

УДК 636.082.22:575.17

DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2019.108.19>

ПОЛІМОРФІЗМ СТРУКТУРНИХ ГЕНІВ ГОЛШТИНСЬКОЇ ХУДОБИ ЗАРУБІЖНОГО ПОХОДЖЕННЯ В УМОВАХ СЕЛЕКЦІЙНОГО ПРОЦЕСУ ПІВДНЯ УКРАЇНИ

Гиль М.І. – д.с.-г.н., професор, член Національної академії аграрних наук, академік Національної академії наук вищої освіти України, декан факультету технології виробництва і переробки продукції тваринництва, стандартизації та біотехнології, Миколаївський національний аграрний університет
Галушка І.А. – к.с.-г.н., доцент, доцент кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології, Миколаївський національний аграрний університет
Сметана О.Ю. – к.с.-г.н., доцент
Каратсеєва О.І. – к.с.-г.н., доцент кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології, Миколаївський національний аграрний університет
Волков В.А. – к.с.-г.н., заступник директора, Приватне акціонерне товариство «Племзагод «Степной»

Для галузі молочного скотарства на сучасному етапі характерним є відносно активний імпорту різних порід тварин в Україну, велику частку в якому має голштинська худоба еколого-географічних зон Європи і Північної Америки. Практичний і науковий інтерес цієї роботи полягає у з'ясуванні питання: які саме фактори зумовлюють відмінності у хімічному складі молока голштинських корів різних екогенотипів. Важливо встановити і те, наскільки можливо поліморфізм вищевказаних генів використати під час аналізу генетичного фону тварин, прогнозування якісних показників молока, що задовольняє вимогам переробної промисловості. Тому у статті представлено результати досліджень поліморфізму окремих QTL-генів та основних ознак молочної продуктивності голштинської худоби німецького, угорського і данського походження в умовах Півдня України. Визначено особливості розподілення частот цих локусів та прояву ознак молочної продуктивності корів за умов моделювання ефектів стабілізуючого відбору за класичною моделлю і такою, що формує п'ять рівнів за чисельністю груп. Проведені дослідження не встановили однозначної залежності господарські цінних ознак від генотипів особин за розглянутими локусами. Проте за генотипом CNS3 генотипи BB мали вищу жирно-, білково-молочність та величину надоїв, а за LEP – гетерозиготи характеризувалися більшими надоями. Оцінювання поліморфізму двох структурних генів – CSN3 і GH у голштинських корів різних екогенотипів дало змогу стверджувати, що за сиропридатністю молоко, одержане від корів німецького та угорського походження, є більш якісним, про що свідчать порівняно вищі частоти алеля B CSN3. Корови німецького походження є унікальним екогенотипом за поєднанням порівняно високого рівня надою з значущими частотами алеля L соматотропіну, що спричинило у них підвищену кількість молочного жиру та білка. Голштинська худоба данського походження є найбільш консолідованою порівняно з іншими екогенотипами, про що свідчать значення їх фактичної та очікуваної гетерозиготності. Це твердження пояснюється і даними розрахунку коефіцієнта інбридингу.

Встановлена суттєва генетична неоднорідність худоби молочного напрямку продуктивності модальної групи, що засвідчує можливість одержання від них молока різного хімічного складу.

Ключові слова: гени, локуси, алелі, ознаки молочної продуктивності, екогенотип, стабілізуючий відбір, моделювання, селекція.

Hyl M.I., Halushka I.A., Smetana O.Yu., Karatieieva O.I., Volkov V.A. Polymorphism of structural genes of golshstin cattle foreign origin in conditions of selection process of South Ukraine

The dairy cattle industry at the present stage is characterized by a relatively active import of various animal breeds in Ukraine, the majority of which is Holstein cattle in the ecological and geographical zones of Europe and North America. The practical and scientific interest of this

work is to clarify the question: what exactly factors determine the differences in the chemical composition of the milk of Holstein cows of different ecogenotypes. It is important to establish how much it is possible to use the polymorphism of the above genes in the analysis of the animal gene pool, and to predict the qualitative indicators of milk that meets the requirements of the processing industry. Therefore, the article presents the results of studies of the polymorphism of individual QTL genes and the main signs of milk productivity of Holstein cattle of German, Hungarian and Danish origin in Southern Ukraine. The features of the frequency distribution of these loci and the manifestation of signs of milk production of cows are determined under the conditions of modeling the effects of stabilizing selection according to the classical model and forming five equal in number groups. The conducted studies did not establish an unambiguous dependence of economically valuable traits on the genotypes of individuals at the examined loci. However, according to the CNS3 gene, BB genotypes had higher fat, protein milk yield and milk yield, and heterozygotes for LEP were characterized by large yields. Evaluation of the polymorphism of two structural genes – CSN3 and GH in Holstein cows of different ecogenotypes made it possible to assert that the quality of milk obtained from cows of German and Hungarian origin is better, as evidenced by the relatively high frequencies of the CSN3 B allele. Cows of German origin are a unique ecogenotype for combining a relatively high level of milk yield with significant frequencies of the somatotropin allele L, which resulted in an increased amount of milk fat and protein. Holstein cattle of Danish origin is the most consolidated compared with other ecogenotypes, as evidenced by the values of their actual and expected heterozygosity. This statement is also explained by the calculation of the coefficient of inbreeding.

