

## **АНАЛІЗ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ГОЛШТИНСЬКОЇ ХУДОБИ ТА ЇЇ ПРОДУКТИВНОСТІ ЗА УМОВ ДІЇ СТАБІЛІЗУЮЧОГО ВІДБОРУ**

*Досліджено генетичну структуру групи дійних корів голштинської породи стада племзводу АТЗТ «Агро-Союз» за локусами CSN3, BLG, GH, LEP за умов дії стабілізуючого відбору. Проаналізовано взаємозв'язок систем вищезазначених структурних генів з основними ознаками молочної продуктивності в рамках груп використаних моделей.*

**Ключові слова:** стабілізуючий відбір, голштинська худоба, ознаки молочної продуктивності, MAS-селекція, ПЛР-ПДРФ, CSN3, BLG, GH, LEP.

**Постановка проблеми.** Традиційно для поліпшення господарсько-корисних ознак свійських тварин у селекційній практиці використовується спрямована форма відбору, проте, стабілізуюча має не менш важливе значення оскільки завжди в певній мірі супроводжує спрямовану, а особливо на етапі закріплення селекційного досягнення. Видатний український еволюціоніст І.І. Шмальгаузен визначав останню як процес елімінації всіх випадкових відхилень задля підвищення стійкості норми, що вже існує або тієї, яка встановлюється [1].

Окрім того, сучасні підходи вдосконалення порід тварин сільсько-господарських видів базуються на детальній оцінці генотипу особин, їх генетичного потенціалу, з використанням маркер-допоміжної селекції (Marker-assisted selection – MAS) [2]. Поряд з традиційними методами відбору тварин, селекція з використанням маркерів сприяє направленому формуванню генофондів із потрібними генними поєднаннями, що супроводжується зниженням економічних витрат на виробництво продукції [3]. Разом із тим, ефективність використання генетичних маркерів у селекційній роботі істотно залежить від вибору останніх і ознак, у контролі розвитку яких вони приймають участь, а також від селекційного завдання, що вирішується [4].

**Аналіз останніх досліджень і постановка завдання.** Попередньо в усіх дослідженнях стабілізуючого відбору, які започатковано з середини ХХ століття, застосовували методику розподілу сукупності тварин на три групи зі співвідношенням особин у них 1:2:1. Оскільки центральний клас був найчисельнішим, нараховуючи близько половини від усіх особин, то по відношенню до крайніх угруповань він є неоднорідним. В наших дослідженнях як альтернатива класичній моделі стабілізуючого відбору застосовується нова модель, суть якої полягає в розподіленні сукупності тварин на п'ять рівновеликих класів.

---

\* Науковий керівник – доктор сільськогосподарських наук Гиль М. І.

Зважаючи на недостатній рівень досліджень в області вивчення генетичної структури для порід молочної худоби при дії стабілізуючого відбору нами було проведено аналіз поліморфізму і розподілу алельних варіантів структурних генів, що беруть участь у формуванні господарсько-цінних ознак голштинських тварин. Було обрано і досліджено чотири локуси структурних генів, з метою охопити достатній спектр їх впливу на формування молочної продуктивності. Як відомо, гени капа-казеїну (*CSN3*), бета-лактоглобуліну (*BLG*) відповідальні за синтез білків молока [5], ген лептину (*LEP*) бере участь у синтезі жирів [6], а ген гормону росту (*GH*), окрім функції регулятора соматичного росту організму, має лактогенну та інсуліноподібну функції [7].

**Матеріал і методи дослідження.** Дослідження було проведено в умовах племінного заводу АТЗТ «Агро-Союз» Дніпропетровської області на коровах голштинської породи. В досліді було використано показники загальних і місячних надоїв 65 племінних тварин в розрахунку за 305 дн. лактації (першої, другої, третьої і вищої). Розподіл тварин на групи було здійснено із застосуванням пробіт-методики, використовуючи дані п'яти промірів (см), а саме: висота в холці, коса довжина тулубу, глибина грудей, обхват грудей за лопатками та обхват п'ястка [8]. Контрольна модель ефекту стабілізуючого відбору (ЕСВ) передбачає розподіл корів молочного стада на класи мінус- ( $M^-$ ), модальний ( $M_0$ ) та плюс-варіанти ( $M^+$ ), згідно меж  $\bar{X} \pm 0,674\sigma$  [9]. За методикою дослідної моделі тварин поділили на п'ять груп ( $M^-$ ,  $M^-$ ,  $M_0$ ,  $M^+$ ,  $M^{++}$ ) з використанням чотирьох меж:  $\bar{X} \pm 0,842\sigma$  та  $\bar{X} \pm 0,253\sigma$ .

