

УДК 575.113.636.2.034.082

ПРОГНОЗОВАНИЙ ГЕНЕТИЧНИЙ ПРОГРЕС У ПОПУЛЯЦІЯХ МОЛОЧНОЇ ХУДОБИ ЗА ВИКОРИСТАННЯ РІЗНИХ МЕТОДИК ОЦІНКИ І ВІДБОРУ ТВАРИН

О. І. БАБЕНКО¹, В. П. ОЛЕШКО¹, В. Ю. АФАНАСЕНКО²

¹Білоцерківський національний аграрний університет (Біла Церква, Україна)

²Національний університет біоресурсів та природокористування України (Київ, Україна)

lelya_babenko@list.ru

Визначено величину щорічного генетичного прогресу в стадах за надоєм і вплив на нього системи відбору 4-х категорій племінних тварин: батьків бугаїв (ББ), матерів бугаїв (МБ), батьків корів (БК) та матерів корів (МК).

Вивчено генетичну структуру популяцій голштинської і української чорно-рябої молочної породи за генами QTL та їх вплив на продуктивні селекційні ознаки. Досліджено, що розподіл алельних варіантів генів *BLG*, *CSN3*, *GH* та *Pit-1* вказує на відмінності між окремими генотипами за показниками продуктивності. Оцінювання і відбір тварин на основі модельного генотипу за генами QTL-комплексу дає змогу скоротити генераційні інтервали, отримати вищий генетичний прогрес за надоєм.

Ключові слова: українська чорно-ряба молочна та голштинська породи, племінна цінність, генетичний прогрес, гени, генетичні маркери, генотипи, селекційні ознаки, молочна продуктивність.

THE PREDICTED GENETIC PROGRESS IN DAIRY CATTLE POPULATIONS USING A VARIETY OF METHODS FOR EVALUATION AND SELECTION OF ANIMALS

O. I. Babenko¹, V. P. Oleshko¹, V. Y. Afanasenko²

¹Bila Tserkva National Agrarian University (Bila Tserkva, Ukraine)

²National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine (Kyiv, Ukraine)

The article deals with the determination of the amount of the annual genetic progress in herds by milk yield and the influence of the selection system of four categories of pedigree animals: fathers of sires, mothers of sires, fathers of cows and mothers of cows.

The genetic structure of populations of Holstein and Ukrainian Black-and-White Dairy breeds on QTL-genes and impact of these genes on productive breeding characteristics have been studied. The distribution of allelic variants of *BLG*, *CSN3*, *GH* and *Pit-1* genes indicates the differences between certain genotypes on productive traits. Evaluation and selection of animals based on the model genotype on QTL-gene complex allow to reduce the generation interval, receive the higher predicted genetic progress on milk yield.

Keywords: Ukrainian Black-and-White Dairy breed and Holstein breed, pedigree value, genetic progress, genes, genetic markers, genotypes, breeding traits, milk yield

© О. І. БАБЕНКО, В. П. ОЛЕШКО, В. Ю. АФАНАСЕНКО, 2016

ПРОГНОЗИРУЕМЫЙ ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПРОГРЕСС В ПОПУЛЯЦИЯХ МОЛОЧНОГО СКОТА ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ РАЗЛИЧНЫХ МЕТОДИК ОЦЕНКИ И ОТБОРА ЖИВОТНЫХ

Е. И. Бабенко¹, В. П. Олешко¹, В. Ю. Афанасенко²

¹Белоцерковский национальный аграрный университет (Белая Церковь, Украина)

²Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины (Киев, Украина)

Определена величина ежегодного генетического прогресса в стадах по удою и влияние на него системы отбора 4-х категорий племенных животных: отцов быков (ББ), матерей быков (МБ), отцов коров (БК) и матерей коров (МК).

