

4. Ефименко М.Я., Подоба Б.Е., Стоянов Р.А. Проблемы пороодообразовательного 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

не враховуються не тільки особливості генотипів, але і якісна алельна (антигенна) своєрідність організмів.

Нами запропоновано спосіб визначення ступеня індивідуальної генетичної схожості між тваринами з урахуванням особливостей їх генотипів за окремими генетичними системами маркерних генів та їх комплексом. В основу методу покладено уявлення про те, що відповідно до законів популяційної генетики з урахуванням правила вільного комбінування гамет довготривале репродуктивне використання різних тварин з ідентичними генотипами в однакових схемах індивідуально-групового підбору повинно приводити до одержання приблизно однакового розподілу генотипів у відповідних групах нащадків. Тобто індекси генетичної подібності груп нащадків, в даному випадку, з деякими припущеннями можуть бути використані для оцінки рівня індивідуальної схожості генотипів батьків.

Нехай, наприклад, у простому випадку, для трьохалельної закритої генетичної системи розподіл частот алелів у популяції складає: $a=0,6$; $b=0,3$; $c=0,1$. Необхідно визначити індекси індивідуальної генетичної схожості тварин з генотипами "aa" (1), "bb" (2), "cc" (3). При рівномірному індивідуально-груповому паруванні кожної із цих тварин з представниками даної популяції розподіл частот генотипів у нащадків буде різним. Для тварин з генотипом "aa": $0,6 aa + 0,3 ab + 0,1 ac$. Для тварин з генотипом "bb": $0,6 ab + 0,3 bb + 0,1 bc$. Для тварин з генотипом "cc": $0,6 ac + 0,3 bc + 0,1 cc$. Далі розраховуємо індекси генетичної схожості поміж групами гіпотетичних потомків, наприклад, за формулою Л.А.Животовського [3]:

$$r = \sum \sqrt{p_i q_i}$$

де: p_i , q_i - частоти i -ої за номером морфи в порівнюваних популяціях (у нашому випадку - в групах нащадків від кожного варіанту індивідуально-групового парування).

При цьому морфами можуть бути як відповідні алелі, так і генотипи. Останнє, певно, більш зручно, оскільки виключаються додаткові розрахунки значень частоти алелів:

$$r_{1-2} = \sqrt{0,3 \times 0,6} = 0,424; r_{1-3} = \sqrt{0,1 \times 0,6} = 0,245; r_{2-3} = \sqrt{0,1 \times 0,3} = 0,173.$$

Наведені результати показують, що, незважаючи на однакову, на перший погляд, генетичну різницю між тваринами з генотипами "aa", "bb", "cc", рівні генетичної схожості груп нащадків, одержаних від їх репродуктивного використання в умовах даної популяції, мають різні значення. Так, у генетичному середовищі, параметри якого наведені вище, виходячи з рівня генетичної схожості груп гіпотетичних нащадків, генетично найбільш близькі поміж собою генотипи "aa" і "bb" ($r = 0,424$), в той час як генотипи "bb" і "cc" мають

найбільшу генетичну різницю ($r = 0,173$). Причому такі показники індивідуальної генетичної схожості характерні тільки при репродуктивному використанні цих тварин саме в цій популяції з певною генетичною структурою. В іншому генетичному середовищі індекси індивідуальної генетичної схожості між тими ж генотипами можуть мати зовсім другі значення. Тобто параметри генетичного середовища, в даному випадку, виконують роль своєрідної системи координат і їх зміни приводять до змін відповідних оцінок рівня генетичної схожості поміж різними індивідуальними генотипами, що є цілком логічним з урахуванням діалектичного підходу і досить часто спостерігається в багатьох випадках (зміна селективної цінності алелів і генотипів, продуктивних якостей тварин, рангів плідників у різних умовах та ін.).