Аналіз поліморфізму досліджуваних генів проводили методом ПЛР-ПДРФ [10] у відділі молекулярно-генетичних та біохімічних досліджень Інституту рибного господарства НААН України. Експериментальний матеріал отримано від 68 корів. Кров для аналізу відбирали з яремної вени, висушували на марлевій основі і дезінфікували.

Виділення геномної ДНК проводили за допомогою комерційного набору «ДНК-сорб-Б», згідно рекомендацій виробника («Амплиценс», Росія). Для проведення ПЛР аналізу використовували ампліфікатор «Терцик». Умови ПЛР реакції для кожного з досліджуваних генів специфічні. Використовувались праймери компанії «Синтол», Росія і Таq-полімераза виробництва «Амплиценс», Росія. Далі продукти ампліфікації піддавали рестрикційному аналізу. Використовували рестриктази виробництва «Fermentas», Литва. Після інкубації продукти рестрикції аналізували методом електрофорезу, який проводили у 3% агарозному гелі з використанням  $1 \times TAE$  буфера.

Визначення величини надою (кг), вмісту жиру (%) і білку (%) та кількості молочного жиру (кг) і білку (кг) за першу, другу, третю і вищу лактації в групах генотипів за досліджуваними локусами проводили з використанням стандартних біометричних методів [11]. Всі розрахунки виконані з використанням програми Microsoft Office Excel 2007.

**Результати досліджень.** Аналіз розподілу генотипів за геном капа-казеїну в досліджуваних нами групах обох моделей ефекту стабілізуючого відбору виявив певні закономірності (табл. 1, 2).

У контрольній моделі частота найбільш цінного алеля *B* вища в групі  $M^+$  (0,35), а найменша – в модальному угрупованні (0,171). Тим часом тварини найбажанішого фенотипу – *BB* – є лише в межах модального класу, хоча їх частота становить лише 5,7 %. Співставлення показників фактичної і очікуваної гетерозиготності дає можливість зазначити, що найменша відмінність спостерігається в  $M_0$ -класі, більша – в  $M^-$ , найбільша – в  $M^+$ , що пояснюється відсутністю гомозигот за алелем *B* в останніх двох групах.

Таблиця 1

Генетична структура груп корів контрольної моделі оцінки ЕСВ за геном *CSN3* та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота алеля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
$M^-$	AA	12	0,545	A – 0,773 B – 0,227	0,351	9255±488	3,62±0,11	3,18±0,06
	AB	10	0,455			9156±547	3,69±0,15	3,23±0,10
	BB	0	0,000			-	-	-
$M_0$	AA	25	0,714	A – 0,829 B – 0,171	0,284	9005±305	3,87±0,10	3,26±0,04
	AB	8	0,229			9310±521	3,86±0,26	3,20±0,04
	BB	2	0,057			10147±2905	3,60±0,12	3,16±0,25
$M^+$	AA	3	0,300	A – 0,650 B – 0,350	0,455	9915±927	3,67±0,16	3,26±0,02
	AB	7	0,700			8291±301	3,96±0,06	3,38±0,05
	BB	0	0,000			-	-	-
У середньому	AA	40	0,597	A – 0,784 B – 0,216	0,339	9148±238	3,78±0,07	3,24±0,03
	AB	25	0,373			8963±290	3,82±0,10	3,27±0,04
	BB	2	0,030			10147±2905	3,60±0,12	3,16±0,25