A significant genetic heterogeneity of livestock in the milk direction of the productivity of the modal group has been established, which indicates the possibility of obtaining milk of various chemical composition from them.

Key words: genes, loci, alleles, signs of milk productivity, ecogenotype, stabilizing selection, modeling, selection.

Постановка проблеми. Для галузі молочного скотарства на сучасному етапі характерним є відносно активний імпорт різних порід тварин в Україну, велику частку в якому має голштинська худоба еколого-географічних зон Європи і Північної Америки. Зрозуміло, що якість молока і не тільки як сировини від таких корів стає питанням вивчення вітчизняних учених. Застосування методів ДНК-технологій у європейських і американських країнах дає можливість отримувати прибуток за рахунок скорочення часу генераційного інтервалу поголів'я в процесі організації керованого відтворення та застосування MAS-селекції (Marker-assisted selection – MAS), тобто проводити відбір і підбір батьківських пар певних генотипів та отримувати нащадків відповідного генетичного потенціалу щодо основних показників продуктивності [4].

Аналіз останніх досліджень та публікацій. У наших дослідженнях 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 [11], ген лептину (LEP) бере участь у синтезі жирів [16], а ген гормону росту (GH), окрім функції регулятора соматичного росту організму, має лактогенну та інсуліноподібну функції [14].

Поряд з традиційним методом відбору тварин селекція з використанням маркерів сприяє направленому формуванню генофондів із потрібними генними поєднаннями, що супроводжується зниженням економічних витрат на виробництво продукції [9]. Разом із тим ефективність використання молекулярно-генетичних маркерів у селекційній роботі істотно залежить від вибору останніх і ознак, у контролі розвитку яких вони беруть участь, а також від селекційного завдання, що вирішується [5].

Постановка завдання. Практичний і науковий інтерес цієї роботи полягає у з'ясуванні питання: які саме фактори зумовлюють відмінності у хімічному

складі молока голштинських корів різних екогенотипів. Важливо встановити і те, наскільки можливо поліморфізм вищевказаних генів використати під час аналізу генофонду тварин, прогнозування якісних показників молока, що задовольняє вимогам переробної промисловості. Одним із основних напрямів у цій роботі є пошук та використання ДНК-маркерів, що дає змогу мітити окремі господарські цінні ознаки. Дослідження тварин за генами кількісних ознак (QTL) дає можливість визначити генотип тварин та передбачити господарські корисні ознаки на рівні алельних варіантів генів, незалежно від статі, віку та фізіологічного стану особин [9; 12]. Поряд з основною метою цієї роботи нами було поставлено завдання дослідити вплив моделювання ефектів відбору голштинських корів, їх генотипів вищевказаних локусів на продуктивність, оскільки дані попередніх вітчизняних і зарубіжних досліджень суперечливі.

Виклад основного матеріалу дослідження. Дослідження виконано на базі ПрАТ «Агро-Союз» Синельниківського району Дніпропетровської області на високопродуктивному стаді голштинської породи, яке було створене наприкінці 90-х та початку 2000-х років шляхом завезення чистопородних нетелей з Данії (DAN), Німеччини (HE) і Угорщини (HU). Господарство має статус племінного заводу голштинської породи і є базовим осередком Міністерства аграрної політики та продовольства України у галузі тваринництва. Виконано порівняльний аналіз генетичної структури різних екогенотипів голштинської худоби за поліморфізмом генів капа-казеїну, бета-лактоглобуліну, гормону росту і лептину з використанням методу *PCR-RFLP* [6], а також аналіз їх молочної продуктивності. Розрахунок частот алелів поліморфних локусів проводили на основі індексу ідентичності з використанням стандартної комп'ютерної програми BIOSYS-I [15]. Статистичну вірогідність розходжень між частотами поширення алельних варіантів за різними локусами розраховано з використанням критерію Р.А. Фишера [7]. Також у худоби за кожним з п'яти промірів, які знімалися із тварин у віці першої лактації – 1–2 місяці (коса довжина тулуба, висота в холці, обхват грудей за лопатками, глибина грудей та обхват п'ястка), розраховані пробіти [13]. Надалі, використовуючи отримані за допомогою пробіт-аналізу дані, проведено моделювання ефекту стабілізуючого відбору (ECB) за двома моделями. Контрольна розподіляє середні пробіти відносно двох меж, формуючи тим самим три групи [8]. Відповідно, особини, пробіт яких не виходив за кордони моделі, а саме за межі значень $x - \bar{X} \pm 0,674\sigma$, потрапляли до модального класу (M_0), тварин зі значенням пробіту нижче вказаних меж відносили до класу мінус-варіант (M^-), вище – до класу плюс-варіант (M^+). Як альтернативну контрольній моделі використано дослідну, яка розбиває ряд розподілу на п'ять рівновеликих груп, при цьому середні пробіти промірів тварин розподілено відносно чотирьох контрольних точок, а саме $x - \bar{X} \pm 0,253\sigma$ та $x - \bar{X} \pm 0,842\sigma$. Відповідно, особини модального класу (M_0) розмістяться в межах $\pm 0,253\sigma$, група M^+ – від $+0,253\sigma$ до $+0,842\sigma$, M^{++} – більше $+0,842\sigma$, M^- – від $-0,253\sigma$ до $-0,842\sigma$ і M^{-} – менше $-0,842\sigma$. Після з'ясування кількості особин у групах обох моделей встановлено відповідність фактичного і теоретичного розподілів за критерієм χ^2 і його табличним стандартним значенням [10]. Виконано підрахунок частот алельних і генотипових варіантів поліморфних молекулярно-генетичних систем, а також розраховано ефективну гетерозиготність за кожною з них згідно з методикою Б. Вейра [5]. Достовірність залежності показників продуктивності від генотипів досліджуваних локусів визначено з використанням алгоритму однофакторного дисперсійного аналізу за Р.А. Фишером [10]. Усі розрахунки виконані за допомогою програми Microsoft Office Excel 2007.

