



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **161151** (13) **U**  
(51) МПК  
**G01N 33/50** (2006.01)  
**C12Q 1/6888** (2018.01)  
**A01K 67/02** (2006.01)

НАЦІОНАЛЬНИЙ ОРГАН  
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ ВЛАСНОСТІ  
ДЕРЖАВНА ОРГАНІЗАЦІЯ  
"УКРАЇНСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ  
ОФІС ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ  
ВЛАСНОСТІ ТА ІННОВАЦІЙ"

**(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА КОРИСНУ МОДЕЛЬ**

<p>(21) Номер заявки: <b>u 2025 02002</b></p> <p>(22) Дата подання заявки: <b>30.04.2025</b></p> <p>(24) Дата, з якої є чинними права інтелектуальної власності: <b>13.11.2025</b></p> <p>(46) Публікація відомостей про державну реєстрацію: <b>12.11.2025, Бюл.№ 46</b></p>	<p>(72) Винахідник(и): <b>Крамаренко Олександр Сергійович (UA), Крамаренко Сергій Сергійович (UA), Луговий Сергій Іванович (UA), Каратєєва Олена Іванівна (UA)</b></p> <p>(73) Володілець (володільці): <b>МИКОЛАЇВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ АГРАРНИЙ УНІВЕРСИТЕТ, вул. Георгія Гонгадзе, 9, м. Миколаїв, 54008 (UA)</b></p> <p>(74) Представник: <b>Кубінець Ольга Іванівна</b></p>
---	---

**(54) СПОСІБ РАНЬОГО ПРОГНОЗУВАННЯ ЖИВОЇ МАСИ ТЕЛИЦЬ М'ЯСНИХ ПОРІД**

**(57) Реферат:**

Спосіб раннього прогнозування живої маси телиць м'ясних порід, у якому проводять відбір біологічних матеріалів, таких як кров, тканина, волосяні фолікули, від тварин у ранньому віці. Проводять їх генотипування за наступними локусами мікросателітів МС-ДНК TGLA53, SPS115, BM1818.

**UA 161151 U**



Корисна модель належить до галузі м'ясного скотарства і може бути використана для раннього прогнозування живої маси телиць м'ясного напрямку продуктивності при відлученні.

Відомий спосіб використання мікросателітного тандемного повтору (TG)<sub>n</sub>, що розташований біля сайту початку транскрипції гена рецептора гормону росту великої рогатої худоби (GHR) [1], що вірогідно (P<0,01) впливав на живу масу при відлученні залежно від гомо- чи гетерозиготного стану.

Недоліком цього способу є те, що він враховує гомо-/гетерозиготний стан лише для одного локусу мікросателітів, потенційно пов'язаних із живою масою телиць.

Найбільш близьким до запропонованої корисної моделі є спосіб раннього відбору телиць, що базується на використанні алельних варіантів певних локусів МС-ДНК, пов'язаних із підвищенням/зниженням їх енергії росту [2].

Недоліком цього способу є те, що він не враховує міжалельний взаємозв'язок між окремими локусами МС-ДНК при формуванні мультилокусних оцінок гетерозиготності окремих особин.

В основу корисної моделі поставлена задача розробити спосіб раннього прогнозування живої маси телиць м'ясного напрямку продуктивності при відлученні.

Поставлена задача вирішується тим, що у способі раннього прогнозування живої маси телиць м'ясних порід, згідно з корисною моделлю, проводять відбір біологічного матеріалу, таких як: кров, тканина, волоссяні фолікули, від тварин у ранньому віці, після чого проводять їх генотипування за наступними локусами мікросателітів МС-ДНК TGLA53, SPS115, BM1818.

Для кожної особини розраховують індивідуальні оцінки квадрата різниці між довжиною алелів МС-ДНК міра  $d^2$  в кількості тандемних повторів на підставі формули:  $A1_1, A1_2$  - довжина першого та другого алелів в індивідуальному генотипі у парах нуклеотидів, та відповідне середнє значення для трьох локусів МС-ДНК ( $d^2_{mean}$ ), за значенням якого формують прогноз щодо живої маси при відлученні відповідно до наступного критерію:

а) для оцінки  $d^2_{mean}$  від 0,00 до 5,00 прогнозують низьку живу масу відповідної телиці при відлученні;

б) для оцінки  $d^2_{mean}$  від 5,01 до 10,00 прогнозують середню живу масу відповідної телиці при відлученні;

в) для оцінки  $d^2_{mean}$  вище 10,01 прогнозують високу живу масу відповідної телиці при відлученні.

Запропонований спосіб дозволяє усунути недолік найближчого аналога і забезпечує комплексну оцінку прогнозу м'ясної продуктивності відгодівельної худоби від народження до відлучення.

