

ній). Проводити селекційно-племінну роботу щодо подальшого удосконалення та консолідації ліній у кожній породі. Для цього необхідно широко використовувати показники росту і розвитку тварин, екстремально-конституційні та селекційно-генетичні параметри, біохімічні та імуногенетичні показники крові та молока. Важливим також є застосування біотехнологічних способів відтворення при формуванні удосконаленні ліній, одним із яких є трансплантація ембріонів. У виступу використано матеріали, підготовлені разом з Є.І. Федорович, О.І. Любинським, М.І. Кузівим і Т.Ф. Дордою.

УДК 636.082

Б.Є. ПОДОБА

Інститут розведення і генетики тварин УААН

АНАЛІЗ ГЕНОТИПІВ ТВАРИН У СИСТЕМІ РОЗВЕДЕННЯ ЇХ ЗА ЛІНІЯМИ

Висвітлено засади використання генетичних маркерів і закономірностей індивідуального розвитку для аналізу й оцінки генотипів родонаочальників та продовжувачів ліній у популяціях сільськогосподарських тварин, що селекціонуються. Розвинуто концепцію бажаного типу і викладено принципи застосування інформативного та енергетичного підходів до оцінки генотипів особливостей тварин.

Генотип, генетичні маркери, онтогенез, заводські лінії, родоводи, сільськогосподарські тварини

При всіх методах розведення сільськогосподарських тварин пропідне місце займає аналіз і оцінка їхніх генотипів. Адже основним об'єктом, на який переважно спрямовується увага селекціонера, є конкретна тварина. Тому і великомасштабна селекція, яка будеться на закономірностях популяційної генетики, можлива лише за наявності значного обсягу інформації, що накопичується в результаті систематично здійснюваного племінного обліку на індивідуальному рівні. З іншого боку, ефективність досліджень на популяційному рівні в кінцевому підсумку визначається можливістю використання одержаних результатів на рівні окремих особин. Це, перш за все, стосується вирішення головного завдання селекції — проведення послі-

© Б.Є. Подоба, 2005

Розведення і генетика тварин. 2005. Вип. 38

довного аналізу генотипів племінних тварин з метою об'єктивної оцінки їхніх племінних якостей, визначення племінної цінності.

Особливої ваги набуває аналіз генотипів у системах лінійного розведення, які покликані перетворити цінні індивідуальні якості родонаочальників ліній у групові. Адже ще О.С. Серебровський наголошував, що вищої форми селекція досягає тоді, коли створюється можливість проведення добору за генотипом [1]. Він відзначав, що сам генотип недосяжний для розгляду і доводиться “умозаключать”. Саме в плані одержання додаткової інформації, яка спроможна надати селекціонеру більш точне і повне уявлення щодо спадково обумовлених племінних якостей певної тварини, слід розглядати всі методичні способи аналізу генотипів.

За старим уявленням щодо неподільності гена, який вважали матеріальним носієм або дискретною одиницею спадковості, інтерпретація генотипу була доволі спрощеною й однозначною: генотип — це сукупність, мозаїка генів, а фенотип — це втілення генів у ознаки, тобто сукупність ознак. За таким підходом ген розглядався незалежно від обмінних процесів у організмі і від дії факторів зовнішнього середовища.

За сучасними уявленнями, виходячи з принципів теорії розвитку, ген розглядається у взаємодії і взаємообумовленості з усіма рівнями біологічної організації. Тобто будь-який ген входить своєю частиною в інтегральний ефект генотипу. Саме генотип у цілому відповідає за життєдіяльність і розвиток особини, а в явищах індивідуального розвитку за його допомогою виявляється рівень запрограмованої доцільності. Таким чином, генотип тварини — це генетична інформація, інтегрована в програмуючий засіб, що забезпечує життя клітини, розвиток особини та її життєдіяльність. Генотип виступає як динамічна система — вона зумовлює відтворення і роботу клітин організму, що розвивається.

У загальному плані аналіз генотипу може здійснюватися залежно від завдання й об'єкта дослідження на популяційному, організмовому, клітинному та молекулярному рівнях. У системах лінійного розведення такий аналіз може зачіпати всі ці рівні у їхній взаємодії, оскільки охоплює процеси відтворення генотипу: починаючи від гамети і закінчуючи сукупностями тварин у породах. Коло вирішуваних при цьому питань залежить від поставлених завдань і можливостей тих методів, які застосовуються.

