

3. Коваленко В.П., Пелих Н.Л., Панкєєв С.П. Удосконалення прийомів відбору по підвищенню продуктивних ознак свиней // Таврійський науковий вісник –Херсон: Айлант. – 2000.- Вип. 15.- С. 29-32.

УДК 636.598:575

## ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА ЗА ОВОБІЛКАМИ ГУСЕЙ $F_2$ - $F_3$ СТВОРЮВАНОЇ ДИМОРФНОЇ ПОПУЛЯЦІЇ

*Хеостик В.П. – к. с.-г. н., с. н. с.,  
Інститут птахівництва НААН*

**Постановка проблеми.** При створенні нових селекційно значимих форм сільськогосподарської птиці вітчизняної селекції актуальним і важливим постає питання виявлення реальної спрямованості генетичних процесів у ході селекційного процесу [1]. Молекулярно-генетичні маркери дозволяють виявляти породоспецифічні характеристики генетичних структур вихідних батьківських форм та нащадків ряду поколінь. Їх з успіхом можна застосовувати в селекційній роботі для пошуку та створення унікальних генотипів, проводити контроль мікроеволюційних процесів в популяціях за впливу різних методів розведення [2].

**Стан вивчення проблеми.** Широко застосовують спадково обумовлені маркерні ознаки у птахівництві при створенні нових селекційних форм. Так, у дослідженні Катеринича О. О. та ін. [3] встановлено, що гібридна птиця характеризувалася вищою частотою алелей \**A* локусу *G*(3) та \**B* локусу *G*(2), ніж батьківські форми. За рівнем гетерозиготності птиця вихідних форм не суттєво відрізнялася поміж собою (16,38% та 18,33%), а гібриди займали проміжне положення за цим показником – 16,67%.

Подстрешна І. О. із співавт. [4] виявили різницю між вихідними формами і гібридами за частотою алелів поліморфних локусів яєчного білка. Частота алелів у гібридів мала проміжне значення з наближенням до однієї з батьківських форм. За маркерними ознаками нащадки більшою мірою подібні між собою, ніж з вхідними формами.

Остапенко В. І. [5] проведено порівняльний аналіз міжпородних відмінностей курей за електрофоретичними типами білків. Між вивченими породами птиці спостерігалася генетична дивергенція, частіше за все пов'язана з різною частотою одних і тих самих алелів овопротейнових локусів. Генофонд обстежених порід курей за частотою окремих алелів відрізняється залежно від прямої продуктивності.

**Завдання і методика досліджень.** Завданням досліджень було визначити генетичну структуру за протейновими локусами яєчного білка у гусей другої-третьої генерації в процесі створення диморфної популяції. В попередній роботі представлені дані про генетичні особливості гусей вихідних батьківських форм та нащадків першого покоління [6].

Розподіл білків яєць на генетично обумовлені фракції проводили методом вертикального електрофорезу в крохмальному гелі за відомою методикою [7]. Від кожної групи гусей досліджено по 80 яєць.

**Результати досліджень.** У дослідній птиці локуси овоальбуміну *Ov*, трансферину *Tf* та овомакроглобуліну *Omg* виявилися мономорфними – усі особини мали гомозиготний фенотип AA.

Значні відмінності між дослідженими групами гусей встановлено за локусом овомукоїду *Om*, який представлений трьохалельною кодомінантною системою А, В, С. Ці відмінності, перш за все, пов'язані з характером розподілу фенотипів та ступенем співпадання фактичної і теоретично очікуваної їх кількості (табл. 1).

У нащадків  $F_2$ - $F_3$  частка гомозиготних фенотипів AA була однаковою й найменшою порівняно з іншою птицею. У гусей  $F_2$ - $F_3$  доля гетерозигот  $Om^*AB$  була практично однаковою – на рівні 35,00-37,50%. Тоді як у великих сірих гусей виявлено найменшу кількість гетерозигот  $Om^*AB$  – лише 27,50%. У рейнських їх частка сягала 48,75%, що більше на 6,25-21,25% порівняно з іншою птицею. У гібридів першого покоління частка даного гетерозиготного варіанту займала проміжне положення серед птиці порід-фундаторів.

