

вигулі в умовах Східного регіону України. Було встановлено відмінність волосяного покриву досліджуваних порід від інших м'ясних порід худоби за високим вмістом пуху. Сезонний диморфізм виражений яскраво, але ні статевих, ні міжтипових конституціональних відмінностей не встановлено.

Ключові слова: абердин-ангуська порода, волосся, волосяний покрив, сезонний диморфізм, статевий диморфізм.

Kolesnik A.I., Prudnikov V.G., Katsy G.D. HAIR COVERING PECULIARITIES OF ABERDEEN ANGUS STOCK AT WHOLE YEAR OUTDOOR RUN

Investigation results of hair covering in bulls and heifers of Aberdeen Angus and producing Ukrainian Angus meat breed at whole year keeping in outdoor run in the Eastern part of Ukraine have been presented in article. Hair covering differences in high fluff content of investigated breeds from another stock meat breeds have been established. Well-defined seasonal dimorphism, but neither sexual, nor intertypes constitutional differences have been established.

Keywords: Aberdeen Angus breed, hair, hair covering, seasonal dimorphism, sexual dimorphism.

Дата надходження до редакції: 19.05.2014 р.

Рецензент: д.с.-г.н., професор Ю. Д. Рубан

УДК 636.2.082:575.113.1

ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦІЙ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ ТА УКРАЇНСЬКОЇ ЧЕРВОНО-РЯБОЇ МОЛОЧНИХ ПОРІД ЗА ПОЛІМОРФІЗМОМ QTL ТА STR МАРКЕРІВ

К.В. Копилов, А.В. Шельов, К.В. Копилова, О.В. Березовський

Інститут розведення і генетики тварин НААН України

Резюме. Проведені дослідження генетичної структури двох порід великої рогатої худоби за п'ятьма структурними генами та 10 мікросателітними локусами. Отримані результати вказують на те, що розподіл алельних варіантів генів визначається особливостями формування генофонду кожної породи відповідно до напрямку продуктивності та історії створення.

Ключові слова: локуси кількісних ознак, мікросателітні локуси, молекулярно-генетичні маркери, днк, qtl, str.

Актуальність. Прогрес у дослідженні геному сільськогосподарських видів тварин, застосування сучасних методів молекулярно-генетичного аналізу безпосередньо на рівні ДНК, в порівнянні з класичними методами тестування тварин за групами крові, дає можливість в більш короткий термін і на рівні носія спадкової інформації отримувати інформацію щодо особливостей генетичної структури.

Використання в селекційній роботі методів аналізу на рівні генів (локусів) асоційованих із господарсько корисними ознаками (QTL) або зчеплених з ними генів має низку переваг в порівнянні з традиційними методами селекції. Оскільки базується безпосередньо на аналізі генотипу і дає можливість проводити тестування незалежно від віку та статі тварин [1 - 6]. Оцінка тварин за зчепленими з QTL молекулярно-генетичними маркерами є особливо важливою для таких ознак, які фенотипово проявляються відносно пізно, а також для тих ознак, на прояв яких значний вплив мають фактори зовнішнього середовища [7, 8].

Пошук і виявлення молекулярно-генетичних маркерів генів, асоційованих з господарсько корисними ознаками, та їх картування на хромосомах у сільськогосподарських видів тварин забезпечує визначення генетичного потенціалу тварини, незалежно від віку, статі, фізіологічного стану і дозволяє проводити селекційну роботу на рівні

генів [9 –11].

До основних генів, які впливають на формування молочної продуктивності у великої рогатої худоби відносять гени: капа-казеїн (*k-Cn*), бета-лактоглобулін (β -LG), гормон росту (*GH*), лептин (*Lep*) гіпофізарно-специфічний фактор транскрипції (*PIT-1*).

Ідентифікація генів, які визначають той або інший розвиток формування кількісних ознак, у європейських країнах та США дає можливість отримання прибутків за рахунок скорочення генераційного інтервалу, раннього введення ремонтного поголів'я в процес відтворення та застосування селекції за допомогою маркерів (MAS), тобто, проводити підбір батьківських пар і добір певних генотипів та отримувати нащадків з відповідним генетичним потенціалом щодо основних показників продуктивності [12–14].

Останнім часом, в дослідженнях мінливості геному сільськогосподарських тварин значну зацікавленість викликають високополіморфні ділянки ДНК, що представлені нуклеотидними тандемними повторами (з короною одиницею повтору 2-4 нуклеотиди). Мікросателітні (STR) послідовності, дисперговані по геному еукаріот у складі гетерохроматину. Функція мікросателітів, до теперішнього часу, залишається невстановленою. Проте, відомо, що прості нуклеотидні повтори не несуть інформації щодо структури білків, але беруть

участь у компактизації хромосом і є «гарячими точками» кросинговеру та мутаційних подій. Це і визначає високий рівень їхнього поліморфізму.