За локусом *k*-казеїну спостерігається певний зв'язок продуктивності з конкретним генотипом (табл. 1).

Зокрема, найбільшими надоями відзначилися тварини з генотипами *BB* за всі лактації. Це, на нашу думку, зумовило найбільшу кількість молочного жиру і білка у цих же тварин. А ось найбільший вміст жиру і білка за другу, третю і вищу лактації мають гетерозиготні особини. За першу лактацію величини останніх ознак суттєво не відрізняються між гомо- і гетерозиготами. Достовірність впливу генотипу за геном *CSN3* на рівень молочної продуктивності не було встановлено.

Таблиця 1

Продуктивні показники голштинських корів різних генотипів локусу *CSN3*

Лактація	Генотип	<i>n</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Кількість молочного жиру, кг	Вміст білка, %	Кількість молочного білка, кг
Перша	<i>AA</i>	40	7387±195	3,89±0,03	286±7	3,30±0,02	243±6
	<i>AB</i>	25	7380±231	3,89±0,02	287±9	3,28±0,01	242±7
	<i>BB</i>	2	8053±936	3,91±0,04	315±39	3,29±0,01	265±31
	Разом	67	7404±144	3,89±0,02	287±5	3,29±0,01	243±5
Друга	<i>AA</i>	40	8452±237	3,85±0,05	324±8	3,28±0,02	376±7
	<i>AB</i>	25	7858±235	3,89±0,07	304±8	3,35±0,02	263±7
	<i>BB</i>	2	8754±1629	3,86±0,18	339±79	3,31±0,03	290±56
	Разом	67	8239±170	3,87±0,04	317±6	3,31±0,02	272±5
Третя	<i>AA</i>	40	8098±281	3,95±0,07	316±9	3,27±0,04	274±9
	<i>AB</i>	25	8312±304	4,02±0,12	334±16	3,32±0,06	284±9
	<i>BB</i>	2	10147±2905	3,60±0,12	363±92	3,16±0,25	317±67
	Разом	67	8239±209	3,97±0,06	324±8	3,28±0,03	208±16
Вища	<i>AA</i>	40	9148±238	3,78±0,07	342±8	3,24±0,03	295±6
	<i>AB</i>	25	8963±290	3,82±0,10	342±16	3,27±0,04	291±8
	<i>BB</i>	2	10147±2905	3,60±0,12	363±92	3,16±0,25	317±67
	Разом	67	9109±183	3,79±0,06	343±7	3,24±0,02	285±8

Аналіз впливу бета-лактоглобуліну на продуктивні ознаки голштинських корів виявив менш чітку взаємозалежність (табл. 2).

Так, найменшим надоем за першу, другу та вищу лактації характеризуються гетерозиготи, а найбільшим – почергово кожен з генотипових варіантів протягом онтогенезу. Загалом, за всіма ознаками молочної продуктивності корів за першу лактацію найкращими є особини гомозиготного генотипу *BB*, за другу – гомозиготи *AA*, за винятком вмісту білка. За третій дійний період більш цінними знову виявилися генотипи *BB*, окрім кількості молочного білка. За вищу лактацію відсоток жиру і білка в молоці найбільшим є у гетерозигот, а кількість жиру і білка, як і надій, – у гомозигот за алелем *A*. Встановлено достовірність впливу гену *BLG* на величину надою, кількість молочного жиру і білка за другу лактацію.

Між поліморфізмом гена соматотропіну і продуктивністю також можна прослідкувати певний зв'язок (табл. 3). Так, генотипи *LL* характеризуються відносно високими надоями протягом оціненого онтогенезу, а за вищу лактацію – найменшими. Вміст жиру є найбільшим за першу і другу лактації у тварин гомозиготних за алелем *V*, а за третю і вищу – у гетерозиготних особин. Найбільший вміст білка

протягом усіх періодів притаманний коровам з генотипом *VV*. За кількістю молочного жиру і білка певних закономірностей не виявлено. Достовірності впливу генотипів за локусом *GH* на величину господарські цінних ознак не встановлено.