**Таблиця 1 - Фактичний і теоретичний розподіл фенотипів у локусі овомукоїду в досліджених групах гусей**

Порода, популяція	Досліджено яєць, шт.	Розподіл, Ф\Т	Локус, фенотипи					$\chi^2$
			Om					
			AA	AB	BB	BC	AC	
Рейнська	80	Ф	25,0	39,0	16,0	0,0	0,0	0,01
		Т	24,7	39,5	15,8	0,0	0,0	
Велика сіра	80	Ф	49,0	22,0	8,0	1,0	0,0	7,69
		Т	45,0	29,3	4,8	0,2	0,7	
Нащадки $F_1$	80	Ф	35,0	34,0	8,0	2,0	1,0	1,56
		Т	34,4	34,1	8,5	1,0	2,0	
Нащадки $F_2$	80	Ф	22,0	30,0	10,0	7,0	11,0	0,28
		Т	22,6	30,2	10,1	6,4	9,6	
Нащадки $F_3$	80	Ф	22,0	28,0	14,0	3,0	13,0	5,05
		Т	22,6	31,3	10,9	5,9	8,5	

**Примітки:** 1) У таблиці наведено фактичний і теоретичний розподіл фенотипів лише поліморфного локусу яєчного білка, 2) Ф – фактично виявлена кількість фенотипів локусу, Т – теоретично розрахована кількість фенотипів локусу.

У гусей великої сірої породи та нащадків  $F_1$  частка трапляння гомозигот  $Om^*BB$  була подібною (10,00%), тоді як у рейнських – вдвічі більшою. У гусей  $F_2$ - $F_3$  доля цих гомозигот становила відповідно 12,50% та 17,50% й була більшою, ніж у гібридів  $F_1$ .

Досить рідкісний гетерозиготний варіант  $Om^*BC$  з невисокою частотою 1,25% виявлено лише у птиці вихідної материнської форми, тоді як у рейнських гусей даної вибірки він був відсутнім. У гібридів  $F_1$  доля трапляння цих гетерозигот зростає до 2,5%, у нащадків послідуєчих поколінь вона була ще більшою – у межах 3,75-8,75%.

Гетерозиготний варіант  $Om^*AC$  у гусей вихідних батьківських порід знайдено не було. У гібридних гусей  $F_1$  лише одна особина мала даний фено-

тип, частота зустрічання якого склала 1,25%. Проте, у нащадків  $F_2$ - $F_3$  доля трапляння даних гетерозигот значно підвищилася й зросла до 13,75-16,25%.

Отже, у всіх досліджених групах гусей основу популяційного генофонду складають носії переважно алеля  $Om^*A$  в гомо- чи гетерозиготному стані. При цьому гетерозиготних особин  $Om^*AB$  фактично виявлено менше, а гомозиготних  $Om^*AA$  – більше, ніж теоретично очікувалося.

В локусі, який детермінує поліморфізм овомукоїду, в ряді випадків встановлено суттєві відмінності в частоті алелів між дослідженими групами птиці (табл. 2).

**Таблиця 2 - Частота алелів протеїнових локусів білка яєць та рівень гетерозиготності у досліджених групах гусей**

Порода, популяція	n	Локус, алелі			Рівень гетерозиготності, %
		Om			
		A	B	C	
Рейнська	80	0,556 <sup>o</sup>	0,444 <sup>a</sup>	0,000 <sup>a</sup>	12,19
Велика сіра	80	0,750 <sup>a</sup>	0,244 <sup>o</sup>	0,006 <sup>a</sup>	7,19
Нащадки $F_1$	80	0,656	0,325	0,019 <sup>a</sup>	11,56
Нащадки $F_2$	80	0,531 <sup>o</sup>	0,356	0,113 <sup>o</sup>	15,00
Нащадки $F_3$	80	0,531 <sup>o</sup>	0,369	0,100 <sup>o</sup>	13,75

**Примітки:** 1) за локусом  $Om$ ,  $Tf$ ,  $Omg$  всі групи гусей мономорфні за алелем А, тому частоти алелів у таблиці не наводяться; 2) рівень гетерозиготності розраховували за чотирма дослідженими локусами ( $Om$ ,  $Tf$ ,  $Omg$ ); 3) різні літери біля цифр зверху в межах стовпця свідчать про вірогідну різницю ( $P > 0,95-0,999$ ) частоти однойменних алелів

У гусей великої сірої породи частота більш поширеного алеля  $Om^*A$  є досить високою (0,750) й сягає вірогідної відмінності порівняно з іншою дослідженою птицею ( $P > 0,99$ ), за винятком нащадків першого покоління.