Існує декілька молекулярно-генетичних методів дослідження мікросателітів, які, здебільшого, ґрунтуються на їхньому мультикопійному синтезі в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР). Генотипування тварин за мікросателітними локусами використовується для аналізу генотипу та контролю достовірності походження [15]. При цьому обов'язковим є знання первинної послідовності обраного мікросателіта для підбору специфічних праймерів і використання сучасного обладнання, що дозволяє визначити розмір ампліфікованих фрагментів з точністю 99,9 %.

Методика досліджень. З метою дослідження особливостей генетичної структури нами був проведений аналіз двох основних порід великої рогатої худоби молочного напрямку продуктивності, а саме української чорно-рябої молочної ($n = 125$ гол.) та української червоно-рябої молочної ($n = 145$ гол.) за поліморфізмом QTL та STR маркерів.

Оцінку поліморфізму локусів *k-Cn*, β -*LG*, *GH*, *Lep*, *Pit-1* проводили методом ПЛР -ПДРФ. Виділення ДНК проводили з використанням стандартного комерційного набору «ДНК -сорб В» виробництва «Амплісенс» згідно з рекомендаціями виробника. Концентрацію ДНК перевіряли шляхом електрофорезу в 2 % агарозному гелі. Для проведення полімеразної ланцюгової реакції в роботі використовували реакційну суміш об'ємом 10 мкл: $H_2O - 4,3$ мкл, буфер-ПЛР 5-х (15 мМ Mg-1,0 мол) – 2,0 мкл; dNTP суміш 10-х (2мМ кожного) – 0,8 мкл; два праймери (70 нг кожного) – 0,8 мкл; Taq-полімерази (1мол/1000 U) – 0,1 мкл; ДНК 50–100 нг – 2,0 мкл.

Для ампліфікації фрагмента локусу *k-Cn* використовували праймери:

5' GAA ATC CCT ACC ATC AAT ACC-3'
5'-CCA TCT ACC TAG TTT AGA TG-3';
 β LG: 5'-TGT GCT GGA CA CCG ACT ACA AAA AG-3'

5' - GCT CCC GG TAT ATG ACC ACC CTC T-3'
GH: 5' - GCT GCT CCT GAG GGC CCT TC - 3'
5' - GCG GCG GCA CTT CAT GAC CC - 3';
PIT-1: 5'-CAA TGA GAA AGT TGG TGC-3'
5'-TCT GCA TTC GAG ATG CTC- 3';
LEP: 5'- GTC ACC AGG ATC AAT GAC AT-3'
5'-AGC CCA GGA ATG AAG TCC AA-3'.

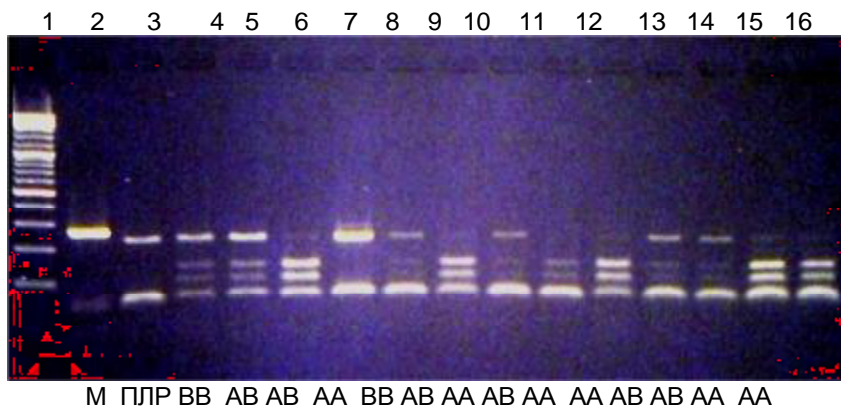
Для аналізу поліморфізму структурних генів використовували рестриктази, підібрані до кожного локусу: *k-Cn* – Hinf 1, β -*LG* – Hae III, *GH* – AluI, *LEP* – Sau 3a, *PIT-1* – HinfI. Продукти ампліфікації і рестрикції розділяли методом електрофорезу у Візуалізацію здійснювали на транслюмінаторі в УФ світлі з наступним фотографуванням електрофореграм цифровою камерою. Диференціацію ампліконів за розмірами проводили за допомогою маркера молекулярних мас GeneRuler TM 100 bp

DNA Ladder (“Fermentas”, Литва).