У рамках дослідної моделі крайні плюс- і мінус-угруповання також мають вищу частоту алеля *B* капа-казеїну у порівнянні з трьома внутрішніми, але в  $M_0$ - та  $M^+$ -класах в структурі майже по 7 % генотипів *BB*. У групах  $M^-$  та  $M^{++}$  більша частота гетерозигот, ніж гомозигот *AA*, а різниця між фактичною часткою гетерозигот і очікуваною вища, ніж в трьох центральних класах, що повторює тенденцію контрольної моделі. Співставлення величин продуктивних ознак і генотипів за геном *CSN3* дало такі результати. У контрольній моделі ЕСВ у крайніх групах величина надоїв більша у тварин з генотипом *AA*, у модальному ж класі їм притаманний найменший надій, в той час як найбільший – в особин гомозиготних за алелем *B*. Вміст жиру і білку мають протилежну з надоєм тенденцію розподілу значень. У рамках дослідної моделі  $M^{--}$ ,  $M^-$  та  $M^{++}$ -класи повністю копіюють характер розподілу значень продуктивних ознак крайніх груп контрольної моделі. У свою чергу клас  $M^+$  п'ятигрупового паттерну майже відповідає модальному – тригрупового, як і  $M_0$  за вмістом білку, а ось за надоєм останній повторює розподіл крайніх класів.

За локусом *BLG* у наших дослідженнях  $M^-$  і  $M_0$ -групи контрольної моделі мають більшу частка алеля *B* (майже по 60 %), а в класі  $M^+$  співвідношення

алелей *A* та *B* становить 1:1 (табл. 3). В усіх групах частота гетерозигот значно перевищує частоту обох гомозиготних генотипів, навіть разом узятих, тим часом як очікувана гетерозиготність коливається в межах від 0,483 до 0,5.

Таблиця 2

Генетична структура груп корів дослідної моделі оцінки ЕСВ за геном *CSN3* та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота алеля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
M <sup>-</sup>	AA	5	0,385	A – 0,692 B – 0,308	0,426	9619±1113	3,61±0,23	3,20±0,13
	AB	8	0,615			8896±594	3,81±0,15	3,31±0,06
	BB	0	0,000			-	-	-
M <sup>-</sup>	AA	12	0,750	A – 0,875 B – 0,125	0,219	9060±299	3,67±0,13	3,21±0,07
	AB	4	0,250			10932±913	3,91±0,59	3,97±0,21
	BB	0	0,000			-	-	-
M <sub>0</sub>	AA	11	0,786	A – 0,857 B – 0,143	0,245	8853±501	3,90±0,17	3,29±0,06
	AB	2	0,143			8477±485	3,41±0,55	3,27±0,09
	BB	1	0,071			8093	3,68	3,33
M <sup>+</sup>	AA	9	0,600	A – 0,767 B – 0,233	0,358	9111±626	3,90±0,16	3,22±0,07
	AB	5	0,333			8491±176	3,76±0,16	3,23±0,05
	BB	1	0,067			12201	3,51	2,98
M <sup>++</sup>	AA	3	0,333	A – 0,667 B – 0,333	0,444	9915±927	3,67±0,16	3,26±0,02
	AB	6	0,667			8295±362	3,95±0,07	3,39±0,07
	BB	0	0,000			-	-	-
У середньому	AA	40	0,597	A – 0,784 B – 0,216	0,339	9148±238	3,78±0,07	3,24±0,03
	AB	25	0,373			8963±290	3,82±0,10	3,27±0,04
	BB	2	0,030			10147±2905	3,60±0,12	3,16±0,25

При використанні моделі п'яти груп частота алелей гену *BLG* також однакова у крайніх плюс-варіант, а в решті груп частота алеля *B* більше половини і підвищується від M<sup>-</sup> до M<sup>+</sup> (табл. 4). Частка гетерозигот у класах M<sup>-</sup>, M<sup>-</sup> та M<sub>0</sub> є найбільшою. При чому, в останніх двох угрупованнях вона перевищує 70 %. Тим часом, група M<sup>+</sup> відзначається найбільшою частотою гомозигот за алелем *B* і найменшою – за алелем *A*. Окрім того, в цьому класі, як і в M<sup>-</sup>, очікувана гетерозиготність передбачається більшою, ніж фактична, у той час як в інших угрупованнях – навпаки, при чому, в M<sup>-</sup> та M<sup>+</sup> різниця найвища.

