

УДК.636.2.082.2:575.22

ГЕНОТИПОВА МІНЛИВІСТЬ ТВАРИН У СКОТАРСТВІ ЗАЛЕЖНО ВІД РІВНЯ КОНСОЛІДАЦІЇ ЇХ СПАДКОВОСТІ

І.П. ПЕТРЕНКО, О.Д. БІРЮКОВА, М.С. ГАВРИЛЕНКО

Інститут розведення і генетики тварин НААН України

Україна, 08321, Київська обл., Бориспільський р-н, с. Чубинське, вул. Погребняка, 1

e-mail: birukova.od@mail.ru

Мета. Розробити методику і проаналізувати генотипові мінливості тварин у скотарстві за адитивним генетичним потенціалом активності (АГПА) хромосом. **Методи.** Проведено моделювання генотипової мінливості тварин за балансом («+», «-» АГПА) хромосом за різних рівнів консолідації спадковості в популяції (0–100%) на основі запропонованої методики. **Результати.** При зростанні рівня консолідації спадковості в породі в умовах тривалої, інтенсивної селекції генотипова мінливість тварин за кількісним поєднанням («+» і «-» АГПА) хромосом постійно зменшується від 100% до 0% і досягає одного середнього генотипового класу (60 хр.БАГПА«+»Max+0 хр.МАГПА«-»Min), що означає «селекційне плато» за ознакою. **Висновки.** Послідовне зростання консолідації спадковості у тварин в скотарстві на кожну одну хромосому із 30 гомологічних пар теоретично приводить до зменшення генетичної мінливості гамет на 1 клас (із 31) і генотипової мінливості потомства на 2 класи (із 61) при їх теоретично-ймовірному утворенні в породі, популяції.

Ключові слова: генотипова мінливість, популяція, консолідація, адитивний генетичний потенціал активності (АГПА) хромосом.

Вступ. При тривалій, інтенсивній селекції тварин у скотарстві за кількісними селекційними ознаками продуктивності, які контролюються переважно адитивними генами (локусами кількісних ознак – QTL) і генотипом тварини в цілому, неминуче відбувається процес консолідації їхньої спадковості за певними генетично-корелюючими ознаками [1].

Консолідація спадковості тварин у породі, популяції має суттєвий вплив на динаміку генотипової мінливості тварин у поколіннях потомства, що безпосередньо пов'язано з ефективністю селекційних заходів щодо проведення відбору і підбору кращих тварин, і на ряд інших важливих генетико-селекційних процесів.

Зазначимо, що конкретних досліджень щодо динаміки генотипової мінливості тварин у потомстві при зростанні рівня консолідації спадковості в породі, популяції в науковій літературі недостатньо, і тому повністю не розкрито в теоретичному і практичному відношенні взаємозв'язок цих двох важливих селекційних процесів у поколіннях потомства при розведенні різних видів сільськогосподарських тварин і птиці.

Нами започатковано спробу теоретичного аналізу взаємозв'язку цих двох генетико-селекційних процесів у динаміці при відтворному схрещуванні у помісних тварин української червоно-рябої молочної породи (1/2Г+1/2С; 3/4Г+1/4С), тобто з контролем частки спадковості (хромосом) двох порід –

голштинської (Г) та симентальської (С) – на індивідуальному рівні аналізу і ступеня їх консолідації при розведенні «у собі» у великої рогатої худоби [2].

Метою досліджень була розробка методики теоретичного аналізу генотипової мінливості тварин у скотарстві за адитивним генетичним потенціалом активності (АГПА) хромосом. Оскільки консолідація є складним генетико-селекційним процесом, що відбувається за тривалої інтенсивної селекції тварин у породі, завданням досліджень було проведення практичної апробації авторської методики в поколіннях потомства залежно від рівня консолідації їх спадковості.

Матеріали і методи

При проведенні моделювання утворення генотипової мінливості тварин у скотарстві залежно від рівня консолідації їхньої спадковості було використано теоретичні передбачення [3] найскладнішого варіанту можливої генетичної структури генофонду породи за АГПА хромосом. Вважали, що кожна пара гомологічних хромосом із 30 в генотипах тварин великої рогатої худоби нерівнозначна за сумарним значенням АГПА хромосом, який реально, об'єктивно створюється в них різною функціональною активністю численної кількості різних локусів, алелів кількісних ознак (QTL) та всіх інших наявних локусів в 30 їх парах, як і нерівнозначні між собою гомологічні хромосоми в кожній парі («+» і «-») за рівнем їхньої адитивної дії на прояв тієї чи іншої кількісної селекційної ознаки продуктивності (надій, кг; молочний жир, кг; молочний білок, кг; жива маса, кг тощо), що підтверджується сучасними генетичними дослідженнями [4–7].

