

Отже, подальше вивчення закономірностей цитогенетики дасть змогу контролювати генетичні явища протягом селекційного процесу в тваринництві, здійснювати діагностику спадкових хвороб, виявляти мутагенний вплив факторів навколишнього середовища на організм особин, підвищувати генетичний потенціал племінного матеріалу, що сприятиме ефективності розвитку скотарства України.

УДК 636.2.033.082.2:575.222

## **ДО ПИТАННЯ ПРО ГЕНЕТИЧНУ ЕКСПЕРТИЗУ АНОМАЛІЙ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ В УКРАЇНІ**

***В.С. Коновалов***

***Інститут розведення і генетики тварин НААН***

Зробивши європейський вибір свого подальшого розвитку, тваринництво України зіткнулося з необхідністю ведення первинного обліку відповідно до вимог міжнародного комітету з контролю продуктивності і реєстрації племінних тварин (International Committee for Animal Recording – ICAR), обов'язковою вимогою якого є виявлення особин-носіїв спадкових аномалій розвитку на основі генетичної експертизи. Реально оцінюючи специфіку сучасного тваринництва України, можна зауважити, що створення багатоканальної системи збору та обробки інформації щодо результатів селекційної і генетичної оцінки сільськогосподарських тварин є досить проблематичним завданням. Першим кроком до інтенсифікації ведення первинного обліку у відповідність до сучасних міжнародних вимог ICAR можна вважати преведення в дію нормативно-правової документації (Рубан С.Ю., 2008).

Виключно важливим і конкретним за змістом являється постанова Кабінету Міністрів України від 18 травня 2011г. №515 «Про порядок використання засобів, передбачених в державному бюджеті для виконання програми селекції в тваринництві і птахівництві на підприємствах агропромислового комплексу».

Таким чином, загальний механізм реалізації поставлених завдань можна вважати запущеним. У зв'язку з цим стан виконання положення «Про проведення генетичної експертизи племінних ресурсів тваринництва» перейде з меж доступного фінансування до обов'язкового виконання.

Оцінюючи розміри генетичного тягаря в популяціях різних порід великої рогатої худоби за допомогою фено-цито-ДНК тест-систем, стало очевидним, що на відміну від генофонду високопродуктивних порід західних країн генофонд племінного скотарства України менш насичений шкідливими мутаціями і поки що має достатню буферність.

Міжнародний рівень активного застосування ДНК-скринінгу з метою виявлення генних мутацій дозволило визначати близько 49 однолокусних генетичних захворювань у великої рогатої худоби, які рекомендовані ICAR до обов'язкової ідентифікації на основі ДНК-експертизи тварин (стан 2010 р.).

Нині основні зусилля зосереджені в експертизі на наявність п'яти аномалій:

- BLAD (Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency) – розвиток аномалії асоціюється з мутацією гена ITGB2.
- CVM (Complex spine defect) – асоційований із одонуклеотидною заміною в гені SLC35A3.
- DUMPS (deficiency of uridine monophosphate synthetase) – виникає внаслідок мутації гена, що кодує утворення ферменту уридинмонофосфатсинтетази (PTPN18).
- Дефіцит чинника XI (код в системі OMIA F11 зареєстрований №000363) – призводить до порушень згортання крові (гемофілії).
- Цитруллінемія (код в системі OMIA – 000194; асоційована з мутацією RPS3A) – захворювання, зумовлене ензимотичним дефектом в циклі біосинтезу сечовини трьома рибосомальними генами FTE1, MFTL, MGC23240.

Загальновідомою нині є проблема генетично зумовлених порушень відтворних функцій у високопродуктивних тварин. Це одна із заповорок оптимального використання і подальшого підвищення їх продуктивності. Так у чорно- і червоно-рябої голштинізованої худоби (у значній більшості господарств Росії і України) вихід телят на 100 корів коливається від 65 до 70. Незважаючи на жорсткість відбору плідників та достатньо високі якісні і кількісні показники сперми, певну роль в зниженні виходу телят відіграють приховані дефекти сперматогенезу. Оцінюючи філогенетичні аспекти цього явища, ми прийшли до висновку, що на території Західної і Східної Європи негативні еколого-генетичні чинники значніше впливають на сперматогенез у самців феомеланінового забарвлення (Коновалов В. С., 1980–2012).