Значення господарсько-корисних ознак залежно від генотипів за бета-лактоглобуліном в групах моделей ЕСВ мають певні особливості розподілу. Так, у крайніх класах контрольної моделі вміст жиру і білку збільшується в послідовності AA → AB → BB, а в модальному просторі – навпаки. Надій же найменший у гетерозиготних корів, а в M<sup>+</sup>-угрупованні – і у гомозиготних за алелем *B*.

Таблиця 3

Генетична структура груп корів контрольної моделі оцінки ECB за геном *BLG*  
та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота алеля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
M <sup>-</sup>	AA	3	0,136	A – 0,409 B – 0,591	0,483	9241±1788	3,53±0,36	3,15±0,10
	AB	12	0,546			9086±480	3,66±0,14	3,21±0,09
	BB	7	0,318			9409±578	3,68±0,12	3,22±0,07
M <sub>0</sub>	AA	4	0,111	A – 0,417 B – 0,583	0,486	10003±864	3,93±0,25	3,25±0,15
	AB	22	0,611			8771±362	3,87±0,14	3,26±0,04
	BB	10	0,278			9306±491	3,80±0,10	3,20±0,06
M <sup>+</sup>	AA	2	0,200	A – 0,500 B – 0,500	0,500	9933±1853	3,79±0,10	3,28±0,08
	AB	6	0,600			8588±455	3,83±0,10	3,34±0,06
	BB	2	0,200			8193±264	4,07±0,16	3,42±0,18
У середньому	AA	9	0,132	A – 0,426 B – 0,574	0,489	9733±613	3,77±0,15	3,22±0,07
	AB	40	0,588			8838±243	3,80±0,08	3,26±0,03
	BB	19	0,280			9227±324	3,79±0,07	3,23±0,04

Таблиця 4

Генетична структура груп корів дослідної моделі оцінки ECB за геном *BLG*  
та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота алеля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
M <sup>-</sup>	AA	3	0,231	A – 0,462 B – 0,538	0,497	9241±1788	3,53±0,36	3,15±0,10
	AB	6	0,461			8986±764	3,84±0,22	3,34±0,11
	BB	4	0,308			9407±1100	3,72±0,13	3,24±0,10
M <sup>-</sup>	AA	1	0,059	A – 0,441 B – 0,559	0,493	9688	4,27	3,31
	AB	13	0,765			9281±516	3,73±0,18	3,15±0,09
	BB	3	0,176			9411±530	3,64±0,30	3,19±0,12
M <sub>0</sub>	AA	1	0,072	A – 0,429 B – 0,571	0,490	9154	4,33	3,59
	AB	10	0,714			8569±491	3,73±0,20	3,29±0,06
	BB	3	0,214			9196±1168	3,94±0,12	3,19±0,06
M <sup>+</sup>	AA	2	0,133	A – 0,333 B – 0,667	0,444	10586±2285	3,56±0,07	3,04±0,08
	AB	6	0,400			8335±615	4,01±0,21	3,27±0,05
	BB	7	0,467			9353±624	3,75±0,14	3,21±0,09
M <sup>++</sup>	AA	2	0,222	A – 0,500 B – 0,500	0,500	9933±1853	3,79±0,10	3,28±0,01
	AB	5	0,556			8653±562	3,79±0,12	3,34±0,07
	BB	2	0,222			8193±264	4,07±0,16	3,42±0,18
У середньому	AA	9	0,132	A – 0,426 B – 0,574	0,489	9733±613	3,77±0,15	3,22±0,07
	AB	40	0,588			8838±243	3,80±0,08	3,26±0,03
	BB	19	0,280			9227±324	3,79±0,07	3,23±0,04

Використання дослідної моделі оцінки ЕСВ дало такі результати. Її група  $M^{++}$  повторює розподіл значень продуктивних ознак класу  $M^+$  контрольної моделі. У решті груп найменшими за надоем знову ж таки виявились гетерозиготи, а за вмістом жиру і білку в угрупованнях  $M^{-}$  та  $M^+$  останні навпаки характеризувались максимальними значеннями. Розподіл цих ознак в класах  $M^-$  та  $M_0$  теж відрізняється від такого в групах контрольної моделі.

