

Перспектива подальших досліджень. На подальше заплановано визначити індекси теплостійкості тварин за методами Раушенбаха, Заруби, а також коефіцієнти адаптації за Бенезрою.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Лысов В.Ф. Основы физиологии и этологии животных. – М.: Колос, 2004. – 248 с.
2. Топіха В.С., Трибрат Р.О., Луговой С.І., Коваль О.А., Лихач В.Я., Волков В.А. М'ясні генотипи свиней південного регіону України. Миколаїв: МДАУ, 2008. – С. 77–82.
3. Сірацький Й.З. Інтер'єр сільськогосподарських тварин: Навчальний посібник. – К.: Вища освіта, 2009. – С. 123-138.
4. Іванов В.О. Біологія свиней: Навчальний посібник. – К.: ЗАТ «НІЧЛА-ВА», 2009. – С. 190-213.

УДК 636.32/.38.082.12

ГЕНЕТИЧНІ ОСОБЛИВОСТІ РІЗНИХ ЛІНІЙ ОВЕЦЬ БАГАТОПЛІДНОГО ТИПУ АСКАНІЙСЬКОЇ КАРАКУЛЬСЬКОЇ ПОРОДИ ЗА ЛОКУСАМИ ГЕМОГЛОБІНУ ТА ТРАНСФЕРИНУ

Кириченко В.А. – к. с.-г. н., Миколаївський ДАУ

Постановка проблеми. Імуногенетичні дослідження необхідні для більш глибокого вивчення окремих порід, популяцій та стад з метою визначення внутрішньої диференціації, попередніх породотворних процесів, генеалогічної спорідненості та взаємного впливу, оцінки результатів внутрішньопородного вдосконалення та філогенетичних взаємин.

Усяке зібрання особин (популяція), хоч і здається за зовнішністю (фенотипово) одноманітним (однорідним), складається, звичайно, з індивідуумів, що мають різні генотипи. У сільськогосподарських тварин популяцією першого порядку виділяється порода взагалі, порода вузького або частка породи широкого ареалу. Популяційною одиницею другого порядку (рівня) можна вважати внутрішньопородні, зональні типи та структурні підрозділи адміністративного ареалу породи (область, район), а первинною одиницею необхідно визнати стадо [1, 2].

Стан вивчення проблеми. У процесі багаторічних досліджень груп крові та біохімічного поліморфізму білків та ферментів сільськогосподарських тварин встановлено, що в умовах довготривалої селекції утворюється специфічний уклад генів (генофонд), який обумовлює поліморфізм груп крові, характерний для даної породи або популяції. Інформація про особливості генофонду дозволяє відбирати вихідний матеріал для селекції на підставі генетичної оцінки рівнів внутрішньопородної та міжпородної мінливості [3].

Одним із важливих зоотехнічних методів є розведення тварин за лініями, який дозволяє при високому ступені консолідації стада розвивати та закріплювати цінні спадкові якості родоначальника в подальших поколіннях. Певні перспективи у вирішенні ряду питань, пов'язаних з лінійним розведенням у вівчарстві, намітилися у зв'язку з використанням у селекційно-племінній роботі імуногенетичних методів, за допомогою яких вдається вирішувати такі питання:

- виключати з лінії тварин, які мають помилки у записах про походження;
- установлювати імуногенетичні критерії для оцінки генетичної спорідненості родоначальника та потомків;
- визначати можливу диференціацію потомків за продуктивними ознаками залежно від успадкування тих чи інших алелів;
- здійснювати імуногенетичний контроль передачі спадкових факторів для підтримки генетичної спорідненості з родоначальниками при мінімальному інбридингу;
- маркування лінії шляхом введення характерних або рідкісних антигенів, створюючи властивий даній лінії антигенний тип.

Завдання і методика досліджень. Ефективність селекційно-племінної роботи у племінних стадах значною мірою залежить від того, які методи розведення використовуються. Селекційно-племінна робота в стаді овець багатоплідного типу асканійської каракульської породи проводиться з використанням лінійного розведення.

З метою вдосконалення даного методу розведення у стаді племзаводу вивчено за розподілом генотипів та алелів білкових локусів гемоглобіну та трансферину генетичну структуру заводських ліній овець дослідженого типу.

Об'єктом досліджень були вівці багатоплідного типу асканійської каракульської породи племзаводу "Маркеєво" Херсонської області. Атестацію тварин ($n=294$) за типами поліморфних білків (трансферина-Tf, гемоглобіна-Hb) проводили методом горизонтального електрофорезу на крохмальному гелі. Результати досліджень обробляли загальноприйнятими популяційно-статистичними методами, при цьому використовували такі показники: ступінь гомозиготності (Ca), ступінь гетерозиготності (H), коефіцієнт V- ступінь реалізації можливої мінливості, рівень поліморфності локуса (Na), середню кількість фенотипів (μ) та частку рідкісних морф (h_{μ}) [4, 5, 6, 7].