Изучена генетическая структура популяций голштинской и украинской черно-пестрой молочной пород по генам QTL и их влияние на продуктивные селекционные признаки. Установлено, что распределение аллельных вариантов генов BLG, CSN3, GH и Pit-1 указывает на различия между отдельными генотипами по показателям продуктивности. Оценка и отбор животных на основании модельного генотипа по генам QTL позволяет сократить генерационные интервалы, достичь высокого генетического прогресса по удою.

Ключевые слова: украинская черно-пестрая молочная и голштинская породы, племенная ценность, генетический прогресс, гены, генетические маркеры, генотипы, селекционные признаки, молочная продуктивность

Вступ. Підвищення темпів генетичного поліпшення популяцій молочної худоби було і залишається основним завданням селекціонерів. Величина генетичного прогресу за молочною продуктивністю залежить від генетичної переваги та селекційних інтервалів чотирьох категорій племінних тварин, генетичної кореляції між першою і наступними лактаціями, а також інбредної депресії, пов'язаної з інтенсивним використанням обмеженої кількості плідників, відібраних на основі оцінювання за якістю потомства. Основними чинниками, що впливають на величину генетичного прогресу у популяції молочної худоби, є генетична перевага 4-х категорій племінних тварин та тривалість генерацийних інтервалів [7, 8].

Наукові дослідження з питань оцінки щорічного генетичного прогресу і економічної ефективності лягли в основу розробок методик оптимізації довгострокових програм селекції молочної худоби, удосконалюючи при цьому методичні підходи до вирішення цієї проблеми.

Таким чином, вітчизняний і зарубіжний досвід показує, що ефективність селекції залежить від багатьох генетичних, паратипічних і економічних чинників.

Можливість цілеспрямованого створення високопродуктивного поголів'я тварин значною мірою залежить від наявності інформації про гени, що контролюють ознаки продуктивності. У зв'язку з цим стає актуальним завдання з виявлення та використання маркерних генів, які є відповідальними за прояв господарськи цінних ознак [3].

Впровадження молекулярно-генетичних методів у тваринництво пов'язане з розвитком технології ПЛР, що дало можливість проводити швидкий аналіз зв'язку алельних варіантів генів з продуктивністю [2, 3, 5]. Нині генофонди вітчизняних порід великої рогатої худоби майже не досліджені відносно особливостей генетичної структури за генами кількісних ознак, тому ідентифікація генів та їх мутацій, які визначають напрямок та ступінь розвитку кількісної ознаки (QTL), є прибутковою за рахунок скорочення часу генерацийного інтервалу, раннього введення маточного поголів'я, підбору батьківських пар за комплексом певних генотипів та отримання потомків із відповідним генетичним потенціалом щодо основних показників продуктивності [12].

Отже, для прискорення темпів генетичного поліпшення популяцій молочної худоби необхідно збільшувати величину генетичної переваги батьківських особин та зменшувати генерацийні інтервали, що є **метою** наших досліджень.

Матеріали і методи досліджень. Дослідження проведені у СТОВ «Агросвіт» Київської області на основі комп'ютерної бази даних СУМС «Інтесел Орсек» племзаводу голштинської і української чорно-рябої молочної порід.

Величину генетичного прогресу в стаді за надоєм визначали за формулою I. Rendel, A. Robertson [14], доповненої І. А. Рудиком [7].

Племінну цінність бугаїв-плідників (батьків корів) визначали на основі бази даних СУМС «Інтесел Орсек», а племінну цінність корів за методикою Н. З. Басовського [1].