Для проведення моделювання генотипової мінливості тварин у популяції з різним поєднанням 30 пар гомологічних хромосом за («+» і «-») АГПА запропоновано формулу:

$$P_{\Pi} = 2^{(N-n)} \cdot \sum_{i=0}^{2n} C_{2n}^i \cdot a^{(N-n+i)} \cdot b^{(N+n-i)},$$

де P_{Π} – різноманітність потомства (генотипів) за балансом хромосом з їх різним («+» і «-») АГПА;

N – кількість пар гомологічних хромосом у каріотипі аналізованого виду тварин:

$\sum_{i=0}^{2n}$ – кількість імовірних комбінацій у наведеній формулі;

C_{2n}^i – ймовірні комбінації хромосом з різним («+» і «-») АГПА у потомства;

a, b – хромосоми в генотипі тварини з більшим «+» і меншим «-» АГПА;

$(N - n + i), (N + n - i)$ – різні показники ступеня у формулі для a, b , що визначають кількість хромосом відповідного потенціалу («+» і «-») АГПА в генотипі тієї чи іншої особини в потомстві;

n – кількість пар гомологічних хромосом в гетерологічному стані;

i – змінна величина, що приймає цілі цифрові значення від 0 до $2n$.

На основі формули (1) розроблено комп'ютерну програму і проведено аналіз мінливості утворення різних генотипів тварин за балансом («+» і «-») АГПА хромосом за різних рівнів консолідації їхньої спадковості в породі, популяції (0; 20; 40; 60; 80; 100%) за умов сталої структурної стабільності хромосом у генофонді породи.

Результати та обговорення

Теоретичний аналіз показав, що найбільша генотипова різноманітність потомства за різним поєднанням хромосом з більшим (БАГПА «+») і меншим (МАГПА «-») адитивним генетичним потенціалом активності утворюється за нульового (0%) рівня консолідації спадковості в генотипі тварини (породі, популяції). За цього варіанту в теоретичній популяції потомства (4^{30} голів) утворюється 61 клас генотипів тварин (по вертикалі) – від поєднань типу

(60 хр. БАГПА «+» + 0 хр. МАГПА «-») до (0 хр. БАГПА «+» + 60 хр. МАГПА «-») як найбільш простий і досить узагальнений показник генотипової мінливості тварин у породі, популяції (табл.). Зазначимо, що більш складний, проте більш точний показник генотипової мінливості тварин (по горизонталі) досягається при проведенні додаткового аналізу внутрішньої структури мінливості генотипів за конкретним поєднанням («+» і «-» АГПА) різних індивідуальних хромосом (з 1-ї по 30-ту) в кожному із 61 теоретично утворюваних класів їх мінливості (по вертикалі). Ця методика нами не розглядається через складність у розрахунках за відповідними формулами.

Дослідження свідчать, що при поступовому зростанні рівня консолідації спадковості в генотипі тварин (породі, популяції) від 0% до 20; 40; 60; 80; 100% в потомстві суттєво зменшується генотипова мінливість тварин за поєднанням «+» і «-» (АГПА) хромосом, відповідно, до 49; 37; 25; 13 і 1 класів, тобто у відсотках (%) до 80,3; 60,7; 41; 21,3; 1,6–0% у великій рогатій худоби (табл.). Так, за 80%-го рівня консолідації спадковості у тварин в скотарстві у їх потомстві теоретично утворюється лише 13 класів мінливості їх генотипів з таким кількісним поєднанням хромосом: від (36 хр. БАГПА «+» + 24 хр. МАГПА «-») до (24 хр. БАГПА «+» + 36 хр. МАГПА «-») і не більше, і не менше, а за 0%-го рівня консолідації таких класів передбачається 61. Тобто спостерігається зменшення загальної генотипової мінливості тварин у потомстві в 4,7 разу, або на 78,7%.

Аналітичні дослідження показують, що теоретично кожне підвищення рівня консолідації спадковості у тварин (породі, популяції) на 20% зумовлює постійне, адекватне зменшення генотипової мінливості їх потомства за поєднанням («+» і «-») АГПА хромосом, відповідно, на 12 класів із 61 теоретично обумовлених (по вертикалі) для великої рогатой худоби (табл.). Тварин із

середнім значенням генотипу, тобто (30 хр. БАГПА «+» + 30 хр. МАГПА «-») в модельній популяції потомства утворюється лише 10,26% за відсутності консолідації спадковості (0%) у тварин. При зростанні рівня консолідації спадковості (0, 20, 40, 60, 80, 100%) у породі, популяції відсоток (%) тварин в потомстві середнього генотипу (30 хр. БАГПА «+» + 30 хр. МАГПА «-») постійно збільшується (+) (10,26; 11,46; 13,21; 16,14; 22,56; 37,50; 100%) і досягає максимуму за 100% рівня консолідації.

Слід зазначити, що кількісно і відсотково (%) постійно зростає (до певної межі –25%) частка генотипів тварин у популяції ще двох класів (31 хр. БАГПА «+» + 29 хр. МАГПА «-») і (29 хр. БАГПА «+» + 31 хр. МАГПА «-»), які є безпосередньо суміжними із середнім класом генотипів тварин (30 хр. БАГПА «+» + 30 хр. МАГПА «-») при підвищенні рівня консолідації спадковості у тварин до 96,7%. Всі решта 60 класів теоретичної мінливості генотипів тварин з більшим (31 хр. БАГПА «+» + 29 хр. МАГПА «-») і вище) і меншим (29 хр. БАГПА «+» + 31 хр. МАГПА «-») адитивним генетичним потенціалом активності хромосом постійно зменшуються в потомстві (44,9; 44,3; 43,4; 41,9; 38,7; 31,25; 0%) за зростання ступеня консолідації спадковості і повністю зникають при досягненні 100%. В породі (популяції) залишається формально лише один середній клас генотипів потомства (30 хр. БАГПА «+» + 30 хр. МАГПА «-»), що реально за умов інтенсивної селекції тварин набуває іншої генотипової структури, а саме (30 хр. БАГПА «+» «Мах» + 30 хр. БАГПА «+» «Мах»).