Результати досліджень. У таблицях 1 та 2 наведено частоту генотипів та алелів за локусами трансферину та гемоглобіну в різних лініях дослідженого типу овець. З цих даних видно, що тварини різних ліній не мають суттєвих і вірогідних відмінностей за більшістю генотипів та алелів Hb-локусу. Вірогідно ($p<0,05$) відрізняється лише лінія 123 від ліній 144 та 1185 за частотою генотипу Hb^BB^B, а також від лінії 1185 за концентрацією алеля Hb^B.

За локусом трансферину найбільш своєрідною за своїм складом є лінія 1542. Вона відрізняється за частотою генотипів: Tf^BB^B від ліній 123, 144 та середніх показників по стаду ($p<0,05$ – $p<0,01$); Tf^BD від ліній 123, 434, 1185 та генеральної середньої ($p<0,05$ – $p<0,01$); Tf^CD від ліній 123, 434 та середнього значення показників по стаду ($p<0,05$ – $p<0,01$); Tf^DD від ліній 434 ($p<0,05$). Крім цього лінія 1542 відрізняється за концентрацією алелів Tf^B від ліній 123, Tf^C від ліній 123 та генеральної середньої ($p<0,05$).

Таблиця 1 – Розподіл генотипів білкових локусів залежно від приналежності тварин до певних ліній

Ло-кус	Гено-тип	Лінія					В серед-ньому (n=294)
		123 (n=153)	144 (n=35)	434 (n=29)	1185 (n=35)	1542 (n=42)	
Tf	AA	1,31	5,71	3,45	2,86	2,38	2,38
	AB	8,50	2,86	-	2,86	14,29	7,14
	AC	2,61	2,86	6,90	8,57	7,14	4,42
	AD	9,15	8,57	-	2,86	2,38	6,46
	AE	1,96	-	-	-	-	1,02
	BB	14,39	20,00	10,34	8,57	2,38	12,24
	BC	13,72	14,29	17,24	11,43	16,67	14,30
	BD	15,03	8,57	24,14	14,29	2,38	13,26
	BE	3,27	-	-	5,71	-	2,38
	CC	7,84	2,86	6,90	-	11,90	6,80
	CD	14,39	20,00	10,34	28,56	35,72	19,40
	CE	2,61	5,71	-	-	2,38	2,38
DD	4,57	5,71	17,24	11,43	2,38	6,46	
DE	0,65	2,86	3,45	2,86	-	1,36	
Hb	AA	1,31	2,86	3,45	8,57	2,38	2,72
	AB	18,30	34,28	20,69	31,43	21,43	22,45
	BB	80,39	62,86	75,86	60,00	76,19	74,83

Також встановлено, що лінія 434 за частотою гомозиготного генотипу TfDD у 3,77 рази переважала лінію 123 ($p < 0,05$).

Таблиця 2 – Характеристика ліній за концентрацією алелів трансферину та гемоглобіну

Ло-кус	Алель	Лінія					В серед-ньому (n=294)
		123 (n=153)	144 (n=35)	434 (n=29)	1185 (n=35)	1542 (n=42)	
Tf	A	0,124	0,128	0,069	0,100	0,143	0,119
	B	0,346	0,329	0,310	0,257	0,190	0,308
	C	0,245	0,243	0,241	0,243	0,428	0,270
	D	0,242	0,257	0,362	0,357	0,226	0,267
	E	0,043	0,043	0,018	0,043	0,013	0,036
Hb	A	0,100	0,200	0,138	0,243	0,131	0,139
	B	0,900	0,800	0,862	0,757	0,869	0,861

Результати комплексного аналізу досліджених ліній овець за декількома генетичними параметрами локусів трансферину та гемоглобіну наведено у таблиці 3.

Встановлено, що коефіцієнт гетерозиготності у межах окремих поліморфних систем різних ліній варіює від 0,710 (лінії 434 та 1542) до 0,750 (лінія 144) за Tf-локусом, та від 0,180 (лінія 123) до 0,368 (лінія 1185) за Hb-локусом. На першому місці за кількістю діючих алелів ($N_a=3,94$) знаходиться локус трансферина. У різних лініях рівень поліморфності цього локусу змінювався від 3,45 (лінії 434 та 1542) до 4,00 (лінія 144). За системою гемоглобіну найменший рівень поліморфності ($N_a=1,22$) мала лінія 123, а кількість діючих алелів лінії 1185 ($N_a=1,58$) була самою високою.