Визначення генотипів тварин за локусами генів Pit-1, CSN3, GH, BLG здійснювали за допомогою методу полімеразної ланцюгової реакції. Геномну ДНК виділяли із 100 мкл периферійної крові. Кров для досліджень брали з яремної вени з наступною консервацією гепарином (з розрахунку 25 МО препарату на 1 мл крові). Полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) проводили на ампліфікаторі «Терцик» (Москва, Росія). Реакційна суміш об'ємом 25 мкл містила: 67 мМ Tris-HCl (рН 8,8), 17 мМ (NH₄)₂SO₄, 0,01% Tween-20, 0,2 мМ dNTP, 1 од. Tag-полімерази, 50 нг геномної ДНК, 2,0 мМ MgCl₂ та по 0,4 мкМ кожного з праймерів. Суть методу ПЛР-ПДРФ полягає в аналізі довжин рестрикційних фрагментів, відмінності за якими можуть бути виявлені безпосередньо за допомогою гель-електрофорезу. Для аналізу поліморфізму генів використовували рестриктази, підібрані до певних праймерів кожного гена [3, 4]. Біометричну обробку даних здійснювали загальноприйнятими методами з використанням комп'ютерної програми Microsoft Excel.

Результати досліджень та їх обговорення. Генетичний прогрес у стаді тварин відбувається за рахунок селекції чотирьох категорій племінних тварин: батьків бугаїв (ББ), матерів бугаїв (МБ), батьків корів (БК) та матерів корів (МК). Селекцію перших трьох категорій здійснюють у селекційних центрах, а селекцію матерів корів – безпосередньо у господарстві. Надзвичайно важливу роль у генетичному поліпшенні стада відіграє підбір бугаїв-плідників для осіменіння маточного поголів'я, які за такого призначення стають потенційними батьками корів. Добір матерів бугаїв, батьків бугаїв і батьків корів забезпечує 90–95% ефекту селекції в популяції тварин, а масовий добір матерів корів лише 5–10%. Основною селекційною ознакою в стаді є надій молока, тому з метою аналізу ефективності селекції за цією ознакою визначали племінну цінність 4-х категорій племінних тварин, які вплинули на темпи поліпшення популяції (табл. 1).

1. Племінна цінність та величини генераційних інтервалів тварин

Категорії племінних тварин	УЧРМ порода			Голштинська порода		
	n	ПЦ, кг	Генераційний інтервал, років	n	ПЦ, кг	Генераційний інтервал, років
ББ	46	+783	7,0	39	+964	6,8
МБ	48	+478	6,8	96	+695	6,7
БК	48	+705	7,1	96	+843	7,0
МК	325	-94	5,1	318	+97	4,9

Відмінності за рівнем племінної цінності 4-х категорій племінних тварин голштинської і української чорно-рябої молочної порід зумовив різну величину генетичного прогресу в стаді та різний внесок цих категорій у генетичне поліпшення стада (табл. 2).

2. Внесок 4-х категорій племінних тварин в генетичний прогрес за надоєм

Породи	Внесок у генетичний прогрес, %				Генетичний прогрес	
	ББ	БК	МБ	МК	кг	%
УЧРМ	41,8	37,6	25,5	-4,9	43,2	0,62
Голштинська	37,0	32,4	26,8	3,8	61,2	0,81

Так середньорічний генетичний прогрес за рахунок селекції чотирьох категорій племінних тварин у стаді голштинської породи становить 61,2 кг молока на корову в рік, а темпи генетичного поліпшення стада 0,81%. У популяції української чорно-рябої молочної

породи ці показники становлять відповідно 43,2 кг молока, а темпи генетичного поліпшення стада – 0,62%.

Отже, темпи генетичного поліпшення стада за рахунок відбору тварин 4-х категорій голштинської породи в 1,4 рази більші, ніж за рахунок аналогічних категорій тварин вітчизняної селекції. Водночас це свідчить про те, що генетичний потенціал за надоєм тварин голштинської породи значно більший.

У популяції голштинської породи внесок матерів бугаїв у генетичне поліпшення становив 26,8%, що на 3,2–13,2% нижче теоретично очікуваного. Внесок батьків корів у генетичне поліпшення був більший, ніж теоретично очікуваний на 12,4–17,4% (рис. 1).