Незважаючи на те, що а ргіогі мікросателіти ДНК (МС-ДНК) є нейтральними молекулярно-генетичними маркерами, починаючи з середини 1990-х років почали з'являтися докази наявності вірогідних асоціацій між присутністю певних алелів локусів МС-ДНК в генотипі із ознаками продуктивності сільськогосподарських тварин. Паралельно з цим було встановлено, що позитивний вплив на розвиток ознак, пов'язаних із загальною пристосованістю особин у популяціях диких тварин, має також рівень гетерозиготності як за окремими структурними генами і локусами МС-ДНК, так і за індивідуальними оцінками мультилокусної гетерозиготності. Прояв такого зв'язку набув визначення "кореляція між гетерозиготністю та пристосованістю" (heterozygosity-fitness correlation, HFC). При цьому, залишається майже невивченим питання можливого зв'язку між гетерозиготністю (як у якісній, так і кількісній формі) та динамікою живої маси худоби м'ясних порід.

#### Приклад

Дослідження було проведено на поголів'ї телиць м'ясного напрямку продуктивності, що утримувалися в умовах ДП "ДГ Асканійське" Асканійської державної сільськогосподарської дослідної станції Інституту зрошуваного землеробства НААН Каховського району Херсонської області. Виділення ДНК проводили на колонках Nexttec [Nexttec Biotechnologie GmbH, Germany] згідно з рекомендаціями фірм-виробників. Аналіз ампліфікованих фрагментів здійснювали за допомогою приладу для капілярного електрофорезу ABI 3130×1 [Applied Biosystems, США]. Для ідентифікації алелів мікросателітних локусів використовували програму GeneMapper ID v. 3.2.

Обробку даних капілярного електрофорезу проводили шляхом переведення довжин фрагментів у числовий вираз шляхом порівняння їх рухливості зі стандартом молекулярної маси ДНК [3].

Для кожної телиці за кожним локусом МС-ДНК (TGLA53, SPS115 та BM1818) була розрахована оцінка міри  $d^2$ , як квадрат різниці між довжиною обох алелів (в кількості тандемних повторів) в індивідуальному генотипі [4].

Було встановлено наявність асоціації між живою масою телиць та ступенем прояву гетерозиготності в індивідуальному генотипі (міра  $d^2$ ) за кожним з трьох локусів МС-ДНК. Виявлені зв'язки мали позитивний знак, тобто, чим більша різниця між довжиною алелів у межах

індивідуального генотипу, тим вищою була жива маса телиці. Дані дослідів представлено у таблиці 1.

5 При цьому, якщо для індивідуальних оцінок міри  $d^2$  для кожного з локусів МС-ДНК оцінка кореляції варіювала на рівні +0,26...+0,36 (у всіх випадках:  $P < 0,05$ ), то для інтегрального показника  $d^2_{mean}$  оцінка коефіцієнта кореляції була вищою (+0,428) і досягала більш високого рівня значущості ( $P = 0,004$ ). Отже, використання індивідуальних оцінок  $d^2_{mean}$  має більш високе прогностичне значення для прогнозування живої маси телиць при відлученні.

Таблиця 1

Коефіцієнти рангової кореляції Спірмена ( $R_s$ ) між живою масою телиць при відлученні та індивідуальними оцінками квадрата різниці між алелями в індивідуальному генотипі (міра  $d^2$ ) для локусів МС-ДНК

Локус МС-ДНК	n	$R_s$
TGLA53	44	+0,362*
SPS115	69	+0,263*
BM1818	67	+0,276*
Разом (міра $d^2_{mean}$ )	44	+0,428**

Примітка: \* -  $P < 0,05$ ; \*\* -  $P < 0,01$ .

10 В таблиці 2 наведено показники мінливості живої маси телиць при відлученні залежно від середньої оцінки квадрату різниці між алелями в індивідуальному генотипі (міра  $d^2_{mean}$ ) для трьох локусів МС-ДНК. Встановлено вірогідний вплив субгрупи, що виділено на підставі оцінки  $d^2_{mean}$ , на живу масу телиць при відлученні ( $F_{(2; 41)} = 3,23$ ;  $P < 0,05$ ).

Таблиця 2

Показники мінливості живої маси телиць при відлученні залежно від середньої оцінки квадрату різниці між алелями в індивідуальному генотипі (міра  $d^2_{mean}$ ) для трьох локусів МС-ДНК

Оцінка $d^2_{mean}$	min - max (кг)	$M \pm SE$ (кг)
Від 0,00 до 5,00	120-245	182,5 $\pm$ 7,2
Від 5,01 до 10,00	141-239	192,8 $\pm$ 9,3
Вище 10,01	183-259	214,7 $\pm$ 8,4

$F_{(2; 41)} = 3,23$ ;  $P < 0,05$

15

Для ілюстрації запропонованого способу в таблиці 3 наведено приклад розрахунків величини  $d^2_{mean}$ , прогноз та фактичні оцінки живої маси телиць при відлученні (у відхиленнях від середнього арифметичного по групі) для 10 тварин із найнижчими та найвищими оцінками міри  $d^2_{mean}$ .

