

# ГЕНЕТИЧНИЙ МОНІТОРИНГ ЛІНІЙНОГО РОЗВЕДЕННЯ

УДК 575.42:636.082.11

М.С. БЕРДИЧЕВСЬКИЙ

*Інститут біології тварин УААН*

## ГЕНЕТИЧНІ ПРОБЛЕМИ ЛІНІЙНОГО РОЗВЕДЕННЯ ПОРІД ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

*Генетичним аналізом генеалогічної структури ряду порід великої рогатої худоби західного регіону України встановлено, що основною проблемою їхньої генетичної структурованості та консолідації є недостатній рівень використання генетичних методів ідентифікації як окремих тварин, так і ліній, застосування цілеспрямованого інбридингу та біотехнологічних способів відтворення при формуванні ліній*

**Генетичний аналіз, інбридинг, породи великої рогатої худоби західного регіону, біотехнологія відтворення**

У процесі доместикації домашніх тварин методи їхнього розведення еволюціонували від примітивних до сучасних досконалих форм, пройшовши при цьому чотири етапи розвитку [1].

На першому із них у місцевих популяціях диких видів тварин відбувалося стихійне формування окремих гуртів, які пізніше трансформувалися у відповідні породи.

Другий етап асоціюється із масовим внутрі- та міжпорідними відборами, при яких одні породи набувають поширення, інші — зникають.

Для третього етапу характерною рисою є поява у провідних породах відрідь, ліній або ізольованих популяцій, пов'язаних із внутріпородним відбором краших із них.

На четвертому етапі цього процесу відбувається розпад вищеназваних структур на ряд інбредних ліній, що є наслідком широкомасштабного застосування близькоспорідненого розведення.

Очевидно, що для більшості видів найбільш характерним є третій етап (лише розведення курей та свиней досягло четвертого етапу). Тому розведення за лініями є найбільш досконалий метод пле-

© М.С. Бердичевський, 2005

Розведення і генетика тварин, 2005. Вип. 38

мінної роботи із заводськими породами, особливо при розведенні повільно репродукуючих тварин [2].

**Матеріал і методика досліджень.** Матеріалом для дослідження слугували популяції бурої карпатської, червоної польської, сіментальської, пінцгауської та чорно-рябої молочної порід західного регіону України, у яких на основі даних первинного зоотехнічного обліку, каталогів та держплемкниг протягом 30-40-річного періоду здійснено ретроспективний генетичний аналіз генеалогічної структури (лінії та родини).

При цьому на основі ряду популяцій вищеназваних порід здійснено оцінку можливостей використання молекулярно-генетичних маркерів у вигляді поліморфних систем крові і молока для ідентифікації окремих тварин, ліній і родин та оцінки міри їхньої консолідації в межах порід.

Ретроспективним генетичним аналізом родоводів, виходячи із даних каталогу [3], у 100 бугаїв Львівського обліплемоб'єднання на основі побудови стрілкових діаграм [4] оцінювали коефіцієнт інбридингу та спорідненості.

**Результати досліджень.** Оцінюючи статистику і динаміку рівня генетичної мінливості досліджуваних порід у повній відповідності з визначеними нами типами популяцій (природних, закритих, напіввідкритих та періодично відкритих) та етапу їхнього формування встановлено, що всі вони належать до відкритого типу, за якого внутріпорідні структури формуються як генеалогічні, а не заводські лінії і родини.

У тому ряду пінцгауську породу слід віднести до періодично відкритого типу, оскільки її генеалогічна структура формувалася шляхом періодичного (через кожні 10 років) завезення і використання у парувальній мережі як поліпшувачів плідників тієї самої породи австрійської селекції.

При цьому встановлено, що у чорно-рябої породи Львівської області на різних етапах її формування нараховувалося від 10 до 48 ліній і родинних груп. Водночас у червоної польської та бурої карпатської порід нараховувалося до 10, а у сіментальської – до 6 ліній.

Ретроспективний генетичний аналіз їхньої генеалогії показав, що більшість бугаїв отримано шляхом міжлінійних крестів і досить незначний відсоток з них були різною мірою інбредовані на родоначальника. При цьому коефіцієнти інбредованості та спорідненості обмежувалися не більш як 25%, що зумовлювало низьку ймовірність високої подібності між родоначальниками ліній з їхніми на-

шадками, тому і кількість ідентичних генів у їхньому геномі гранично низька.