Таким чином, досягається повна консолідованість генотипу тварин за максимальним (Мах) значенням адитивного впливу («+» АГПА) на селекційну оцінку кожної з 30 пар хромосом із наявного початкового генотипу породі (0% консолідації). Така ситуація можлива при тривалій інтенсивній селекції тварин на закріплення спадкових

Таблиця. Генотипова мінливість у великої рогатої худоби за кількісним поєднанням («+» і «-») АГПА хромосом за різних рівнів консолідації спадковості у тварин теоретичної популяції

Імовірні класи генотипів тварин за кількісним поєднанням («+» і «-») АГПА хромосомом	Рівні консолідації спадковості в породі, популяції і розподіл генотипів тварин (%):					
	0%	20%	40%	60%	80%	100%
0 хр. БАГПА(+) + 60хр. МАГПА(-)	$0,87 \cdot 10^{-16}$	—	—	—	—	—
1 хр. ... (+) + 59 хр. ... (-)	$0,52 \cdot 10^{-14}$	—	—	—	—	—
2 хр. ... (+) + 58 хр. ... (-)	$0,15 \cdot 10^{-12}$	—	—	—	—	—
3 хр. ... (+) + 57 хр. ... (-)	$0,30 \cdot 10^{-11}$	—	—	—	—	—
4 хр. ... (+) + 56 хр. ... (-)	$0,42 \cdot 10^{-10}$	—	—	—	—	—
5 хр. ... (+) + 55 хр. ... (-)	$0,47 \cdot 10^{-9}$	—	—	—	—	—
6 хр. ... (+) + 54 хр. ... (-)	$0,43 \cdot 10^{-8}$	$0,36 \cdot 10^{-12}$	—	—	—	—
7 хр. ... (+) + 53 хр. ... (-)	$0,34 \cdot 10^{-7}$	$0,17 \cdot 10^{-10}$	—	—	—	—
8 хр. ... (+) + 52 хр. ... (-)	$0,22 \cdot 10^{-6}$	$0,40 \cdot 10^{-9}$	—	—	—	—
9 хр. ... (+) + 51 хр. ... (-)	$0,13 \cdot 10^{-5}$	$0,61 \cdot 10^{-8}$	—	—	—	—
10 хр. ... (+) + 50 хр. ... (-)	$0,65 \cdot 10^{-5}$	$0,69 \cdot 10^{-7}$	—	—	—	—
11 хр. ... (+) + 49 хр. ... (-)	$0,30 \cdot 10^{-4}$	$0,61 \cdot 10^{-6}$	—	—	—	—
12 хр. ... (+) + 48 хр. ... (-)	$0,12 \cdot 10^{-3}$	$0,44 \cdot 10^{-5}$	$0,15 \cdot 10^{-8}$	—	—	—
13 хр. ... (+) + 47 хр. ... (-)	$0,45 \cdot 10^{-3}$	$0,26 \cdot 10^{-4}$	$0,52 \cdot 10^{-7}$	—	—	—
14 хр. ... (+) + 46 хр. ... (-)	$0,15 \cdot 10^{-2}$	$0,13 \cdot 10^{-3}$	$0,92 \cdot 10^{-6}$	—	—	—
15 хр. ... (+) + 45 хр. ... (-)	$0,46 \cdot 10^{-2}$	$0,60 \cdot 10^{-3}$	$0,10 \cdot 10^{-4}$	—	—	—
16 хр. ... (+) + 44 хр. ... (-)	0,013	$0,23 \cdot 10^{-2}$	$0,86 \cdot 10^{-4}$	—	—	—
17 хр. ... (+) + 43 хр. ... (-)	0,034	$0,80 \cdot 10^{-2}$	$0,55 \cdot 10^{-3}$	—	—	—
18 хр. ... (+) + 42 хр. ... (-)	0,080	0,025	$0,28 \cdot 10^{-2}$	$0,59 \cdot 10^{-5}$	—	—
19 хр. ... (+) + 41 хр. ... (-)	0,18	0,069	0,012	$0,14 \cdot 10^{-3}$	—	—
20 хр. ... (+) + 40 хр. ... (-)	0,36	0,17	0,044	$0,16 \cdot 10^{-2}$	—	—
21 хр. ... (+) + 39 хр. ... (-)	0,69	0,39	0,14	0,012	—	—
22 хр. ... (+) + 38 хр. ... (-)	1,23	0,80	0,37	0,063	—	—
23 хр. ... (+) + 37 хр. ... (-)	2,03	1,51	0,87	0,27	—	—
24 хр. ... (+) + 36 хр. ... (-)	3,13	2,60	1,82	0,80	0,02	—
25 хр. ... (+) + 35 хр. ... (-)	4,50	4,10	3,36	2,06	0,29	—
26 хр. ... (+) + 34 хр. ... (-)	6,06	5,95	5,52	4,38	1,61	—
27 хр. ... (+) + 33 хр. ... (-)	7,63	7,93	8,10	7,79	5,37	—
28 хр. ... (+) + 32 хр. ... (-)	9,00	9,73	10,63	11,69	12,09	—
29 хр. ... (+) + 31 хр. ... (-)	9,93	11,00	12,51	14,87	19,34	—
30 хр. БАГПА(+) + 30 хр. МАГПА(-)	10,26	11,46	13,21	16,14	22,56	100
31 хр. ... (+) + 29 хр. ... (-)	9,93	11,00	12,51	14,87	19,34	—
32 хр. ... (+) + 28 хр. ... (-)	9,00	9,73	10,63	11,69	12,09	—
33 хр. ... (+) + 27 хр. ... (-)	7,63	7,93	8,10	7,79	5,37	—
34 хр. ... (+) + 26 хр. ... (-)	6,06	5,95	5,52	4,38	1,61	—
35 хр. ... (+) + 25 хр. ... (-)	4,50	4,10	3,36	2,06	0,29	—
36 хр. ... (+) + 24 хр. ... (-)	3,13	2,60	1,82	0,80	0,02	—
37 хр. ... (+) + 23 хр. ... (-)	2,03	1,51	0,87	0,27	—	—

