3. Свечин Ю.К. Прогнозирование продуктивности животных в раннем возрасте. // Весник сельскохозяйственной науки. - 1985. - № 4. - С. 103-108.
4. Халак В.І., Кравченко В.О. Закономірності росту ремонтних свинок внутрішньопородного типу УВБ-3 та їх продуктивність //Таврійський науковий вісник. - Х.: 2006. - В. 43. - 386 с .

УДК 636.4.082.12

ВИКОРИСТАННЯ ІМУНОГЕНЕТИЧНИХ МЕТОДІВ ДЛЯ ЗБЕРЕЖЕННЯ ГЕНОФОНДІВ ЛОКАЛЬНИХ ПОРІД СВИНЕЙ

В.В. Герасименко, К.В. Скрепець, І.М. Карвацька, Т.І. Смолянець

Інститут тваринництва степових районів ім. М.Ф. Іванова "Асканія-Нова"- Національний науковий селекційно-генетичний центр з вівчарства

Викладено результати порівняльного аналізу ефективності деяких методичних підходів з використання генетичних систем маркерних генів для збереження генетичного поліморфізму в локальних малочисельних популяціях свиней при закритому розведенні.

Ключові слова: генофонд, молекулярно-генетичні маркери, збереження, локальні популяції.

Генофонди локальних порід сільськогосподарських тварин є суттєвою складовою загальної біологічної різноманітності та резервом цінних спадкових задатків, що забезпечують потреби фахівців у процесі рішення селекційних завдань. Але в Україні вже зараз багато порід знаходяться на межі повного зникнення [1], тому й потрібна ефективна державна програма по збереженню їх генофондів [2,3], яка повинна передбачати удосконалення спеціальних систем розведення тварин в генофондних стадах з використанням різних молекулярно-генетичних маркерів [4,5].

Метою цієї роботи було вивчення ефективності деяких методичних підходів з використання генетичних систем маркерних генів для збереження рівня генетичного поліморфізму в малочисельних популяціях свиней при замкненому розведенні.

Матеріал і методика. Дослідження проведені на свинях української степової білої (УСБ) та української степової рябої (УСР) порід, що розводяться в ДПДГ Інституту тваринництва "Асканія-Нова".

На першому етапі виконання робіт з використанням загальноприйнятих методів (реакції аглютинації та гемолізу, проба Кумбса, електрофорез у крохмальному гелі) за еритроцитарними антигенами 6 генетичних систем груп крові (EAB, EAD, EAE, EAF, EAG, EAL) та електрофоретичними варіантами трансферину (Tf) і амілази (Am) було типовано по 25 свиноматок, а також 19 та 17 плідників, відповідно, УСБ та УСР порід. За результатами імуногенетичного типування по кожній породі окремо було сформовано по 2 групи тварин, індивідуальне парування яких за теоретичними розрахунками повинно було забезпечити одержання нащадків з підвищеними (УСБ: ≥ 0,34, група I; УСР ≥ 0,31, група III) та зниженими (УСБ < 0,34, група II; УСР < 0,31, група IV) середніми по гнізду значеннями рівня гетерозиготності за комплексом локусів.

На другому етапі, після отримання опоросів, усі нащадки (n= 425) від кожного варіанту підборів батьків також були типовані за генетичними системами маркерних генів. З використанням сімейно-генетичного аналізу проведено генетичну експертизу походження молодняку. Поросят з помилками в записах про походження виключали з подальших досліджень. Після виключення кількість поросят у групах складала: 71 (група I, 10 опоросів); 110 (група II, 15 опоросів); 80 (група III, 10 опоросів); 111 (група IV, 15 опоросів). За результатами типування по кожному гнізду окремо розраховували фактично одержані середні значення ступеня гетерозиготності за комплексом локусів і індивідуальні - для кожного з батьків. Також вивчали параметри генетичної структури (в межах кожної породи) альтернативних груп нащадків за частотою алелів і генотипів та іншими показниками рівня генетичного поліморфізму, зокрема, значеннями ефективного числа алелів (n_e) і долі гетерозигот (Y) по кожному локусу окремо та в середньому за всіма локусами [6].

