

2. Карапуз В.Д. Уровень репродуктивных качеств свиноматок различных типов интенсивности роста // Повышение роли молодых ученых-специалистов в ускорении научно-технического прогресса / Областная научно-практическая конференция, посвященная 80-летию со дня рождения академика Верещагина Л.Ф. – Херсон, 1990. – С. 228-229.

3. Коваленко В.П., Болелая С.Ю., Бородай В.П. Прогнозирование племенной ценности птицы по интенсивности процессов раннего онтогенеза // Цитология и генетика. – К., 1998. – Т. 20. – №5. – С. 360-365.

4. Коваленко В.П., Болелая С.Ю., Полупан Ю.П., Плоткин С.Я. Рекомендации по использованию модели основных селекционируемых признаков сельскохозяйственных животных и птицы.-Херсон, 1997.- 44с.

5. Свечин Ю.К. Прогнозирование продуктивности животных в раннем возрасте //Вестник сельскохозяйственной науки. – 1985.- № 4. – с.36 – 40.

УДК 636.32/38.082.12

ДИНАМІКА МІКРОЕВОЛЮЦІЙНИХ ЗМІН ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ПОПУЛЯЦІЇ ОВЕЦЬ АСКАНІЙСЬКОГО ТИПУ БАГАТОПЛІДНОГО КАРАКУЛЮ

***В.А.Кириченко**, старший науковий співробітник
Інституту тваринництва степових районів ім.М.Ф.Іванова
“Асканія-Нова”*

Світовий та вітчизняний досвіди свідчать про те, що широке впровадження методів генетики дає можливість значно підвищити ефективність селекційно-племінної роботи.

Вивченню генетично обумовленого поліморфізму різних білків та ферментів крові овець останнім часом приділялась значна увага. Накопичено певний експериментальний матеріал щодо генетичного статусу окремих особин, генофондів порід та популяцій овець, їх генетичної структури, внутрішньопородних та міжпородних взаємин, зв'язків генетико-молекулярних маркерів з відтворювальними та продуктивними ознаками тварин. При цьому важливе значення має моніторинг генетичної структури та рівня поліморфізму за локусами білків та ферментів крові у популяціях овець з метою розробки методів контролю за рухом генетичної інформації у племінних стадах [1, 9]. Незважаючи на те, що

дослідження у вівчарстві в цьому напрямку ведуться відносно давно, рівень мінливості генетичної структури селекційних груп тварин поки що вивчено недостатньо.

В лабораторії імуногенетики Інституту тваринництва степових районів “Асканія-Нова” протягом 35 років здійснюється систематичний моніторинг генетичної структури популяцій, які розводяться у південному регіоні України. За цей час накопичено значний експериментальний матеріал щодо генетичних особливостей окремих популяцій овець [5, 6]. В даній статті наведено результати вивчення цього питання в племзаводі “Маркеєво” на вівцях асканійського типу багатоплідного каракулю, які відрізняються цінними продуктивними властивостями та добре пристосовані до кормових та кліматичних умов півдня України. Метою нашої роботи було дослідити стадо асканійського типу багатоплідних каракульських овець за розподілом молекулярно-генетичних маркерів, що дасть змогу виявити закономірності змін генетичної структури цього типу овець у зв'язку з напрямом і конкретними особливостями селекційно-племінної роботи та розробити в подальшому методи корекції селекційного процесу з метою підвищення його ефективності.

Дослідження проведено на поголів'ї різних статевих-вікових груп овець, атестованих у 1966-2001 роках (Підгорний В.В., Іуєнко В.М., Кириченко В.А.). Ідентифікацію тварин за типами поліморфних білків (трансферина — Tf, гемоглобіна — Hb) здійснювали методом горизонтального електрофорезу на крохмальному гелі [10]. Отримані результати обробляли загальноприйнятими популяційно-статистичними методами [7]. Все досліджене поголів'я тварин різних років народження розподілили на п'ять груп, які були умовно позначені літерою R із відповідним індексом. При визначенні рівня достовірності різниці за частотами зустрітності відповідних алелів та генотипів у різних групах овець використовували метод кута Фішера [8]. Рівень генетичної схожості визначали за допомогою алгоритма Животовського [3]. Аналіз генетичної збалансованості популяції у різні роки за дослідженими білковими локусами проводили шляхом порівняння фактичного розподілу генотипів із

теоретично очікуваним за Харді-Вайнбергом за допомогою критерію відповідності χ^2 [8].

