

### 3. Ефект селекції по лінії «мати — дочка»

Рівень відбору, %	Величина січної абсциси	Інтенсивність відбору	Селекційна межа	Селекційний диференціал	Надій матерів, кг		Надій покоління дочок, кг
					очікуваний	фактичний	
90	-1,28	0,20	4967	153	6099	5814	5969
80	-0,84	0,35	5304	267	6213	5951	5986
70	-0,52	0,50	5549	382	6328	6051	6003
60	-0,25	0,64	5755	490	6436	6140	6019
50	0	0,80	5946	615	6588	6209	6038

**Висновки.** Установлений вірогідний прямолінійний зв'язок 0,16—0,38 за вищим надоєм по лінії «мати — дочка» в суміжних поколіннях, а також криволінійний зв'язок — тенденція «повернення до середніх».

Відбір по лінії «мати — дочка» малоєфективний через низьку спадковість кількісних ознак і незначну інтенсивність відбору в маточному стаді. Підвищення ефективності селекції можливе при використанні плідників-поліпшувачів.

*Одержано редколегією 05.02.92.*

На поголов'є черно-пестрого скота ведущого племзавода «Плосковский» вивчено вплив наследственности и интенсивности отбора на эффект селекции. По 2720 парам «мать — дочь», «бабка — внучка» установлена прямолинейная связь по высшему удою в смежных поколениях. При удалении поколений эти связи незначительные. Также отмечена криволинейная связь — тенденция «возврата к средним». Однако от более продуктивных матерей получены лучшие дочери. Из-за невысокой наследуемости количественных признаков по линии «мать — дочь» возможно повышение эффекта селекции путем использования улучшателей.

ISSN 0135-2385. Розведення та штучне осіменіння великої рогатої худоби. 1993. Вип. 25.

УДК 575:636

**В. І. ГЛАЗКО, доктор сільськогосподарських наук**

Інститут розведення і генетики тварин УААН

## ГЕНЕТИЧНА ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ ТА КОНЕЙ ЗА БІОХІМІЧНИМИ СИСТЕМАМИ

Розглянуто генетичну диференціацію за біохімічними маркерами між групами великої рогатої худоби молочного та м'ясного напрямів продуктивності й між породами коней орловської рисистої й російської рисистої. Виявлено біохімічні системи, внесок яких у генетичну диференціацію між дослідженими групами тварин найсуттєвіший.

Нині стає очевидною недостатність аналізу сумарної загальної генетичної мінливості з метою вивчення її механізмів та використання при штучному відборі у сільськогосподарських тварин. Кількісний підхід до рівня генетичної мінливості — оцінка усередненої за локусами гетерозиготності, частки поліморфних локусів є чіткою видовою характеристикою, проте не дає інформації про своєрідність генетичних процесів, що відбуваються на рівні окремих ліній, стад, порід. Такий підхід не дає змоги відповісти на основне запитання генетики сільськогосподарських тварин, які конкретно генетичні системи беруть участь у диференціації груп тварин та з яких причин? Для відповіді на це запитання необхідний порівняльний аналіз генетичної структури груп тварин, які перебувають у різних умовах відбо-

ру за одними й тими ж генетичними системами. Очевидно, що це завдання складне, оскільки в кожній конкретній ситуації відбору кожного виду сільськогосподарських тварин можна очікувати наявність специфічних особливостей втягнення у відбір різних генетичних систем. Проте принципова можливість різного спрощення селекційної роботи при використанні генетично маркованих тварин, їх раннього відбору і спрямованого формування генофонду стад із заданими характеристиками продуктивності практично призводить до виконання таких досліджень та послідовного нагромадження відповідної інформації. У статті розглянуто генетичну диференціацію у групах великої рогатої худоби та двох породах коней з ряду біохімічних систем.