Результати досліджень. Аналіз одержаних експери-ментальних даних показав, що теоретично очікувані та фактичні рівні гетерозиготності за комплексом локусів у нащадків, при розрахунку їх в середньому по групах, в цілому, добре відповідали один одному: в групах I, II, III, IV середні розрахункові значення цих показників, відповідно, складали 0,40±0,02; 0,23±0,02; 0,36±0,02; 0,25±0,01, в той час як фактичні - 0,40±0,02; 0,26±0,02; 0,31±0,02; 0,25±0,02. Слід відмітити, що різниця поміж альтернативними групами нащадків за середньогруповим рівнем гетерозиготності була більш яскраво виражена у тварин української степової білої породи (Δ= 0,40-0,23 = 0,17), що обумовлено, певно, більш високим значенням селекційного

диференціалу в даному випадку (0,14 проти 0,06). Наслідком різноспрямованості індивідуального підбору батьківських пар в альтернативних групах тварин стала суттєва різниця в параметрах генетичної структури відповідних груп нащадків, в першу чергу, за концентрацією генотипів (табл. 1) по генетичним системам: EAG, Hp, Am (УСБ) та EAE, EAG, Tf (УСР). Зокрема, у поросят I та III груп, в порівнянні з альтернативними, суттєво ($p< 0,05$-$0,01$) підвищилася частка гетерозигот E^{edg}/E^{edf}, G^a/G^b. У нащадків української степової білої породи, одержаних від підборів батьківських пар, спрямованих на підвищення ступеня гетерозиготності, крім того, спостерігалося високовірогідне ($p< 0,001$) зростання концентрації гетерозигот Hp^1/Hp^2 та Am^1/Am^2 (в 2,1-5,1 рази), за рахунок відповідного зниження частки гомозигот за алелями Hp^1 та Am^2 ($p< 0,001$). У поросят української степової рябої породи, одержаних від аналогічних варіантів підборів, у порівнянні з альтернативною групою також спостерігалося суттєве зростання частки гетерозигот за генетичною системою Tf (з 19,1% до 36,2 %; $p< 0,01$). Крім того, відзначено повну елімінацію гомозигот E^{edf}/E^{edf} та G^b/G^b ($p < 0,01$).

Дещо менші відмінності поміж групами спостерігалися при порівняльному аналізі якісних та кількісних особливостей алельного спектру (табл. 2). У поросят української степової рябої породи вірогідна міжгрупова різниця була виявлена тільки за концентрацією алеля E^{edg}, в той час як у поросят української степової білої - D^a, D^b, Hp^1, Hp^2, Am^2. Як наслідок, у тварин першої та третьої груп зафіксовано зростання ефективного числа алелів та частки гетерозигот за генетичними системами EAD, EAF, EAG, Hp, Am (УСБ); Tf, Hp (УСР). Середнє значення ефективного числа алелів за комплексом генетичних систем в обох групах поросят української степової рябої породи практично не відрізнялося ($\overline{n}_e$ = 1,6), але у тварин української степової білої породи, що належали до I групи, в порівнянні з альтернативною спостерігалося підвищення цього показника на 13,3 %. Крім того, в обох досліджених породах при підборах батьківських пар, спрямованих на одержання нащадків з підвищеним рівнем гетерозиготності, зафіксовано і зростання середніх значень частки гетерозигот на локус на 18,9%-43,7%. При порівнянні цих показників у тварин I та III груп з відповідними середніми популяційними відносне зростання складало: в українських степових білих свиней 22,8 % ($\overline{Y}$) та 6,2 % ($\overline{n}_e$), в українських степових рябих -10,1% ($\overline{Y}$) при незмінному значенні показника "$\overline{n}$ e".

Таблиця 1. Частота деяких генотипів (%) у поросят різних груп у зв'язку з особливостями індивідуального підбору батьківських пар