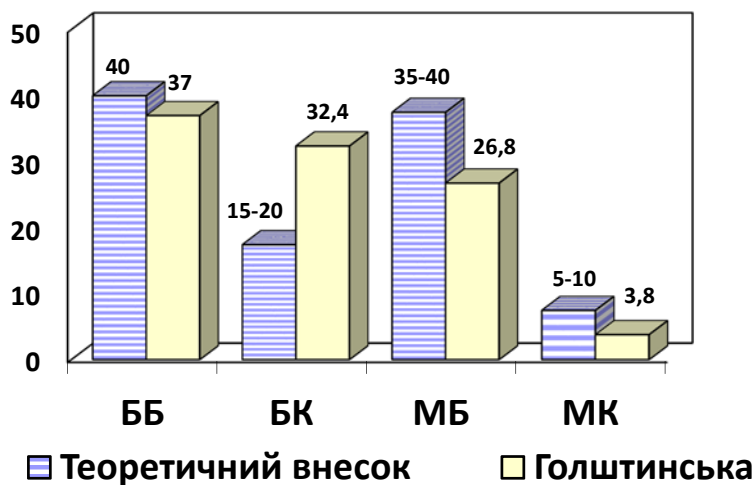


Рис. 1. Внесок 4-х категорій племінних тварин у генетичний прогрес за надоєм у популяції голштинської породи

У стаді української чорно-рябої молочної породи внесок батьків корів становив 37,6%, що на 17,6 – 22,6% більше від теоретично очікуваного (рис.2).

Внесок матерів бугаїв виявився нижчим від теоретичного на 9,5 – 14,5%, а внесок матерів корів виявився від’ємним (–4,9%), що менше від теоретичного на 9,9 – 14,9%.

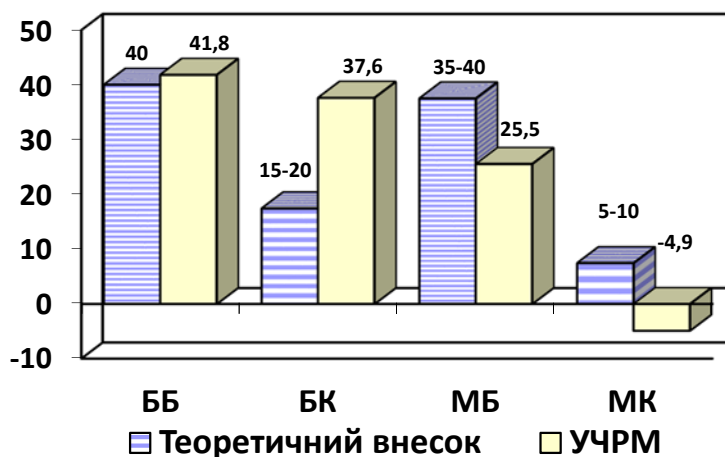


Рис. 2. Внесок 4-х категорій племінних тварин у генетичний прогрес за надоєм у популяції УЧРМ породи

Таким чином, у популяціях голштинської і УЧРМ порід найбільший вплив на генетичний прогрес за надоєм чинили батьки бугаїв та батьки корів. Використання у стаді української чорно-рябої молочної породи матерів, у яких від’ємна племінна цінність за надоєм, стримує темпи поліпшення стада.

Значно більших можливостей у підвищенні темпів генетичного поліпшення можна досягти за рахунок впровадження геномної (GS) або маркерної селекції (MAS), яка

впроваджена у США та у ряді інших країн з 2009 року у якості офіційної оцінки племінної цінності ремонтних бугайців [11, 13]. За умов геномної селекції кінцеве оцінювання племінної цінності бугаїв здійснюється за 30 місяців (2,5 років) на відміну від традиційної схеми селекції, що передбачає затрати часу на рівні 5 років [6]. За оцінкою експертів витрати від використання GS або MAS у порівнянні з традиційною селекцією сягає 92%, а ефективність відбору поліпшується у 2 рази [9, 10].