Дослідження генетичної структури за мікросателітними маркерами рекомендованими ISAG для подібних досліджень (BM1824, BM2113, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, ETH10, ETH225, ETH 3) проводили на генетичному аналізаторі ABI Prism 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США).

Статистичну обробку отриманих результатів проводили за використання методів математичної статистики (χ^2 , критерій Стюдента, Фішера), а також за допомогою стандартних комп'ютерних програм “GenAlex6”, “Statistica”, GELSTAT, TREES, «Gene Mapper 3.7.

Результати досліджень. З метою вивчення особливостей формування генотипів досліджуваних порід проведено порівняльний аналіз за відповідними генами. За локусом *капа-казеїну k-CN* (рис. 1) частота генотипу AA складала 0,664, 0,778, відповідно для тварин української чорно-рябої молочної та української червоно-рябої молочної порід. Гетерозиготні тварини с генотипом АВ за частотою розподілялися таким чином: українська чорно-ряба молочна порода – 0,312, українська червоно-ряба молочна – 0,222. У популяції української червоно-рябої молочної породи гомозиготні тварини з генотипом ВВ не були виявлені, в українській чорно-рябій молочній породі гомозиготні тварини зустрічалися з частотою 0,024. Частота алелю А у української чорно-рябої молочної становила 0,820, а у української червоно-рябої молочної породи 0,888. Частота В-алельного варіанту була дуже низькою у тварин української чорно-рябої молочної породи 0,180 та 0,112 у української червоно-рябої молочної породи. Подібність за генетичною структурою і низька концентрація В-алельного варіанту пояснюється тим, що у створенні вітчизняних порід використовували бугаїв голштинської породи, популяції яких несуть не більше 20 % цього алеля. При аналізі частоти алеля В у корів і бугаїв спостерігається менша частота цього алеля у бугаїв 20,7 % порівняно з коровами української чорно-рябої молочної породи 33,6 %, української червоно-рябої молочної породи 22,2 %, що пов'язано з більш жорстким відбором бугаїв, і вірогідно, що різні фактори штучного добору спрямовані проти В алеля цього гена. За локусом β -*LG* у досліджених порід було виявлено переважну кількість тварин з генотипом АВ. Так, частота цього генотипу у тварин української чорно-рябої молочної і української червоно-рябої молочної порід була майже однаковою – 0,576 та 0,578 відповідно. Частота гомозиготних тварин з генотипом ВВ була однаковою у представників української чорно-рябої молочної і української червоно-рябої молочної порід і складала 0,344. Генотип АА в популяціях української чорно-рябої молочної і української червоно-рябої молочної порід був дуже низьким 0,08 і 0,078 відповідно.



273 п.н.

Рис. 1. Електрофореграма розділення продуктів рестрикції локусу капа-казеїну (рестриктаза Hinf 1) у великої рогатої худоби. Доріжки: 1 – маркер молекулярних мас DNA Ladder, GeneRuler™ 100 bp; 2 – ПЛР продукт без рестрикції (273 п.н.); 6, 11, 12, 15, 16 – гомозиготні тварини з генотипом AA (133, 91, 49 п.н.); 4, 5, 8, 10, 13, 14 – гетерозиготні тварини з генотипом AB (224, 133, 91, 49 п.н.); 3, 7, – гомозиготна тварина з генотипом BB (224, 49 п.н.).

Загалом частота алельного варіанта В за цим геном становила у тварин української чорно-рябої молочної 0,632, української червоно-рябої молочної – 0,633. З отриманих результатів так само, як і за геном капа-казеїну, ми спостерігаємо за розподілом частот алелей і генотипів за геном бета-лактоглобуліну подібність генетичної структури популяції тварин української чорно-рябої молочної, української червоно-рябої молочної порід.

В результаті проведення міжпородного аналізу за локусом гормону росту *GH* у популяції тварин української червоно-рябої молочної не були виявлені тварини гомозиготні за алельним варіантом V, в популяції тварин української чорно-рябої молочної породи їхня частка була незначною – 0,056. Частота гетерозиготних тварин із генотипом LV була такою: у тварин української чорно-рябої молочної – 0,328, української червоно-рябої молочної – 0,167.

Частота алеля L, асоційованого з надоем і вмістом жиру в молоці у досліджуваних порід, була однаково високою і становила 0,917 та 0,896, відповідно, що і за цим геном вказує на подібність генетичних структур досліджених порід тварин великої рогатої худоби.