Генотип	УСБ	УСР
	групи I (II)	групи III (IV)
E^{bdg}/E^{edf}	19,72 (23,14)	2,50 (21,62***)
E^{edg}/E^{edf}	33,80 (16,67**)	26,25 (14,41*)
E^{edf}/E^{edf}	7,04 (12,04)	0,00 (5,41**)
G^{a}/G^{b}	71,43 (56,88*)	65,82 (44,14**)
Gb/Gb	24,28 (38,53*)	0,00 (19,82***)
Tf^{A}/Tf^{A}	13,23 (4,85*)	5,00 (5,45)
Tf^{A}/Tf^{B}	39,71 (41,75)	36,25 (19,09**)
Tf^{B}/Tf^{B}	47,06 (53,40)	58,75 (75,46*)
Hp^{1}/Hp^{1}	67,14 (90,74***)	86,25 (92,79)
Hp^{1}/Hp^{2}	32,86 (6,48***)	13,75 (7,21)
Hp^{1}/Hp^{3}	0,00 (2,78*)	0,00 (0,00)
Am^{1}/Am^{2}	60,00 (27,78***)	11,25 (16,36)
Am^{2}/Am^{2}	21,43 (53,70*)	73,75 (67,27)
голів	**71 (110)**	**80 (111)**

Примітка. В таблицях 1 та 2:
*p < 0,05; ** p < 0,01; *** p < 0,001.

З загальнобіологічних закономірностей випливає, що при випадковому паруванні однопорідних тварин рівень гетерозиготності нащадків за комплексом генетичних систем маркерних генів, в цілому, позитивно корелює з рівнем гетерозиготності кожного з батьків. Тому, з метою вивчення ефективності використання різних методів прогнозування рівня гетерозиготності нащадків нами, одночасно за всіма опоросами, були проведені розрахунки коефіцієнтів кореляції поміж очікуваними при цілеспрямованому підборі батьківських пар (з урахуванням особливостей генотипів тварин) та фактично одержаними окремо по кожному гнізду середніми значеннями рівня гетерозиготності поросят за комплексом локусів (r_1), між останнім показником та рівнем гетерозиготності матерів (r_2), наявними середніми значеннями рівня гетерозиготності нащадків по кожному гнізду та рівнем гетерозиготності плідників (r_3). Дослідження показали, що в усіх трьох випадках коефіцієнти кореляції були позитивними, але найбільше його значення спостерігалося при вивченні взаємозв'язків поміж очікуваними при різних варіантах підбору

батьківських пар та наявними значеннями рівня гетерозиготності нащадків за комплексом локусів (r_1= + 0,773± 0,09; при p< 0,001). У другому варіанті розрахунків значення коефіцієнту кореляції (r_2) складало + 0,370± 0,134; при p< 0,01, в той час як в третьому (r_3) - тільки + 0,137± 0,134 при відсутності вірогідності.

Таблиця 2. Частота алелів та параметри генофондів різних груп поросят у зв'язку з особливостями індивідуального підбору батьківських пар

Алелі, параметри	УСБ	УСР
	групи I (II)	групи III (IV)
1	2	3
B^a	1,000 (1,000)	1,000 (1,000)
n_e	1,0 (1,0)	1,0 (1,0)
Y	1,0 (1,0)	1,0 (1,0)
D^a	0,085 (0,009**)	0,000 (0,000)
D^b	0,915 (0,991***)	1,000 (1,000)
n_e	1,2 (1,0)	1,0 (1,0)
Y	16,9 (9,1)	0,0 (0,0)
E^{bdg}	0,254 (0,315)	0,394 (0,446)
E^{edf}	0,338 (0,319)	0,144 (0,243)
E^{edg}	0,408 (0,366)	0,462 (0,302*)
E^{bdf}	0,000 (0,000)	0,000 (0,009)
n_e	2,9 (3,0)	2,6 (2,9)
Y	78,9 (66,7)	62,5 (65,8)
F^a	0,042 (0,014)	0,512 (0,509)
F^b	0,958 (0,986)	0,488 (0,491)
n_e	1,1 (1,0)	2,0 (2,0)
Y	8,5 (2,7)	50,0 (44,1)
G^a	0,400 (0,330)	0,671 (0,581)
G^b	0,600 (0,640)	0,329 (0,419)
n_e	1,9 (1,9)	1,8 (1,9)
Y	71,4 (56,9)	65,8 (44,1)
Tf^A	0,331 (0,257)	0,231 (0,150)
Tf^B	0,669 (0,743)	0,769 (0,850)
n_e	39,7 (41,8)	36,3 (19,1)
Y	1,8 (1,6)	1,6 (1,3)
Hp^1	0,836 (0,954**)	0,931 (0,964)
Hp^2	0,164 (0,032**)	0,069 (0,036)