Аналізуючи розподіл частот алелей гену гормону росту, можна відмітити, що частка бажаного алеля  $L$  в усіх групах контрольної моделі більша, особливо в крайніх варіант, де частота форми  $L$  більш ніж у тричі перевищує частоту алеля  $V$  (табл. 5). В класі  $M^-$  найбільша частка гомозигот  $LL$  і майже відсутні генотипи  $VV$ , у  $M^+$  останніх взагалі немає, а гетерозигот і гомозигот  $LL$  – порівну. Модальний клас характеризується найбільшою фактичною гетерозиготністю, яка майже дорівнює очікуваній. А от в угрупованні  $M^+$  очікувана гетерозиготність відчутно менша фактичної, проте в аналогах  $M^-$ -варіант вона майже тотожна.

Таблиця 5

Генетична структура груп корів контрольної моделі оцінки ЕСВ за геном  $GH$  та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	$n$	$f$	Частота алеля	$He$	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
$M^-$	LL	13	0,591	L – 0,773 V – 0,227	0,351	9183±356	3,64±0,09	3,21±0,05
	LV	8	0,364			9044±807	3,63±0,20	3,18±0,14
	VV	1	0,045			10882	3,92	3,24
$M_0$	LL	14	0,400	L – 0,629 V – 0,371	0,467	8993±358	3,87±0,14	3,27±0,05
	LV	16	0,457			9322±526	3,81±0,14	3,16±0,05
	VV	5	0,143			8762±242	3,73±0,19	3,41±0,10
$M^+$	LL	5	0,500	L – 0,750 V – 0,250	0,375	8964±786	3,83±0,12	3,34±0,07
	LV	5	0,500			8592±354	3,91±0,09	3,34±0,06
	VV	0	0,000			-	-	-
У середньому	LL	32	0,478	L – 0,694 V – 0,306	0,425	9066±225	3,77±0,07	3,26±0,03
	LV	29	0,433			9119±354	3,78±0,09	3,20±0,04
	VV	6	0,089			9115±433	3,77±0,16	3,39±0,09

В класах  $M^-$ ,  $M^-$ ,  $M_0$  та  $M^{++}$  частота алеля  $L$  значно перевищує частоту  $V$ -форми гена  $GH$  (табл. 6). У перших трьох групах серед генотипів найбільша частота належить гомозиготам  $LL$ , потім гетерозиготам, а найменша – гомозиготам  $VV$ . У  $M^{++}$ -угрупованні взагалі відсутні  $VV$ -особини, а найбільша частка в структурі генотипів належить гетерозиготам. Клас  $M^+$  дуже відрізняється від решти в системі п'яти груп. В ньому частота алеля  $V$  переважає, а також гетерозигот більш, ніж половина. А тому, в цьому, як і в  $M^{++}$ -класі, очікувана гетерозиготність відчутно менша, ніж фактична, тим часом, як в інших групах ці параметри відносно однакові.

Таблиця 6

Генетична структура груп корів дослідної моделі оцінки ЕСВ за геном *GH*  
та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота алеля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
M <sup>-</sup>	LL	7	0,538	L – 0,731 V – 0,269	0,393	9167±581	3,66±0,13	3,25±0,06
	LV	5	0,385			8842±1201	3,80±0,29	3,29±0,16
	VV	1	0,077			10882	3,92	3,24
M <sup>-</sup>	LL	10	0,588	L – 0,765 V – 0,235	0,360	9426±371	3,68±0,16	3,17±0,06
	LV	6	0,353			9272±1057	3,88±0,36	3,04±0,17
	VV	1	0,059			8692	3,65	3,65
M <sub>0</sub>	LL	9	0,643	L – 0,786 V – 0,214	0,337	8511±420	3,88±0,16	3,31±0,06
	LV	4	0,286			9169±1220	3,56±0,40	3,17±0,07
	VV	1	0,071			9154	4,33	3,59
M <sup>+</sup>	LL	2	0,143	L – 0,464 V – 0,536	0,497	9259±1404	4,14±0,13	3,34±0,02
	LV	9	0,643			9443±673	3,73±0,09	3,14±0,07
	VV	3	0,214			8654±352	3,56±0,15	3,28±0,05
M <sup>++</sup>	LL	4	0,444	L – 0,722 V – 0,278	0,401	9139±1016	3,78±0,14	3,34±0,10
	LV	5	0,556			8592±354	3,91±0,09	3,34±0,06
	VV	0	0,000			-	-	-
У середньому	LL	32	0,478	L – 0,694 V – 0,306	0,425	9066±225	3,77±0,07	3,26±0,03
	LV	29	0,433			9119±354	3,78±0,09	3,20±0,04
	VV	6	0,089			9115±433	3,77±0,16	3,39±0,09