Слід зауважити, що останнім часом досить часто в практичних і наукових публікаціях генотипом називають результат поєднання

окремих порід при різних варіантах їхнього схрещування, переважно при реалізації селекційних програм створення нових порід і типів, у процесі їхньої консолідації і формування генеалогічної структури. Для характеристики такого племінного матеріалу точніше було б вживати усталену в зоотехнії термінологію, яка оперує частками крові, а не генотипами вихідних порід.

Найбільші перспективи послідовного застосування методів аналізу генотипів у практиці селекційно-племінної роботи пов'язані з упровадженням системи генетико-селекційного моніторингу в племінному тваринництві. Деякі елементи такої системи розглядаються в цій роботі.

Матеріал і методика досліджень. Основні методичні підходи до аналізу генотипів племінних тварин відпрацьовувалися на матеріалах застосування генетичних методів при вдосконаленні існуючих, створенні і консолідації новостворених порід великої рогатої худоби. В методологічному плані розглянуто інформаційний та енергетичний підходи до визначення бажаного типу відповідно до концепції, розробленої спільно з М. Я. Єфіменком [2]. Інформаційний підхід базувався переважно на результатах імуногенетичної експертизи і застосуванні груп крові як генетичних маркерів. Енергетичний підхід пов'язаний з оцінкою племінних тварин і з урахуванням специфіки реалізації генетичної інформації в ранньому віці [3, 4].

Найбільші перспективи має аналіз генотипів при розведенні за лініями. При цьому є два аспекти використання імуногенетичної інформації: 1) аналіз генетичної структури ліній; 2) спостереження за рухом маркірованої генетичної інформації з покоління в покоління. Саме другий підхід дає можливість конструктивного застосування генетичних маркерів у селекційній роботі для визначення ступеня генетичної спільноти між окремими особинами, вибору продовжувачів ліній, планування спрямованого підбору.

Одним із важливих елементів імуногенетичного моніторингу при розвитку ліній є розшифрування генотипів тварин за маркерами. Наявність відповідного маркера, успадкованого тою чи іншою твариною, дає підстави вважати, що вона має певну генетичну спільноту з маркірованим предком.

За можливістю ідентифікації спадкового матеріалу протягом декількох поколінь розроблено класифікацію маркерів. Запропоновано розрізняти такі типи маркерів за їхніми функціональними можливостями: абсолютний — алельний варіант є унікальним, зв'язаним з певним, однозначно визначеним спадковим матеріалом;

умовний — алельний варіант точно маркірує певну генетичну інформацію протягом досліджуваних поколінь, у певній сукупності особин (лінія, стадо), але його наявність у будь-якої особини не є свідченням її обов'язкової генетичної спільноти; відносний — алельний варіант дає уявлення про генетичну спільноту особин лише на певному генетичному фоні.

Результати дослідження. Нами доведено, що найбільш прийнятним для селекційної практики є маркірування цілком конкретного спадкового матеріалу, головним чином пов'язаного з окремими тваринами.

Так у бугая Бункера 355 визначили, що два альтернативних алелі ($GYE'Q'$ і I_2) маркірують лещо різну генетичну інформацію. У племзаводі “Чайка” дочки-носії алеля $GYE'Q'$ переважали за надоєм своїх напівсестер з алелем I_2 за першу лактацію на 395 кг. Надій за один день продуктивного життя був у них вищий на 0,46 кг. У племзаводі було одержано 74 дочек з алелем $GYE'Q'$, 75 — з I_2 . З них стали коровами з алелем $GYE'Q'$ — 51 дочка, з алелем I_2 — 60. Від народження до віку 2000 днів з алелем $GYE'Q'$ збереглося 21,6% тварин, а з алелем I_2 — 33,3%. Зафіксовано між цими групами також відмінності за міжотельним періодом. Зокрема, у 70,7% дочек з алелем I_2 його тривалість була від 305 до 350 днів, а з алелем $GYE'Q'$ їхня частка становила лише 56,7%.

Отже, алель $GYE'Q'$ маркірує тварин з вищою продуктивністю, а алель I_2 можна вважати маркером більш адаптованого до умов утримання спадкового матеріалу.

Аналіз генотипу Бункера 355 у племзаводі “Плосківський” також засвідчив перевагу спадкової інформації, яку маркірує алель $GYE'Q'$: індекс племінної цінності при його оцінці за цим маркером становив +540 кг проти +251 кг з альтернативним алелем I_2 , а за вмістом жиру в молоці — відповідно +0,07% і +0,05%. Така сама закономірність спостерігалась і з матеріалами оцінки бугайв-синів Бункера: за надоєм середня племінна цінність 5 оцінених плідників з алелем $GYE'Q'$ сягала +307 кг, їх визнано поліпшувачами, а індекс племінної цінності двох носіїв алеля I_2 становив +220 кг і лише одного визнано поліпшувачем.