З огляду на те, що показники продуктивності тварин асоційовані з генами господарськи корисних ознак, актуальним є питання підбору оптимальних поліморфних маркерних систем для впровадження їх у практику селекційної роботи і оцінки генетичної структури порід великої рогатої худоби.

На підставі отриманих нами результатів досліджень впливу QTL- генів на формування молочної продуктивності та враховуючи полігенний характер її детермінації комплексний модельний генотип для відбору тварин з метою підвищення надою у тварин української чорно-рябої молочної породи такий: CSNS^{AB}, GH^{LL}, βLG^{AB}, Pit-1^{AB}; голштинської породи – CSNS^{AB}, GH^{LV}, βLG^{AA}, Pit-1^{AB}. Модельні генотипи за іншими показниками молочної продуктивності наведено у таблиці 3.

3. Комплексний модельний генотип для відбору тварин за молочною продуктивністю

Ознака	Українська чорно-ряба молочна порода				Голштинська порода			
	CSNS	GH	βLG	Pit-1	CSNS	GH	βLG	Pit-1
Надій, кг	AB	LL	AB	AB	AB	LV	AA	AB
Масова частка жиру, %	AB	LV	BB	AA	AB	LL	AB	AB
Масова частка білка, %	AB	LL	BB	BB	AB	LL	BB	AB
Кільк. молочного жиру, кг	AB	LL	AB	AB	AB	LV	BB	AB
Кільк. молочного білка, кг	AB	LL	AB	AB	AB	LV	BB	AB
Σ молочного жиру і білка, кг	AB	LL	AB	AB	AB	LV	BB	AB

Порівняння модельних генотипів української чорно-рябої молочної і голштинської порід показує, що існують відмінності за поєднанням генотипів, які зумовлюють кращий розвиток ознак. Так, лише за масовою часткою білка модельні генотипи збігаються на 75% у обох породах: за надоєм, кількістю молочного жиру і білка та сумарною кількістю молочного жиру і білка модельні генотипи збігаються на 50%; за масовою часткою жиру в молоці повторів взагалі немає. Це свідчить про особливості селекційної роботи з породою за основними селекційними ознаками. Якщо, наприклад, голштинська порода селекціонується, в основному, за надоєм, то українська чорно-ряба молочна порода – за надоєм і масовою часткою жиру в молоці, а останнім часом і за масовою часткою білка в молоці.

Результати проведених генетико-популяційних досліджень двох молочних порід свідчать про перспективність оцінювання структури генотипів тварин, що дає змогу проводити генетичний моніторинг селекційних процесів у популяціях та коригувати відбір та підбір у породах.

За впровадження геномної оцінки і, відповідно, на її основі селекції молочної худоби значно скоротиться термін оцінки племінних тварин (табл. 4.).

4. Племінна цінність та величини генераційних інтервалів племінних тварин

Категорії племінних тварин	УЧРМ порода			Голштинська порода		
	n	ПЦ, кг	генераційний інтервал, років	n	ПЦ, кг	генераційний інтервал, років
ББ	46	+783	2,5	39	+964	2,5
МБ	48	+478	2,2	96	+695	2,2
БК	48	+705	2,5	96	+843	2,5
МК	60	+61	2,2	56	+343	2,2

На відміну від традиційної селекції впровадження геномної селекції дасть змогу скоротити генетичний інтервал в популяції української чорно-рябої молочної породи батьків бугаїв на 4,5 років, матерів бугаїв на 4,6 років, батьків корів на 4,6 років і матерів корів на 2,9 років. У популяції голштинської худоби генераційний інтервал батьків бугаїв зменшується на 4,3 років, матерів бугаїв на 4,5 років, батьків корів на 4,5 років та матерів корів на 2,7 років.