За локусом лептину *Lep* для тварин української чорно-рябої молочної породи виявилася характерною така частота розподілу генотипів: AA – 0,616, AB – 0,344, BB – 0,04, а частота алеля A у тварин української чорно-рябої молочної породи становила 0,788.

Частота генотипу AA за локусом PIT-1 у тварин української чорно-рябої молочної та української червоно-рябої молочної порід становила 0,192 та 0,155 відповідно. Частота гетерозиготних тварин AB у популяціях української чорно-рябої молочної 0,489, української червоно-рябої молочної – 0,567. Частота гомозиготних тварин за B

алелем розподілялася наступним чином: української чорно-рябої молочної породи – 0,320, української червоно-рябої молочної – 0,278, що пов'язано, як з напрямком продуктивності, так і історією створення вітчизняних порід.

При дослідженні генетичної структури популяції української чорно-рябої молочної та української червоно-рябої молочної порід за мікросателітними локусами ДНК було встановлено, що кількість виявлених алельних варіантів для української чорно-рябої молочної породи (табл. 1) коливалась від 3-х – для маркера SPS 115 до 7-и – для TGLA 122, INRA 023 та TGLA 227, і становила в середньому 5,4 алелі на локус. При цьому середня кількість ефективних алелів становила 3,8994 і коливалась в межах від 2,085 (SPS 115) до 5,4 (TGLA 122 та INRA 023). Середнє значення індексу Шеннона дорівнювало 1,4666, від 0,892 (TGLA 126) до 1,810 (TGLA 122 та INRA 023) що вказує на середній рівень різноманітності дослідженої популяції тварин. Рівень фактичної гетерозиготності (H_o) в середньому становив 0,6713 і знаходився в межах від 0,286 (BM 1824) до 1,000 (ETH 3), при цьому, очікувана гетерозиготність (H_e) в середньому становила 0,759 – від 0,520 (SPS 115) до 0,816 (TGLA 122 та INRA 023). Нижчий рівень фактичної гетерозиготності ніж очікуваної в середньому по вибірці є свідченням того, що популяція виявляє тенденцію до консолідації. Значення індексу фіксації (0,0626) – вказують на те, що досліджена популяція знаходиться в стані близькому до стану рівноваги. Індекс поліморфізму досліджених маркерів (PIC) в середньому становив 0,6826 і коливався від 0,464 (SPS 115) до 0,792 (TGLA 122 та INRA 023), тоді як вірогідність виключення випадкового збігу алелей (PE) в середньому становила 0,3936 і коливалась в межах від 0,058 (BM 1824) до 0,709 (INRA 23, ETH 225 та TGLA 227).

**Кількість та частота ідентифікованих алелів у тварин
української чорно-рябої молочної породи**

Локус	Кількість алелів	Розмір п.н. / (частота) алелів						
TGLA126	4	116 (0,500)	118 (0,286)	120 (0,143)	124 (0,071)			
TGLA122	7	144 (0,214)	146 (0,286)	152 (0,071)	154 (0,143)	156 (0,071)	158 (0,143)	162 (0,071)
INRA023	7	214 (0,143)	216 (0,286)	218 (0,143)	220 (0,071)	222 (0,214)	224 (0,071)	232 (0,071)
ETH3	6	118 (0,357)	122 (0,071)	124 (0,071)	126 (0,143)	128 (0,286)	130 (0,071)	
ETH225	5	142 (0,143)	146 (0,071)	150 (0,286)	152 (0,429)	154 (0,071)		
BM1824	5	180 (0,071)	182 (0,286)	184 (0,429)	186 (0,071)	192 (0,143)		
TGLA227	7	80 (0,071)	82 (0,071)	84 (0,143)	90 (0,071)	92 (0,071)	94 (0,214)	98 (0,357)
BM2113	5	124 (0,357)	126 (0,071)	132 (0,143)	136 (0,214)	138 (0,214)		
ETH10	5	218 (0,143)	220 (0,429)	222 (0,214)	226 (0,071)	228 (0,143)		
SPS115	3	246 (0,643)	250 (0,214)	258 (0,143)				

Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів (CPE) становила 0,9972 або 99,72 %, що є свідченням високого рівня достовірності одержаних даних (табл. 2).