20

Таблиця 3

Приклад розрахунків величини  $d^2_{mean}$ , прогноз та фактичні оцінки живої маси телиць при відлученні (у відхиленнях від середнього по стаду)

№ з/п	Генотип за локусом МС-ДНК			$d^2_{mean}$	Жива маса (кг)	
	TGLA53	SPS115	BM1818		прогноз	факт
1	156/156	252/252	266/266	0	низька#	-75
2	154/154	248/250	266/268	0,67	низька#	-68
3	156/156	250/250	270/270	1,33	низька#	-58
4	162/162	248/256	262/266	6,67	середня	-54
5	156/158	248/250	266/268	1,00	низька#	-53
6	156/156	248/256	264/268	6,67	середня	+29
7	158/164	250/256	260/268	11,33	висока#	+31
8	156/162	250/252	262/268	6,33	середня	+44
9	156/164	248/256	264/268	13,67	висока#	+46
10	156/164	248/248	258/270	17,33	висока#	+64

Примітка: # -1 прогноз та фактичне значення співпадають.

Отже, запропонована модель демонструє достатньо високий прогностичний рівень для оцінки живої маси телиць при відлученні (близько 70 %).

5 Перевага запропонованого способу полягає в тому, що використання МС-ДНК (TGLA53, SPS115 та BM1818) та інших генетичних маркерів, що знаходяться у стані нерівноваги за зчепленням, дозволяє реалізувати схеми розведення для покращення продуктивних якостей великої рогатої худоби. Відбір з використанням генетичних маркерів дозволяє уникнути потенційно дорогого тестування фенотипу, що проводиться згідно з традиційними схемами розведення.

10 Спосіб може бути використаний у господарствах різних організаційно-правових форм власності для підвищення м'ясної продуктивності відгодівельної худоби.

Джерела інформації:

1. DNA marker for cattle growth; pat. US20020142315A1 USA: C12Q 1/68; A01K 67/027: filed date: Jul. 19, 2001; pub. date: Oct. 3, 2002; appl. No.: 09/910,428. 16 p.

15 2. Спосіб раннього відбору телиць південної м'ясної породи за швидкістю росту; патент України № 128536: МПК G01N 33/50 (2006.01), A01K 67/02 (2006.01). № у 2018 02907; заявл. 22.03.2018; опубл. 25.09.2018, Бюл. № 18. 2 с.

3. Крамаренко О. С. Оцінювання генетичної структури та прогнозування продуктивності тварин південної м'ясної породи за ДНК-маркерами: монографія. - Миколаїв: Іліон, 2017. - 166 с.

20 4. Coulson T.N., Pemberton J.M., Albon S.D., Beaumont M, Marshall T.C, Guinness F.E., Glutton-Brock T. H. Microsatellites reveal heterosis in red deer. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences. - 1998. - Vol. 265(1395). - P. 489-495.

#### ФОРМУЛА КОРИСНОЇ МОДЕЛІ

25

1. Спосіб раннього прогнозування живої маси телиць м'ясних порід, який **відрізняється** тим, що проводять відбір біологічних матеріалів, таких як кров, тканина, волоссяні фолікули, від тварин у ранньому віці, після чого проводять їх генотипування за наступними локусами мікросателітів МС-ДНК TGLA53, SPS115, BM1818.

30 2. Спосіб за п. 1, який **відрізняється** тим, що для кожної особини розраховують індивідуальні оцінки квадрата різниці між довжиною алелів МС-ДНК міра  $d^2$  в кількості тандемних повторів на підставі формул:  $A1_1$ ,  $A1_2$  - довжини першого та другого алеля в індивідуальному генотипі у парах нуклеотидів, та відповідне середнє значення для трьох локусів МС-ДНК ( $d^2_{mean}$ ), за значенням якого формують прогноз щодо живої маси при відлученні відповідно до наступного критерію:

35 а) для оцінки  $d^2_{mean}$  від 0,00 до 5,00 прогнозують низьку живу масу відповідної телиці при відлученні;

б) для оцінки  $d^2_{mean}$  від 5,01 до 10,00 прогнозують середню живу масу відповідної телиці при відлученні;

40 в) для оцінки  $d^2_{mean}$  вище 10,01 прогнозують високу живу масу відповідної телиці при відлученні.