

лізів упродовж лактації залежало від тривалості інтервалу між отеленням і першою оцінкою тварин. Встановлено, що перше тестування корів слід проводити не раніше ніж через 15 днів після їх отелення.

Таким чином, оцінка молочної продуктивності корів за лактацію, яка базується на щомісячному зважуванні молока і чотирьох-п'яти аналізах за рівних проміжках часу забезпечує об'єктивну інформацію щодо вмісту жиру і білка в молоці, яка необхідна для ведення селекційно-плеємної роботи і організації нормованої годівлі тварин.

Управління запропонованих методів дозволить у два рази збільшити число підконтрольних корів та знизити витрати коштів для проведення оцінки корів.

УДК 636.4.082.12

В.В.ГЕРАСИМЕНКО

ИНТЕГРИРОВАННАЯ ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ТРЁХ СТАД СВИНЕЙ ПО ЧАСТОТЕ КОМПЛЕКСНЫХ ГЕНОТИПОВ

Институт животноводства степных районов им. М.Ф.Иванова "Аскания-Нова" УААН – Национальный научный селекционно-генетический центр по овцеводству

Иммуногенетическое исследование генофонда свиней украинской степной белой породы ранее проводили В.Н.Тихонов с соавт. (1969, 1971, 1974), Ф.П.Ворон, А.Г.Плахотников (1978), В.В.Герасименко, А.Г.Плахотников (1992). Однако пространственная дифференциация генофонда при этом практически не изучалась. Кроме того, за редкими исключениями, в литературе отсутствуют результаты популяционно-генетических исследований, проведенных с учётом частот встречаемости не отдельных аллелей и генотипов, а более сложных комбинаций маркерных генов, хотя вопрос этот представляется крайне важным для понимания системной организации популяций.

Целью нашей работы являлось сравнительное изучение особенностей генетической структуры трёх племенных стад свиней украинской степной белой породы по иммуногенетическим показателям с учётом частот встречаемости комбинированных генотипов по ряду локусов. Исследования проведены на 7684 свиньях, разводимых в ведущих племенных хозяйствах Херсонской области: агрофирме "Аскания-Нова" (n=1590), племзаводе "Сивашский" (n=1974), КСП "Славутич" (n=4120). Поголовье животных этих стад общепринятыми методами (реакции агглютинации и гемолиза, проба Кумбса) с применением 20 моноспецифических сывороток-реагентов было типировано по эритроцитарным антигенам, контролируемым генетическими системами групп крови А, В, D, E, F, G, H, K. Кроме того, у части поголовья (соответственно, 479, 1187 и 1954) методом электрофореза в крахмальном геле выявляли электрофоретические варианты белков сыворотки крови: трансферрина, гаптоглобина и амилазы. Для характеристики уровня гетерозиготности (Y) учитывали долю гетерозиготных локусов (%) в комплексном генотипе осо-

бей. При оценке степени аллельного и фенотипического разнообразия наряду с другими применяли также показатели: эффективное число аллелей – « n_e » и среднее число фенотипов – « k » (Л.А.Животовский, 1991). Для интегрированной оценки индивидуальных генотипов и генетической структуры стад и породы в целом учитывали результаты типирования животных по 5 “закрытым” генетическим системам групп крови В, D, E, F, G.

В результате исследований охарактеризованы типичные для породы параметры генофонда, часто и редко встречающиеся аллели и генотипы как по отдельным генетическим системам, так и по комплексу локусов. В частности, средние значения эффективного числа аллелей, числа фенотипов, уровня гетерозиготности, рассчитанные исходя из особенностей генетической структуры породы по 5 “закрытым” генетическим системам групп крови В, D, E, F, G составляли, соответственно, 1,62; 2,76; 27,25%, незначительно варьируя по стадам в пределах от 1,55 до 1,64 (n_e); 2,72-2,81 (k); 26,68-29,04 % (Y). Индексы генетического сходства между стадами, рассчитанные по формуле Л.А.Животовского (1979) одновременно по 5 вышеуказанным генетическим системам также оказались очень близкими (0,9782-0,9877). Таким образом, обнаружен хорошо выраженный параллелизм в параметрах генетической структуры изученных стад свиней, наблюдаемый несмотря на наличие высокодостоверных различий между ними по концентрации ряда аллелей и генотипов, что свидетельствует о неслучайном характере структурной организации генофондов.

В разных стадах выявлено 86-99 комбинированных генотипов животных по 5 локусам (по породе – 131), причём большая часть поголовья стад (75%) оказалась представлена лишь 14-16 характерными комбинированными генотипами (средние значения: $n_e = 1,5-1,6$; $k = 2,1-2,3$; $Y = 25,1-27,5$ %), в то время как меньшая – редкими комплексными генотипами, в которых, тем не менее, сосредоточена значительная доля общей генетической изменчивости, обусловленной комбинаторикой генов ($n_e = 1,8$; $k = 3,2-3,3$; $Y = 31,8-33,9$ %). Показано также, что при изучении генного баланса в стадах и популяциях, по-видимому, более надёжными оказываются не среднепопуляционные оценки частот аллелей и генотипов, а характерные лишь для активно размножающейся её части.

Выявлены особенности действия отбора на свиней с разными генотипами, заключавшиеся в том, что во всех изученных стадах наблюдался избыток животных с гетерозиготными генотипами по E и G систем групп крови при явном дефиците гомозигот по аллелям E^{edg} , E^{bdg} , E^{edf} , G^a , G^b , что является косвенным подтверждением возможных различий в их селективной ценности.

Полученные данные свидетельствуют о том, что информацию о структурной организации генофонда стад и породы в целом, полученную с использованием генетических маркеров, необходимо учитывать при разработке оптимальной стратегии селекционного процесса.