Проведені нами дослідження динаміки генофонду асканійського типу багатоплідних каракульських овець за молекулярно-генетичними маркерами показали, що генетична структура даної популяції овець зазнала певних змін (табл.1). Так, за локусом гемоглобіну в період R_2 з'явилися тварини з генотипом НвАА, кількість яких поступово зростала і становила в R_5 – 3,47%. На відміну від цього явища спостерігалась елімінація альтернативного фенотипу НвВС.

Явище поліморфізму супроводжується розповсюдженням особин гомозиготного та гетерозиготного генотипів. Аналізуючи розподіл таких аельних сполучень за Нв-локусом у різні роки встановлено збільшення кількості гомозиготних тварин. Різниця між R_1 та R_5 дорівнює – 3,41%, між R_2 та R_5 – 9,23% ($\rho < 0,05$), R_3 та R_5 – 8,39% ($\rho < 0,05$), R_4 та R_5 – 6,06% ($\rho < 0,01$).

Особливий інтерес викликає багатоалельна система трансферину, за якою у послідовному генераційному інтервалі R_1 – R_5 виявлено підвищення частоти зустрічності фенотипу ТfАВ із 2,60% до 7,54% ($\rho < 0,05$). Паралельно зменшилася концентрація генотипу ТfВD майже у два рази ($\rho < 0,001$). Кількість овець із фенотипом ТfВС коливалась від 9,34% (R_4) до 17,76% (R_3) ($\rho < 0,001$). Також за Тf-локусом зафіксовано вірогідні відмінності в концентрації гомогенного типу ТfСС між R_2 та R_4 – 5,33% ($\rho < 0,01$), та гетерогенного генотипу ТfDE між R_1 та R_2 – 5,19%, R_1 та R_4 – 3,59%, R_1 та R_5 – 4,43% ($\rho < 0,05$). Установлено зменшення кількості гетерозиготних тварин за локусом трансферину на 7,15% за весь досліджуваний період та на 8,49% в період R_4 порівняно з R_1 ($\rho < 0,05$).

Аналіз розподілу гомо- та гетерозиготних генотипів за сумою локусів гемоглобіну та трансферину виявив чітку тенденцію до збільшення кількості гомозиготних та зменшення гетерозиготних особин за весь 35-річний період досліджень.

Таблиця 1

**Динаміка генетичної структури популяції асканійського типу
багатоплідного каракулю за концентрацією генотипів**

Локус	Гено-тип	Роки, групи									
		1966-1977		1978-1980		1981-1983		1985-1988		1999-2001	
		R ₁		R ₂		R ₃		R ₄		R ₅	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	
Hb	AA	-	-	2	1,34	6	2,32	19	2,04	22	3,47
	AB	35	26,32	46	30,87	75	28,96	277	29,72	150	23,66
	BB	97	72,93	98	65,77	170	65,64	636	68,24	462	72,87
	BC	1	0,75	3	2,02	8	3,08	-	-	-	-
	гомо-зигот	97	72,93	100	67,11	176	67,95	655	70,28	484	76,34
	гетеро-зигот	36	27,07	49	32,89	83	32,05	277	29,72	150	23,66
	Всього	133		149		259		932		634	
	χ^2	2,18		1,25		2,35		3,1		4,70*	
Tf	AA	-	-	3	1,95	-	-	8	0,86	14	2,40
	AB	4	2,60	5	3,25	5	1,93	40	4,29	44	7,54
	AC	6	3,90	8	5,19	8	3,09	43	4,61	31	5,32
	AD	8	5,19	4	2,60	8	3,09	36	3,86	33	5,66
	AE	1	0,65	2	1,30	-	-	7	0,75	5	0,86
	BB	13	8,44	17	11,04	23	8,88	108	11,59	71	12,18
	BC	26	16,88	16	10,38	46	17,76	87	9,34	75	12,86
	BD	36	23,38	40	25,97	52	20,08	178	19,10	70	12,01
	BE	2	1,30	11	7,14	12	4,63	24	2,58	15	2,57
	CC	8	5,19	5	3,25	14	5,41	80	8,58	41	7,03
	CD	22	14,29	20	12,99	39	15,06	165	17,70	102	17,50
	CE	3	1,95	2	1,30	10	3,86	28	3,00	18	3,09
	DD	15	9,74	18	11,69	30	11,58	99	10,62	52	8,92
	DE	10	6,49	2	1,30	10	3,86	27	2,90	12	2,06
	EE	-	-	1	0,65	2	0,77	2	0,22	-	-
	гомо-зигот	36	23,38	44	28,57	69	26,64	297	31,87	178	30,53
	гетеро-зигот	118	76,62	110	71,43	190	73,36	635	68,13	405	69,47
	Всього	154		154		259		932		583	
χ^2	9,66		13,27		4,44		42,02***		30,90***		
Всього Tf + Hb	гомо-зигот	133	46,34	144	47,52	245	47,30	952	51,07	662	54,40
	гетеро-зигот	154	53,66	159	52,48	273	52,70	912	48,93	555	45,60

Порушено генетичну рівновагу: * - $p < 0,05$; ** - $p < 0,01$; *** - $p < 0,001$.