Крім того, результати наших досліджень показують, що темпи генетичного поліпшення популяції молочної худоби за основними селекційними ознаками можна підвищити за рахунок відбору тварин за QTL-комплексами. Так, відбір серед маточного поголів'я на основі комплексного модельного генотипу за надоем дав змогу підвищити племінну цінність матерів корів на 155 кг порівняно з традиційною селекцією, а в популяції голштинської худоби на 246 кг. Лише ці фактори дають змогу отримати генетичний прогрес за надоем в популяції української чорно-рябої молочної худоби на 128,5 кг, що в 2,9 раза більше від величини фактичного генетичного прогресу, а в популяції голштинської худоби – 183,2 кг, що утричі більше порівняно з фактичною величиною генетичного прогресу за надоем у цій популяції (табл. 5.)

5. Внесок 4-х категорій племінних тварин в генетичний прогрес за відбору серед маточного поголів'я за генами QTL

Породи	Внесок у генетичний прогрес,%				Генетичний прогрес за надоем	
	ББ	БК	МБ	МК	кг	%
УЧРМ	38,6	34,7	23,5	3,2	128,5	1,8
Голштинська	33,9	29,7	24,4	12,0	183,2	2,4

Безумовно, збільшується внесок матерів корів у генетичний прогрес. Так, якщо за традиційної селекції внесок цієї категорії племінних тварин був від'ємним (–4,9%), то за використання відбору за QTL-комплексом він становить 3,2%, а в популяції голштинської худоби 12%. Якщо застосовувати відбір інших категорій племінних тварин (батьків бугаїв, матерів бугаїв та батьків) за QTL-комплексом, внесок яких в генетичне поліпшення популяцій становить 88,0–96,8%, то темпи генетичного поліпшення популяції молочної худоби значно збільшаться.

Висновок. За оптимальних умов зовнішнього середовища (повноцінна збалансована годівля тварин, комфортні умови утримання, цілеспрямоване вирощування ремонтного молодняку) ступінь реалізації генетичного потенціалу буде збільшуватися, зростатиме рівень молочної продуктивності і, як результат, буде підвищуватися економічна ефективність виробництва молока.

Для прискорення темпів генетичного поліпшення популяцій молочної худоби необхідно використовувати молекулярно-генетичні маркери, що контролюють обмінні процеси організму.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Басовский, Н. З. Популяционная генетика в селекции молочного скота / Н. З. Басовский. – М. : Колос, 1983. – 256 с.
2. Гіль, М. І. Аналіз генетичної структури молочної худоби окремих порід України / М. І. Гіль, Т. А. Нагорнюк, Л. Г. Мартинюк // Агроєкологічний журнал. – 2008. – № 4. – С. 68–71.
3. Глазко, В. И. ДНК-технологии и биоинформатика в решении проблем биотехнологий млекопитающих / В. И. Глазко, Е. В. Шульга, Т. Н. Дымань, Г. В. Глазко. – Белая Церковь, 2001. – 488 с.
4. Димань, Т. М. Полімеразна ланцюгова реакція: метод.рек. / Т. М. Димань, В. І. Глазко. – Біла Церква, 2004. – 62 с.