Звідси випливає, що оскільки розведення за лініями є формою інбридингу, при якій концентрується спадковість одного предка або лінії предків у лінійних тваринах [3], то при формуванні генеалогічних ліній, особливо тих із них, протяжність яких сягає понад 8 поколінь, такий ефект досягається найменшою мірою і саме тому ідея селекції через короткі лінії тих, родоначальники яких знаходяться не далі, ніж у 3-4-му рядах родоводів, знаходить своє практичне втілення.

Стосовно до заводських ліній, то ситуація тут набуває дещо більшого рівня складності і потребує розв'язання цілої низки проблем.

По-перше, на даний час ще далеко не з'ясовано генетичних механізмів, які зумовлюють високу препотентність окремих бугаїв за низкою селекціонованих ознак, тому поки що і не розроблено надійних методів їхнього закріплення у наступних поколіннях.

По-друге, необхідно чітко окреслити, як у практичній селекції при формуванні ліній і родин може бути реалізована ідея їхнього маркірування молекулярно-генетичними тестами [5], особливо, якщо вони належать до головних генів [6, 7] господарські корисних ознак (проект QTL).

По-третє, якою мірою сучасні біотехнологічні методи (ЕТ, ПОЕТ-технології, клонова селекція, генна інженерія) можуть зумовлювати характер і напрями формування принципово нових за змістом ліній і родин [8] та якими можуть бути у зв'язку з цим генетичні взаємозв'язки між ними.

По-четверте, необхідно на популяційному рівні з'ясувати суть генетичних механізмів взаємозв'язку заводських і генеалогічних ліній, а відтак, і встановити їхню кількість як у часі, так і в просторі в масштабах породи [9, 10].

**Висновки.** Ретроспективний генетичний аналіз генеалогічної структури ліній і родин у західному типі чорно-рябої та інших порід західного регіону України показав, що вони являють собою відкриту, функціональну розрізнену систему, при якій позитивний ефект інбридингу використовується недостатньо.

1. Вернер И.М., Дональд Х.П. Современные достижения в разведении животных. — М., 1970. — С. 124–125.

2. Иванова О.А. Генетические основы разведения по линиям // Генетические основы селекции животных. — М.: Наука, 1969. — С. 162–207.

3. *Быки-производители* черно-пестрой породы западных областей Украинской ССР: Каталог / МСХ УССР. — К.: Урожай, 1981. — 452 с.

4. *Лессли Дж.Ф.* Генетические основы селекции сельскохозяйственных животных. — М.: Колос, 1982. — С. 193–214.

5. *Машуров А.М.* Генетические маркеры в селекции животных. — М., 1980. — С. 123–245.

6. *Hoerschelet* search for pleiotropic QTL on chromosome BTAG affecting yield traits of milk production / G.Freyer, P.Sorensen, C.Kuhn, R.Weikard // *J.Dairy Sci.* — 2003, № 86 (3). — P. 999–1008.

7. *Interval* and composite interval mapping of somatic cell score, yield and components of milk in dairy cattle / Z. Rodriguez, B.R. Sothey, D.W. Heyen, N.B. Cewin // *J. Dairy Sci.* 2003. — №85 (II). — P. 3081–3091.

8. *Woolliems* Modifications to MOET nucleus breeding schemes to improve rates of genetic progress and decrease rates of inbreeding in dairy cattle // *Animal Production.* — 1989. — №49. — P. 1–14.

9. *Серебровский А.С.* Схема селекционной работы в районе породы // *Проблемы животноводства.* — 1933. — № 5.

10. *Кисловский Д.А.* Проблема породы и пути ее улучшения // *Тр. Моск. зоотех. ин-та.* — М., 1985. — Ч. II.

### **ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОБЛЕМЫ ЛИНЕЙНОГО РАЗВЕДЕНИЯ ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА.** М.С. Бердичевский

*Генетическим анализом генеалогической структуры ряда пород крупного рогатого скота западного региона Украины определено, что основной проблемой их генетической структурированности и консолидации есть недостаточный уровень использования генетических методов идентификации как отдельных животных, так и линий, использования целенаправленного инбридинга и биотехнологических способов воспроизводства при формировании линий.*

**Генетический анализ, инбридинг, породы крупного рогатого скота западного региона, биотехнология воспроизводства**

### **THE GENETICAL PROBLEMS OF LINEAR CATTLE PEDIGREE BREEDS.**

M.S. Berdichevsky

*Was determined by the genetic analysis the genealogical structure a number of west region Ukrainian cattle breeds. The main problem of the genetical framework and consolidation is the insufficient level of using the genetical methods for the identification both the separate animals and the collaterate line, using the purposeful inbriding and biotechnological reproductive methods in the forming the linear.*

**The genetic analysis, inbriding, cattle breeds of west region, biotechnological reproduction**