Таблиця 2

**Індекси гетерозиготності, поліморфізму та вірогідність виключення
випадкового збігу алелів для досліджених локусів
української чорно-рябої молочної породи великої рогатої худоби**

Локус	Na	Ne	I	Ho	He	F	PIC	PE
TGLA126	4	2,800	1,171	0,429	0,643	0,333	0,585	0,132
TGLA122	7	5,444	1,810	0,571	0,816	0,300	0,792	0,258
INRA23	7	5,444	1,810	0,857	0,816	-0,050	0,792	0,709
ETH3	6	4,083	1,569	1,000	0,755	-0,324	0,719	-
ETH225	5	3,379	1,376	0,857	0,704	-0,217	0,657	0,709
BM1824	5	3,379	1,376	0,286	0,704	0,594	0,657	0,058
TGLA227	7	4,667	1,730	0,857	0,786	-0,091	0,759	0,709
BM2113	5	4,083	1,494	0,571	0,755	0,243	0,716	0,258
ETH10	5	3,630	1,438	0,571	0,724	0,211	0,685	0,258
SPS115	3	2,085	0,892	0,714	0,520	-0,373	0,464	0,451
Середнє	5,4	3,8994	1,4666	0,6713	0,7223	0,0626	0,6826	0,3936
CPE								0,9972

В результаті молекулярно-генетичного дослідження структури популяції української червоно-рябої молочної породи нами було встановлений наступний розподіл частот алелів і їхній розмір (табл. 3).

Кількість виявлених алельних варіантів для цієї породи коливалась від 6-ти – для маркеру ETH3 до 11-и – для INRA 023, і становила в середньому 8,6 алелі на локус. При цьому середня кількість ефективних алелів становила 6,2198 і коливалась в межах від 5,556 (SPS 115) до 9,574 (INRA 023).

Середні значення індексу Шеннона – 1,9317, від 1,550 (ETH3) до 2,315 (INRA23) вказують на середній рівень різноманітності дослідженої популяції тварин. Рівень фактичної гетерозиготності (Ho) в середньому становить 0,7001 і знаходився в межах від 0,533 (SPS 115) до 0,867 (ETH3 та ETH10), при цьому, очікувана гетерозиготність (He) в середньому становила 0,8302 – від 0,756 (ETH3) до 0,896 (INRA23). Нижчий рівень фактичної гетерозиготності ніж очікуваної в середньому по вибірці є свідченням того, що ця популяція виявляє тенденцію до консолідації. Значення індексу фіксації (0,1535) свідчить про те, що в цій популяції має місце

надлишок гомозиготних тварин. За популяційно-генетичною характеристикою досліджена популяція є незбалансованою, адже за переважною більшістю досліджених мікросателітних локусів спостерігається дефіцит гетерозигот, при цьому за локусом ETH3 спостерігається дефіцит гомозигот і лише локуси ETH10 та SPS115 знаходяться у стані близькому до стану рівноваги. Індекс поліморфізму досліджених маркерів (PIC) в середньому становив 0,8085 і коливався від 0,717 (ETH3) до 0,886 (INRA23), тоді як вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE) в середньому по популяції становила 0,4474 і коливалась в межах від 0,218 (SPS115) до 0,728 (ETH3 та ETH10). Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів (CPE) становила 0,9986 або 99,86 %, що є свідченням високого рівня достовірності одержаних даних (табл. 4). Одержані дані свідчать про високу подібність генетичної структури досліджених порд великої рогатої худоби, причому популяція української червоно-рябої породи характеризується дещо вищим рівнем генетичного поліморфізму за мікросателітними ДНК-локусами про що свідчать наведені значення показників генетичної мінливості.

**Кількість та частота ідентифікованих алелів у тварин
української червоно-рябої молочної худоби**

Локус	К-ть алелів	Розмір п.н. / (частота) алелів						
TGLA126	7	116 (0,333)	118 (0,233)	120 (0,200)	122 (0,033)	124 (0,067)	126 (0,067)	128 (0,067)
TGLA122	10	144 (0,033)	146 (0,233)	148 (0,100)	150 (0,133)	154 (0,267)	156 (0,033)	158 (0,067)
		166 (0,033)	168 (0,067)	188 (0,033)				
INRA023	11	208 (0,033)	210 (0,133)	212 (0,033)	214 (0,100)	216 (0,100)	218 (0,100)	220 (0,133)
		222 (0,100)	224 (0,133)	226 (0,067)	228 (0,067)			
ETH3	6	118 (0,300)	120 (0,167)	122 (0,033)	126 (0,067)	128 (0,333)	130 (0,100)	
ETH225	8	142 (0,133)	144 (0,067)	146 (0,033)	148 (0,200)	150 (0,167)	152 (0,200)	154 (0,167)
		156 (0,033)						
BM1824	10	178 (0,067)	180 (0,067)	182 (0,267)	184 (0,133)	186 (0,167)	188 (0,067)	190 (0,067)
		192 (0,033)	194 (0,100)	196 (0,033)				
TGLA227	8	84 (0,033)	86 (0,067)	92 (0,233)	94 (0,267)	96 (0,133)	100 (0,100)	102 (0,133)
		104 (0,033)						
BM2113	10	124 (0,033)	126 (0,133)	128 (0,167)	130 (0,100)	132 (0,033)	134 (0,067)	136 (0,033)
		138 (0,133)	140 (0,167)	142 (0,133)				
ETH10	8	218 (0,033)	220 (0,133)	222 (0,067)	224 (0,233)	226 (0,233)	228 (0,167)	230 (0,100)
		232 (0,033)						
SPS115	8	248 (0,200)	250 (0,167)	252 (0,267)	256 (0,167)	258 (0,033)	260 (0,033)	262 (0,100)
		264 (0,033)						