Продовження табл.

Імовірні класи генотипів тварин за кількісним поєднанням («+» і «-») АГПА хромосом	Рівні консолідації спадковості в породі, популяції і розподіл генотипів тварин (%):					
	0%	20%	40%	60%	80%	100%
38 хр. ••• (+)+22 хр. ••• (-)	1,23	0,80	0,37	0,063	—	—
39 хр. ••• (+) + 21 хр. ••• (-)	0,69	0,39	0,14	0,012	—	—
40 хр. ••• (+) + 20 хр. ••• (-)	0,36	0,17	0,044	$0,16 \cdot 10^{-2}$	—	—
41 хр. ••• (+) + 19 хр. ••• (-)	0,18	0,069	0,012	$0,14 \cdot 10^{-3}$	—	—
42 хр. ••• (+) + 18 хр. ••• (-)	0,080	0,025	$0,28 \cdot 10^{-2}$	$0,59 \cdot 10^{-5}$	—	—
43 хр. ••• (+) + 17 хр. ••• (-)	0,034	$0,80 \cdot 10^{-2}$	$0,55 \cdot 10^{-3}$	—	—	—
44 хр. ••• (+) + 16 хр. ••• (-)	0,013	$0,23 \cdot 10^{-2}$	$0,86 \cdot 10^{-4}$	—	—	—
45 хр. ••• (+) + 15 хр. ••• (-)	$0,46 \cdot 10^{-2}$	$0,60 \cdot 10^{-3}$	$0,10 \cdot 10^{-4}$	—	—	—
46 хр. ••• (+) + 14 хр. ••• (-)	$0,15 \cdot 10^{-2}$	$0,13 \cdot 10^{-3}$	$0,92 \cdot 10^{-6}$	—	—	—
47 хр. ••• (+) + 13 хр. ••• (-)	$0,45 \cdot 10^{-3}$	$0,26 \cdot 10^{-4}$	$0,52 \cdot 10^{-7}$	—	—	—
48 хр. ••• (+) + 12 хр. ••• (-)	$0,12 \cdot 10^{-3}$	$0,44 \cdot 10^{-5}$	$0,15 \cdot 10^{-8}$	—	—	—
49 хр. ••• (+) + 11 хр. ••• (-)	$0,30 \cdot 10^{-4}$	$0,61 \cdot 10^{-6}$	—	—	—	—
50 хр. ••• (+) + 10 хр. ••• (-)	$0,65 \cdot 10^{-5}$	$0,69 \cdot 10^{-7}$	—	—	—	—
51 хр. ••• (+) + 9 хр. ••• (-)	$0,13 \cdot 10^{-5}$	$0,61 \cdot 10^{-8}$	—	—	—	—
52 хр. ••• (+) + 8 хр. ••• (-)	$0,22 \cdot 10^{-6}$	$0,40 \cdot 10^{-9}$	—	—	—	—
53 хр. ••• (+) + 7 хр. ••• (-)	$0,34 \cdot 10^{-7}$	$0,17 \cdot 10^{-10}$	—	—	—	—
54 хр. ••• (+) + 6 хр. ••• (-)	$0,43 \cdot 10^{-8}$	$0,36 \cdot 10^{-12}$	—	—	—	—
55 хр. ••• (+) + 5 хр. ••• (-)	$0,47 \cdot 10^{-9}$	—	—	—	—	—
56 хр. ••• (+) + 4 хр. ••• (-)	$0,42 \cdot 10^{-10}$	—	—	—	—	—
57 хр. ••• (+) + 3 хр. ••• (-)	$0,30 \cdot 10^{-11}$	—	—	—	—	—
58 хр. ••• (+) + 2 хр. ••• (-)	$0,15 \cdot 10^{-12}$	—	—	—	—	—
59 хр. ••• (+) + 1 хр. ••• (-)	$0,52 \cdot 10^{-14}$	—	—	—	—	—
60 хр. БАГПА(+) + 0 хр. МАГПА(-)	$0,87 \cdot 10^{-16}$	—	—	—	—	—

якостей селекційно і генетично оцінених кращих генотипів лідерів породи (бугаїв-поліпшувачів, «бугайвідтворних» корів і племінного ядра маточного поголів'я); узагальнено це відповідає також кінцевому генотипу тварин (60 хр. БАГПА«+» «Мах» + 0 хр. МАГПА«-» «Мін»).