**Методика досліджень.** У великій рогатій худоби в групах молочного та м'ясного напрямку селекції при використанні крохмально-гелевого та поліакриламідного електрофорезу вивчався поліморфізм з ряду біохімічних систем еритроцитів та плазми крові, що контролюються чотирнадцятьма локусами. До аналізу ввійшли найчастіше використовувані в дослідженнях генетичної структури великої рогатої худоби такі системи, як трансферин, церулоплазмин, амілаза-1. Були досліджені тварини у трьох таких господарствах: агрофірмі «Зоря» Рівненської області — чорно-ряба худоба молочного напрямку селекції, голштинізована; племзаводі «Дзвінкове» Київської області — чорно-ряба худоба молочного напрямку, проводиться селекційна робота щодо поліпшення породи з використанням голштинів; тварини м'ясного напрямку селекції, з експериментального господарства «Нива» Київської області. При виведенні цих помісей використовували тварин сірої української, кіанської порід та шароле. Крім того, досліджена генетична структура за двадцятьма біохімічними системами в орловській рисистій та російській рисистій порід коней з Київського іподрому.

**Результати досліджень.** У стадах молочного напрямку істотно частіше зустрічалась гомозиготи AA і рідше — D2D2 за локусом трансферину; рідше гомозиготи AA за локусом церулоплазміну та BB за локусом амілази, ніж у тварин м'ясного напрямку селекції. Для з'ясування в господарствах впливу на генетичну структуру особливостей походження було проаналізоване потомство від окремих бугаїв. Порівняння генетичної структури за вивченими біохімічними маркерами у чотирьох генеалогічних лініях бугаїв племзаводу «Дзвінкове», трьох — агрофірми «Зоря» показало, що різниця в генетичній структурі між тваринами різного напрямку продуктивності суттєво більша, ніж між генеалогічними лініями одного напрямку селекції в одному або кількох господарствах. Одержані дані дають змогу передбачати певний вплив відбору за комплексами специфічних ознак продуктивності, пов'язаних з молочними та м'ясними якостями тварин на генетичну структуру стад за досліджуваними біохімічними маркерами. Слід зазначити, що зв'язок гомозиготності за локусом амілази-1 (CC) із загальним надоем у чорно-рябій породи, поєднання низької частоти повторюваності гомозигот AA за локусом трансферину та високої — гомозигот BB за локусом амілази-1 у м'ясної худоби спостерігали, виходячи з літературних даних, також інші дослідники [1, 2, 3].

За дослідженими біохімічними маркерами (14 локусів) розраховано генетичну відстань між групами молочної та м'ясної худоби в різних господарствах. Найбільший та однаковий за напрямком вклад в одержані генетичні відстані вносили генні частоти за локусами трансферину та церулоплазміну. Ці обидва локуси, за літературними даними, локалізовані в одній і тій же групі зчеплення. Проте індивідуальний аналіз генотипів тварин показав, що алейні варіанти, які забезпечують диференціацію генетичної структури молочної та м'ясної худоби, реалізуються у цих тварин незалежно один від одного. Так, частота повторюваності алейного варіанта В церулоплазміну (вища в молочній худобі) не відрізняється від загальної вибіркі в тварин, які носять гомозиготи AA за локусом трансферину (також частіше зустрічались в молочній худобі).

Таким чином, за цими двома системами відбувається незалежне один від одного нагромадження альтернативних генотипів у м'ясних та молочних тварин. Це дає змогу припустити, що трансферин та церулоплазмин маркують групу зчеплення, яка містить локуси (локус), що прямо пов'язані з відбором на м'ясну та молочну продуктивність. Проте ці гіпотетичні локуси, очевидно, достатньо віддалені за генетичною картою від локусів трансферину та церулоплазміну, що й зумовлює з одного боку, наявність диференціації стад стосовно цих маркерів, з іншого — порівняно нежорсткі та незалежні зв'язки цих локусів з процесом диференціації.