Таблиця 4

Індекси гетерозиготності, поліморфізму та вірогідність виключення випадкового збігу алелів для досліджених локусів української червоно-рябої молочної породи великої рогатої худоби

Локус	Na	Ne	I	Ho	He	F	PIC	PE
TGLA126	7	4,545	1,683	0,600	0,780	0,231	0,749	0,291
TGLA122	10	6,000	2,006	0,667	0,833	0,200	0,814	0,379
INRA23	11	9,574	2,315	0,600	0,896	0,330	0,886	0,291
ETH3	6	4,091	1,550	0,867	0,756	-0,147	0,717	0,728
ETH225	8	6,250	1,917	0,667	0,840	0,206	0,819	0,379
BM1824	10	6,818	2,099	0,667	0,853	0,219	0,838	0,379
TGLA227	8	5,625	1,867	0,733	0,822	0,108	0,799	0,482
BM2113	10	7,895	2,154	0,800	0,873	0,084	0,860	0,599
ETH10	8	5,844	1,884	0,867	0,829	-0,046	0,807	0,728
SPS115	8	5,556	1,842	0,533	0,820	0,350	0,796	0,218
Середнє	8,6	6,2198	1,9317	0,7001	0,8302	0,1535	0,8085	0,4474
CPE								0,9986

Висновки. Отримані результати щодо поліморфізму локусів кількісних ознак (QTL) та мікросателітних локусів ДНК (STR) вказують на те, що за розподілом алельних варіантів генів та генотипів досліджені породи вітчизняної селекції

подібні за генетичною структурою, що безумовно пояснюється тим, що українська чорно-ряба молочна та червоно-ряба молочна породи створювались шляхом складного відтворювального схрещування з голштинською породою. Розпо-

діл алельних частот генотипів, їхнього успадкування визначається особливостями селекційної роботи, яка проводиться з кожною породою окремо, відповідно до її належності до визначеного напрямку продуктивності і не пов'язаний з використанням близькородинних схрещувань при розведенні тварин та їхньої приналежності до однієї чи декількох ліній. Розподіл алельних варіантів та генотипів тварин за дослідженими молекулярно-генетичними маркерами можна розглядати як додаткові характеристики порід. Отримана інформація при відповідній її оцінці додатково до класичних методів селекційно-плеїної роботи дає можливість здійснення кон-

тролю достовірності походження безпосередньо за ДНК-маркерами, а також створення популяцій тварин шляхом цілеспрямованого генетичного добору і підбору батьківських пар із відповідним генетичним потенціалом щодо технологічних вимог до отримуваної сільськогосподарської продукції, зокрема показників молочної продуктивності в молочному скотарстві.

Перспективи подальших досліджень. На підставі одержаних результатів бачимо за доцільне розширення досліджень щодо пошуку асоціацій між мікросателітними маркерами з якісними і кількісними показниками продуктивності у вітчизняних порід великої рогатої худоби.