Отже, модельована структура генотипів потомства за кількісним поєднанням («+» і «-») АГПА хромосом, що ймовірно утворюється в популяції, достатньо різноманітна і динамічна за мінливих рівнів консолідації спадковості і коливається в межах від (60 хр. БАГПА«+» + 0 хр. МАГПА«-») до (0 хр. БАГПА«+» + 60 хр. МАГПА«-») при 100% гетерологічності пар хромосом у ге-

нотипах тварин і до остаточної появи виключно одного середнього класу формального генотипу (30 хр. БАГПА«+» + 30 хр. МАГПА«-») при 100% консолідації популяції, який набирає реальної генотипової структури (30 хр. БАГПА«+»«Мах» + 30 хр. БАГПА«+»«Мін»). Тварин, що несуть сумарно високий, але не максимальний із теоретично можливих адитивний генетичний потенціал активності хромосом (для прикладу, 50 хр. БАГПА «+» + 10 хр. МАГПА «-» і вище), які є найбільш бажаними для селекції, утворюється дуже мало в популяції (близько 5–7 голів на 1 млн голів потомства) і лише при 0% рівні консолідації їх спадковості. У тварин же з 20; 40%

рівнем консолідації спадковості і вище взагалі не утворюються такі генетичні структури на 1 млн голів потомства (табл.).

У тварин із 100% рівнем консолідації спадковості утворюється в потомстві формально лише один клас генотипів за хромосомною структурою, а саме (30 хр. БАГПА«+» + 30 хр. МАГПА«-»). Проте це не означає, що функціонально цей клас генотипів має менший сумарний адитивний генетичний потенціал активності хромосом, ніж генотип структурного типу (60 хр. БАГПА«+» + 0 хр. МАГПА«-») у тварин із початкової, неселекційної гетерогенної популяції (0% консолідації). Навпаки, генотипи структурного типу (30 хр. БАГПА«+» + 30 хр. МАГПА«-») у відселекційованих груп тварин із 100% рівнем консолідації їхньої спадковості несуть функціонально і найбільший адитивний генетичний потенціал активності всіх 30 пар гомологічних хромосом із початкового генофонду гетерогенної популяції тварин.

У процесі тривалої інтенсивної селекції тварин за ознакою продуктивності проходить зростання консолідації спадковості в породі, популяції; постійно і поступово відбираються в поколіннях потомства саме ті хромосоми (від A_{cp} ... → до A_{max}) з кожної гомологічної пари із 30 (в каріотипі великої рогатої худоби), які мають функціонально не мінімальний (A_{min}) або середній (A_{cp}) рівні (АГПА) хромосом, а максимальний (A_{max}) із всього спектра мінливості в загальному генофонді початкової (0% консолідації) гетерогенної популяції тварин.

Вважаємо, що загалом у генофонді будь-якої породи (популяції) тварин окремо, індивідуально кожна пара гомологічних хромосом із 30 має певний різний, але поки що невідомий науці спектр мінливості адитивної генетичної активності від мінімального (Min) до максимального (Max) їхнього значення – A_{min} «-» $A_1, A_2, A_3, \dots A_{cp} \dots A_n \dots A_{max}$ «+» (АГПА) хромосом за сумарним адитивним генетичним впливом на прояв

певних кількісних селекційних ознак продуктивності у тварин. Цей розмах мінливості характеризується певною частотою їх прояву (розподілу) в генофонді породи, популяції для кожного значення (від A_{min} «-» ... $A_{cp} \dots$ до A_{max} «+») і, відповідно, кожної окремої пари гомологічних хромосом, який динамічно змінюється в поколіннях потомства і залежить від інтенсивності селекції тварин і їх чисельності (n) в породі (популяції).

Така закономірність означає, що, наприклад, для 1 млн корів у породі, популяції умовно маємо в генофонді 30 кривих з різним спектром мінливості і частотою розподілу за певними значеннями (АГПА для 2 млн хромосом, відповідно, з 1-ї, 2-ї, 3-ї ... і 30-ї гомологічних пар, що і складає загалом невичерпне джерело одержання при заплідненні численної генотипОВОї мінливості потомства для проведення селекції тварин. Отже, за тривалої, прогресивної (+) селекції тварин у скотарстві за кількісними селекційними ознаками продуктивності вектор відбору кращих хромосом за (БАГПА «+») із генофонду породи, популяції в потомстві через генотипи оцінених бугаїв і корів буде постійно і поступово проявлятися в кожному поколінні потомства за загальним напрямком руху спадковості (в кожній парі із всіх 30 гомологічних хромосом) від $A_{cp} \dots$ → до A_{max} «+».