Передумови створення диференційованої структури української чорно-рябої породи закладено у виборі бугайв-родоначальників ліній.

У лінії Ельбруса високу селекційну цінність становить алель $OJ'K'O'$, про що свідчить аналіз генотипу Джейрана 9057, індекс племінної цінності якого при оцінці за дочками з алелем $OJ'K'O'$ ста-

новив +1154 кг; а при оцінці за дочками з альтернативним алелем BOY — +342 кг молока. У самого ж Ельбруса встановлено, що алель UH" системи S груп крові є маркером генотипів з племінною цінністю +1102 кг, а з альтернативним алелем H' — +669 кг. Ця перевага зберігається і у синів — продовжувачів лінії: середня племінна цінність носіїв алеля UH" сягала +468 кг проти +262 кг без цього маркера.

У Динаміка алель E'3G'Q'G" маркує спадкову інформацію Ханновера, а алель PQG'T', одержаний ним від матері корови Ханв'ю Пеггі Нетті, і є специфічним маркером цього генетичного матеріалу.

При аналізі руху генетичної інформації Динаміка з чотирьох випадків споріднених парувань у двох був інбридинг батько-дочка, а у двох напівсестер з напівбрратом через сина Динаміка бугая Діалог 2009. В одному випадку бугаєць 5956 від батька і матері одержав алель PQG'T', а в другому 6931 зафіксовано повторення генотипу Динаміка, тому що він від батька одержав алель PQG'T', а від матері корови Дунайки 1174 — E'3G'Q'G". У двох інших випадках сини успадкували лише один маркер Динаміка (рисунок). Отже, імуногенетичний аналіз споріднених парувань дає додаткову інформацію щодо генетичного матеріалу в генотипах конкретних тварин.

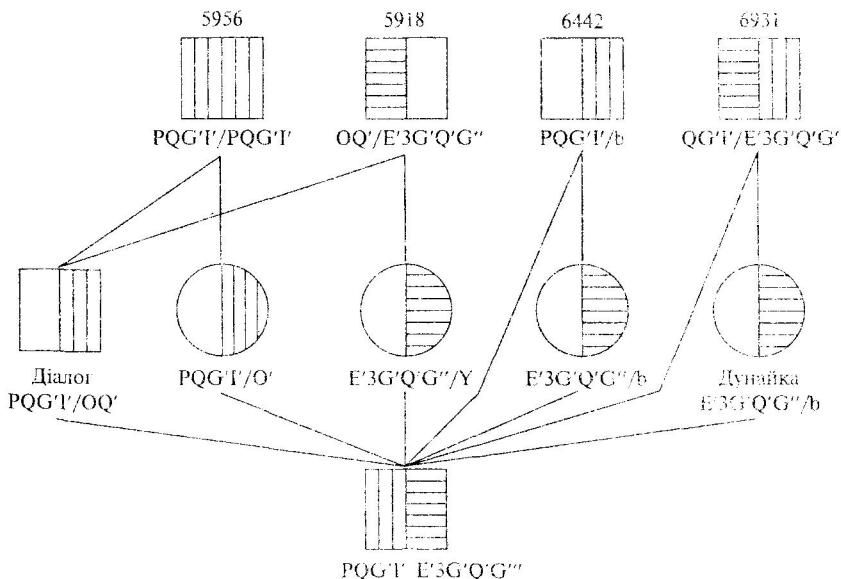


Схема руху генетичної інформації Динаміка 35974?

♦Дослідження структурних одиниць української червоно-рябої молочної породи з допомогою аналізу розподілу в них маркерних алелів засвідчило значну диференціацію як заводських, так і генеалогічних ліній. Це визначається, перш за все, накопиченням спадкового матеріалу родоначальників. Зокрема, для Кавалера 1620273 характерним є алель ВО, для Хановера 1629391 — $E'_3G'Q'G''$, Ім-прувера 333471 — GYD', Рігела 352882 — GOYO'.

Найбільш оригінальні бугаї Нагіт 300502 і Динамік 359742. Першого вирізняють алель GYE'Q' із системи В груп крові, алель ER_2X_2L' — системи С, фактори V, J, L. Специфічний маркер у Динаміка — алель PQGT'.