Як відомо, добре диференційована порода з вірно спланованими прийомами племінної роботи в більшості випадків не зазнає селекційного тиску та знаходиться в стані рівноваги. Включення в роботу нових прийомів (міжпородне схрещування, інбридинг, ввіз нових тварин, інтенсивне використання особливо видатних) звичайно призводить до зрушення рівноваги. Це зрушення, а по ньому і ступінь ефективності результатів впровадження нових прийомів розведення в селекцію породи, зручно контролювати методом генетичного аналізу рівноваги у розподілі характерних даних породи генотипів. Аналіз розподілу бажано проводити по кожному окремому поколінню племінних тварин, яких вводять в основне стадо [4].

За результатами проведених досліджень при порівнянні фактичного розподілу генотипів з теоретично очікуваним відповідно до закону Харді-Вайнберга відмічено достовірні відхилення частот зустрітності різних генотипів за локусом гемоглобіну в період R_5 ($p < 0,05$), за Tf-локусом у R_4 та R_5 ($p < 0,001$). Це свідчить про те, що здійснюваний в останні роки відбір і підбір суттєво вплинув на генетичну структуру популяції, збільшуючи кількість одних та зменшуючи число інших генотипів за дослідженими поліморфними локусами.

Динаміка концентрації генотипів популяції асканійського типу багатоплідних каракульських овець викликала зміни розподілу відповідних алелів білкових локусів (табл.2). Наприклад, за системою трансферину помітно зросла частота аельного варіанту Tf^A з 0,062 у R_1 до 0,121 у R_5 ($p < 0,05$). Збільшилася і концентрація аеломорфу Tf^C від 0,182 (R_2) до 0,264 (R_5) ($p < 0,05$). Разом із цим, концентрація альтернативного аеля Tf^D зменшилася. Так, якщо у R_4 його частота дорівнювала 0,324, то в R_5 – 0,275 ($p < 0,05$).

У племінному стаді овець досліджуваного типу протягом багатьох десятиліть ведеться цілеспрямована селекційна робота. Як відомо, зміни в генетичних структурах популяцій сільськогосподарських тварин завжди відбуваються під впливом цілого ряду мікроеволюційних факторів, перш за все штучного та природного відборів. У зв'язку з цим, якщо певний аель підтримується

відбором, то здавалося б, він повинен витіснити алелі, які не мають позитивного впливу на продуктивні якості тварин. Однак, як показують отримані нами дані, навіть жорсткий селекційний пресинг, котрий застосовується у племзаводі, виявився неспроможним цілком утвердити в популяції одні та елімінувати інші алелі.

Таблиця 2

Динаміка генетичної структури популяції асканійського типу багатоплідного каракулю за частотою алелів білкових локусів трансферину та гемоглобіну

Локус	Апель	Роки, групи				
		1966-1977, R ₁	1978-1980, R ₂	1981-1983, R ₃	1985-1988, R ₄	1999-2001, R ₅
Hb	A	0,132	0,168	0,168	0,169	0,153
	B	0,865	0,822	0,817	0,831	0,847
	C	0,003	0,010	0,015	–	–
Tf	A	0,062	0,081	0,041	0,076	0,121
	B	0,305	0,344	0,311	0,293	0,297
	C	0,237	0,182	0,253	0,259	0,264
	D	0,344	0,331	0,326	0,324	0,275
	E	0,052	0,062	0,069	0,048	0,043

Це явище можна пояснити тим, що алельні варіанти певних білкових локусів, які виникли у ході еволюції виду, грали позитивну роль у метаболічних процесах організму особин і через адаптивну норму еволюціонували в культурні популяції тварин. Потім у процесі змін умов середовища окремі алелі втратили пристосувальне значення і перейшли в зону низької концентрації. Зміна умов середовища змінює і спрямованість дії відбору. При цьому замість підтримки в популяції окремих алелів, котрі раніше забезпечували адаптивну норму особин, відбір починає підтримувати інший алель, який набув у процесі мікроеволюції селекційної цінності. Цей процес викликає динамічний поліморфізм і дає можливість підтримувати генетичну мінливість популяції [2]. Очевидно, такий генетичний механізм діє і в дослідженій нами популяції овець.