Список використаної літератури:

1. Daetwyler H.D., Schenkel F.S., Sargolzaei M. [et al.] A genome scan to detect quantitative trait loci for economically important traits in Holstein cattle using two methods and a dense single nucleotide polymorphism map. *Journal of dairy science*, 2008, vol. 91, no. 8, pp. 3225—3236.
2. Ashwell M.S., Heyen D.W., Sonstegard T.S. [et al.] Detection of quantitative trait loci affecting milk production, health, and reproductive traits in Holstein cattle. *Journal of dairy science*, 2004, vol. 87, no 2, pp. 468—475.
3. Lipkin E., Tal-Stein R., Friedmann A. [et al.] Effect of quantitative trait loci for milk protein percentage on milk protein yield and milk yield in Israeli Holstein dairy cattle. *Journal of dairy science*, 2008, vol. 91, no 4, pp. 1614—1627.
4. Fabregat I., Koch K.S., Aoki T. Functional pleiotropy of an intramolecular triplex-forming fragment from the 3'-UTR of the rat Pigr gene. *Physiol. Genomics*, 2001, vol. 5, pp. 53—65
5. Lipkin E., Bagnato A., Soller M. Expected effects on protein yield of marker-assisted selection at quantitative trait loci affecting milk yield and milk protein percentage. *Journal of dairy science*, 2008, vol. 91, no. 7, pp. 2857—2863.
6. Viitala S.M., Schulman N.F., de Koning D.J. [et al.] Quantitative trait loci affecting milk production traits in Finnish Ayrshire dairy cattle. *Journal of dairy science*, 2003, vol. 86, no. 5, pp. 1828—1836.
7. Bagnato A., Schiavini F., Rossoni A. [et al.] Quantitative trait loci affecting milk yield and protein percentage in a three-country brown swiss population. *Journal of dairy science*, 2008, vol. 91, no. 2, pp. 767—783.
8. Mizoshita K., Watanabe T., Hayashi H. [et al.] Quantitative trait loci analysis for growth and carcass traits in a half-sib family of purebred Japanese Black (Wagyu) cattle. *Journal of animal science*, 2004, vol. 82, no. 12, pp. 3415—3420.
9. Mosig M.O., Darvasf A., Ezra E. [et al.] Quantitative trait locus mapping in dairy cattle by means of selective milk DNA pooling using dinucleotide microsatellite markers: analysis of milk protein percentage. *Genetics*, 1998, vol. 149, no. 3, pp. 1557—1567.
10. Ron M., Kliger D., Feldmesser E. [et al.] Multiple quantitative trait locus analysis of bovine chromosome 6 in me Israeli Holstein population by a daughter design. *Genetics*, 2001, vol. 159, pp. 727—735.
11. Minoshima Y., Taniguchi Y., Tanaka K. [et al.] Molecular cloning, expression analysis, promoter characterization, and chromosomal localization of the bovine PREF1 gene. *Animal genetics*, 2001, vol. 32, no. 6, pp. 333—339.
12. Lipkin E., Bagnato A., Soller M. Expected effects on protein yield of marker-assisted selection at quantitative trait loci affecting milk yield and milk protein percentage. *Journal of dairy science*, 2008, vol. 91, no. 7, pp. 2857—2863.
13. Viitala S., Schulman N., de Koning D.J. Quantitative trait loci affecting milk production traits in Finnish Ayrshire dairy cattle. *Journal of dairy science*, 2003, vol. 86, no. 5, pp. 1828—1836.
14. Bagnato A., Schiavini F., Rossoni A. Quantitative trait loci affecting milk yield and protein percentage in a three-country brown swiss population. *Journal of dairy science*, 2008, vol. 91, no. 2, pp. 767—783.
15. Metta M., Kanginakudru S., Gudiseva N. [et al.] Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (*Bos indicus*), using microsatellite markers – a preliminary study. *Genetics*, 2004, vol. 5, pp. 16—23.

Копылов К.В., Шелёв А.В., Копылова К.В., Березовский А.В. ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИЙ УКРАИНСКОЙ ЧОРНО-ПЕСТРОЙ И УКРАИНСЬКОЙ КРАСНО-ПЕСТРОЙ МОЛОЧНЫХ ПОРОД ПО ПОЛИМОРФИЗМУ QTL И STR МАРКЕРОВ.

Проведены исследования генетической структуры двух пород крупного рогатого скота по пяти структурным генам и десяти микросателлитным локусам. Полученные результаты указывают на то, что распределение аллельных вариантов генов определяется особенностями формирования генофонда каждой породы соответственно направлению продуктивности и истории создания.

Ключевые слова: локус количественного признака, микросателлитные локусы, молекулярно-генетические маркеры, днк, qtl, str.

Kopylov K.V., Shelyov A.V., Kopylova K.V., Berezovskiy O.V. GENETIC STRUCTURE OF POPULATIONS UKRAINIAN BLACK AND WHITE DIARI AND UKRAINIAN RED AND WHITE DIARI

BREEDS ON THE POLYMORPHISM QTL AND STR MARKERS.

