

биол. наук: 03.00.13 / Насибов Фамил Насир-оглы; ГНУ Башкирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства. – Т., 2008. – с. 38

4. Плохинский, Н. А. Биометрия / Н. А. Плохинский. – Новосибирск, 1961. – 365 с.

5. Харута В.Г., Иванків М.О., Кривоніс А.С., Богдан О.М., Заплідненість корів залежно від продуктивності, віку, кратності синхронізації статевої охоти і кількості родів, Науковий вісник ветеринарної медицини // Збірник наукових праць, вип. 6 (79), Біла Церква, 2010, - с. 126.

6. Шеремета В.І., Трохименко В.З., Себа М.В., Гормональний фон корів у останні декади тільності за введення біологічно активних препаратів // Вісник аграрної науки Причорномор'я, Вип. 3, т. 2, ч.2, 2010, - с. 152-161.

7. Шкурко Т.П., Воспроизводительная способность импортного молочного скота голштинской породы, Матеріали II міжнародної науково-практичної конференції, Кам'янець-Подільський, 2012, с. 274.

8. Pavelicek A. Veter. Glasnik/ A. Pavelicek, Z. Misljenovic – 1980.– Vol 34.– №7.– P. 667–670.

9. Postler, G Wie erwirtschaftete ich mit geringst moglichen Aufwand den höchsten Gewinn in der Milchviehhaltung: Kostereduktion, Aufwand Ertrags – Verhältnis / G. Postler / Ber. 29. Vichwirtsch. Fachtagung zum Thema «Milchproduktion und Rindermast» - Jrdning. – 2002. – S. 67.

*Освещены актуальные проблемы воспроизводства высокопродуктивных голштинских коров на фоне синхронизации половой охоты гормональными препаратами. Соответственно установлена зависимость продолжительности сервис-периода, стельности, лактации, сухостойного периода и МОП зависимо от плодотворного осеменения коров в рамках схемы синхронизации половой охоты коров.*

**Ключевые слова:** лактация, сервис-период, сухостойный период, стельность, межотельный период, молочная продуктивность.

*Deals with urgent problems playing high-Holstein cows on background sync sexual hunt hormones. Accordingly, the dependence of the duration of the service period, pregnancy, lactation, dry period and depending fruitful insemination of cows in the synchronization scheme of sexual hunt cows.*

**Keywords:** breastfeeding, service period, dry period, pregnancy, mizhotelnyy period milk yield.

Дата надходження в редакцію: 10.12.2012 р.

Рецензент: д.с.г.н., професор Л.М.Хмельничий

УДК 636.2.082

### МІЖПОРОДНА РІЗНИЦЯ ВІТЧИЗНЯНИХ ТА ІМПОРТОВАНИХ СВИНЕЙ ЗА ISSR-PCR МАРКЕРАМИ

**С. Войтенко**, д.с.-г.н., Полтавська державна аграрна академія

**В. Пономаренко**, аспірант, Інститут розведення і генетики тварин НААН

*Викладено результати міжпородної різниці свиней миргородської та великої білої порід з гібридним молодняком німецького походження за ДНК-мікросателітами. За результатами типування тварин за ISSR -S1 і S2– системами встановлена генетична диференціація свиней різних генотипів, яка полягала як у кількості відкритих й частці поліморфних локусів, так і очікуваній гетерозиготності і генетичних дистанціях. При цьому більш консолідованими були свині миргородської породи.*

**Ключові слова:** свині, мікросателіти, генетичні дистанції, подібність.

**Постановка проблеми.** Відомо, що молекулярно-генетичні маркери проявляються на молекулярному рівні і успадковуються в ряді поколінь. Для консолідації породи чи популяції тварин асоціації генів повинні бути стійкими і не зникати в ряді поколінь. Вони можуть підтримуватися добром і підбором, проте за «прилиття крові», розширення генетичної різноманітності генотипу тощо асоціації генів можуть розпадатися і не проявлятися в наступних поколіннях, тому пошук асоціації генів, які узгоджуються із проявом конкретних ознак продуктивності у тварин, відноситься до одних з актуальних проблем сьогодення [2].

**Аналіз досліджень і публікацій, у яких започатковано розв'язання даної проблеми.** Розвиток ДНК-технологій зумовив відкриття ДНК-мікросателітів, які, завдячуючи поліморфному характеру та менделеевському типу успадкування, вважають ідеальними ДНК-маркерами в геномі сільськогосподарських тварин [1, 3].

Найбільш простими і вживаними у свинарстві є мікросателітні маркери (SSR), за допомогою яких можна охарактеризувати динаміку популяційно-генетичних процесів, що відбуваються в стадах свиней у залежності від штучного добору і природних умов [4].

За результатами типування свиней різних популяцій за даною маркерною системою були визначені генетичні дистанції згідно яких не схожими були свині миргородської та великої білої порід [5].