Для визначення індексів індивідуальної генетичної схожості особин за комплексом генетичних систем використовують добуток відповідних індексів, розрахованих за окремими системами [4]. Кластерний аналіз отриманих підсумкових значень дозволяє побудувати дендрограму, що наглядно демонструє генетичні взаємовідношення між представниками різних генетичних класів. Як приклад, нижче наведено послідовність дії при розрахунку індексів генетичної схожості між сьома комбінованими генотипами за п'ятьма генетичними системами еритроцитарних антигенів [(I): $B^a/B^a, D^b/D^b, E^{edg}/E^{edf}, F^b/F^b, G^b/G^b$; (II): $B^a/B^a, D^b/D^b, E^{bdg}/E^{edf}, F^b/F^b, G^a/G^b$; (III): $B^a/B^a, D^a/D^b, E^{bdg}/E^{edg}, F^a/F^b, G^a/G^b$; (IV): $B^a/B^b, D^b/D^b, E^{edf}/E^{edf}, F^b/F^b, G^a/G^a$; (V): $B^b/B^b, D^b/D^b, E^{edg}/E^{edg}, F^b/F^b, G^a/G^a$; (VI): $B^a/B^b, D^a/D^b, E^{edg}/E^{edf}, F^a/F^b, G^b/G^b$; (VII): $B^b/B^b, D^a/D^a, E^{edg}/E^{aeg}, F^b/F^b, G^a/G^a$] для тварин, що належать гіпотетичній популяції, параметри генетичної структури якої наведені у таблиці 1.

Таблиця 1. Частота алелів за 5-ма генетичними системами груп крові в гіпотетичній популяції

Система	Алелі	Частота алелів	Система	Алелі	Частота алелів
B	a	0,7	E	edf	0,2
	b	0,3		aeg	0,1
D	a	0,9	F	a	0,2
	b	0,1		b	0,8
E	bdg	0,4	G	a	0,4
	edg	0,3		b	0,6

На підставі наявних вихідних даних складається допоміжна таблиця розподілу генотипів нащадків за кожною генетичною системою окремо, виходячи з однакової імовірності спарювання

тварин, що є носіями 7 вищенаведених комбінованих генотипів, з усіма представниками гіпотетичної популяції (Табл. 2).

За цими даними далі розраховують індекси індивідуальної генетичної схожості між різними генотипами за окремими генетичними системами.

За В-системою груп крові: $r_{1-1}^B = 1,000$; $r_{1-2}^B = \sqrt{0,70 \times 0,35} + \sqrt{0,30 \times 0,50} + \sqrt{0,00 \times 0,15} = 0,882$; $r_{1-3}^B = \sqrt{0,70 \times 0,00} + \sqrt{0,30 \times 0,70} + \sqrt{0,00 \times 0,30} = 0,458$; $r_{2-2}^B = 1,000$; $r_{2-3}^B = \sqrt{0,35 \times 0,00} + \sqrt{0,50 \times 0,70} + \sqrt{0,15 \times 0,30} = 0,804$; $r_{3-3}^B = 1,000$.

Аналогічним чином, за D-системою груп крові: $r_{1-1}^D = 1,000$; $r_{1-2}^D = 0,860$; $r_{1-3}^D = 0,300$; $r_{2-2}^D = 1,000$; $r_{2-3}^D = 0,742$; $r_{3-3}^D = 1,000$.

За E-системою: $r_{1-1}^E = 1,000$; $r_{1-2}^E = 0,762$; $r_{1-3}^E = 0,764$; $r_{1-4}^E = 0,789$; $r_{1-5}^E = 0,679$; $r_{1-6}^E = 0,769$; $r_{2-2}^E = 1,000$; $r_{2-3}^E = 0,775$; $r_{2-4}^E = 0,418$; $r_{2-5}^E = 0,466$; $r_{2-6}^E = 0,771$; $r_{3-3}^E = 1,000$; $r_{3-4}^E = 0,798$; $r_{3-5}^E = 0,715$; $r_{3-6}^E = 0,373$; $r_{4-4}^E = 1,000$; $r_{4-5}^E = 0,778$; $r_{4-6}^E = 0,245$; $r_{5-5}^E = 1,000$; $r_{5-6}^E = 0,273$; $r_{6-6}^E = 1,000$.

За F-системою: $r_{1-1}^F = 1,000$; $r_{1-2}^F = 0,882$; $r_{2-2}^F = 1,000$.

За G-системою: $r_{1-1}^G = 1,000$; $r_{1-2}^G = 0,831$; $r_{1-3}^G = 0,490$; $r_{2-2}^G = 1,000$; $r_{2-3}^G = 0,871$; $r_{3-3}^G = 1,000$.

