

Відтворна здатність корів погіршується з їх віком. Тривалість сервіс-періоду у корів 8-9 отелення (2440-2745 днів продуктивного життя) більше порівняно з молодшими коровами інших лактацій на 9,7-100%.

У корів 3-4 отелення (915-1220 днів продуктивного життя) вихід телят на 100 корів більший, ніж у корів інших отелень на 2,4-19,3 % з найбільшою перевагою над коровами 8-9 отелення (2440 – 2745 днів продуктивного життя) на 16,0 – 19,3%. Коефіцієнт інтенсивності молочної продуктивності корів зменшувався від першої до дев'ятої лактації на 0,0007 або 77,8%.

#### СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Зубець М.В. Економічна оцінка порід великої рогатої худоби /М.В. Зубець, П.І. Шаран, Й.З. Сірацький // УААН, Інститут розведення і генетики тварин. – К.: Аграрна наука. – 1996. – 122с.
2. Лебедько Е.Я. Повышение продолжительности продуктивного использования молочных коров / Е.Я. Лебедько // Аграрна наука. – 1997. - №2. – С. 30-31.
3. Плохинский Н.А. Руководство по биометрии для зоотехников / Н.А. Плохинский. – М.: Колос, 1969. – 256с.
4. Суровцев В. Повышение эффективности молочного скотоводства путем увеличения срока продуктивного использования коров / В.Суровцев, Ю. Никулина // Животноводство России. – 2011. -№6. – С.14-16.
5. Технологія виробництва молока і яловичини / [В.І. Костенко, Й.З. Сірацький, Ю.Д. Рубан та ін.]. – К.: Аграрна освіта, 2010. – 530с.
6. Шкурко Т. Продуктивне використання корів / Т.Шкурко // Тваринництво України. – 2011. - №7. – С.5-9.

УДК 639.3: 597–115

### ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА СТАДА НИВКІВСЬКОГО ЛУСКАТОГО КРОПА «ЛЕБЕДИНСЬКОЇ РМС» СУМСЬКОЇ ОБЛАСТІ

**Маріуца А.Е.** - к. с.-г. н., старший науковий співробітник.

Інститут рибного господарства НААН, м. Київ

**Тарасюк С.І.** – д. с.-г. н., професор., член.–кор. НААН.

Інститут рибного господарства НААН, м. Київ

**Шапошніков В.Г.** - директор «Лебединської РМС». м. Лебедин

Проведені дослідження генетичної структури стада нивківського лускатого коропа «Лебединської РМС» за використання молекулярно-генетичних маркерів (ISSR-PCR). ISSR-аналіз дозволив вивчити генетичну мінливість на популяційному рівні. Оптимізований ISSR-метод може служити ефективним інструментом для подальших генетичних досліджень. Одержані результати дозволяють контролювати селекційно-племінну роботу в процесі відтворення генофонду наявних популяцій риб. Для підвищення ефективності селекційно-племінної роботи у рибництві доцільно використовувати генетичні маркери, які мають високу специфічність до окремих фрагментів ДНК риб.

**Ключові слова:** молекулярно-генетичні методи, ДНК-маркери, нивківський лускатий короп, генотип, амплікон

**Мариуца А. Э., Тарасюк С. И., Шапошников В. Г. - Генетическая структура стада нивчанского чешиучатого карпа «Лебединской РМС» Сумской области**

Проведены исследования генетической структуры стада нивчанского чешиучатого карпа «Лебединской РМС» при использовании молекулярно-генетических маркеров (ISSR-PCR). ISSR-анализ позволил изучить генетическую изменчивость на популяционном уровне. Оптимизированный ISSR-метод может служить эффективным инструментом для дальнейших генетических исследований. Полученные результаты позволят контролировать селекционно-племенную работу в процессе воспроизводства генофонда популяций рыб. Для повышения эффективности селекционно-племенной работы в рыбоводстве целесообразно использовать генетические маркеры, имеющие высокую специфичность к отдельным фрагментам ДНК рыб.