Порівняння розподілу значень господарсько-корисних ознак залежно від генотипу за геном соматотропіну в угрупованнях моделей оцінки ефекту стабілізуючого відбору дозволяє констатувати наступне. За надоєм у контрольній моделі в класах M<sup>-</sup> та M<sup>+</sup> гетерозиготні корови мають мінімальне значення, а в модальній групі максимальне. У дослідній моделі в трьох внутрішніх угрупованнях гетерозиготи також мають підвищений надій, а в M<sub>0</sub> та M<sup>+</sup> він найвищий. Крайні класи цієї моделі за розподілом значень надою тотожні до таких у контрольному паттерні, не враховуючи особин гомозиготних за алелем *L*, оскільки до мінус-груп потрапила всього одна така особина, а до плюс-групи – жодної. За вмістом жиру і білку в угрупованнях обох моделей оцінки ЕСВ чіткої системності не знайдено.

При дослідженні поліморфізму гену *LEP* в групах контрольної моделі встановлено найбільшу частоту бажаного алеля *T* в межах модального і M<sup>+</sup>-класу, але в останньому немає гомозигот *TT*, а частка гетерозиготних особин дорівнює 90 %, тим часом в групах M<sub>0</sub> і M<sup>-</sup> гетерозигот близько половини (табл. 7). Відповідно до вищезазначеного в останніх двох класах фактична і очікувана гетерозиготність майже не відрізняються, а в M<sup>+</sup>-угрупованні фактично значно перевищує очікувану.

Таблиця 7

Генетична структура груп корів контрольної моделі оцінки ЕСВ за геном *LEP* та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота алеля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
M <sup>-</sup>	СС	9	0,409	С – 0,636 Т – 0,364	0,463	8779±565	3,75±0,14	3,29±0,10
	СТ	10	0,455			9621±546	3,52±0,14	3,13±0,07
	ТТ	3	0,136			9131±1130	3,79±0,10	3,22±0,03
M <sub>0</sub>	СС	10	0,278	С – 0,542 Т – 0,458	0,497	9344±710	3,74±0,20	3,24±0,07
	СТ	19	0,528			8990±309	3,83±0,11	3,23±0,05
	ТТ	7	0,194			8827±627	4,09±0,24	3,29±0,08
M <sup>+</sup>	СС	1	0,100	С – 0,550 Т – 0,450	0,495	8163	3,74	3,33
	СТ	9	0,900			8847±430	3,89±0,08	3,35±0,05
	ТТ	0	0,000			-	-	-
У середньому	СС	20	0,294	С – 0,574 Т – 0,426	0,489	9031±420	3,74±0,11	3,27±0,05
	СТ	38	0,559			9122±224	3,76±0,07	3,23±0,03
	ТТ	10	0,147			8918±524	4,00±0,17	3,27±0,05

Використання дослідної моделі дало можливість встановити, що найменшою часткою алеля *T* характеризується група M<sup>-</sup> (0,308), у той час як у решті класів, його частота коливається в межах від 44 до 47 % (табл. 8). Крайні групи приблизно повторюють частотний розподіл за генотипами відповідних плюс- і мінус-груп контрольної моделі. В угрупованнях M<sup>-</sup>, M<sub>0</sub>, M<sup>+</sup> доля гетерозигот є найбільшою відносно частки гомозигот, при чому в центральному класі більш, ніж втричі. Очікувана гетерозиготність в групах M<sup>-</sup> і M<sup>+</sup> дещо менша від фактичних даних, в M<sup>-</sup> – дещо більша, а в M<sub>0</sub> та M<sup>+</sup> – відчутно менша, особливо в останньому класі.