Таким чином, середня (модельна) генотипОВА структура всіх тварин у потомстві (30 хр. БАГПА«+» + 30 хр. МАГПА«-») за 100% рівня консолідації спадковості в породі (популяції) фактично набирає функціонально і генетично найвищий адитивний генетичний потенціал активності кращих хромосом (A_{max} «+») із кожної гомологічної пари, як результат селекції, приймає реальну генотипОВУ структуру тварин типу (30 хр. БАГПА«+» «Max» + 30 хр. БАГПА«+» «Max») або (60 хр. БАГПА«+» «Max» + 0 хр. МАГПА«-» «Min») і приводить до досягнення «селекційного плато» за певними кількіс-

ними селекційними ознаками продуктивності тварин у процесі їх селекції. З тієї ж причини постійно і поступово в нових поколіннях потомства зростає (+) адитивний генетичний потенціал активності («+» і «-» АГПА), тобто їх генетичний потенціал продуктивності без винятку, у всіх інших за кількісною структурою хромосом 60-ти класах генотипів (див. табл.) у селекційних групах тварин із наростанням рівня консолідації їхньої спадковості (до 20, 40, 60, 80% і вище).

Отже, за умов збереження однієї і тієї ж генотипової структури тварин у потомстві в процесі селекції і консолідації спадковості (для прикладу, клас генотипів 30 хр. БАГПА «+» + 30 хр. МАГПА «-», як і всі інші 60 класів) в поколіннях їх потомства генетичний потенціал продуктивності тварин у кожному структурному генотиповому класі за («+» і «-» АГПА) хромосом весь час зростає і зростає при підвищенні рівня консолідації спадковості у тварин (0; 20; 40; 60; 80; 100%) у процесі інтенсивної селекції. Тобто формально тварини генотипової структури, наприклад (35 хр. БАГПА «+» + 25 хр. МАГПА «-»), при 0% і 60% рівні консолідації спадковості однакові, хоча із різною частотою їх прояву в популяції – 4,50; 2,06%, проте за середнім генетичним потенціалом продуктивності в породі (популяції) це вже зовсім різні тварини (табл.).

Отже, тривалий, інтенсивний селекційний процес призводить завжди в генофонді породи (популяції) до спрямованої дії щодо зменшення генотипової мінливості тварин за поєднанням («+» і «-» АГПА) хромосом безпосередньо між окремими парами хромосом з першої по тридцятую включно за рахунок їх переходу в консолідований стан у тварин ($\rightarrow \dots A_{cp} A_{cp} \dots \rightarrow A_n A_n \dots \rightarrow A_{max} A_{max}$) у кожній гомологічній парі.

Зниження спадкової, генотипової мінливості тварин за поєднанням («+» і «-» АГПА) хромосом по вертикалі починається тоді, коли досягнута повна консолідація в

тій чи іншій парі гомологічних хромосом у цілому генофонді породи, популяції, типу ($\rightarrow \dots A_{50} A_{50}; \dots \rightarrow A_n A_n; \dots \rightarrow A_{max} A_{max}$) при прогресивній селекції. За умови зменшення спадкової (хромосомної) мінливості тварин у породі (популяції), як наслідок процесу консолідації спадковості, відбувається скорочення як кількості формальних класів генетичної мінливості гамет із 31 при 100% гетерологічності пар хромосом у генотипі тварин до 30; 29; 28 ... 3; 2 і 1 класу при досягненні 100% їх консолідованості ($A_{max}^1; A_{max}^2 \dots A_{max}^{30}$), так і формальних класів генотипової мінливості тварин у породі, популяції, відповідно, із теоретично можливих 61 класів до 60; 59; 58 ... 3; 2 і 1 класу при повній консолідованості всіх 30 пар хромосом ($A_{max}^1 A_{max}^1; A_{max}^2 A_{max}^2 \dots A_{max}^{15} A_{max}^{15} \dots A_{max}^{30} A_{max}^{30}$) в генотипах тварин на максимальне (Max) значення (БАГПА «+» «Max») хромосом кожної із 30 пар із генофонду породи.

Отже, запропонована теоретична модель динаміки утворення і взаємозв'язку генотипової мінливості потомства за поєднанням («+» і «-» АГПА) хромосом при різних рівнях консолідації спадковості (0; 20; 40; 60; 80; 100%) у тварин у породі (популяції) розкриває процес формування різного рівня їхньої племінної цінності, особливостей її успадкування в поколіннях потомства, зростання генетичного потенціалу продуктивності тварин, кількісного і відсоткового (%) їхнього співвідношення в породі, популяції тощо. Проаналізуємо тезисно деякі з цих впливів на динаміку прояву певних генетико-селекційних процесів у тварин в породі, популяції при консолідації їхньої спадковості (від 0 до 100 %).

Приймаємо як аксіому, що тварини із сумарно більшим («+») і меншим («-») адитивним генетичним потенціалом активності хромосом (АГПА) за їх генетичною структурою, а саме: (31 хр. БАГПА «+» + 29 хр. МАГПА «-» і вище) і (29 хр. БАГПА «+» + 31 хр. МАГПА «-» і нижче) мають, відповідно,

також вищу і нижчу племінну цінність за кількісними селекційними ознаками у породі (популяції), що цілком логічно і реально, оскільки відомо, що загальна племінна цінність тварин в породі, популяції обумовлюється, переважно, дією саме адитивних генів [2, 8–10].