1	2	3
Hp[3]	0,000 (0,014)	0,000 (0,000)
n_e	1,4 (1,1)	1,2 (1,1)
Y	32,9 (9,3)	13,8 (7,2)
Am[1]	0,407 (0,269)	0,056 (0,086)
Am[2]	0,543 (0,694*)	0,856 (0,827)
Am[3]	0,050 (0,037)	0,088 (0,087)
n_e	2,2 (1,8)	1,3 (1,4)
Y	70,0 (35,2)	23,8 (31,8)
$\overline{n}_e$	**1,7 (1,5)**	**1,6 (1,6)**
$\overline{Y}$	**39,8 (27,7)**	**31,5 (26,5)**

Таким чином, індивідуальний підбір батьківських пар за генетичними системами маркерних генів можна вважати доволі ефективним методом підтримання високого рівня поліморфізму в малочисельних локальних популяціях свиней при закритому розведенні.

Висновки. Дослідженнями встановлено, що при індивідуальних підборах батьківських пар свиней за генетичними системами маркерних генів, спрямованих на підвищення рівня гетерозиготності нащадків за комплексом локусів, фактично одержані середні по кожному гнізду значення цього показника в цілому добре відповідають теоретично очікуваним ($r = + 0,773 \pm 0,09$; при $p < 0,001$), тому цей методичний підхід можна вважати ефективним заходом по збереженню рівня генетичного поліморфізму в локальних малочисельних популяціях свиней при закритому розведенні. Показано, що на протязі одного покоління зростання середніх значень долі гетерозигот на локус в порівнянні з середніми значеннями по стаду складало 9,2-18,6 %.

Список використаної літератури

1. Рубан Ю.Д. Современные задачи селекции// Вісник аграрної науки. - 1997. - № 2. - С. 38-40.

2. Буркат В.П. Селекція, генетика і біотехнологія у тваринництві// Вісник аграрної науки. - 1997. - № 9. - С. 46-52.

3. Мирось В.В., Ткачов А.Ф., Хватов А.І. та ін. Проблеми збереження породного генофонду свиней України// Розведення і генетика тварин. -Київ: Аграрна наука. - 2001. - №34. - С. 149-150.

4. Ефименко М.Я., Подоба Б.Е., Стоянов Р.А. Проблемы породообразовательного процесса в животноводстве// Вісник аграрної науки. - 1999. - № 5. - С. 26-30.

5. Глазко В.И., Созинов И.А. Генетика изоферментов животных и растений. - К. : Урожай, 1993. - 528 с.
6. Животовский Л.А. Популяционная биометрия. - М.: Наука, 1991. - 271с.

УДК 636.4.082.12

ДО ПИТАННЯ ПРО ВИКОРИСТАННЯ ІНДЕКСІВ ГЕНЕТИЧНОЇ СХОЖОСТІ В СЕЛЕКЦІЇ СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИХ ТВАРИН

В.В. Герасименко

Інститут тваринництва степових районів ім. М.Ф. Іванова "Асканія-Нова"- Національний науковий селекційно-генетичний центр з вівчарства

Запропоновано спосіб визначення ступеня індивідуальної генетичної схожості між тваринами з урахуванням особливостей їх генотипів за окремими генетичними системами маркерних генів та їх комплексом.

Ключові слова: генетичні системи, маркерні гени, популяції, генетична структура, генетична схожість.

Існує немало повідомлень про те, що показники генетичної схожості (дистанції) можуть слугувати орієнтирами для оптимізації пошуку перспективних варіантів кросів, які забезпечують отримання гетерозисного ефекту, підвищення відтворювальних якостей тварин, життєздатності та продуктивності потомства. У зв'язку з цим зростає значення точності оцінок генетичних дистанцій як на індивідуальному, так і популяційному рівнях. Якщо для останнього випадку розроблені різноманітні, хоча і не позбавлені недоліків, методичні підходи, то способи визначення ступеня генетичних відмінностей поміж окремими особинами, особливо за комплексом локусів, практично відсутні. В імуногенетиці для цього іноді використовують показники, розрахунки яких основані на обліку кількості антигенів, що є загальними для обох порівнювальних тварин [1,2]. Однак, при цьому