**Ключевые слова:** молекулярно-генетические методы, ДНК-маркеры, нивчанский чешиучатый карп, генотип, ампликон.

**Mariutsa A., Tarasiuk S., Shaposhnikov V. - Genetic structure of Nivkian scaly carp herd from "Lebedinsky FMS", Sumy region**

*Abstract. It has been investigated the genetic structure of Nivkian scaly carp herd from "Lebedinsky FMS" by the molecular genetic markers. ISSR-analysis allowed to study the genetic variability at the population level. Specific "population" polymorphic ISSR-markers identified during our investigations allow to use this information in further studies for development genetic certification using modern techniques. ISSR-analysis optimized method can serve as an effective instrument for further genetic researches of carp population. Got results, allow to control breeding tribal work in the process of gene pool reproduction of the present fish populations. For the increase of breeding work efficiency in fisheries it is expedient the using of genetic markers that have high specificity to the separate fragments of fish DNA.*

**Key words:** molecular genetics methods, genetic structure, Nivkian carp, DNA-markers, genotype, amplicon.

**Постановка проблеми.** Основним об'єктом риборозведення в Україні був і залишається короп. Породам коропа, виведеним в Україні, притаманний ряд позитивних ознак, які значно підвищують промислову та економічну цінність даного виду і роблять його основним об'єктом вітчизняного рибництва. Однак, стабілізація репродуктивного стада з потрібними показниками потребує постійної селекційної роботи, яка у класичній формі представляє собою комплекс тривалих і трудомістких методів. Тому пошук альтернативних шляхів у селекції є однією з найбільш актуальних проблем сучасного тваринництва [1, 2].

Нивківський внутрішньопорідний тип коропа створено у 60-90-х роках на базі дослідного господарства «Нивка» Інституту рибного господарства методом ввідного схрещування лускатих самок антонінсько-зозуленецького внутрішньопорідного типу коропів з самцями російської ропшинської порідної групи. Лускаті коропи – випасного типу, добре пристосовані до умов вирощування у великих руслових ставах, до споживання природних кормів, особливо за екстенсивного ведення господарства. Як показало державне породо випробування вони перевищили контрольних дзеркальних галицьких коропів за темпом росту на 17%, виживаністю на 24%, за використанням природної кормової бази – на 46%. За загальною продуктивністю рамчасті та лускаті коропи істотно не відрізняються між собою. Плодючість плідників лускатого коропа складає 300-600 тис. екз. три-, чотириденних личинок. За характером лускового покриву цей короп нагадує сазана, однак луска його більш світла, з золотавим відтінком, вона розташовується рівними черепицеподібними рядами по всьому тілу. В порівнянні з рамчастим коропом,

лускатий характеризується більш видовженими формами тіла з відносно меншою головою [3].

Збагачена спадковість нивківських короїв забезпечує їм більш раннє дозрівання, високу плодючість, ступінь виживання та темп росту. За своїми спадковими особливостями нивківські корої характеризуються підвищеною холодо-та зимостійкістю [4].

Очевидно, що розробка генетично обґрунтованих програм по збереженню, поліпшенню і раціональному використанню генофондів риб неможлива без глибоких досліджень особливостей їхніх генетичних структур. Такі дослідження є основою визначення ймовірності прояву того чи іншого стану ознаки у майбутніх нащадків.

**Аналіз останніх досліджень і публікацій.** У сучасних дослідженнях генетичної структури здебільшого використовують підходи ідентифікації поліморфізму на рівні ДНК [5, 6]. В селекційно – племінній галузі рибництва для встановлення особливостей генетичної структури груп риб все частіше використовують високополіморфні молекулярно-генетичні маркерні системи за використання ПЛР [7,8]. Популярність цих методів обумовлена, насамперед, можливістю оцінювання як міжпородної, так і внутрішньопородної мінливості досліджуваних тварин. Саме застосування у дослідженнях значної кількості маркерів, при жорсткому відборі особин з унікальним поєднанням ознак, є основним шляхом для вивчення можливих взаємозв'язків між різними морфологічними системами на рівні ДНК [9].

Для ISSR-маркерів використовують праймери, комплементарні до мікросателітних повторів, які мають на одному з кінців послідовність з 2-4 довільних нуклеотидів. За допомогою такого підходу можна ампліфікувати фрагменти ДНК, що знаходяться між двома близько розташованими послідовностями, які вважаються унікальними. У результаті одержують значну кількість видоспецифічних ПЦР-продуктів, представлених дискретними смугами на електрофореграмі [10].