In order to study the characteristics of genetic structure we analyzed two main breeds of cattle dairy productivity, namely Ukrainian Black and White and Ukrainian Red and White for five loci of structural genes and 10 microsatellite loci. Assessment polymorphism loci k-Cn, β -LG, GH, Lep, Pit-1 was performed by PCR-RFLP.

The obtained data on the polymorphism of quantitative traits loci (QTL) and microsatellite DNA loci (STR) show high similarity investigated the genetic structure of cattle breeds, and Ukrainian population of Red and White breed which characterized by a somewhat higher level of genetic polymorphism by microsatellite DNA loci as evidenced given values of genetic variability. The similarity of the distribution allelic variants genes and genotypes from studied breeds of domestic selection is definitely because the Ukrainian Black and White dairy and Red and White dairy breed created by a complex reproductive crossbreeding with Holstein breed. Distribution of allele frequencies of genotypes determined by the characteristics of their inheritance breeding work carried out on each species separately, according to its association with particular area of performance and is not associated with use of closely related crosses in the breeding of animals and their belonging to one or more lines.

The distribution of allelic variants and genotypes of the animals studied by molecular genetic markers can be considered as additional features rocks. This information, with appropriate assessment of its addition to the classical methods of selection and breeding work makes it possible to control the reliability of origin directly on DNA markers and creation of animal populations by targeted genetic selection and selection of breeding pairs of corresponding genetic potential for technological requirements of received agricultural products particular indicators of milk production in dairy cattle.

Key words: quantitative trait loci, microsatellite loci, molecular genetic markers, dna, qtl, str.

Дата надходження до редакції: 11.08.2014 р.

Рецензент: доктор б.н., професор Ю.В.Бондарчук

УДК 636.2.034.082

ЗАЛЕЖНІСТЬ МОЛОЧНОЇ ПРОДУКТИВНОСТІ КОРІВ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ПОРОДИ ВІД ЖИВОЇ МАСИ ТА ВІКУ ПРИ ПЕРШОМУ ОСІМЕНІННІ

М. І. Кузів, к.с.-г.н., Інститут біології тварин НААН

Дослідження проведені на тваринах української чорно-рябої молочної породи в ТзОВ «Молочні ріки» Сокальського і Бродовського відділень, племінному репродукторі «Селекціонер» Львівської області та племінному заводі «Ямниця» Івано-Франківської області.

Встановлено, що молочна продуктивність корів залежить від їх живої маси при першому осіменінні. У племзаводі «Ямниця» найвищі величини надою та вихід молочного жиру були у корів жива маса яких при першому осіменінні становила 400-419 кг. У ТзОВ «Молочні ріки» Сокальського відділення найвищими ці показники були у корів, жива маса яких при першому осіменінні становила 420-439 кг. У Бродовському відділенні між тварини, які при першому осіменінні мали живу масу 420-439 та 440 кг і більше, а в племрепродукторі «Селекціонер» ще і – 400-419 кг в досліджувані лактації за показниками молочної продуктивності вірогідної різниці не виявлено. Корови, які мали меншу живу масу при першому осіменінні, відповідно мали і нижчі показники продуктивності.

У племзаводі «Ямниця» найвищі величини надою та вихід молочного жиру були у первісток, яких осіменили у віці 487-547 днів однак, вірогідну перевагу вони мали лише над тваринами, яких осіменили у віці 548-607 днів. За II, III та кращу лактації між коровами, яких осіменили у різні вікові періоди за показниками молочної продуктивності вірогідної різниці не виявлено. У ТзОВ «Молочні ріки» Сокальського відділення величини надою та вихід молочного жиру за всі лактації були найнижчими у корів, яких осіменили у віці 608 днів і більше, у Бродовському відділенні – у віці 548-607 і 608 днів і більше, у племрепродукторі «Селекціонер» - у віці до 487 і 608 днів і більше.

Телиць української чорно-рябої молочної породи в західному регіоні України доцільно осіменяти у віці 487-547 днів, або 16-18 місяців при досягненні ними живої маси 400 кг.

Ключові слова: порода, жива маса та вік при першому осіменінні, молочна продуктивність.

Постановка проблеми. Молочна продуктивність тварин тісно пов'язана з їх відтворювальною здатністю. Корова може повторювати лактації до цього часу, поки не втратить здатність до відтворення. Тому, продуктивні тварини повинні мати не тільки високі племінні, а й відповідні відтворні якості. Разам з тим, майбутня відтворюва-

льна здатність, молочна продуктивність і тривалість господарського використання у значній мірі залежить від живої маси та віку при осіменінні телиць.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Вік першого осіменіння пов'язаний з біологічними особливостями породи, живою масою і розвитком