Аналіз генетичної структури ліній по бугаях-продовжувачах показав значну консолідацію спорідненої групи Нагіта, в алелофонді якої понад половину становили алелі родоначальника — YA'Y' і GYE'Q'. Коефіцієнт томозиготності у цій групі дорівнював 0,242, тоді як для ліній Кавалера і Хановера він становив відповідно 0,110 і 0,123. В усіх лініях найчастіше зустрічалися алелі GYD', GYE'Q', OJ'K'O', YA'Y'. Найбільш специфічними маркерами окремих ліній виступали алелі BGKYO' і ВО (лінія Кавалера), $E'_3G'Q'G''$ (Хановера), PQGT' (Динаміка).

Оцінка диференціації ліній за генетичними маркерами показала, що найбільш специфічна лінія Нагіта: в середньому коефіцієнт дивергенції при порівнянні з іншими лініями за системою В груп крові дорівнював 0,571. Найменш диференційовані лінії Хановера та Енгансера (коефіцієнт дивергенції — відповідно 0,357 і 0,368).

Елементом аналізу генотипних особливостей плідників є дослідження розподілу маркованого спадкового матеріалу в їхньому потомстві. Так у родоначальників ліній української чорно-рябої молочної породи Астронавта, Суддина, Монтфрече обидва альтернативні алелі рівнозначні за їхньою селективною цінністю, оскільки відмінності між ними за розподілом у нашадків несуттєві (таблиця).

Натомість у Джейрана 9057 спостерігалось вірогідно переважне успадкування алеля OJ'K'O' (70% дочок), який успадкований ним від батька Маркіза 321963. Саме цей алель Маркіз передав своєму сину Ельбрусу 897, який став родоначальником заводської лінії.

Встановлено успадкування алеля GYD' 73% нашадків бугая Іртиша 381089 і лише 27% одержали альтернативний алель $E'_3G'Q'G''$. Дефіцит цього алеля спостерігається і в потомстві Динаміка 359742. Відхилення в розподілі алелів дають певну інформацію щодо селективної цінності спадкового матеріалу, який вони маркірують. До-

Успадкування алелів системи В груп крові в потомстві деяких плідників

Кличка і номер бугая	Алелі		Кількість нащадків		Частота		χ^2
	I	II	I	II	I	II	
Астронавт 1696981	I ₂	YA'Y'	75	51	0,59	0,41	4,6
Монтфреч 91779	BOY	GYE'Q'	154	139	0,53	0,47	0,8
Суддин 1698624	BOYD'	E'_3	34	33	0,51	0,49	0,0
Джейран 9057	OJ'K'O'	BOY	28	12	0,70	0,30	6,4
Пантер 691	GYE'Q'	YD'E'O'	27	9	0,75	0,25	9,0
Бункер 355	GYE'Q'	I ₂	181	152	-	-	2,5
Імпрувер 333471	GYD'	YA'Y'	42	31	0,57	0,43	1,7
С'юприм 333470	OA'	G'G''	20	12	0,62	0,38	2,0
Іртиш 381089	GYD'	E'_3 G'Q'G''	36	13	0,73	0,27	10,8
Динамік 359742	PQG'T'	E'_3 G'Q'G''	44	35	0,56	0,44	1,0

повнюють такий аналіз результаті спостереження за рухом генетичних маркерів у декількох поколіннях.

Так, зокрема, розвиток спорідненої групи Пантера 691 відбувався переважно через синів з алелем GYE'Q'. Сностеріталося переважне його успадкування і дочками (успадкувало 27 дочок із 36). Із 72 отелень цих дочок 45 онуками Пантера був успадкований цей маркер спадкової інформації Пантера і лише 27 онуків його не одержали. Отже, цей алель у Пантера маркірує спадкову інформацію, яка має більшу селективну цінність і відповідно частіше успадковується як нащадками, так і онуками. Це дає підстави вважати, що в даному випадку відбувалась презиготична селекція як при сперматогенезі у Пантера, так і на стадії оогенезу в його дочок.

Все більшого значення в розведенні сільськогосподарських тварин набуває проблема ефективності реалізації їхнього генетичного потенціалу. Наблизиться до вирішення цього завдання на основі застосування генетичних методів дасть можливість розшифрування хоча б деякої частки генотипу тварин за генами-регуляторами. Адже, за Е. Девілсоном, більша частина генома здійснює регуляторну функцію і до того ж існує декілька рівнів регуляції [1], тому повне розшифрування генотипу вимагає проведення оцінки дії генів і їхніх комплексів на різних стадіях індивідуального розвитку.