Таблиця 3 – Особливості ліній за параметрами генетичної структури

Ло-кус	Показ-ник	Лінія					У серед-ньому
		123	144	434	1185	1542	
Tf	Ca	0,256	0,250	0,290	0,264	0,290	0,254
	H	0,744	0,750	0,710	0,736	0,710	0,746
	Na	3,90	4,00	3,45	3,79	3,45	3,94
	V	74,89	77,21	73,54	75,77	72,73	74,85
	μ	11,86	10,57	8,19	9,54	8,54	11,97
	h_{μ}	0,15	0,12	0,09	0,13	0,22	0,15
Hb	Ca	0,820	0,680	0,762	0,632	0,772	0,760
	H	0,180	0,320	0,238	0,368	0,228	0,240
	Na	1,22	1,47	1,31	1,58	1,30	1,32
	V	18,12	32,94	24,65	37,88	23,36	24,08
	μ	2,07	2,39	2,28	2,65	2,22	2,26
	h_{μ}	0,31	0,20	0,24	0,12	0,26	0,25

Ступінь реалізації можливої мінливості (V) порівнювальних ліній також неоднаковий. Так, за Tf-локусом відмінності між окремими лініями за значенням показника V були незначні та коливались в межах 72,73 – 77,21 (лінії 1542 та 144 відповідно). Більш суттєво за цим параметром відрізнялися досліджені лінії за системою гемоглобіну. Наприклад, лінія 123 у 2,1 рази поступалась за цим показником лінії 1185. Також виявлено, що середнє число генотипів у різних лініях за Tf-локусом було неоднакове і варіювало від 8,19 (лінія 434) до 11,86 (лінія 123). Встановлено також міжлінійні відмінності за часткою рідкісних морф.

Висновки та пропозиції. Генетичні відмінності за локусом гемоглобіну між дослідженими лініями овець незначні. Дещо відрізняється від інших ліній лише лінія 123. Більш суттєві відмінності між лініями зафіксовані за локусом трансферину, де найбільш своєрідною за своїм складом виявилась лінія 1542. У цілому, генетичні відмінності між лініями овець багатоплідного типу асканійської каракульської породи за дослідженими поліморфними білковими локусами виявились не дуже контрастними та мали низький рівень диференціації.

Перспектива подальших досліджень. Загалом поліморфні білкові системи об'єктивно відображають генетичну ситуацію в популяції, що підкреслює подальшу необхідність досліджень у цьому напрямі із залученням більшої кількості інших поліморфних систем.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Винничук Д.Т. Порода животных как биологическая система / Д.Т. Винничук — К., 1993. — 70 с.
2. Хомут І.С. Доведення визначення стада тварин популяцією / І.С. Хомут., Є.М. Агапова // Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть. — Том IV. — К.: Логос, 2001. — С. 252—257.
3. Подоба Б. Є. Використання поліморфізму еритроцитарних антигенів для оцінки племінних ресурсів, підвищення генетичного потенціалу і збереження генофонду великої рогатої худоби: Автореф. дис... д-ра с.-г. наук 03.00.15 / Б.Є. Подоба. — с. Чубинське, Київська обл., 1997. — 33 с.

4. Меркурьева Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве / Е.К. Меркурьева — М.: Колос, 1977. — 239 с.
5. Плохинский Н.А. Биометрия / Н.А. Плохинский — М.: МГУ, 1970. — 365 с.
6. Банникова Л.В. Генетическая структура некоторых аборигенных и заводских пород крупного рогатого скота Евразии / Л.В. Банникова, Л.А. Зубарева // Генетика. — 1995. — Т. 31, №5. — С.697-708.
7. Животовский Л.А. Популяционная биометрия / Л.А. Животовский — М.: Наука, 1991. — 217 с.

УДК 636.082

ОСНОВНІ ПРИЙОМИ УПРАВЛІННЯ СЕЛЕКЦІЙНИМИ ПРОЦЕСАМИ У ТВАРИННИЦТВІ

Коваленко В.П. — д. с.-г. н., член-кореспондент УААН,
Нежлукченко Т.І. — д. с.-г. н., професор,
Нежлукченко Н.В. — асистент, Херсонський ДАУ

Постановка проблеми. Сучасні наукові дослідження спрямовані на дослідження закономірностей процесу породоутворення, зміни генетичної структури популяції залежно від використовуваних методів розведення та від частки крові поліпшуючих порід, комбінаційної здатності вихідних батьківських форм (особин, ліній, типів).

Стан вивчення проблеми. Відомо, що існують три основні способи управління складними біологічними системами:

1. Матеріальний (речовий). Характеризується нарощуванням або спадом продуктивності тварин.

2. Інформаційно-ймовірний — стан ентропії системи. Він є одним із альтернативних підходів, спрямованих на вивчення форм мінливості з використанням засобів інформаційно-статистичного аналізу. Будь-який прояв мінливості кількісної ознаки може бути оцінений за допомогою інформаційної статистики.

3. Енергетичний. Пов'язаний із визначенням енергетичних затрат, що супроводжують процеси отримання продукції.

Завдання та методика досліджень. У дослідженнях використано інформаційний підхід щодо розробки прийомів контролю й управління селекційними процесами, які можна класифікувати на блоки.

Результати досліджень. Установлено, що управління популяційними процесами при чистопородному розведенні, схрещуванні шляхом диференційованого розмноження цінних генотипів (самців і самок). Це комплекс методів, що включає відбір і різні форми підбору, які забезпечують отримання більш продуктивного потомства (Рубан Ю.Д., 1994) за селекційними ознаками. Процес селекційних змін контролюється за показниками реалізованого ефекту селекції, величинами мінливості та успадкованості ознак.