Отже, аналіз проведених теоретичних розрахунків щодо генотипової мінливості тварин за балансом («+» і «-» АГПА) хромосом у скотарстві при різних рівнях консолідації спадковості (від 0 до 100%) в породі, популяції дає підстави для наступних наукових узагальнень:

– спектр мінливості рівня племінної цінності тварин (бугаїв і корів) за кількісними селекційними ознаками продуктивності в породі, популяції постійно зменшується за зростання рівня консолідації спадковості і складає, відповідно, на 1 млн голів: при 0% консолідації – 43; 20% – 37; 40% – 31; 60% – 25; 80% – 13; 95% – 5 класів різних генотипів за рівнем їх племінної цінності;

– генетичний потенціал продуктивності тварин у нових поколіннях потомства в породі, популяції постійно зростає за підвищення рівня консолідації спадковості як наслідок селекції тварин на постійне накопичення (концентрацію) в їх генотипах кращих хромосом з (БАГПА «+») з кожної гомологічної пари у всіх утворюваних класах їх генотипової мінливості за поєднанням («+» і «-» АГПА) хромосом;

– загальна (відсоткова) кількість бугаїв і корів з вищою племінною цінністю (тобто поліпшувачів) і нижчою племінною цінністю (тобто погіршувачів) у породі, популяції при тривалій, інтенсивній селекції і підвищенні рівня консолідації їхньої спадковості постійно зменшується (-) (44,9; 44,3; 43,4; 41,9; 38,7; 31,25; 0%) і повністю зникає (0%), а нейтральних за племінною цінністю (бугаїв і корів) постійно збільшується (+) (10,26; 11,46; 13,21; 16,14; 22,56; 37,50; 100%) і досягає 100% за 100%-го рівня консолідації спадковості в породі

(популяції) за кількісною селекційною ознакою;

– рівень племінної цінності бугаїв і корів (поліпшувачів) у породі, популяції при тривалій, інтенсивній селекції і зростанні ступеня консолідації спадковості тварин постійно зменшується (-), а бугаїв і корів (погіршувачів), навпаки, підвищується (+) як наслідок зростання генетичного потенціалу продуктивності тварин та зниження рівня їх генотипової мінливості (100; 80,3; 60,7; 41; 21,3; 8,2; 0%), що досягає нульового значення (0%) за 100%-го рівня консолідації спадковості. В такому випадку виключно всі тварини (100%, бугаї і корови) в породі, популяції стають генетично (генотипово) нейтральними (ПЦ≈0) через повну відсутність їх генотипової мінливості за певною кількісною селекційною ознакою продуктивності (тобто належать до одного генотипового класу 60 хр. БАГПА «+» «Max»+0 хр. МАГПА «-» «Min»).

Акцентуємо увагу, що загалом всі зазначені в статті генетико-популяційні процеси мають загальнобіологічне значення. Проте для кожного виду сільськогосподарських тварин та птиці існують специфічні особливості, які залежать від кількості пар хромосом в їхніх каріотипах, що викликає необхідність відповідного адаптування запропонованої методики при аналізі їх генотипової мінливості при зростанні консолідації (0–100%).

Висновки

Генотипова мінливість тварин у скотарстві за кількісним поєднанням («+» і «-» АГПА) хромосом при зростанні рівня консолідації їхньої спадковості в процесі інтенсивної селекції постійно зменшується – від 100% за нульового рівня консолідації (0%), відповідно, до 0% при 100 %-му її значенні, і постійно зростає середній генетичний потенціал продуктивності породи, популяції і досягає «селекційного плато» за певною селекційною ознакою.

Послідовне зростання консолідації спадковості у тварин у скотарстві на кожну одну хромосому із 30 гомологічних пар в її генотипі теоретично завжди призводить до відповідного зменшення генетичної мінливості гамет на 1 клас (із 31) і генотипової мінливості потомства на 2 класи (із 61) при їхньому теоретично ймовірному утворенні в породі, популяції.

Загальна (відсоткова) кількість бугаїв і корів (поліпшувачів і погіршувачів) у породі, популяції при тривалій, інтенсивній селекції і підвищенні рівня консолідації їх спадковості (від 0 до 100%) постійно зменшується (–) в поколіннях потомства і повністю зникає (0%), а нейтральних, навпаки, невпинно зростає (+) і досягає 100% при 100%-му рівні консолідації спадковості за селекційною ознакою.

Рівень племінної цінності бугаїв і корів (поліпшувачів) при зростанні ступеня консолідації спадковості (від 0 до 100%) у тварин у породі, популяції постійно зменшується (–) в поколіннях потомства. А у тварин-погіршувачів, навпаки, підвищується (+) як наслідок зростання середнього генетичного потенціалу продуктивності тварин, який досягає свого максимального значення в генофонді породи, та зниження рівня їхньої генотипової мінливості.

Перелік літератури

1. Полупан Ю.П., Петренко І.П. Теоретичні і практичні аспекти проблеми консолідації порід і ти-

пів тварин та оцінки препотентності плідників // Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть: у 4-х т. / Тех. ред. В.В.Моргун. – К.: Лотос, 2001. – Т. 4. – С. 116–137.