Аналіз значень продуктивних ознак залежно від генотипу в групах моделей оцінки ЕСВ наводимо далі. Загалом в угрупованнях контрольної моделі гетерозиготні тварини мають підвищений надій, але в модальному просторі корови з генотипами *СС* переважають гетерозиготних особин за величиною цієї ознаки. Значення вмісту жиру і білку мають протилежний до набою розподіл у класах M<sub>0</sub> та M<sup>-</sup>. Група M<sup>+</sup> у цьому плані є виключенням оскільки в ній гомозиготних корів за алелем *C* одна, а за алелем *T* – взагалі жодної.

У п'ятигруповій моделі розподіл величин продуктивних ознак мінус-груп подібний до такого в M<sup>-</sup>-класі тригрупової. В угрупованнях M<sub>0</sub> та M<sup>+</sup> дослідного паттерну характер розподілу величин основних ознак селекції майже відповідає аналогічному в модальному просторі контрольної. Виключенням є вміст жиру в класі M<sup>+</sup>, де тенденція протилежна.



Таблиця 8

Генетична структура груп корів дослідної моделі оцінки ЕСВ за геном *LEP*  
та їх молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота алеля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білку, %
M <sup>-</sup>	CC	6	0,462	C – 0,692 T – 0,308	0,426	8650±789	3,89±0,18	3,37±0,11
	CT	6	0,462			9414±854	3,55±0,19	3,17±0,06
	TT	1	0,076			10882	3,92	3,24
M <sup>-</sup>	CC	6	0,353	C – 0,559 T – 0,441	0,493	8815±811	3,67±0,12	3,26±0,14
	CT	7	0,412			9690±481	3,57±0,26	3,11±0,11
	TT	4	0,235			9465±1167	4,17±0,44	3,15±0,08
M <sub>0</sub>	CC	3	0,214	C – 0,536 T – 0,464	0,497	9722±1571	3,34±0,50	3,18±0,11
	CT	9	0,643			8477±427	3,94±0,15	3,28±0,06
	TT	2	0,143			8486±945	4,01±0,46	3,48±0,16
M <sup>+</sup>	CC	4	0,267	C – 0,533 T – 0,467	0,498	9624±1373	3,95±0,38	3,16±0,10
	CT	8	0,533			9336±526	3,78±0,13	3,21±0,08
	TT	3	0,200			7823±147	3,81±0,09	3,26±0,04
M <sup>++</sup>	CC	1	0,111	C – 0,556 T – 0,444	0,494	8163	3,74	3,33
	CT	8	0,889			8919±483	3,87±0,08	3,35±0,05
	TT	0	0,000			-	-	-
У середньому	CC	20	0,294	C – 0,574 T – 0,426	0,489	9031±420	3,74±0,11	3,27±0,05
	CT	38	0,559			9122±224	3,76±0,07	3,23±0,03
	TT	10	0,147			8918±524	4,00±0,17	3,27±0,05

**Висновки.** Таким чином, аналіз структури розподілу генотипів і алельних варіантів за чотирма досліджуваними структурними генами в групах сформованих двома моделями ефекту стабілізуючого відбору дозволяє заключити наступне:

- 1) частка бажаного в технологічному плані алеля *B* гена капа-казеїну в цілому невелика (21,6 %), хоча відносно більша в крайніх класах. Проте всі гомозиготи за цим алелем зосереджені в середині ряду розподілу, при чому дослідна модель показує точніше на яких саме відрізках;
- 2) у середньому за вибіркою частка бажаного алеля *A* гена бета-лактаглобуліну 42,6 %. Крізь призму обох моделей в крайніх плюс-групах частота останнього складає половину. В решті груп контрольної моделі її частка ледь більша 40 %, а в рамках дослідної – від 33,3 % до 46,2 %, що є свідченням більш диференційної оцінки за допомогою останнього паттерну;
- 3) на алель *L* гену гормону росту, який є бажанішим, в цілому припадає 69,4 % по вибірці. В рамках контрольної моделі його частка була меншою в модальній групі, а використавши дослідну – вдалось встановити, що таке відносне зменшення обумовлене внеском M<sup>+</sup>-класу, який фактично є складовою модального відрізка контрольної моделі;