Таблиця 2
Продуктивні показники голштинських корів різних генотипів локусу *BLG*

Лактація	Генотип	<i>n</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Кількість молочного жиру, кг	Вміст білка, %	Кількість молочного білка, кг
Перша	AA	9	7439±488	3,87±0,08	286±15	3,31±0,03	246±16
	AB	40	7178±185	3,86±0,02	277±7	3,28±0,02	235±6
	BB	19	7753±264	3,94±0,04	304±9	3,32±0,02	257±8
	Разом	68	7373±145	3,89±0,02	286±5	3,29±0,01	242±5
Друга	AA	9	9246±611	3,95±0,17	361±20	3,31±0,06	304±18
	AB	40	7979±193	3,86±0,04	307±7	3,32±0,02	264±6
	BB	19	8200±343	3,86±0,08	314±10	3,29±0,04	268±9
	Разом	68	8209±170	3,87±0,04	316±6	3,31±0,02	271±5
Третя	AA	9	8014±776	4,04±0,22	319±26	3,28±0,12	284±33
	AB	40	8285±256	3,87±0,08	317±11	3,27±0,04	276±8
	BB	19	8138±416	4,14±0,09	335±16	3,31±0,06	279±12
	Разом	68	8208±208	3,97±0,06	323±8	3,28±0,03	208±15
Вища	AA	9	9733±613	3,77±0,15	363±20	3,22±0,07	312±17
	AB	40	8838±243	3,80±0,08	333±11	3,26±0,03	286±7
	BB	19	9227±324	3,79±0,07	348±11	3,23±0,04	296±8
	Разом	68	9065±185	3,79±0,06	341±7	3,25±0,02	284±8

Поліморфізм же лептину має інший характер зв'язку з продуктивними ознаками голштинських корів, ніж уже розглянуті структурні гени (табл. 4).

Встановлено, що гетерозиготні тварини відзначаються вищими надоями, а також кількістю молочного жиру і білка, за винятком вищої лактації, коли максимальну кількість молочного жиру встановлено у тварин-гомозигот за *TT*. Останнє пов'язане із найбільшим вмістом жиру у цих тварин у відповідний період, а також і за третю лактацію. Більше системності не віднайдено. Достовірність впливу гену *LEP* на продуктивність також не було встановлено.

Одержані результати аналізу вищеназваних структурних генів у голштинської худоби дали змогу виявити розподілення частот алельних варіантів, генотипів та значення середньої гетерозиготності за цими локусами у досліджених груп тварин (табл. 5). Так, за *κ*-казеїном частота бажаного алеля *B* є низькою (0,192), що й передбачалося породною характеристикою, і ці значення вищі у представників німецького та угорського екогенотипів (відповідно 0,222 та 0,231) порівняно з данським. Особливу увагу привертає той факт, що за відносно близьких значень рівнів надою у данських та німецьких голштинів (табл. 6) молоко останніх є більш сиропридатним.

Оцінювання частот алелів соматотропіну виявило аналогічну унікальність німецьких екогенотипів голштинської худоби, оскільки за високої частоти алеля *L* (0,729), що контролює підвищений вмісту жиру та білка в молоці, у підсумку у цих корів одержуємо більший (порівняно з іншими екогенотипами) вихід молочного

Таблиця 3

Продуктивні показники голштинських корів різних генотипів локусу *GH*

Лак-тація	Генотип	<i>n</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Кількість молочного жиру, кг	Вміст білка, %	Кількість молочного білка, кг
Перша	LL	32	7542±205	3,86±0,02	291±8	3,29±0,02	248±7
	LV	29	7317±224	3,91±0,04	285±8	3,29±0,02	240±7
	VV	6	6933±665	3,94±0,11	271±21	3,32±0,05	230±22
	Разом	67	7390±146	3,89±0,02	286±5	3,29±0,01	243±5
Друга	LL	32	8363±235	3,89±0,06	324±8	3,29±0,03	275±7
	LV	29	8021±284	3,84±0,06	305±9	3,32±0,02	265±8
	VV	6	8462±656	3,92±0,18	332±31	3,33±0,07	282±23
	Разом	67	8224±172	3,87±0,04	316±6	3,31±0,01	271±5
Третя	LL	32	8747±267	3,92±0,08	318±11	3,33±0,04	280±9
	LV	29	8525±374	3,98±0,11	334±14	3,21±0,05	278±11
	VV	6	7172±515	3,96±0,11	282±16	3,42±0,14	262±41
	Разом	67	8223±211	3,95±0,06	322±8	3,28±0,03	208±16
Вища	LL	32	9066±225	3,77±0,07	341±9	3,26±0,03	294±6
	LV	29	9119±354	3,78±0,09	341±14	3,20±0,04	289±9
	VV	6	9115±433	3,77±0,16	344±26	3,39±0,09	308±15
	Разом	67	9093±186	3,77±0,05	341±8	3,24±0,02	285±8