5. Копилов, К. В. Сучасні методи ДНК-аналізу в селекційно-племінній роботі / К. В. Копилов // Розведення і генетика тварин : міжвід. темат. наук. зб. – К. : Аграрна наука, 2009. – Вип. 43. – С. 178–186.
6. Рубан, С. Ю. Оцінка ефективності застосування традиційної та геномної схем селекції в молочному скотарстві / С. Ю. Рубан, О. І. Костенко // Вісник Білоцерківського НАУ : зб. наук. пр. – Біла Церква, 2010. – Вип. 3. – Ч. 1. – С. 135–139.
7. Рудик, І. А. Удосконалення методики оцінки генетичного прогресу в популяціях молочної худоби шляхом добору 4-х категорій племінних тварин / І. А. Рудик // Розведення і генетика тварин: міжвід. темат. наук. зб. – К. : Аграрна наука, 2010. – Вип. 44. – С. 170–174.
8. Рудик, І. А. Фенотипові зміни у племінних стадах молочної худоби під впливом генотипових та паратипових факторів / І. А. Рудик, В. П. Олешко // Наук.-техн. бюл. Інституту біології тварин. – Львів, 2010. – Т. 11. – № 1. – С. 240–245.
9. Смарагдов, М. Г. Тотальная геномная селекция с помощью SNP как возможный ускоритель традиционной селекции / М. Г. Смарагдов // Генетика. – 2009. – Т. 45. – № 6. – С. 725–728.
10. Яковлев, А. Ф. Значительное повышение точности оценки племенной ценности животных в молочном скотоводстве / А. Ф. Яковлев, М. Г. Смарагдов // Зоотехния. – 2011. – № 5. – С. 2–4.
11. Яковлев, А. Ф. ДНК-технологии в селекции сельскохозяйственных животных / А. Ф. Яковлев, М. Г. Смарагдов, В. С. Матюков // Достижения науки и техники АПК. – 2011. – № 8. – С. 49–51.
12. Association of genetic variants of casein and milk serum proteins with milk, fat, and protein production by dairy cattle / K. F. Ng-Kwai-Hang, J. F. Hayes, J. E. Moxley et al. // Journal of dairy science. – 1984. – Vol. 67. – № 4. – P. 835–840.
13. Impacts of both reference population size and inclusion of a residual polygenic effect on the accuracy of genomic prediction / Z. Liu, F. R. Seefried, F. Reinhardt, S. Rensing, G. Thallerand, R. Reents // Genetics Selection Evolution. – 2011. – Т. 43:19 doi:10.1186/1297-9686-43-19
14. Rendel, I. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle / I. Rendel, A. Robertson // J. Genet. – 1970. – Vol. 50. – № 1. – P. 1–8.

REFERENCES

1. Basovskiy, N. Z. 1983. *Populyatsionnaya genetika v seleksii molochnogo skota – Population genetics in breeding of dairy cattle*. Moskow, Kolos, 256 (in Russian).
2. Hil', M. I., T. A. Nahornyuk, and L. H. Martynyuk. 2008. Analiz henetychnoyi struktury molochnoyi khudoby okremykh porid Ukrayiny – Analysis of the genetic structure of individual breeds of cattle Ukraine. *Ahroekolohichnyy zhurnal – Agro-ecological magazine*. 4:68–71 (in Ukrainian).
3. Glazko, V. I., E. V. Shul'ga, T. N. Dyman', and G. V. Glazko. 2001. *DNK-tekhnologii i bioinformatika v reshenii problem biotekhnologiy mlekopitayushchikh – DNA technology and bioinformatics in solving the problems of biotechnology mammals*. Belaya Tserkov', 488 (in Russian).
4. Dyman', T. M., and V. I. Hlazko. 2004. *Polimerazna lantsyuhova reaktsiya. Etodychni rekomendatsiyi – Polymerase chain reaction. Methodical recommendations*. Bila Tserkva, 62 (in Ukrainian).
5. Kopylov, K. V. 2009. Suchasni metody DNK-analizu v selektsiyno-pleminniy roboti – Modern methods of DNA-analysis are in plant-breeding-tribal work. *Rozvedennya i henetyka tvaryn. Mizhvidomchyy tematychnyy naukovyy zbirnyk – Animal Breeding and Genetics, Interdepartmental thematic scientific collection*. Kyiv, Ahrarna nauka. 43:178–186 (in Ukrainian)
6. Ruban, S. Yu., and O. I. Kostenko. 2010. Otsinka efektyvnosti zastosuvannya tradytsiynoyi ta henomnoyi skhem selektsiyi v molochnomu skotarstvi – An estimation of efficiency of application of traditional and genome charts of selection is in the suckling cattle breeding. *Visnyk*

Bilotserkivs'koho NAU. Zbirnyk naukovykh prac' – Bulletin of Bila Tserkva National Agrarian University, Scientific Papers. Bila Tserkva. 3(1):135–139 (in Ukrainian).

