

дет об'єднати в зв'язи з тим, що уже в наші часи створили геномні бази даних, намагаються розробити найбільш зручний для користувача єдиний тип інтерфейсу. Важливо, що для генетических баз даних для сільськогосподарських тварин цей тип інтерфейсу вже створено в родині **ARKbd**.

Враховуючи, що метод комп'ютерного моделювання «искусственной еволюції» молекул білків і РНК з заданими властивостями «вже дихає в заданні» генно-інженерними біотехнологами очевидно, що людство входить в нову еру спрямованого використання мутацій в селекційному прогресі. У нас немає сумніву в тому, що «ходять бифштекси» на коротких ногах будуть створені. Однак, поки ще неясно – як населення буде ставитися до подібного «генетического м'яса». Вже відома загальна неприязнь населення до всього, що «не нормально».

УДК 636.2.082 : 575.113

К. В. КОПИЛОВ

Інститут розведення і генетики тварин НААН України

ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА РІЗНИХ ПОРІД ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ ЗА ЛОКУСАМИ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК

Розвиток тваринництва України в даний час потребує впровадження нових методів та підходів, що ґрунтуються безпосередньо на аналізі спадкової інформації на рівні генів чи груп зв'язаних генів, в основі яких лежить використання поліморфізму ДНК для виявлення специфічних послідовностей. ДНК-діагностика (генна діагностика) дає можливість керувати генетичною структурою популяції, підтримуючи її алелофонд, а також проводити аналіз генотипу тварин на рівні генів, асоційованих, у тому числі, і з господарськи цінними ознаками. Такі локуси отримали назву – локуси кількісних ознак, QTL (Quantitative Trait Loci's).

Оцінку поліморфізму генів капа-казеїну (CSN3), бета-лактоглобуліну (BLG), гормону росту (GH), гіпофізарно-специфічний фактор транскрипції (Pit 1) проводили за методом ПЛР-ПДРФ. На основі отриманих результатів щодо аналізу особливостей генетичної структури чотирьох основних порід великої рогатої худоби, а саме україн-

ської чорно-рябої молочної (n = 125 гол.), української червоно-рябої молочної (n = 90 гол.), голштинської (n = 53 гол.) та симентальської (n = 92 гол.) порід за поліморфізмом основних генів кількісних ознак із метою вивчення особливостей формування генофондів цих порід був проведений порівняльний аналіз за досліджуваними генами.

При аналізі динаміки змін генотипного розподілення генотипів та частот алелів залежно від факторів штучного добору та селекційних умов утримання різних вітчизняних порід великої рогатої худоби були отримані наступні результати.

За геном k-CN за розподілом частот алелів найбільш подібні за генетичною структурою виявилися тварини української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної та голштинської порід, у яких частота алеля A становила 0,820, 0,888, 0,896 відповідно. Значно нижча частота за цим алелем спостерігалась у тварин симентальської породи – 0,679. Частота B алельного варіанта була дуже низькою у тварин української чорно-рябої молочної породи і становила 0,180, української червоно-рябої молочної породи – 0,112 і було подібною до частоти цього алеля у голштинської породи – 0,104, на відміну від сименталів – 0,320. Подібність за генетичною структурою і низька концентрація B алельного варіанта пояснюється тим, що в створенні вітчизняних порід використовували бугаїв голштинської породи, популяції яких несуть не більше 20 % цього алеля. При аналізі частоти алеля B у корів і бугаїв спостерігається менша частота цього алеля у бугаїв – 20,7 % порівняно з коровами української чорно-рябої молочної породи – 33,6 %, української червоно-рябої молочної породи – 22,2 %, що пов'язано з більш жорстким відбором у бугаїв і, вірогідно, що різні фактори штучного добору направлені проти B алеля цього гена.