Таблиця 2. Розподіл генотипів за 5 генетичними системами груп крові в імовірних нащадків

Індивідуальні генотипи		Розподіл генотипів у нащадків
Система	Генотип та його шифр	
1	2	3
B	a/a (1)	0,70 a/a + 0,30 a/b
	a/b (2)	0,35 a/a + 0,50 a/b + 0,15 b/b
	b/b (3)	0,70 a/b + 0,30 b/b
D	a/a (1)	0,90 a/a + 0,10 a/b
	a/b (2)	0,45 a/a + 0,50 a/b + 0,05 b/b
	b/b (3)	0,90 a/b + 0,10 b/b
E	edg/edf (1)	0,20bdg/edg + 0,15edg/edg + 0,25edg/edf + 0,05edg/aeg + 0,20bdg/edf + 0,10edf/edf + 0,05aeg/edf

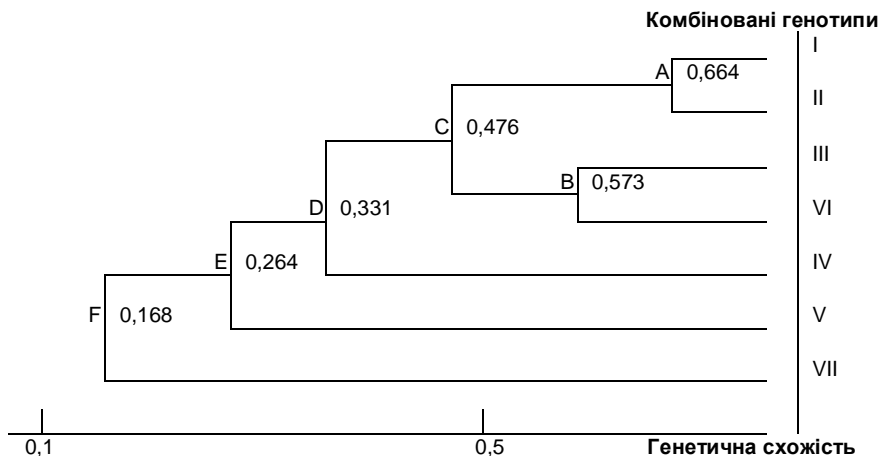
1	2	3
	bdg/edf (2)	0,20bdg/bdg + 0,15bdg/edg + 0,30bdg/edf + 0,05bdg/aeg + 0,15edg/edf + 0,10edf/edf + 0,05aeg/edf
	bdg/edg (3)	0,20bdg/bdg + 0,35bdg/edg + 0,10bdg/edf + 0,05bdg/aeg + 0,15edg/edg + 0,10edf/edg + 0,05aeg/edg
	edg/edg (4)	0,40bdg/edg + 0,30edg/edg + 0,20edf/edg + 0,10aeg/edg
	edg/aeg (5)	0,20bdg/edg + 0,15edg/edg + 0,10edg/edf + 0,20edg/aeg + 0,20bdg/aeg + 0,10edf/aeg + 0,05aeg/aeg
	edf/edf (6)	0,40bdg/edf + 0,30edg/edf + 0,20edf/edf + 0,10aeg/edf
F	a/b (1)	0,10 a/a + 0,50 a/b + 0,40 b/b
	b/b (2)	0,20 a/b + 0,80 b/b
G	a/a (1)	0,40 a/a + 0,60 a/b
	a/b (2)	0,20 a/a + 0,50 a/b + 0,30 b/b
	b/b (3)	0,40 a/b + 0,60 b/b

Далі, шляхом перемноження індексів генетичної схожості за окремими генетичними системами, розраховують індекси індивідуальної генетичної схожості за комплексом локусів: $r_{I-II} = r_{1-1}^B \times r_{3-3}^D \times r_{1-2}^E \times r_{2-2}^F \times r_{2-3}^G = 1,000 \times 1,000 \times 0,762 \times 1,000 \times 0,871 = 0,664$ і т.п. Зведені результати розрахунків індексів індивідуальної генетичної схожості комбінованих генотипів представлені в таблиці 3.