Конструктивним підходом до розв'язання після проблеми є дослідження глибинних механізмів і закономірностей руху генетич-

ної інформації у поколіннях з урахуванням особливостей функціонування генетичного апарату в онтогенезі та визначенням конституційного типу тварин у ранньому віці. Такий підхід можна реалізувати шляхом інтегральної оцінки молодняку за ефективністю використання поживних речовин і енергії корму в ранній постнатальний період [4]. Ця оцінка ґрунтується на закономірній зміні спрямованості обміну речовини або енергії корму в онтогенезі тварини. Воно полягає в тому, що витрати речовини або енергії корму на однину синтезованих структур тіла в умовах оптимального живлення і за одиницю часу з віком збільшуються, що призводить до загального погідження використання корму в онтогенезі. При цьому спостерігається закономірна адекватність ступеня використання корму на ранніх етапах індивідуального розвитку майбутній продуктивності тварин, оскільки особливості обміну речовин, що зумовлюють високий ступінь їхнього використання, в умовах оптимального живлення забезпечують і високу продуктивність.

Висновки. 1. У системі генетико-селекційного моніторингу поряд з експертizoю походження доцільно здійснювати аналіз генотипів племінних тварин за алелями груп крові, визначаючи їхню схожість з родонаочальниками ліній.

2. Рекомендується оцінювати селективну і селекційну цінність генетичних маркерів шляхом аналізу їхнього розподілу в потомстві плідників та визначення продуктивних якостей потомства у зв'язку з успадкуванням того чи іншого альтернативного алеля.

3. Перспективною є оцінка генотипів племінних тварин за особливостями їхнього індивідуального розвитку з визначенням ефективності використання корму в ранньому віці.

1. Девідсон Э. Действие генов в раннем развитии. — М.: Мир, 1972. — 342 с.

2. Єфіменко М.Я., Подоба Б.Є. Концепція "бажаного типу" в селекції великої рогатої худоби // Матеріали науч.-практ. конф. "Теория и практика племенного дела в животноводстве". — Харків, 1996. — С. 21.

3. Подоба Б.Е. О процессах реализации генетической информации в связи с вопросами разведения сельскохозяйственных животных // Повышение степени использования кормов у с.-х. животных: Тр. Харьк. с.-х. ин-та. — Харьков, 1976. — Т. 217. — С. 37—42.

4. Подоба Е.Г. О закономерностях использования корма растущим животным // Вестн. с.-х. науки. — 1969. — № 3. — С. 45—47.

5. Серебровский А.С. Селекция животных и растений. — М.: Колос, 1969. — 294 с.

АНАЛИЗ ГЕНОТИПОВ ЖИВОТНЫХ В СИСТЕМЕ ИХ РАЗВЕДЕНИЯ ПО ЛИНИЯМ. Б.Е. Подоба

Освещены основы использования генетических маркеров и закономерностей индивидуального развития для анализа и оценки генотипов родоначальников и продолжателей линий в селекционируемых популяциях сельскохозяйственных животных. Развита концепция желательного типа и изложены принципы применения информационного и энергетического подходов к оценке генотипических особенностей животных.

Генотип, генетические маркеры, онтогенез, заводские линии, родословные, сельскохозяйственные животные

ANALYSIS OF ANIMAL GENOTYPES IN LINEBREEDING SYSTEM.

B. Podoba

Principles of use of genetic markers and animal individual development regularities for analysis and evaluation of genotypes of line ancestors and successors in selecting farm animal populations were elucidated. Also the conception of animal desirable type was developed and principles of application of informational and energetic approaches to evaluation of animal genotype peculiarities were stated.

Genotype, genetic markers, ontogenesis, lines of farm animal breeding, pedigrees, farm animals

УДК 575

В.Т. СМЕТАНИН

Институт животноводства центральных районов УзААН

ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИЕ ЛИНИИ КАК НОСИТЕЛИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ ПОПУЛЯЦИИ

Рассмотрены вопросы анализа фенотипических и генетических особенностей генеалогических линий популяции свиней, длительно разеодимой "в себе". Делается вывод о том, что, несмотря на идентичность в проявлении признаков, обнаруживаются генетические различия линий, что очень важно для дальнейшего развития популяции.

Популяция, аллель, микросателлитный локус, генеалогическая линия

Введение. Линейное разведение, являясь одним из основных эмпирических методов совершенствования чистопородных животных, на протяжении нескольких сот лет являлось главным базовым путем в методическом арсенале селекционеров. Несмотря на огром-

© В. Т. Сметанин, 2005

Розведення і генетика тварин. 2005. Вип. 38