

**Республиканское унитарное предприятие
«Научно-практический центр Национальной
академии наук Беларуси по животноводству»**

ИННОВАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В ЖИВОТНОВОДСТВЕ

**Тезисы докладов
Международной научно-практической
конференции**

(7-8 октября 2010 г.)

Часть 1

Жодино
РУП «Научно-практический центр Национальной
академии наук Беларуси по животноводству»
2010

УДК 636:001.895(063)

В сборнике представлены тезисы планируемых на конференции докладов о результатах исследований ученых Беларуси, России, Украины в области селекции, разведения, воспроизводства и кормления сельскохозяйственных животных. Он предназначен для научных работников, преподавателей и студентов зоотехнических учреждений образования, руководителей и специалистов сельскохозяйственных организаций.

Редакционная коллегия:

И.П. Шейко – главный редактор, Н.В. Пилюк – зам. главного редактора, М.В. Джумкова – ответственный секретарь, М.В. Барановский, В.М. Голушко, А.С. Курак, И.С. Петрушко, С.А. Петрушко, В.Ф. Радчиков, А.Ф. Трофимов, Л.А. Федоренкова – члены редколлегии.

ального и индивидуально-группового подборов. При этом применен в основном внутрilineйный подбор и обоснованный кросс линий. При закреплении быков-производителей соблюдается условие сочетания лучшего с лучшим, либо корректирующий подбор с целью аккумуляции желательных и устранения нежелательных признаков.

УДК 636.47:636.082

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ СВИНЕЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МУЛЬТИЛОКУСНЫХ ГЕНОТИПОВ МИКРОСАТЕЛЛИТОВ ДНК

С.С. КРАМАРЕНКО, С.И. ЛУГОВОЙ

Николаевский государственный аграрный университет

На сегодняшний момент для оценки генетической изменчивости в популяциях диких или домашних животных используется два главных показателя. Во-первых, это – аллельное богатство (A), которое также называется как аллельное разнообразие, или среднее число аллелей на локус. А, во-вторых, это – фактическая (т. е. наблюдаемая) гетерозиготность (H_{obs}), т. е. фактическая доля гетерозигот, подсчитанная для данной выборки особей. Однако при оценке этих двух популяционных параметров мы сталкиваемся с одной очень важной проблемой. Дело в том, что полученные оценки аллельного богатства или фактической гетерозиготности являются выборочными и их величина зависит от объема проанализированной выборки животных.

С другой стороны, оба из этих показателей оцениваются для каждого из включенных в анализ локуса, а затем рассчитывается средний показателей – среднее число аллелей на локус или средняя гетерозиготность на локус. При этом упускается из вида, что каждое животное, прежде всего, имеет мультилокусный генотип, и именно сочетаемость различных аллелей разных локусов в итоге формирует фенотипическое проявление этого мультилокусного генотипа (в том числе, показатели продуктивности для сельскохозяйственных животных).

Более оправданным, на наш взгляд, является анализ генетической изменчивости животных на основе их мультилокусных генотипов. Пример такого анализа для свиней крупной белой породы мы предлагаем в настоящей работе.

Объектом исследований была ДНК свиней вышеназванных групп, которые принадлежат племенному заводу «Степной» Запорожской области. Животные были разделены на четыре группы в зависимости от их происхождения (I группа содержала чистокровных животных се-

лекции компании «PIC», IV группа – чистокровных животных селекции компании «UPB», II и III группы состояла из их помесей). В целом, в опыт было включено 201 животное.

Для каждой особи был оценен ее генотип по пяти микросателлитным локусам: S0005, S0155; S0090, S0101 и SW857. Все лабораторные исследование микросателлитов ДНК были проведены на основании методики, описанной в работе В.С. Топихи и др. (2008).

После этого для каждого животного был составлен его мультилокусный генотип. Далее были подсчитаны частоты, с которыми встречаются различные варианты мультилокусных генотипов для животных в каждой из групп. Эти значения и явились основой для дальнейшего анализа.

На основе распределения мультилокусных генотипов была проведена оценка фактического и потенциального генетического разнообразия свиней. Для этого использовалось два различных подхода.

Первый подход. Была построена кривая, отражающая увеличение генетического разнообразия (т. е. числа выявленных мультилокусных генотипов) в зависимости от количества включенных в анализ особей. При этом использовался метод «разрежения» (rarefaction), при котором случайным образом формировались многочисленные псевдовыборки различного объема, куда включались особи из эмпирических данных. В последующем, используя регрессионные модели – метод М. Кона (Kohn et al., 1999) и метод Форда-Волфорда, была произведена оценка асимптоты данной кривой. Эта величина и была принята за оценку фактического генетического разнообразия в популяции.

Второй подход. Использовались непараметрические методы оценки разнообразия, основанные на моделях А. Чао (Chao, Shen, 2006), ранее хорошо зарекомендовавшие себя в синэкологических исследованиях видового разнообразия биоценозов.

Кроме того, была оценена сопряженность встречаемости различных мультилокусных генотипов в различных группах свиней на основе критерия Хи-квадрат Пирсона с поправкой Йетса.

Все расчеты были проведены с использованием программ PAST v.1.82, SPADE v. 3.1 и STATISTICA v.5.5.