Таблиця 3. Індекси індивідуальної генетичної схожості між тваринами за 5 генетичними системами маркерних генів

Генотипи	I	II	III	IV	V	VI
II	0,664					
III	0,435	0,507				
IV	0,332	0,565	0,179			
V	0,177	0,159	0,199	0,197		
VI	0,577	0,383	0,573	0,247	0,203	
VII	0,046	0,053	0,206	0,066	0,233	0,203

На рисунку наведено дендрограму, побудовану за результатами кластерного аналізу даних таблиці 3, з якої видно, що найбільш близькі між собою пари комбінованих генотипів I-II (A, $r = 0,664$) та III-VI (B, $r = 0,573$), об'єднані в єдиний кластер (C, $r = 0,476$). Максимально відрізняється в генетичному відношенні від інших генотип VII (F, $r = 0,168$).



Додатково можна розрахувати індекси генетичної схожості між групами імовірних нащадків від кожного варіанта індивідуально-групового парування та популяцією, де планується репродуктивне використання тварин з тими чи іншими комбінованими генотипами. У цьому випадку високі значення індексів схожості будуть відповідати тваринам, репродуктивне використання яких в даній популяції буде сприяти її консолідації та збереженню наявних параметрів генофонду.

Крім того, незважаючи на те, що значення індексів генетичної схожості між тваринами з різними генотипами залежать від параметрів генетичного середовища, тобто не є фіксованими, запропонований метод, проте, дозволяє з певною імовірністю здійснювати індивідуальний підбір батьківських пар, спрямований на одержання нащадків з підвищеним рівнем гетерозиготності за комплексом локусів. Так, наприклад, розрахунки, проведені з урахуванням конкретних особливостей генотипів особин, показують, що при паруванні тварин з найбільш високими значеннями індексів генетичної схожості (варіанти I-II та I-VI, табл. 3) значення очікуваного рівня гетерозиготності нащадків за п'ятьма генетичними системами складають тільки 25,0-40,0 %, в той час як при альтернативних варіантах підборів, тобто при паруванні найбільш різномірних тварин (варіанти I-VII та II-VII) - 70,0-75,0 %.

На закінчення слід відмітити, що наведений вище приклад розрахунку індексів індивідуальної генетичної схожості носить суцільно ілюстративний характер, оскільки при цьому використана інформація про невелику кількість випадково відібраних генотипів, які не

відображають системну організацію популяцій. Особливий же інтерес для такого роду аналізу представляють експериментальні дані, що характеризують якісний і кількісний розподіл комбінованих генотипів у стадах і популяціях, прикладом якого можуть слугувати опубліковані нами раніше результати вивчення генетичної структури української степової білої породи свиней [5]. Визначення рівня генетичної схожості між різними генетичними класами тварин і послідуєчий кластерний аналіз одержаних показників, в цьому випадку, дозволяє детально охарактеризувати дійсну генетичну структуру стада, що суттєво полегшує аналіз наявної генетичної ситуації та планування необхідних селекційних заходів з підвищення ефективності племінної роботи.

Список використаної літератури

1. Животовский Л.А., Машуров А.М. Методические рекомендации по статистическому анализу иммуногенетических данных в селекции животных. - Дубровицы, 1974. - 29 с.
2. Гіллер І.Р. Про імуногенетичну схожість з родоначальником при розведенні по лініях// Племінна справа і біологія розмноження сільськогосподарських тварин. - К.: Урожай, 1973. - С. 35-38.
3. Животовский Л.А. Показатель сходства популяций по полиморфным признакам// Журнал общей биологии. - 1979. - Т. 40. -- № 4. - С. 587-602.
4. Меркурьева Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве. М.: колос, 1977. 240 с.
5. Герасименко В.В. Структурная организация генофонда украинской степной белой породы свиней по иммуногенетическим маркерам// Генетика . - 2001. - Т. 3. -- № 8. - С. 1095-1103

УДК 636.4:636.085.25

ВПЛИВ ЗГОДОВУВАННЯ БІЛКОВО-МІНЕРАЛЬНИХ ДОБАВОК ІЗ ГІДРОБІОНТІВ НА ПЕРЕБІГ МЕТАБОЛІЧНИХ ПРОЦЕСІВ У МОЛОДНЯКУ СВИНЕЙ ПРИ ВИРОЩУВАННІ

М.М. Свістула, С.В. Горб

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

Наведено результати досліджень впливу білково-мінеральних добавок із гідробіонтів на перебіг метаболічних процесів у молодняку свиней. Встановлено, що заміна в раціоні протеїну