Таблиця 4

Продуктивні показники голштинських корів різних генотипів локусу *LEP*

Лак-тація	Генотип	<i>n</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Кількість молочного жиру, кг	Вміст білка, %	Кількість молочного білка, кг
Перша	CC	20	7003±312	3,94±0,05	275±12	3,32±0,02	232±10
	CT	38	7591±180	3,86±0,02	293±7	3,28±0,02	249±6
	TT	10	7287±362	3,87±0,07	281±12	3,28±0,03	238±11
	Разом	68	7373±145	3,89±0,02	286±5	3,29±0,01	242±5
Друга	CC	20	8231±332	3,83±0,06	314±11	3,30±0,04	270±10
	CT	38	8239±236	3,89±0,06	318±8	3,30±0,02	271±7
	TT	10	8047±413	3,87±0,09	312±19	3,34±0,04	269±15
	Разом	68	8209±170	3,87±0,04	316±6	3,31±0,02	271±5
Третя	CC	20	8047±471	3,87±0,11	306±14	3,30±0,06	192±32
	CT	38	8427±240	3,97±0,09	331±9	3,28±0,05	224±19
	TT	10	7696±625	4,12±0,15	323±41	3,25±0,05	179±44
	Разом	68	8208±208	3,97±0,06	323±8	3,28±0,03	208±15
Вища	CC	20	9031±420	3,74±0,11	333±12	3,27±0,05	278±19
	CT	38	9122±224	3,76±0,07	340±8	3,23±0,03	293±5
	TT	10	8918±524	4,00±0,17	363±38	3,27±0,05	261±34
	Разом	68	9065±185	3,79±0,06	341±7	3,25±0,02	284±8

жиру та молочного білка одночасно з фактично високим рівнем надою. Експресію алельного варіанту *GH L*, як відомо, пов'язують як зі збільшенням загального надою, так і з підвищеною жирномолочністю у корів [1]. У наших дослідженнях підвищену частоту алельного варіанта *GH V* виявлено у голштинів угорської селекції (0,471).

Таблиця 5

Алельні частоти за генами *CSN3* і *GH* та значення середньої гетерозиготності, коефіцієнта інбридингу голштинських корів різних екогенотипів

Гени та їх алелі	Екогенотипи			
	У середньому (<i>n</i> = 40)	HE (<i>n</i> = 11)	DAN (<i>n</i> = 16)	HU (<i>n</i> = 13)
CSN3: A	0,808	0,778	0,877	0,769
B	0,192	0,222	0,123	0,231
GH: L	0,716	0,729	0,891	0,529
V	0,284	0,271	0,109	0,471
<i>Ho</i> *	0,283	0,338	0,153	0,389
<i>He</i> **	0,273	0,373	0,207	0,440
F***	0,037	0,094	0,261	0,116

Примітки: *Ho** – фактична середня гетерозиготність за дослідженими локусами; *He*** – очікувана середня гетерозиготність за дослідженими локусами; F*** – коефіцієнт інбридингу

Цей алельний варіант пов'язують із високим надоєм, але генотип *GH VV* зменшує швидкість приросту живої маси тварин [2]. За літературними даними відзначено, що гетерозиготи *GH LV* мають більший відсоток білка у молоці, тоді як генотип *GH LL* забезпечує більш високу жирність молока [3], що співпадає з отриманими нами даними про диференціацію досліджених екогенотипів голштинської худоби за розподілом алелів за локусом соматотропіну, тоді як у корів данського походження спостерігається виражена перевага алеля *L* за відносно зниженої частоти зустрічальності алеля *V*.

Також нами встановлено, що представники данської селекції в голштинській породі мають вищий ступінь консолідації генотипів, що підтверджується порівняно найменшими значеннями фактичної та очікуваної гетерозиготності, відповідно 0,153 та 0,207. Загалом, можна висловити думку, що за частотами зустрічальності гетерозигот за цими локусами не спостерігається статистично достовірного відхилення від стану рівноваги, який відповідає закону Кастла-Гарді-Вайнберга.

Вищі значення коефіцієнта інбридингу, як виявилось, мають корови данського екогенотипу (0,261) і найменші – їхні ровесниці з Німеччини (0,094), тимчасом, як у середньому для вибірки голштинської худоби він був незначним – 0,037. Це пояснює значення середньої гетерозиготності тварин, що оцінені, та характеризує причини виникнення інбредності під час розведення голштинів різних селекцій.

Аналіз розподілу генотипів за геном *κ*-казеїну в досліджуваних нами групах обох моделей ефекту стабілізуючого відбору виявив певні закономірності (табл. 7, 8). У контрольній моделі частота найбільш цінного алеля *B* вища в групі *M*⁺ (0,35), а найменша – у модальному угрупованні (0,171). Тим часом тварини найбажанішого генотипу – *BB* – є лише в межах модального класу, хоча їх частота становить