7. Rudyk, I. A. 2010. Udoskonalennya metodyky otsinky henetychnoho prohresu v populyatsiyakh molochnoyi khudoby shlyakhom doboru 4-kh katehoriy plemynykh tvaryn – Improved methods of evaluation of genetic progress in the population of dairy cattle by selection of 4 categories of breeding animals. *Rozvedennya i henetyka tvaryn. Mizhvidomchyy tematychnyy naukovyy zbirnyk – Animal Breeding and Genetics, Interdepartmental thematic scientific collection.* Kyiv, Ahrarna nauka. 44:170–174 (in Ukrainian)

8. Rudyk, I. A., and V. P. Oleshko. 2010. Fenotypovi zminy u plemynykh stadakh molochnoyi khudoby pid vplyv-vom henotypovykh ta paratypovykh faktoriv – Phenotypical changes in the pedigree herds of suckling cattle under act of genotypic and paratypic factors. *Naukovo-tekhnichnyy byuleten' Instytutu biolohiyi tvaryn ta DNDKI vetpreparativ ta kormovykh dobavok – Scientific and Technical Bulletin of Institute of Animal Biology NAAS.* L'viv, 11(1):240–245 (in Ukrainian).

9. Smaragdov, M. G. 2009. Total'naya genomnaya selektsiya s pomoshch'yu SNP kak vozmozhnyy uskoritel' traditsionnoy selektsii – Total genomic selection by means of SNP as the possible accelerator of traditional selection. *Genetika – Genetics.* 45(6):725–728 (in Russian).

10. Yakovlev, A. F. and M. G. Smaragdov. 2011. Znachitel'noe povyshenie tochnosti otsenki plemennoy tsennosti zhyvotnykh v molochnom skotovodstve – Substantial increase of accuracy of an assessment of breeding value of animals in dairy cattle breedings. *Zootekhnika – Zootechnics.* 5:2–4 (in Russian).

11. Yakovlev, A. F., M. G. Smaragdov, and V. S. Matyukov. 2011. DNK-tekhnologii v selektsii sel'skokhozyaystvennykh zhyvotnykh – DNA technologies in selection of farm animals. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK – Achievements of science and technology of agrarian and industrial complex.* 8:49–51 (in Russian).

12. Ng-Kwai-Hang, K. F., J. F. Hayes, and J. E. Moxley. 1984. Association of genetic variants of casein and milk serum proteins with milk, fat, and protein production by dairy cattle. *Journal of dairy science.* 67:835–840.

13. Liu, Z., F. R. Seefried, F. Reinhardt, S. Rensing, G. Thallerand, and R. Reents. 2011. Impacts of both reference population size and inclusion of a residual polygenic effect on the accuracy of genomic prediction. *Genetics Selection Evolution.* 43:19 doi:10.1186/1297-9686-43-19.

14. Rendel, I. and A. Robertson. 1970. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *J. Genet.* 50:1–8.

УДК 636.4.033.082.24

ПРОДУКТИВНІСТЬ СВИНЕЙ ПРИ ЧИСТОПОРОДНОМУ РОЗВЕДЕННІ ТА СХРЕЩУВАННІ

О. В. ВАЩЕНКО

Черкаська дослідна станція біоресурсів НААН (Черкаси, Україна)
vashchenko.oleksandr@mail.ru

Для досліджень сформовано групи батьківських пар методом аналогів з урахуванням походження, віку, фізіологічного стану, живої маси. При вивченні спермопродуктивності враховано кількість отриманих еякулятів за рік, середній об'єм, концентрацію, загальну кількість спермій в еякуляті згідно з загальноприйнятими методиками за допомогою цифрового фотометра СДМ-30 виробництва фірми «Мінітюб». Показники господарськи