За геном β LG частота алельного варіанта B становила у тварин української чорно-рябої молочної 0,632, української червоно-рябої молочної – 0,633, голштинської – 0,585 і симентальської порід – 0,359. З отриманих результатів, так само, як і за геном капа-казеїну k-Cn, ми спостерігаємо за розподілом частот алелів і генотипів за геном бета-лактоглобуліном β LG подібність генетичної структури популяцій тварин української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної і голштинської порід.

У результаті проведення міжпородного аналізу за геном гормону росту GH у популяціях тварин української червоно-рябої молочної і голштинської порід не були виявлені тварини гомозиготні за алель-

ним варіантом V гена гормону росту. В популяції тварин української чорно-рябої молочної породи їхня частка була незначною – 0,056, а у симентальської породи тварини за цим генотипом становили 0,207. Частота гетерозиготних тварин з генотипом LV була наступною: у тварин української чорно-рябої молочної – 0,328, української червоно-рябої молочної – 0,167, голштинської – 0,207 і симентальської порід – 0,391. Однак для тварин молочного напрямку продуктивності виявилась характерною висока частота гомозиготних тварин з генотипом LL порівняно з тваринами симентальської породи, в яких частота за цим генотипом сягала 0,402, а у тварин української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної і голштинської – 0,616, 0,833, 0,793 відповідно. Частота алеля L, асоційованого з надоем і вмістом жиру в молоці, була найнижчою у тварин симентальської породи – 0,402, а для тварин української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної і голштинської порід частота цього алеля виявилась високою і становила 0,780, 0,917 і 0,896 відповідно, що вказує на подібність генетичних структур досліджених порід тварин великої рогатої худоби молочного напрямку продуктивності.

Для тварин симентальської породи за геном PIT-1 характерною була, на відміну від тварин інших порід, висока частота гомозиготних тварин із генотипом BB, яка становила 0,719. Гомозиготні тварини за A алелем не були виявлені, частота гетерозигот AB була 0,281. Для тварин порід – української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної, голштинської розподіл як за частотою генотипів, так і алельних варіантів був подібний. Частота генотипу AA у тварин української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної і голштинської порід становила 0,192, 0,155 та 0,208 відповідно. Частота гетерозиготних тварин AB у популяціях української чорно-рябої молочної становила 0,489, української червоно-рябої молочної – 0,567 і голштинської порід – 0,417. Частота гомозиготних тварин за B алелем розподілялась наступним чином: українська чорно-ряба молочна порода – 0,320, українська червоно-ряба молочна – 0,278, голштинська – 0,375. Частота алеля A у молочних порід була майже однаковою – 0,436, 0,438, 0,416 у тварин української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної і голштинської порід відповідно, що пов'язано як з напрямком продуктивності, так і з історією створення вітчизняних порід. Для тварин симентальської породи частота алеля A була досить низькою і становила 0,141.

За геном лептину *Lep* для тварин української чорно-рябої молочної породи виявилася характерною наступна частота розподілу генотипів: AA – 0,616, AB – 0,344, BB – 0,04, а для тварин симентальської породи: AA – 0,598, AB – 0,402. Гомозиготних тварин із генотипом BB виявлено не було. Частота алеля A у тварин української чорно-рябої молочної породи становила 0,788, а симентальської – 0,799.

За геном *MSTN* не були виявлені тварини симентальської породи з мутацією за цим геном з генотипом AB (196 та 185 п.н.) – nt821 (del11), що спричиняє м'язову гіпертрофію у великої рогатої худоби.

У результаті проведення кореляційного аналізу щодо встановлення асоціацій між різними генотипами тварин за дослідженими локусами кількісних ознак і показниками молочної продуктивності були отримані вірогідні кореляції між дослідженими локусами і показниками продуктивності.