Звичайно, вища частота спадкових аномалій розвитку у червоних за мастю порід не дає підстав для висновку – «червоні породи гірші за чорні». Цей факт лише означає, що проміжні метаболіти меланінового обміну чинять істотний вплив на елімінуючий відбір. Вільні радикали еумеланінового обміну у порід чорного забарвлення краще виконують роль селективного відбору, ніж метаболіти феомеланінового обміну.

Ґрунтуючись на фактах визначального впливу генів У-хромосоми на процеси сперматогенезу, нами сформульована структурно-функціональна концепція еколого-генетичного моніторингу У-хромосоми.

Суть концепції полягає в застосуванні субгенома У-хромосоми для гено-протеомного біочіпування.

У-хромосома, найменша хромосома каріотипу, складається з близько 50 млн нуклеотидних пар (н.п.). Гени У-хромосоми, визначаючи детермінацію формування чоловічої статі, через свій гемізіготний стан зумовлюють високу швидкість мутацій в У-хромосомі. Зокрема, ця швидкість

мутацій може бути в 4 рази вищою, ніж у X-хромосомі. Відповідно до пропонуваної діагностичної моделі, можливість біочіпування (Мирзабеков, 2003 ) дає можливість не лише розмістити на біочіпі гено-протеомні складові, але і реєструвати частоти тих мутацій, що зустрічаються в генах різних ділянок довгого (AZFa -ділянки -гени DFFRY/DFFRX; DBY/DBX ;UTY/UTX; TB4 Y/TB 4X 5) DBY, UTY і TB4 Y); AZFв -ділянки (гени RBM, CDY, XKRY ., eIF - 1A . SMCY ); AZFc -ділянки (кластер генів DAZ ); PRY; BPY2;TTY2, CDY, RBM) і короткого плечей хромосоми та серії їх множинних алелів.

За допомогою мікросателітного аналізу можна виявляти асоційований зв'язок з певними аномаліями та ідентифікувати мікросателітні мутації двох типів: SNP мутації (Single nucleotide polymorphism) – одиничні нуклеотидні заміни; STR мутації (short tandem repeat) характеризуються короткими тандемними повторами.

До теперішнього часу вже відомо більше двохсот STR-локусів Y-хромосоми. З огляду на це, припускаємо, що мутагенез мікросателітів знайде своє застосування у визначенні епігеномної мінливості, яка негативно впливає на сперматогенез.

Можливість виявлення за допомогою ДНК-скринінгу раніше прихованої від селекціонера мінливості дає змогу глибше аналізувати проблеми генетичного тягаря і диференціювати генетичні ризики залежно від їх впливу на гомеостатичні механізми життєздатності організму. Важливо враховувати, що результати системного моніторингу летальних мутацій у поєднанні з автоматизованим первинним зооветеринарним обліком дадуть можливість оперативно застосовувати програму попереджувального скринінгу для вибракування із селекційного процесу тварин-носіїв генетичних аномалій.

УДК 338.43:636.082

## **ОРГАНІЗАЦІЙНО-ЕКОНОМІЧНІ ЗАСАДИ ВПРОВАДЖЕННЯ ГЕНОМНОЇ ОЦІНКИ ТВАРИН У МОЛОЧНОМУ СКОТАРСТВІ**

***О. В. Кругляк***

***Інститут розведення і генетики тварин НААН***

Сучасне ефективне скотарство вимагає впровадження нових прогресивних методів селекційної роботи з популяціями худоби. З метою підвищення конкурентоспроможності вітчизняних молочних порід необхідно удосконалювати оцінку генетичного потенціалу продуктивності, резистентності, відтворювальної здатності, тривалості господарського використання та інших господарськи корисних ознак. У країнах із високорозвиненим