- 4) частка бажаної *T*-форми гену лептину в середньому дорівнює 42,6 %. Значних відмінностей генетичної структури між групами контрольної і дослідної моделей не встановлено, але використання останньої є доцільнішим у зв'язку із детальнішою характеристикою «норми» розподілу.
- 5) розподіл значень продуктивних ознак залежно від генотипу за чотирма дослідженими локусами в рамках використаних паттернів оцінки ЕСВ свідчить про високу подібність між їх крайніми угрупованнями, а розподіл величин цих ознак у класах  $M^-$ ,  $M_0$  та  $M^+$  дослідної моделі частіше не співпадає з таким у модальному просторі контрольної, що є підтвердженням неоднорідності останнього і доцільності об'єднання тварин у п'ять рівновеликих груп при плануванні стабілізуючого відбору та одержанні у наступному від цих тварин молока різного хімічного складу.

### Література

1. Шмальгаузен И. И. Пути и закономерности эволюционного процесса : избранные труды / И. Шмальгаузен. – М. : «Наука», 1983. – 360 с.
2. Буркат В. П. Деякі біотехнологічні та генетичні методи при створення тварин майбутнього / В. П. Буркат, С. І. Ковтун, К. В. Копилова, К. В. Копилов // Розведення і генетика тварин : міжвід. темат. наук. зб. – К. : Аграрна наука, 2008. – Вип. 42. – С. 3-10.
3. Копилова К. В. Особливості генетичної структури різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак (QLT) / К. В. Копилова, К. В. Копилов, К. О. Арнаут // Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. – К., 2009. – Вип. 138. – Режим доступу до журналу : [http://www.nbu.gov.ua/portal/chem\\_biol/nvnau/2009\\_138/09kkv.pdf](http://www.nbu.gov.ua/portal/chem_biol/nvnau/2009_138/09kkv.pdf)
4. Гиль М. І. Генетичний аналіз полігенно обумовлених та поліморфних ознак худоби молочних порід: дис. ... доктора с.-г. наук : 06.02.01 / Гиль Михайло Іванович. – К., 2007. – 656 с.
5. Маринчук Г. Е. Полиморфные системы лактопротеинов крупного рогатого скота как генные маркеры молочной продуктивности : Монография / Г. Е. Маринчук. – Днепропетровск : Делита, 2007. – 262 с.
6. Houseknecht K. L. The biology of leptin – a review / K. L. Houseknecht, C. A. Baile, R. L. Matteri, M. E. Spurlok // Journal of Animal Science. – 1998. – Vol. 76. – p. 1405-1420.
7. Etherton T. D. Biology of somatotropin in grows and lactation of domestic animals / T. D. Etherton, D. E. Bauman // Physiological Reviews. – 1998. Vol. 78. – p. 745-761.
8. Урбах В. Ю. Биометрические методы : статистическая обработка опытных данных в биологии, сельском хозяйстве и медицине / В. Ю. Урбах – 2-е изд. – М. : Наука, 1964. – 416 с. : ил.
9. Горин В. Г. Эффективность стабилизирующего отбора в молочном скотоводстве / В. Г. Горин, Г. Я. Копыловская, Г. Р. Щесь, С. Л. Мерсон // Тр. Всесоюз. с.-г. ин-та. заоч. обучения. – 1980. – С. 3-2.

10. Методичні рекомендації щодо використання методу полімеразної ланцюгової реакції в скотарстві / Р. В. Облап, Н. Б. Новак, М. Д. Мельничук та ін. – Біла Церква, 2010. – 66 с.
11. Лакин Г. Ф. Биометрия : учеб. пособие для биол. спец. вузов / Г. Ф. Лакин. – 4-е изд., перераб. и доп. – М. : Высш. шк., 1990. – 352 с. : ил.

**Analysis of Holstein livestock genetic structure and their production under effect of stabilizing selection / Smetana O.**

The genetic structure of Holstein cows' of breeding farm JSC «Agro-Soyuz» by *CSN3*, *BLG*, *GH*, *LEP* loci under Effect of Stabilizing Selection was research. The interdependence between above structure genes and milk production traits was analyzed.

**Key words:** stabilizing selection, Holstein livestock, milk production traits, marker-assistant selection, PCR-RFLP, *CSN3*, *BLG*, *GH*, *LEP*.