**Постановка завдання.** З метою вивчення внутрішньо породних особливостей генетичної структури, пошуку генетичних відмінностей і з'ясування можливого впливу на її генетичну структуру умов розведення в роботі виконано порівняльний аналіз розподілу фрагментів ДНК у нивківського лускатого коропа за використання ISSR-методу [11].

У дослідженнях використовували особин нивківського лускатого коропа «Лебединської рибоводно-меліоративної станції», Сумської обл. Відібрано зразки крові з хвостової вени у 30 особин Як консервант використовували гепарин, з розрахунку 25 МО на 1 мл крові. Відібрану кров фракціонували центрифугуванням впродовж 10 хвилин. Отримані фракції плазми, лейкоцитів та еритроцитів фасували у пробірки типу «Eppendorf», заморожували і зберігали за температури  $-18^{\circ}\text{C}$ . ДНК виділяли з еритроцитів за допомогою набору реагентів «Diatom DNA Prep 100» згідно з рекомендаціями виробника. ПЛР проводили за використання стандартного набору для проведення полімеразної ланцюгової реакції «GenePak PCR Core» («Лабораторія Ізоген»). Для ПЛР використовували ампліфікатор «Mastercycler» (Eppendorf). У пробірки з ліофілізованою сумішшю, що містила 1 од. Таq-полімерази, 200 мкМ дезоксинуклеозидтрифосфатів, 2,5 мМ  $\text{MgCl}_2$ , вносили 5 мкл (20нг) ге-

номної ДНК, 5 мкл 0,2 мМ праймеру, 10 мкл ПЛР-розчину. Реакцію проводили в наступному режимі: перший етап – денатурація 2 хв. за 95°C; наступні 35 циклів: денатурація – 30 с за 94°C, 30 с відпал – за 58°C, синтез – 2 хв. – за 72°C. Продукти ПЛР аналізували методом електрофорезу, який проводили у 2%-ому агарозному гелі. Візуалізацію фрагментів ДНК проводили в ультрафіолетовому випромінюванні на транслюмінаторі Caution (Франція) за використання барвника бромистого етидію (0,5мкг/мл гелю) з фіксуванням електрофореграм цифровою камерою Canon EOS 450D (Японія). Визначення генотипів зразків здійснювали за використання маркеру молекулярних мас 1-kb DNA Ladder (Gibco BRL) (Україна). Статистичне опрацювання та аналіз даних гелів проводили за використання програми TotalLab V2.01 [12].

**Виклад основного матеріалу досліджень.** Аналіз поліморфізму та успадкування алельних варіантів анонімних послідовностей геномної ДНК за низкою мікросателітних праймерів проводився з використанням PCR-ISSR аналізу. При виборі праймерів керувалися тим фактором, що геном коропа містить 9% повторів типу GT і майже 3% – AC (65000-100000 копій), повторюваність. GA при цьому складає до 5000 копій на гаплоїдний набір хромосом [13]. Виходячи з хімічних властивостей будови нуклеотидів пуринової та піримідинової груп можна передбачити більшу частину мутаційних подій пуриннасичених ділянках ДНК. Крім цього, за даними інших авторів, що вивчення поліморфізму окремих локусів ДНК і розрахунку рівня гетерозиготності особин найбільш придатними виявилися локуси з високим вмістом азотистих основ групи пуринів- A+G, або пурин-піримідинових сполук A+C [14].

Проведено виявлення поліморфізму генетичної структури за використання трьох праймерів з тринуклеотидною коровою частиною і якірною з одного нуклеотиду: (AGC)<sub>6</sub>G, (ACC)<sub>6</sub>G, (AGC)<sub>6</sub>C. Досліджували отриманий спектр ампліконів та проводили оцінку гетерогенності даної популяції.

У популяції нивківського лускатого коропа за використання праймеру (AGC)<sub>6</sub>G сумарно виявлено 35 ампліконів, розмір яких знаходився у межах 450 – 2500 п.н. Спектри нараховували від двох до восьми ампліконів. За праймером (AGC)<sub>6</sub>G у популяції виявлено сім алелів. Кількість ампліконів довжиною 450 п.н., 2500 п.н., становила 11,4%. Кількість ампліконів довжиною 500 п.н., та 2000 п.н., становила 5,7%. (табл. 1).