Таблиця 6

Молочна продуктивність голштинської худоби різних екогенотипів

Екогенотип	n	Рівень розвитку ознаки, її мінливість та вірогідність														
		Надій, кг			Вміст жиру, %			Кількість молочного жиру, кг			Вміст білка, %			Кількість молочного білка, кг		
		$X \pm S_x$	C_p %	$d \pm S_d$	$X \pm S_x$	C_p %	$d \pm S_d$	$X \pm S_x$	C_p %	$d \pm S_d$	$X \pm S_x$	C_p %	$d \pm S_d$	$X \pm S_x$	C_p %	$d \pm S_d$
Перша лактація																
HE	121	7509±118	17	-122±145	3,87±0,01	2,24	0,04±0,01***	290±5	17	-1±6	3,27±0,004	1,45	-0,02±0,006***	245±4	18	-5±5
DAN	68	8497±146	14	866±168***	3,68±0,02	4,44	-0,15±0,02***	312±5	13	21±6***	3,29±0,01	3,69	0,00±0,01	279±5	14	29±6***
HU	61	6907±132	15	-724±157***	3,92±0,04	8,86	0,09±0,04*	270±5	16	-21±6***	3,31±0,02	4,19	0,02±0,02	229±4	15	-22±5***
У середньому	250	7631±858	18	×	3,83±0,01	5,76	×	291±3	17	×	3,29±0,005	2,73	×	250±3	18	×
Третя лактація																
HE	121	8032±176	24	57±213	3,95±0,03	8,35	0,03±0,04	318±7	25	7±9	3,30±0,001	4,24	0,06±0,02**	256±5	23	-4±6
DAN	68	7653±228	25	-322±257	0,96±0,04	8,27	0,04±0,05	301±8	23	-10±9	3,16±0,08	19,7	-0,08±0,08	244±7	25	-16±8*
HU	61	8222±236	22	247±264	3,80±0,07	14,83	-0,12±0,07	309±8	21	-2±9	3,21±0,03	7,62	-0,03±0,04	286±5	14	26±6***
У середньому	250	7975±120	24	×	3,92±0,03	10,27	×	311±5	24	×	3,24±0,02	11,1	×	260±3	22	×

лише 5,7%. Співставлення показників фактичної й 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 у останніх двох групах. У рамках дослідної моделі крайні плюс- і мінус-угруповування також мають вищу частоту алеля B капа-казеїну порівняно з трьома внутрішніми, але в M_0 - та M^+ -класах у 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 є вищою, ніж у трьох центральних класах, що повторює тенденцію контрольної моделі.

Таблиця 7

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

Класи розподілу худоби	Генотип	n	f	Частота алеля	He	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білка, %
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±,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

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, тоді як найбільший мають особини, гомозиготні за алелем B . Вміст жиру і білка 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. Своєю чергою клас M^+ п'ятигрупового паттерну майже відповідає модальному – тригруповому, як і M_0 за вмістом білка, а ось за надоєм останній повторює розподіл крайніх класів.

За локусом BLG у наших дослідженнях M^- і M_0 -групи контрольної моделі мають більшу частку алеля B (майже по 60%), а в класі M^+ співвідношення алелів A та B становить 1:1 (табл. 9). 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 0,500.

Таблиця 8

**Генетична структура груп корів дослідної моделі оцінки ЕСВ
за геном *CSN3* та їхня 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 білка, %
M ⁻	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 ⁰	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 ₀	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 ⁺	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 ⁺⁺	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

У разі використання моделі п'яти груп частота алелів гена *BLG* є також однаковою у крайніх плюс-варіант, а в решті груп частота алеля *B* більше половини і підвищується від M⁻ до M⁺ (табл. 10). Частка гетерозигот у класах M⁻, M⁰ та M₀ є найбільшою. Причому в останніх двох угрупованнях вона перевищує 70%. Тим часом група M⁺ відзначається найбільшою частотою гомозигот за алелем *B* і найменшою – за алелем *A*. Окрім того, у цьому класі, як і в M⁻, очікувана гетерозиготність передбачається більшою, ніж фактична, тоді як в інших угрупованнях, навпаки, при чому в M⁰ та M⁺ різниця є найвищою.

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

Використання дослідної моделі оцінки ЕСВ дає такі результати. Її група M⁺⁺ повторює розподіл значень продуктивних ознак класу M⁺ контрольної моделі. У решті груп найменшими за надоем знову ж таки виявилися гетерозиготи, а за вмістом жиру і білка в угрупованнях M⁻ та M⁺ останні, навпаки, характеризувалися максимальними значеннями. Розподіл цих ознак у класах M⁰ та M₀ теж відрізняється від такого в групах контрольної моделі.

Аналізуючи розподіл частот алелів гену гормону росту, можна відзначити, що доля бажаного алеля *L* у всіх групах контрольної моделі є більшою, особливо у

Таблиця 9

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

Класи розподілу худоби	Генотип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота аляля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білка, %
M ⁻	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 ₀	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 ⁺	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

крайніх варіант, де частота форми *L* більш ніж утричі перевищує частоту аляля *V* (табл. 11). У класі M⁻ – найбільша доля 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 10

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

Класи розподілу худоби	Гено-тип	<i>n</i>	<i>f</i>	Частота аляля	<i>He</i>	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білка, %
M ⁻	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 ⁻	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 ₀	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

Продовження таблиці 10

M ⁺	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 ⁺⁺	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 се-ред-ньому	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

У класах M⁻, M⁺, M₀ та M⁺⁺ частота алеля *L* значно перевищує частоту *V*-форми гена *GH* (табл. 12). 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 у структурі генотипів належить гетерозиготам. Клас M⁺ дуже відрізняється від решти в системі п'яти груп. У ньому частота алеля *V* переважає, а також гетерозигот більше половини. А тому у цьому, як і в M⁺⁺-класі, очікувана гетерозиготність є відчутно меншою, ніж фактична, тим часом як в інших групах ці параметри відносно однакові.