Одержані дані можуть бути ілюстрацією можливих механізмів, що зумовлюють різну ефективність використання однієї й тієї ж генетичної системи для маркіру-

вання ознак продуктивності в різних стадах. По-перше, ефективність її використання може визначатися ступенем генетичного зчеплення з локусами, які прямо беруть участь у формуванні ознаки. По-друге, дана система може сама брати участь в його формуванні, але тільки як одна з компонент складної полігенної системи. Причому, вклад цієї компоненти може суттєво змінюватися залежно від генотипових варіантів інших компонентів (наприклад, при дефіциті одного субстрату швидкість гліколізу визначається активністю одного ключового ферменту гліколізу, при надлишку даного субстрату, що визначає загальну швидкість, стає активнішим інший ключовий фермент). Крім того, оцінка зв'язку окремої генетичної системи з ознакою продуктивності в основному залежить від досліджуваності останнього та одиоманітності його визначення на різних стадіях.

Дані про генетичну диференціацію стад молочної та м'ясної худоби в системах трансферину, церулоплазмину та амілази-1, як вже зазначалось, добре узгоджуються із даними, наведеними у літературі. Проте незалежність процесів диференціації за цими системами свідчить, що вона реалізується на популяційному рівні формуванням специфічних генотипів стад, а не прямим відбором альтернативних за багатьма генетичними системами індивідуальних тварин. Очевидно, саме різноманітність зв'язків досліджуваних генетичних систем з процесами відбору, з механізмами, що визначають взаємодію між генотиповими варіантами різних систем, сумісні із загальним гомеостазом організму, зумовлюють поступовість нагромадження відмінностей між стадами. Тобто, при відборі на м'ясу чи молочну продуктивність відбувається формування генотипів, генотипових середовищ, в яких ймовірно проявляються альтернативних характеристик продуктивності.

З цього випливає, що одним із шляхів прискорення відбору подібного типу може бути спрямоване насичення генотипу стад відповідними генотиповими варіантами за різними генетичними системами.

До очевидних зручностей використання біохімічних систем, як генетичних маркерів, відноситься також можливість безпосереднього порівнювання структур груп тварин за одними й тими ж білками (і, отже, одними і тими ж ланцюгами метаболічних процесів) у різних видів сільськогосподарських тварин. При використанні крохмально-гелевого та поліакриламідного електрофорезу були проведені також дослідження генетичної структури двох груп коней — російської расистой та орловської расистой порід. Описані алейні частоти за двадцятьма локусами, розраховані генетичні відстані. Вищий рівень гетерозиготності виявився характерним для орловської (давнішої за походженням) породи. Проте це характерно не для всіх локусів. Наприклад, якщо по естеразах плазми гетерозиготність в орловських коней дійсно помітно вища, ніж у російських (0,69 проти 0,45), то по 6-фосфоглюконатдегідрогеназі, навпаки, гетерозиготність вища у російських (у російських — 0,54, орловських — 0,36), а за такими системами, як фосфоглюкомутаза і глюкофосфатомераза різниця за гетерозиготністю взагалі не спостерігалась. Причому, щодо глюкофосфатомерази різниця не було також за частотою повторюваності існуючих двох алейних варіантів. У той час частота повторюваності двох із трьох алейних варіантів локуса фосфоглюкомутази суттєво відрізнялась в коней орловської і російської расистих порід. Найбільший вклад у величину генетичної відстані між двома групами коней вносила різниця частот повторюваності алейних варіантів за локусами трансферину (у російських виявлено п'ять алейних варіантів, у орловських — шість), фосфоглюкомутази, 6-фосфоглюконатдегідрогенази.

Таким чином, і в двох групах коней, які тісно пов'язані генеалогічно, проявляється чітко виражена своєрідність генетичної диференціації за індивідуальними поліморфними біохімічними системами — від повної подібності (глюкофосфатомераза) до чітко вираженої різниці (за наявності рідкісних алей — 6-ФГД, за частотою повторюваності різних алейних варіантів — трансферин, фосфоглюкомутаза).

