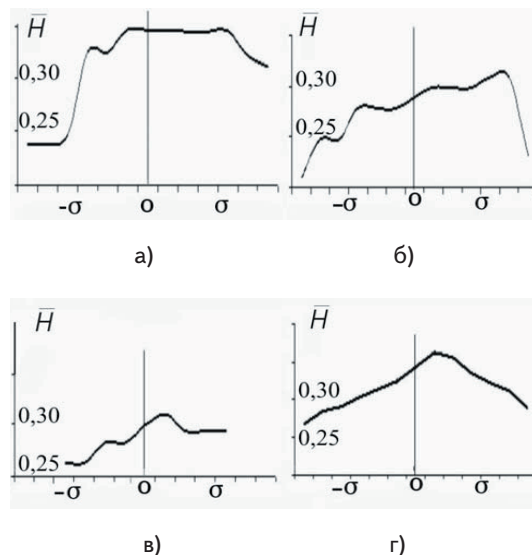


Рис. 1. Средняя гетерозиготность на особь (\bar{H}) у свиней различных классов по продуктивности: по многоплодию (а), по количеству поросят в 21 день (б), в 2 месяца (в) и массе гнезда (г)

Таким образом, опираясь на методы статистического моделирования в приложении к разведению животных и опираясь на основные теоретические положения генетики можно увидеть сложность и структурированность сложившихся в популяциях генетических отношений, отслеживать их по поколениям и эффективно прогнозировать развитие популяций в нужном направлении.

Література

1. Панченко А.И., Шмаков Ю.И., Мглиев А.А. Генетические особенности уржумских свиней // Зоотехния. – № 7. – 1999. – С. 6-7.
2. Сметанин В.Т. Скорость роста свиней «закрытой» популяции // Тваринництво України. – 2007. – № 8. – С. 8-9.
3. Прохоренко П.Н., Паронян И.А. Состояние генетических ресурсов домашних животных в мире и концепция их сохранения // Селекционно-генетические методы повышения продуктивности с.-х. животных. – М.: Росинформагротех, 2006. – С. 3-10.
4. Винничук Д.Т. Порода животных как биологическая система. – К. – 1993. – 70 с.
5. Зубец М.В. Теоретико-множественный и системный подход в анализе учения о породе // Вестник сельскохозяйственной науки. – № 2. – 1988. – С. 32-37.
6. Айвазян С.А. Статистические исследования зависимостей. – М.: Металлургия, 1968. – 200 с.
7. Thomson J.A. Heredity. – London, 1926. – 542 p.
8. Сметанін В.Т. Регуляція генотипу локальної популяції свиней за генетичними маркерами // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій ім. С.З. Гжицького. – Т.9. – № 3 (34). – Ч. 3. – Львів, 2007. – С. 133-136.
9. Петренко І.П., Зубец М.В., Вінчук Д.Т., Петренко А.П. Генетико-популяційні процеси при розведенні тварин. – К.: Аграрна наука, 1997. – 479с.
10. Баранов А. Племенная ценность гомозиготных быков // Зоотехния. – 1993. – № 11. – С.7-8.
11. Почерняев Ф.К., Сметанін В.Т. Аналіз локальної популяції свиней із використанням методу ПЛР-ПДРФ мітохондріальної ДНК // Науковий вісник Львівської Національної Академії ім. С.З. Гжицького. – Львів, 2005. – Т.7(№2), ч. 3. – С. 240–245.

Робота присвячена методам оцінювання рівня та швидкості деградації ґрунтів на території України за даними, що опубліковані в науковій літературі та у доповідях Мінекології України. Обґрунтовано доцільність застосування (ГІС) для визначення оцінок деградації ґрунтів

Ключові слова: деградація ґрунтів, географічні інформаційні системи

Робота посвящена методам оцінювання рівня і швидкості деградації ґрунтів на території України по даним, опублікованим в науковій літературі та в доповідях Мінекології України. Обґрунтована цільовість застосування (ГІС) для визначення оцінок деградації ґрунтів

Ключевые слова: деградация ґрунтов, географические информационные системы

The work is devoted to methods of estimating the level and rate of soil degradation in the territory of Ukraine on the data published in the scientific literature and reports of Ministry of Environment of Ukraine. The expediency of application of the (GIS) was declared

Keywords: the soil degradation in the territory, geographic information systems

УДК 004.92:912.43:614.7

ОЦІНКА ДЕГРАДАЦІЇ ГРУНТІВ ЗАСОБАМИ ГЕОГРАФІЧНИХ ІНФОРМАЦІЙНИХ СИСТЕМ

В.П. Білогуров

Кандидат технічних наук, доцент*

Контактний тел.: (057) 702-16-03

E-mail: v.belogurov@gmail.com

Г.В. Садовська*

*Контактний тел.: (057) 717-79-82

E-mail: Sado4ek2008@Rambler.ru

Кафедра геоінформаційних систем та геодезії

Харківська національна академія міського

господарства

вул. Революції, 12, м. Харків, Україна, 61002

1. Вступ

Особливо актуальними проблемами з екологічної географії в сучасній Україні за формулюваннями з

роботи [1] є наступне: 1) проблема мінерально-сировинних ресурсів - вичерпність, виснаження родовищ, зменшення їх різноманітності й погіршення якості, небезпека порушення середовища внаслідок