Таблиця 11

Генетична структура груп корів контрольної моделі оцінки ЕСВ за геном *GH* та їхня 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 білка, %
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 серед-ньому	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 господарськи корисних ознак залежно від генотипу за геном соматотропіну в угрупованнях моделей оцінки ЕСВ дає змогу констатувати таке. За надоем у контрольній моделі в класах M⁻ та M⁺ 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_0 та M^+ він є найвищим. Крайні класи цієї моделі за розподілом значень надою однакові за числовим значенням за кожною цифрою таким у контрольному паттерні, не враховуючи особин, гомозиготних за алелем L , оскільки до мінус-груп потрапила всього одна така корова, а до плюс-групи – жодної. За вмістом жиру і білка в угрупованнях обох моделей оцінки ЕСВ чіткої системності не встановлено.

Таблиця 12
Генетична структура груп корів дослідної моделі оцінки ЕСВ
за геном GH та їхня молочна продуктивність за вищу лактацію

Класи розподілу худоби	Генотип	n	f	Частота алеля	He	Надій, кг	Вміст жиру, %	Вміст білка, %
M^-	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^-	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_0	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^+	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^{++}	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

Під час дослідження поліморфізму гену LEP у групах контрольної моделі встановлено найбільшу частоту бажаного алеля T в межах модального і M^+ -класу, але в останньому немає гомозигот TT , а частка гетерозиготних особин становить 90%, тим часом у групах M_0 і M^- гетерозигот близько половини (табл. 13). В останніх двох класах фактична й очікувана гетерозиготність майже не відрізняються, а в M^+ -угрупованні фактична значно перевищує очікувану.

За дослідною моделлю встановлено, що найменшою часткою алеля T характеризується група M^- (0,308), тоді як у решті класів його частота коливається в межах від 44 до 47% (табл. 14). Крайні групи приблизно повторюють частотний розподіл за генотипами відповідних плюс- і мінус-груп контрольної моделі. В угрупованнях M^- , M_0 , M^+ частка гетерозигот є найбільшою відносно частки гомозигот, в центральному класі більш ніж утричі. Очікувана гетерозиготність у групах M^- і M^+ є дещо меншою від фактичних даних, в M^- – дещо більшою, а в M_0 та M^{++} – помітно меншою, особливо в останньому класі.

Таблиця 13

**Генетична структура груп корів контрольної моделі оцінки ЕСВ
за геном *LEP* та їхня 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 ⁻	CC	9	0,409	C – 0,636 T – 0,364	0,463	8779±565	3,75±0,14	3,29±0,10
	CT	10	0,455			9621±546	3,52±0,14	3,13±0,07
	TT	3	0,136			9131±1130	3,79±0,10	3,22±0,03
M ₀	CC	10	0,278	C – 0,542 T – 0,458	0,497	9344±710	3,74±0,20	3,24±0,07
	CT	19	0,528			8990±309	3,83±0,11	3,23±0,05
	TT	7	0,194			8827±627	4,09±0,24	3,29±0,08
M ⁺	CC	1	0,100	C – 0,550 T – 0,450	0,495	8163	3,74	3,33
	CT	9	0,900			8847±430	3,89±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

Таблиця 14

**Генетична структура груп корів дослідної моделі оцінки ЕСВ
за геном *LEP* та їхня 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 білка, %
M ⁻	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 ⁻	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 ₀	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 ⁺	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 ⁺⁺	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

Аналіз значень продуктивних ознак залежно від генотипу в групах моделей оцінки ЕСВ показав, що загалом в угрупованнях контрольної моделі гетерозиготні тварини мають підвищений надій, але в модальному просторі корови з генотипами *CC* переважають гетерозиготних особин за величиною цієї ознаки. Значення вмісту жиру і білка мають протилежний до надою розподіл у класах M_0 та M^- . Група M^+ у цьому плані є винятком, оскільки в ній є тільки одна гомозиготна корова за алелем *C*, а за алелем *T* – взагалі жодної.

У п'ятигруповій моделі розподіл величин продуктивних ознак мінус-груп подібний до такого в M^- -класі тригрупової. В угрупованнях M_0 та M^+ дослідного паттерну характер розподілу величин основних ознак селекції майже відповідає аналогічному в модальному просторі контрольного. Винятком є вміст жиру в класі M^+ , де спостерігається протилежна тенденція.

Висновки і пропозиції. Отримані дані дають змогу зробити такі висновки:

1. Проведені дослідження не встановили однозначної залежності господарські цінних ознак від генотипів особин за розглянутими локусами. Проте за геном *CNS3* генотипи *BB* мали вищу жирно-, білковомолочність та величину надоїв, а за *LEP* – гетерозиготи характеризувалися більшими надоями.