Для визначення динаміки генетичної структури асканійського типу багатоплідних каракульських овець у ряді поколінь на основі алельних частот білків були розраховані індекси генетичної схожості (табл.3). Як видно з даних таблиці 3, стадо овець племзаводу

“Маркеєво” відрізняється високим рівнем генетичної консолідації, що підтверджується індексами генетичної схожості, величина яких знаходиться на дуже високому рівні та коливається в інтервалі від 0,9866 до 0,9998. Різниця за цим показником між окремими генераціями недовостовірна.

Таблиця 3

Індекси генетичної схожості між поколіннями багатоплідних каракульських овець племзаводу “Маркеєво”

Роки	1966-1977			1978-1980			1981-1983			1985-1988		
	Hb	Tf	Σ	Hb	Tf	Σ	Hb	Tf	Σ	Hb	Tf	Σ
1978-80	0,9976	0,9967	0,9972									
1981-83	0,9963	0,9981	0,9972	0,9997	0,9932	0,9965						
1985-88	0,9972	0,9992	0,9982	0,9950	0,9965	0,9953	0,9925	0,9962	0,9944			
1999-01	0,9981	0,9926	0,9954	0,9944	0,9911	0,9928	0,9922	0,9866	0,9894	0,9998	0,9963	0,9981

Для з’ясування питання щодо впливу селекційного процесу на зміни генетичної структури популяції асканійського типу багатоплідних каракульських овець за аелями та генотипами поліморфних білків проведено аналіз генетичних показників із підсумком даних за 35-річний період.

Установлено, що генетична структура дослідженого типу овець динамічна і відносно стабільна. Основним фактором, що впливає на її зміни, є селекційний процес. Це свідчить про те, що використання поліморфних систем білків крові в якості генетичних маркерів відкриває широкі можливості для детального вивчення мікроеволюційних процесів у популяціях овець, а освітлені підходи на сьогоднішній день є одним з самих надійних засобів для досліджень у цій галузі.

ЛІТЕРАТУРА

1. Глазко В.И. Динамика морфологических признаков и генетических маркеров в процессе породообразования // Докл. Рос. акад. с.-х. наук. – 1992. – №7. – С. 24 – 30.
2. Дубинин Н.П. Общая генетика. – М.: Наука, 1986. – 560с.
3. Животовский Л.А. Популяционная биометрия. – М.: Наука, 1991. – 271с.
4. Использование иммуногенетического анализа в племенном свиноводстве / Методические рекомендации. – Новосибирск. – 1981. – 57с.

5. Іовенко В.М. Популяційно – генетична оцінка порід, типів і ліній овець південного регіону України у зв'язку з їх походженням та напрямком продуктивності: Автореф. дис...д-ра с.-г. наук: 06.02.01 / К., 1999. – 35с.
6. Іовенко В.М., Кириченко В.А. Характеристика генетичної структури асканійського типу багатоплідних каракульських овець за окремими білками та ферментами крові // Таврійський науковий вісник. – Херсон: Айлант. – 2001. – С. 65-69.
7. Меркурьєва Е.К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных – М.: Колос, 1970. – 423с.
8. Плохинский Н.А. Биометрия. – М.: Изд. МГУ, 1970. – 365 с.
9. Kubek A., Trakovic A., Gajdosik M., Gogora J. A drift of polymorphic marker gene in the process of sheep improvement // Anim. Genet. – 1994. – S. 25, №2. – P. 14.
10. Smithies O. Zone electrophoresis in starch gel, group variations in serum proteins of normal human adults // Biochem. J. – 1955. – V.61. – P.629-641.

УДК 636.4.084/087

ВИКОРИСТАННЯ СЕЛЕНУ І БІЛКОВОЇ ДОБАВКИ У РАЦІОНАХ СВИНЕЙ

Н.І.Тофан, методист

Миколаївський державний аграрний університет

В останні роки зоотехнічна наука про годівлю збагатилася даними, які дозволяють вважати, що подальше поліпшення якості годівлі сільськогосподарських тварин повинно бути в основному пов'язане не стільки із збільшенням норми поживних речовин у добовому раціоні, скільки з підвищенням його біологічної цінності та раціональним забезпеченням мікромінеральними речовинами.

Одним із способів вирішення цього питання є збагачення раціонів кормовими добавками, що виробляє мікробіологічна промисловість та доцільність використання мікроелементу селену в раціонах свиней [1, 2, 3].

Проте, щодо використання селену в годівлі свиней виникає необхідність подальших досліджень.

Тому нами була поставлена мета — вивчити вплив мікроелементу селену та роль кормової амінокислотної добавки на ріст та розвиток молодняка свиней.