2. Генетико-популяційні процеси при розведенні тварин / І.П. Петренко, М.В. Зубець, Д.Т. Вінничук, А.П. Петренко. – К.: Аграрна наука, 1997. – 473 с.
3. Петренко І.П., Зубець М.В., Вінничук Д.Т. Структура генофонда породи по аддитивному генетическому потенціалу продуктивності // Вісник аграрної науки. – 1995. – №1. – С. 73–81.
4. Дымань Т.Н., Глазко В.И. Поліморфізм гена каппа-казеїна, його зв'язь з хозяйственно-ценними признаками у крупного рогатого скота // Цитология и генетика. – 1997. – Т. 31, №4. – С. 114–118.
5. Копилова К.В., Копилов К.В., Метлицька О.І. Взаємозв'язок поліморфізму генів з показниками продуктивності у великої рогатої худоби // Вісник аграрної науки. – 2007. – № 7. – С. 40–44.
6. Копилов К.В. Поліморфізм генів, асоційованих з господарсько-корисними ознаками (QTL) у різних порід великої рогатої худоби // Науково-технічний бюлетень / УААН, Інститут тваринництва. – Харків. – 2008. – №96. – С. 218–222.
7. Калашникова Л. Геномная оценка молочного скота // Молочное и мясное скотарство. – 2010. – №1. – С. 10–12.
8. Ильев Ф.В. Оценка племенных качеств сельскохозяйственных животных (оценка по генотипу). – Кишинев: Карта Молдовеняскэ, 1981. – 102 с.
9. Завертяев Б.П. Генетические методы оценки племенных качеств молочного скота. – Л.: Агропромиздат, 1986. – 256 с.
10. Розведення сільськогосподарських тварин / М.З. Басовський, В.П. Буркат, Д.Т. Вінничук [та ін.]. – Б.Церква: БДАУ, 2001. – 398 с.

Представлено В.С. Коноваловим
Надійшла 17.01.2013

**ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ
ЖИВОТНЫХ В СКОТОВОДСТВЕ
В ЗАВИСИМОСТИ ОТ УРОВНЯ
КОНСОЛИДАЦИИ ИХ НАСЛЕДСТВЕННОСТИ**

*И.П. Петренко, О.Д. Бирюкова,
М.С. Гавриленко*

Институт разведения и генетики животных НААН
Украина, 08321, Киевская обл.,
Бориспольский р-н, с. Чубинское
e-mail: birukova.od@mail.ru

Цель. Разработать методику и провести анализ генотипической изменчивости животных в скотоводстве по аддитивному генетическому потенциалу активности (АГПА) хромосом. **Методы.** Проведено моделирование генотипической изменчивости животных по балансу («+», «-» АГПА) хромосом при различных уровнях консолидации наследственности в популяции (0–100%) на основе предложенной методики. **Результаты.** При возрастании уровня консолидации наследственности в породе при длительной, интенсивной селекции генотипическая изменчивость животных по количественному сочетанию («+» и «-» АГПА) хромосом постоянно уменьшается от 100% до 0% и достигает среднего генотипического класса (60 хр. БАГПА «+» Max + 0 хр. МАГПА «-» Min), что означает «селекционное плато» признака. **Выводы.** Последовательное возрастание консолидации наследственности у животных в скотоводстве на каждую хромосому из 30 гомологичных пар теоретически приводит к уменьшению генетической изменчивости гамет на 1 класс (из 31) и генотипической изменчивости потомства на 2 класса (из 61) при их теоретически вероятностном образовании в породе, популяции.

Ключевые слова: генотипическая изменчивость, популяция, консолидация, аддитивный генетический потенциал активности хромосом.

**GENOTYPIC VARIABILITY OF ANIMALS
IN CATTLE BREEDING DEPENDING
ON THEIR HEREDITY CONSOLIDATION**

I.P. Petrenko, O.D. Birukova, M.S. Gavrilenko

Institute of breeding and genetics of animals
of NAAS of Ukraine
Ukraine, 08321, Kyiv region,
Boryspil district, Chubynske
e-mail: birukova.od@mail.ru

Aim. Aim is to develop a technique and analyze the genotypic variation of animals in stock-breeding for chromosomes' additive genetic potential of activity (AGPA). **Methods.** Based on the proposed technique there was carried out simulation of the genotypic variability of animals by the balance («+», «-» AHPA) of chromosomes at different levels of heredity consolidation in the population (0–100%). **Results.** At increase level of consolidation of heredity in a breed at the protracted, intensive selection genotypic variability of animal on quantitative combination («+» and «-» AGPA) chromosomes constantly diminishes from 100% to 0% and arrives at one middle genotypic class (60 chromosomes BAGPA «+» Max+0 chromosomes SAGPA «-» Min), that means the «plant-breeding plateau» of sign. **Conclusions.** The consecutive raise of the animals heredity consolidation in stock breeding per one chromosome out of 30 homologous pairs theoretically leads to reducing the gametes' genetic variation by 1 class (out of 31) and genotypic variability of offspring by 2 classes (out of 61) in their theoretically probable formation in breed, population.

Key words: genotypic variability, population, consolidation, additive genetic potential of activity (AGPA) of chromosomes.