2. Оцінювання поліморфізму двох структурних генів – *CSN3* і *GH* у голштинських корів різних екогенотипів дало змогу стверджувати, що за сиропридатністю молоко, одержане від корів німецького та угорського походження, є більш якісним, про що свідчать порівняно вищі частоти алеля *B* *CSN3* (0,222 та 0,231 відповідно), хоча встановлено менший рівень (0,192) цього структурного гена в досліджуваних голштинів господарства. Корови німецького походження є унікальним екогенотипом за поєднанням порівняно високого рівня надою зі значущими частотами алеля *L* соматотропіну (0,729), що спричинило у них підвищену кількість молочного жиру та білка (I – 290–245 кг, III – 318–256 кг відповідно). Голштинська худоба данського походження є найбільш консолідованою порівняно з іншими екогенотипами, про що свідчать значення їх фактичної та очікуваної гетерозиготності (0,153 та 0,207 відповідно). Це твердження пояснюється і даними розрахунку коефіцієнта інбридингу.

3. Аналіз структури розподілу генотипів і алельних варіантів за чотирма досліджуваними структурними генами (*CSN3*, *GH*, *BLG*, *LEP*) в групах, сформованих двома моделями ефекту стабілізуючого відбору, довів, що:

а) частка бажаного в технологічному плані алеля *B* гена κ -казеїну в цілому є невеликою (21,6%), хоча відносно більшою у крайніх класах. Проте всі гомозиготи за цим алелем зосереджені в середині ряду розподілу, причому дослідна модель показує точніше, на яких саме відрізках;

б) у середньому за вибіркою частка бажаного алеля *A* гена β -лактаглобуліну – 42,6%. Крізь призму обох моделей у крайніх плюс-групах частота останнього становить половину. У 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;

в) на алель *L* гена гормону росту, який є бажанішим, у цілому припадає 69,4% за вибіркою. У рамках контрольної моделі його частка була меншою в модальній групі, а дослідної – встановлено, що таке відносне зменшення зумовлене внеском M^+ -класу, який фактично є складником модального відрізка контрольної моделі;

г) частка бажаної *T*-форми гена лептину в середньому дорівнює 42,6%. Значних відмінностей генетичної структури між групами контрольної і дослідної моделей не спостерігається, але використання останньої є доцільнішим у зв'язку із детальнішою характеристикою «норми» розподілу;

г) 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 ще одним підтвердженням неоднорідності останнього і доцільності об'єднання тварин у п'ять рівновеликих груп під час планування стабілізуючого відбору та одержання у майбутньому від цих тварин молока різного хімічного складу.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Антоненко В.І., Мільченко Ю.В. До питання про оцінку племінної цінності бугаїв-плідників. *Вісник Білоцерківського ДАУ*. 1998. Вип. 7. Ч. 1. С. 134.
2. Бир С. Кибернетика и управление. Москва : Наука, 1964.
3. Бич А.И., Сакса Е.И. Результаты использования голштино-фризского скота. В книге XXXIII конференция ЕАЖ. Ленинград. 1982. С. 186–190.
4. Буркат В.П., Ковтун С.І., Копилова К.В., Копилов К.В. Деякі біотехнологічні та генетичні методи при створенні тварин майбутнього. *Розведення і генетика тварин*. Київ : Аграрна наука, 2008. Вип. 42. С. 3–10.
5. Гиль М.І. Генетичний аналіз полігенно обумовлених та поліморфних ознак худоби молочних порід : дис. ... доктора с.-г. наук : 06.02.01. Київська обл., Чубинське, 2007. 656 с.
6. Гончаренко І.В. Якість та безпека сирого молока. *Молочное дело*. 2006. № 3. С. 62–63.
7. Горин В.Т. Использование стабилизирующего отбора в молочном скотоводстве в условиях крупномасштабной селекции. *Пути совершенствования племенных и продуктивных качеств крупного рогатого скота* : Сборник трудов ВСХИЖ, г. Москва. 1983. С. 8–12.
8. Горин В.Г., Копыловская Г.Я., Мерсон С.Л., Коновалов Б.О. О возможности использования стабилизирующего отбора в птицеводстве. *Птицеводство*. 1978. № 11. С. 28–31.
9. Копилова К.В., Копилов К.В., Арнаут К.О. Особливості генетичної структури різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак (QTL). *Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України*. Київ, 2009. Вип. 138. URL: http://www.nbu.gov.ua/portal/chem_biol/vnpau/2009_138/zmist.html.
10. Лакин Г.Ф. Биометрия : учебное пособие для биологических специальностей вузов, 4-е изд., перераб. и доп. Москва : Высшая школа, 1990. 352 с. : ил.
11. Маринчук Г.Е. Полиморфные системы лактопротеинов крупного рогатого скота как генные маркеры молочной продуктивности : монографія. Днепропетровск : Делита, 2007. 262 с.
12. Созинов А.А. Полиморфизм белков и его значение в генетике. Москва : Наука, 1985. 272 с.
13. Урбах В.Ю. Биометрические методы : статистическая обработка опытных данных в биологии, сельском хозяйстве и медицине, 2-е изд. Москва : Наука, 1964. 416 с. : ил.
14. Etherton T.D., Bauman D.E. Biology of somatotropin in grows and lactation of domestic animals. *Physiological Reviews*. 1998. Vol. 78. P. 745–761.
15. Nei M. Genetic distance between populations. *American Nature*. 1972. Vol. 106. No 4047. P. 434–436.
16. Houseknecht K.L., Baile C.A., Matteri R.L., Spurlok M.E. The biology of leptin – a review. *Journal of Animal Science*. 1998. Vol. 76. P. 1405–1420.