На основі отриманих результатів за досліджуваними генами та враховуючи полігенний характер детермінації формування ознак молочної продуктивності, рекомендується комплексний модельний генотип для підвищення надою для тварин української чорно-рябої молочної породи – $k\text{-CN}^{AB}, \beta\text{LG}^{AB}, \text{GH}^{LV}, \text{Pit}^{AA}, \text{Lep}^{AA}$; української червоно-рябої молочної породи – $k\text{-CN}^{AA}, \beta\text{LG}^{AA}, \text{GH}^{LL}, \text{Pit}^{AB}$; симентальської породи – $k\text{-CN}^{BB}\beta\text{LG}^{BB}\text{GH}^{LL}\text{Lep}^{AB}$; для підвищення жирномолочності: для тварин української чорно-рябої молочної породи – $k\text{-CN}^{AB}, \beta\text{LG}^{AB}, \text{GH}^{VV}, \text{Pit}^{AA}, \text{Lep}^{BB/AB}$; української червоно-рябої молочної породи – $k\text{-CN}^{AA}, \beta\text{LG}^{AB}, \text{GH}^{LV}, \text{Pit}^{AB}$; симентальської породи – $k\text{-CN}^{BB}\beta\text{LG}^{BB}\text{GH}^{LV}\text{Lep}^{AA}$.

Таким чином, отримані результати щодо поліморфізму локусів кількісних ознак (QTL) вказують на те, що за розподілом алельних варіантів генів та генотипів породи молочного напрямку продуктивності вітчизняної селекції подібні за генетичною структурою. Це пояснюється тим, що українські чорно-ряба молочна і червоно-ряба молочна породи створювались шляхом складного відтворювального схрещування з голштинською породою. Розподіл алельних частот генотипів, їхнє успадкування визначається особливостями селекційної роботи, яка проводиться з кожною породою окремо відповідно до визначеного напрямку продуктивності, і не зв'язані з використанням близькородинних схрещувань при розведенні тварин та їхньої приналежності до однієї чи декількох ліній. Результати щодо розподілу алельних варіантів та генотипів тварин за дослідженими молекулярно-генетичними маркерами можна розглядати як додат-

кові характеристики порід. Отримана інформація при відповідній її оцінці додатково до класичних методів селекційно-племінної роботи дає можливість створення популяцій тварин шляхом цілеспрямованого генетичного добору і підбору батьківських пар з відповідним генетичним потенціалом щодо відповідних технологічних вимог до отримуваної сільськогосподарської продукції, зокрема показників молочної продуктивності у молочному скотарстві.

УДК 636.2.082 : 575.113

К. В. КОПИЛОВ, І. В. МОСТОВА, М. Л. ДОБРЯНСЬКА
Інститут розведення і генетики тварин НААН України

ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ ТИРЕОГЛОБУЛІНУ, КАЛПАЙНУ І МІОСТАТИНУ У ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

Виведення нових та удосконалення існуючих порід сільськогосподарських тварин базується на використанні генетичного різноманіття. Картування генів створило можливість проводити селекцію за широкими спектрами кількісних та якісних ознак у молочному та м'ясному скотарстві. Тваринництво на даний час потребує удосконалення й впровадження нових методів та підходів, які безпосередньо базуються на аналізі спадкової інформації на рівні генів, що дає можливість проводити аналіз генотипу тварин за господарськи корисними ознаками. Генетичний потенціал сільськогосподарських тварин прийнято розглядати з точки зору можливості формування генних комплексів, здатних детермінувати розвиток бажаного фенотипу у певних умовах середовища.

Відбір тварин із використанням генетичних маркерів створює передумови для поліпшення продуктивності. На даний час фенотипне різноманіття сільськогосподарських тварин та використання у селекційній роботі методів аналізу на рівні QTL (Quantitative Trait Loci's) має ряд переваг перед традиційними методами селекції, оскільки базується безпосередньо на аналізі генотипу і не залежить від фенотипної мінливості господарсько корисних ознак, що зумовлені зовнішнім середовищем, а також дає можливість проводити селекцію незалежно від віку та статі тварин.

Розведення і генетика тварин. 2010. № 44

© К. В. Копилов, І. В. Мостова,
М. Л. Добрянська, 2010