Дослідження генетичної подібності свиней великої білої породи (УВБ-1) з використанням ISSR-PCR – праймера S<sub>2</sub> підтвердило наявність до 60% спільних ідентичних частот маркерних смуг за ідентичності тварин на рівні 0,5621. Водночас генетична подібність свиней УВБ-1 за дендрограмою вказує на належності маток до інших генеалогічних родин, ніж вказаних у племінній документації, що можна пояснити як помилками зоотехнічного характеру, так і малою інформативністю даної маркерної системи [6].

З урахуванням вищевказаного, вважаємо, що маркери SSR доцільно використовувати для оцінки генофонду порід сільськогосподарських тварин, виявлення міжпородної та індивідуальної різниці свиней різного напрямку продуктивності тощо.

**Методика і методи дослідження.** Для вивчення міжпородної різниці у свиней вітчизняної та зарубіжної селекції в умовах промислового господарства були сформовані три піддослідні групи: перша група (контрольна) - чистопородні свині миргородської породи, друга (дослідна) - чистопородні свині великої білої породи і третя (дослідна) – гібридний молодняк імпортований з Німеччини. Відбір проб крові у свиней для проведення ДНК-типування в техніці ISSR проводили за методикою [ 8 ] ; виділення ДНК із венозної крові - згідно з методикою [7]. Ампліфікацію ДНК проводили у мультиплексній ПЛП, використовуючи праймери – S1 та S2. Ампліфікацію ДНК проводили шляхом ISSR-ПЛП в 25 мкл реакційної суміші, складеної із компонентів стандартного набору «Тапотілі» (Москва). Температура відпалу праймерів складала 57<sup>0</sup>С. Електрофорез продуктів ампліфікації, отриманих в техніці ISSR проводили за методикою [4]. Для обробки даних використовували комп'ютерну програму GENALEX 6 [10], а визначення генетичних дистанцій - методу [9].

**Результати досліджень.** За результатами досліджень встановлено, що ISSR S1 і S2 системи характеризуються як поліморфні, здатні відкрити близько 20 локусів геному свині з установленим як міжпородної так і індивідуальної різниці між тваринами. Так, за системою S1 у свиней миргородської породи було виявлено сумарно 23 смуги, 6 з яких характеризували мономорфні локуси геному. Особливістю свиней великої білої породи були 24 ISSR- S1 фрагменти, серед яких 7 - мономорфні. Гібридні свині німецької селекції відрізнялися від інших досліджуваних генотипів тим, що в них виявлено 22 смуги, серед яких лише 3 мономорфні. За системою S2 у свиней миргородської і великої білої порід було виявле-

но сумарно 18 смуг, 6 з яких характеризували мономорфні локуси геному. Гібридні свині німецької селекції відрізнялися від інших досліджуваних генотипів тим, що в них виявлено 19 смуг, серед яких лише 4 мономорфні. Особливістю досліджуваних генотипів було наявність певних константних смуг, частина з яких не зустрічалася у представників інших генотипів.

Встановлено, що частка поліморфних локусів за системою S1 найбільшою була в гібридних тварин (0,687), найменшою у свиней великої білої породи (0,406) за проміжного значення показника у миргородської породи (0,473). Частка поліморфних локусів за системою S2 у досліджуваних генотипів була подібна до попередньої системи: у гібридних тварин становила 0,440, у свиней миргородської породи - 0,323 та у великої білої - 0,320. За використання системи S1 у середньому було відкрито 9,587 локусів у гібридного молодняка; 11,783 - у свиней великої білої породи і 11,394 – у миргородської за середнього значення за усіма досліджуваними генотипами – 10,921. Таким чином, за системою S1 генетично несхожими виявилися свині великої білої породи, а подібними – гібридні тварини. Середня кількість локусів за системою S2 варіювала від 8,860 у свиней миргородської породи до 7,140 у гібридного молодняка. Частоти зустрічності смуг-ампліконів за двома системами хоча і мали деякі відмінності у тварин різних груп, проте вони не вірогідні.

Для молодняка миргородської породи характерний найнижчий рівень очікуваної гетерозиготності за системою ISSR S2 - 0,219, за максимального значення у свиней німецької селекції – 0,317. Свині великої білої породи займали проміжне значення даного показника – 0,224. За системою S1 рівень очікуваної гетерозиготності мав таку ж спрямованість, як і за системою S2: гібридний молодняк мав найвище значення показника – 0,377 за найменшого у свиней миргородської породи – 0,281. Одержані результати дають змогу стверджувати про вищу очікувану консолідацію свиней миргородської і великої білої порід, порівняно із тваринами зарубіжного генотипу, оскільки вони мали найнижчий рівень очікуваної гетерозиготності за обома досліджуваними системами.

Результати обчислення генетичних дистанцій за двома системами ISSR-маркерів вказують на відсутність суттєвої різниці між молодняком німецької селекції як з миргородською, так і великою білою породами. Генетична дистанція між гібридним молодняком та миргородською породою склала – 0,301 за дещо меншої різниці гібридного молодняка з великою білою породою – 0,291.