При прямому порівнянні електрофоретичної рухомості різних біохімічних маркерів у коней та великої рогатої худоби виявляється певна схожість за окремими алейними варіантами локуса трансферину, ферментами гліколізу і циклу. Кребса, проте чітко виражена різниця за гемоглобіном, естеразами, супероксиддисмутазою, деякими ферментами пентозофосфатного шунта, пуриннуклеозидфосфорилазою. Установлено також, що електрофоретичний спектр за відносною активністю різних зон лактатдегідрогенази різко відрізняється по еритроцитам та плазмі крові коней, однак повністю збігається у великої рогатої худоби. Це дає змогу припустити, що існують міжвидові відмінності за міцністю плазматичних мембран формених елементів крові, що зумовлюють, у випадку з кіньми, специфічні відмінності електрофоретичного спектра плазми та клітин крові.

**Висновки.** Одержані дані наочно демонструють специфічність участі різних біохімічних систем у формуванні генетичної структури при внутривидовій диференціації груп тварин у зв'язку з особливостями селекції. У випадку з великою рогатою худобою, за нашими даними, в диференціацію стад найбільшою мірою втягуються транспортні білки (трансферин, циркулоплазмін) та естерази (ферменти метаболізму екзогенних субстратів); у випадку з кіньми, крім того, генетичні відмінності формуються також і за рахунок таких біохімічних систем, як фосфоглюкомутаза (фермент внутрішньоклітинного енергетичного метаболізму з вузькою субстратною специфічністю). Остання обставина, очевидно, може бути зумовлена специфічною умовою селекції коней.

#### БІБЛІОГРАФІЧНИЙ СПИСОК

1. Ashton G. O. Cattle serum transferrins: a balanced polymorphism? // *Genetics*.— 1965.— N 5.— P. 983—997.
2. Ormian M. Charakteristika immunogenetyczna krajowego Roglowia Bydla rasy Simentalckiej // *Roczniki Nauk Polniczych*.— 1979.— seria B, t. 99, z. 3.— P. 7—19.
3. Przytulski T., Klemke A. Polymorphism of serum amylase and its relation to serum amylase activity and calcium level in black and — white cattle // *Veterinarnski Archiv*.— 1981.— V. 51, N 3.— P. 123—128.

*Одержано редколлегиею 14.02.92*

Рассмотрена генетическая дифференциация по биохимическим маркерам между группами крупного рогатого скота молочного и мясного направлений продуктивности и между породами лошадей орловской рысистой и русской рысистой. Выявлены биохимические системы, вносящие наибольший вклад в генетическую дифференциацию между исследованными группами животных.

ISSN 0135-2385. Розведення та штучне осіменіння великої рогатої худоби. 1993. Вип. 25.

УДК 636.2.18

**В. В. МЕРКУШИН, Й. З. СІРАЦЬКИЙ**, кандидати сільськогосподарських наук

**О. І. КОСТЕНКО**, науковий співробітник

**В. В. ШАПІРКО**, молодший науковий співробітник

**Т. М. ЛОШАК**, старший лаборант

Інститут розведення і генетики тварин УААН

### НОВИЙ МЕТОД ВИЗНАЧЕННЯ СТУПЕНЯ ІНБРИДИНГУ В ТВАРИННИЦТВІ

Обґрунтовано і описано новий спосіб вирахування коефіцієнта інбридингу, який дає змогу об'єктивно судити про ступінь спорідненості кожної конкретної тварини.

Історія застосування інбридингу в тваринництві налічує багато десятиріч. За цей час розроблено немало методів і способів визначення величини інбридингу при розведенні сільськогосподарських тварин. Найбільше поширення одержали методи Шапоруґа й Райта. Суть методу Шапоруґа полягає в підрахунку рядів поколінь, які віддаляють від пробанда спільного предка по материнському і батьківському боках родоводу. При простоті і практичності цього методу він не визначає кількісне значення ступеня інбридингу. В цьому відношенні досконалішим є метод Райта, який дає змогу вирахувати ступінь гомозиготності пробанда при різних варіантах спорідненого парування. Проте в зв'язку із складністю (Вінничук Д. Т. та ін., 1991) він не знайшов поширення серед практиків-селекціонерів і, як правило, застосовується при проведенні кількісного аналізу ступеня інбридингу в наукових працях. Крім того, цей метод визначення інбридингу не може використати