Всего в анализе было выявлено наличие 131 мультилокусных генотипов. Уровень генетического разнообразия, оцененный на основании доли выявленных мультилокусных генотипов, достоверно различался среди свиней различного происхождения ($\chi^2 = 15,48$; $df = 3$; $p < 0,001$).

Доля выявленных мультилокусных генотипов была максимальной среди животных II группы (гибриды, полученные в результате сочетания чистокровных свиноматок селекции компании «PIC» с чистокровными хряками селекции компании «UPB») и составляла 63,4% от общего числа выявленных генотипов для всей популяции в целом. А

наименьшее число вариантов было обнаружено в IV группе – среди чистокровных животных селекции компании «УРВ» (12,2 % от общего числа выявленных генотипов). Это свидетельствует об очень высоком уровне генетической консолидированности, на которую направлена работа компании «УРВ».

С другой стороны, отсутствовала достоверная разница в отношении доли уникальных генотипов, выявленных для животных отдельных групп ($\chi^2 = 5,14$; $df = 3$; $p = 0,162$).

В целом, между количеством проанализированных животных и число выявленных вариантов мультилокусных генотипов имеется высокая достоверная корреляция ($r = 0,998$; $n = 4$; $p = 0,002$). Это еще раз подтверждает необходимость оценки реального генетического разнообразия для того, чтобы можно было сравнивать эти оценки в выборках животных различного объема.

В целом, у свиней различных групп отмечается некоторый разброс в оценках фактического генетического разнообразия, полученных с использованием различных подходов. Данный показатель варьирует в среднем от 65,5 вариантов мультилокусных генотипов (для свиней IV группы) до 231,0 варианта (для свиней I группы), т. е. фактическое разнообразие данной популяции превышает свою выборочную оценку почти в 1,8 раза.

Также нами установлено, что среди свиней различных групп практически отсутствуют общие генотипы. Например, среди животных I и II групп выявлено только 10 общих мультилокусных генотипов из 104 вариантов, зарегистрированных в одной или другой группах (т. е. 9,6%). Среди животных групп I и III – только три общих генотипа (т. е. 5,9 % от зарегистрированных суммарно в обеих из них). Это свидетельствует о том, что генные варианты, присутствующие у свиней, полученных при селекции компаниями «РІС» и «УРВ», разрушаются и практически отсутствуют у их гибридов.

Выводы. Свиньи крупной белой породы, импортированные фирмой «УРВ», характеризуются очень низким уровнем генетического разнообразия, что, очевидно, свидетельствует об очень высокой степени их отселекционированности. Однако свойственные им генотипы практически полностью разрушаются уже у гибридов первого поколения, полученных в результате сочетания с животными селекции других фирм (в частности, фирмы «РІС»). Это дает основание предположить, что эффективная племенная работа с животными селекции компании «УРВ» возможна только путем их разведения «в себе», то есть основываясь на постоянном использовании нового генетического материала зарубежного происхождения.

Климов Н.Н., Танана Л.А. Результаты определения генетических факторов на продуктивное долголетие дойных коров	47
Коваленко Б.П., Черный Н.В., Шевченко О.Б. Значение массы органов выделения в формировании туши свиней	50
Коваленко Г.С., Бирюкова О.Д. Состояние генофонда молочных пород Украины	52
Козельский В.Л., Карташова А.Н., Савченко С.В., Лапина Е.У. Оценка племенных качеств белорусских упряжных лошадей в племенных фермах Витебской области	55
Козырь В.С., Зельдин В.Ф., Халак В.И., Шавкун Ю.Н. Система оценки мясной продуктивности и качества туши у свиней	57
Козырь В.С., Мовчан Т.В. Формирование воспроизводительной способности у коров украинской красной молочной породы	60
Колокольникова Т.Н. Возможность повышения выводимости яиц	62
Коронец И.Н., Климец Н.В., Дашкевич М.А., Сидунова М.Н., Воробьёва Т.А., Полянская М.В. Отбор и подбор быков-производителей к маточному поголовью белорусской чёрно-пёстрой породы базовых хозяйств	64
Крамаренко С.С., Луговой С.И. Оценка генетического разнообразия свиней с использованием мультилокусных генотипов микросателлитов ДНК	67
Кузбный С.В. Зависимость двигательных характеристик сперматозоидов быков-производителей от морфологического статуса	70
Кузив М.И. Украинская красно-пёстрая молочная порода разных генотипов в условиях Прикарпатья	72
Кузьмина Т.И. Созревание ооцитов <i>in vitro</i> – базовый метод инновационных клеточных репродуктивных технологий	74
Лебедько Е.Я. Оптимизация численности и размещения основных заводских линий в племенных стадах Брянской области	77
Луппова И.М., Федотов Д.Н., Урядник А.И. Морфометрические параметры органов гомеостатического обеспечения у эмбрионов кур разных пород	81
Любинский А.И. Особенности генетического улучшения Прикарпатского внутривидового типа украинской красно-пестрой молочной породы	82
Метлицкая Е.И., Таран С.И. ДНК-типирование пчел разных генотипов	84
Милько О.С., Сорокина И.И. Выведение новых линий как магистральный путь развития русской тяжеловозной породы	87
Никитина И.А., Косьяненко С.В., Линник Л.М. Отбор утят в селекционную группу	89
Новак И.В., Федорович В.В., Федорович Е.И. Динамика живой массы тёлочек украинской чёрно-пёстрой молочной породы	90