**Висновок.** Таким чином, за результатами типування тварин за ISSR-маркерами, а саме за системами S1 і S2, встановлена генетична диференціація свиней різних генотипів, яка полягала

як у кількості відкритих й частці поліморфних локусів, так і очікуваній гетерозиготності і генетичних дистанціях. З огляду на одержані результати досліджень варто зазначити, що свині миргород-

ської породи більш консолідовані, порівняно із гібридним молодняком німецької селекції. Проте для визначення дійсного стану популяцій бажано залучати якомога більше генетичних систем.

#### Список використаної літератури:

- 1 Глазко В. И. Некоторые проблемы генетики сельскохозяйственных животных / В. И. Глазко, О. Ю. Серая-Рязанцева // Вісник аграрної науки . –1994. – № 10. – С.71– 83.
2. Князев С. П. Ассоциация генетических маркеров в двух родственных породах свиней / С. П. Князев // Генетика. –1999. –№ 5. –С. 674 – 680.
3. Калашникова Л. А. Селекция XXI века: использование ДНК-технологий / Л. А. Калашникова, И. М, Дунин, В. И. Глазко . – Лесные поляны, 2000. – 31с.
4. Маниатис Т. Молекулярное клонирование/ Т. Маниатис., Э.Фрич., Д.Сэмбрук //пер. с англ. под ред. А. А.Баева. – Москва: Мир, 1984. – 479 с.
5. Метлицька О. І. Ефективність генетичної паспортизації порід свиней із застосуванням ISSR-PCR маркерів /О. І. Метлицька // Вісник Полтавської державної аграрної академії . –2005. – № 3. – С.39 – 41.
6. Онищенко М. М. Использование ISSR–PCR маркеров для исследования внутривидового полиморфизма животных УКБ-1 / М.М.Онищенко, В.Н.Балацкий // Пути интенсификации отрасли свиноводства в странах СНГ .- XIII междунар. науч.-практ. конф., 14– 15 сентября 2006г.: тезисы докл. – Жодино, 2006. – С. – С. 93– 95.
7. Соколов Б. П. Выделение высокомолекулярной эукариотической ДНК с использованием ацетата калия/ Б. П.Соколов, В. В. Джемелинский// Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. – 1989. – № 6. – С. 45– 46.
8. Тихонов В. Н. Иммуногенетика и биохимический полиморфизм домашних и диких свиней. - Новосибирск: «Наука», 1991.– 300 с.
9. Nei M. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases/ Nei M., Li W.H. // Proceeding of the National Academy of Science USA. – 1979. – Vol. 76. – P 2569– 2573.
10. Rogstad S. GELSTATS: a computer program for population genetics analyses using VNTR multilocus probe data/ S.Rogstad, S. Pelican // Bio Techniques. – 1996. – V. 21. – № 6. – P.187– 196.

Дата надходження в редакцію: 10.12.2012 р.

Рецензент: д.с.г.н., професор Л.М.Хмельничий

УДК 636.2.034:575.17

### ЗВ'ЯЗОК МОЛОЧНОЇ ПРОДУКТИВНОСТІ КОРІВ З ДНК-ПОЛІМОРФІЗМОМ СТРУКТУРНИХ ГЕНІВ ЗА РІЗНИХ ТИПІВ ФОРМУВАННЯ ОРГАНІЗМУ

**М. І. Гиль**, д.с.-г.н., професор, Миколаївський національний аграрний університет

**О. І. Каратєєва**, аспірант, Миколаївський національний аграрний університет

*Вивчено порівняльний аналіз ДНК-поліморфізму структурних генів та їх вплив на ознаки молочної продуктивності залежно від інтенсивності формування організму тварини. Встановлено можливість застосування генетичних маркерів в селекції корів різних порід молочного напрямку продуктивності.*

**Ключові слова:** інтенсивність формування організму, поліморфізм, локус, капа-казеїн, лептин, соматотропін, бета-лактоглобулін

**Постановка проблеми.** Останніми роками в галузі молочного скотарства все активніше здійснюють пошук нових альтернативних методик для прискорення селекційно-плеємної роботи з конкретно взятою породою чи стадом [1]. Одним із таких досягнень сучасної генетики є відкриття поліморфних генетичних систем у сільськогосподарських тварин, які «зчеплені» з бажаними ознаками молочної продуктивності. Основним методом у здійсненні даної оцінки виступають ДНК-маркери за допомогою яких на рівні алельних варіантів генів можна визначити генотип тварин та передбачити їх продуктивність незалежно

від їх фізіологічного стану, віку інколи й статі [5].

**Аналіз останніх досліджень і публікацій, у яких започатковано розв'язання проблеми.** У зв'язку з підвищеними вимогами до якості молока виникає потреба використання в селекційній роботі генетичних маркерів пов'язаних з ознаками молочної продуктивності. За даними Копилової К.В., Гиль М.І. існує два основних напрямки пошуку «головних» генів кількісних ознак [1, 2, 4, 6]. Один із них контролює поліморфізм структурних генів, які потенційно пов'язані з фізіологічними процесами. Інший припускає локалізацію «головних» генів кількісної ознаки в окремо взятих ді-