У гібридів  $F_1$  частота алеля  $Om^*A$  дещо вища, ніж у нащадків  $F_2$ - $F_3$ , проте вірогідної різниці не досягає. У гусей рейнської породи та птиці  $F_2$ - $F_3$ , частота більш поширеного алеля А в локусі овомукоїду суттєво не відрізняється, що свідчить про незначну розбіжність розподілу фенотипів у них.

Частота алеля  $Om^*B$  у гусей досліджених груп перебувала у межах 0,244-0,444. Найбільшою вона була у гусей рейнської породи, що виявилось майже вдвічі вище (вірогідно при  $P > 0,99$ ), ніж у великих сірих. Між нащадками  $F_1$ - $F_3$  значних відмінностей за частотою алеля  $Om^*B$  не визначено, що свідчить про несуттєву відмінність у співвідношенні гомо- і гетерозиготних фенотипів між цією птицею.

У гусей великої сірої породи наявність серед обстеженого поголів'я однієї гетерозиготи  $Om^*BC$  дозволило встановити частоту алеля  $Om^*C$  на рівні 0,006. У нащадків  $F_1$  вже виявляються дві гетерозиготи  $BC$  та одна  $AC$  з частотою відповідно 2,5% та 1,25%, що сприяє підвищенню частоти алеля  $Om^*C$  до значення 0,019.

Дещо вищу частоту алеля  $Om^*C$  зафіксовано у потомків  $F_2$ - $F_3$ , що стало результатом зростання частки трапляння у них гетерозиготних фенотипів  $AC$  та  $BC$ .

За рівнем гетерозиготності вірогідної різниці між дослідженими групами птиці не встановлено. Проте, найменший показник гетерозиготності визначено у великих сірих гусей (7,19%), що, можливо, передусім обумовлено досить

тривалим розведенням цієї птиці „у собі”. У гусей рейнської породи, незважаючи також на тривале замкнуте розведення „у собі” при умові панміксії, рівень гетерозиготності вищий (12,19%), ніж у великих сірих.

У гібридів  $F_1$  рівень гетерозиготності займає проміжне положення (11,56%) поміж вихідними батьківськими породами. У гусей  $F_2$ - $F_3$  рівень гетерозиготності підвищується до 13,75-15,00%, що можна пояснити їх високою гетерогенністю порівняно з іншою птицею, оскільки вони створені внаслідок міжпородної гібридизації.

Величина генетичної відстані, розрахована на основі частоти алелей протеїнового локусу овомукоїду, свідчить про найменші відмінності генетичної структури гусей другого і третього покоління –  $d=0,0106$  (табл. 3).

Найбільш суттєві відмінності генетичної структури за овобілками визначено між гусьми великої сірої породи та рейнськими, нащадками  $F_2$ - $F_3$ . Це свідчить про специфічність алелофонду породної птиці, її генетичну унікальність.

**Таблиця 3 - Величина генетичної відстані між дослідженими групами гусей**

Група птиці	Рейнська порода	Нащадки $F_1$	Нащадки $F_2$	Нащадки $F_3$
Велика сіра порода	0,1609	0,0720	0,1549	0,1554
Рейнська порода	-	0,0904	0,0839	0,0736
Нащадки $F_1$		-	0,0921	0,0897
Нащадки $F_2$			-	0,0106

**Висновки та пропозиції.** Використання класичних біохімічних маркерних ознак дало змогу визначити частоту алелів високо поліморфного локусу овомукоїду, оцінити рівень гетерогенності та міжгрупової диференціації гусей вихідних батьківських форм, нащадків  $F_1$ - $F_3$  в процесі виведення диморфної популяції.

**Перспектива подальших досліджень.** Доцільно встановити зв'язок рівня гетерозиготності вивчених груп гусей з проявом продуктивних ознак у них.

#### СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Подстрешний О. П. Генетична структура птиці в ході гібридизації / О. П. Подстрешний // Птахівництво: Міжвід. темат. наук. зб. (Мат. IV Укр. конф. по птахівництву з міжнарод. участю) / ІП УААН. – Харків, 2005. – Вип. 57. – С. 107 – 113.
2. Маринчук Г. Е. Поліморфные системы лактопротеинов крупного рогатого скота как генные маркеры / Г.Е. Маринчук. – Днепропетровск, 2007. – 260 с.
3. Катеринич О.О. Оцінка генетичної структури курей за поліморфними локусами білків яєць при гібридизації / О.О. Катеринич, Т.Е. Ткачик, С.В. Руда // Птахівництво: Міжвід. темат. наук. зб. / ІП НААН. – Харків, 2010. – Вип. 65. – С. 52 – 57.
4. Відтворення двох різновидів курей під генетичним контролем / І.О. Подстрешна, О.П. Подстрешний, О.О. Катеринич [та ін.] // Птахівництво: Міжвід. темат. наук. зб. / ІП НААН. – Харків, 2010. – Вип. 66. – С. 244 – 252.

5. Остапенко В.І. Генетична структура порід і кросів птиці за поліморфними системами білків яєць / В.І. Остапенко // Вісник аграрної науки Причорномор'я. – 2011. – Вип. 1(58). – С. 198 – 202.
6. Хвостик В. П. Генетична структура гусей вихідних батьківських порід та створеного на їх основі гібриду / В.П. Хвостик // Матеріали міжнародної науково-практичної конференції "Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи" (16-18 березня 2011 р.) / ПДАТУ. – Кам'янець-Подільський, 2011. – С.215-217.
7. Генетична ідентифікація і паспортизація порід та ліній птиці: [методичні рекомендації] / О. П. Подстрешний, О.В. Терещенко, Т. Е. Ткачик [та ін.]; Інститут птахівництва УААН. – Бірки, 2009. –76 с.

УДК 636.4.082

## ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ QTL У СВИНЕЙ НОВИХ ЗАВОДСЬКИХ ОДИНИЦЬ У ПОРОДАХ ЛАНДРАС ТА УЕЛЬС

*Церенюк О.М. - к. с.-г. н., доцент,  
Інститут тваринництва НААН, м. Харків*

**Постановка проблеми.** Як зазначають В.П. Коваленко та І.Ю. Горбатенко, магістральним шляхом дальшого розвитку тваринництва є використання інтенсивних факторів, до яких у першу чергу відносять досягнення сучасної генетики, селекції, біотехнології [1]. Методичні підходи вдосконалення на генному рівні є відпрацьованими, однак широкого використання в Україні ще не набули. Основою ж генної селекції є використання генів QTL. Перелік генів QTL поступово розширюється, однак кожен із них має різний ступінь впливу на прояв конкретної ознаки, адже переважна більшість продуктивних ознак у свиней є полігенними.

**Стан вивчення проблеми.** До основних генів QTL (quantitative trait loci – локуси кількісних ознак), за якими в Україні проводять оцінку свиней, належать: ген ріанодинового рецептора RYR1, пролактинового рецептора PRLR, естрогенового рецептора ESR1 та меланокортин-рецептора MC4R. Ген ріанодинового рецептора відповідає за чутливість свиней до стресу, який у крайньому його прояві може викликати зловисний гіпертермічний синдром. У гетерозиготному стані рецесивний алель не проявляється, однак при цьому тварина є його носієм [2-6]. Гени пролактинового та естрогенового рецепторів належать до основних генів QTL, що відповідають за рівень відтворювальних якостей свиноматок [7-9]. Меланокортин-рецептор асоційований з регулюванням травлення та засвоєнням поживних речовин і в подальшому контролем енергетичного балансу та підвищенням приростів живої маси за рахунок підвищеного апетиту [10-16].

Тварини нових ліній та родин зумовлюють значний вплив на окремі стада за рахунок підвищеного продуктивного рівня. В подальшому генетичний матеріал нових заводських одиниць розмножується в племінних репродукторах