За використання праймеру (ACC)<sub>6</sub>G у популяції виявлено дев'ять алелів. Кількість ампліконів довжиною 2000 п.н., 3500 п.н., становила 4,17%. Кількість ампліконів довжиною 800 п.н., 1600 п.н., 2500 п.н., та 3000 п.н., становила 8,3%. Кількість ампліконів довжиною 1300 п.н., та 1400 п.н., становила 16,7%. (табл. 1). У популяції нивківського лускатого коропа за використання праймеру (ACC)<sub>6</sub>G сумарно виявлено 24 амплікони, розмір яких знаходився у межах 800 – 3500 п.н. Спектри нараховували від одного до шести ампліконів. (рис.1).

У популяції нивківського лускатого коропа за використання праймеру (AGC)<sub>6</sub>C сумарно виявлено 43 амплікони, розмір яких знаходився у межах 300 – 2500 п.н. Спектри нараховували від одного до шести ампліконів. За праймером (AGC)<sub>6</sub>C у популяції виявлено 13 алелів. Кількість ампліконів довжиною 300 п.н., 450 п.н., 1000 п.н., 2000 п.н., становила 9,3%. Кількість ампліконів

довжиною 1500 п.н., та 2500 п.н., становила 6,9%. Кількість ампліконів довжиною 550 п.н., 700 п.н., та 900 п.н., становила 2,3%. Кількість ампліконів довжиною 400 п.н., та 750 п.н., становила 11,7%. (табл. 1).

**Таблиця 1 - Характеристика спектрів ISSR-PCR  
нивківського лускатого коропа**

Довжина фрагментів ДНК, п.н.	К-ть алелів	Загальна к-ть ампліконів в спектрі	% ампліконів
(AGC) <sub>6</sub> G			
2500			11,4
2000			5,7
1500			22,9
1000			20
750			23
500			5,7
450			11,4
	7	35	
(ACC) <sub>6</sub> G			
3500			4,17
3000			8,3
2500			8,3
2000			4,17
1600			8,3
1400			16,7
1300			16,7
900			25
800			8,3
	9	24	
(AGC) <sub>6</sub> C			
2500			6,9
2000			9,3
1500			6,9
1000			9,3
900			2,3
800			4,6
750			11,7
700			2,3
550			2,3
500			13,9
450			9,3
400			11,7
300			9,3
	13	43	

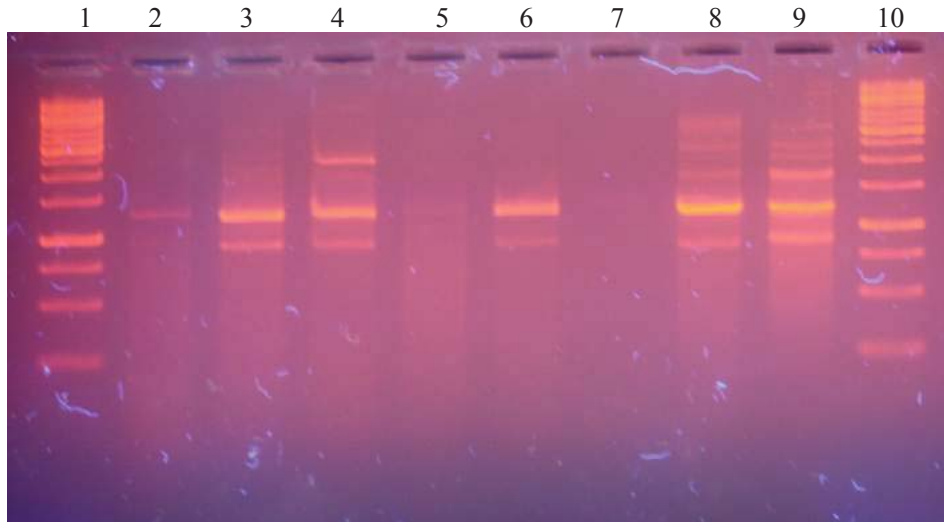


Рис.1. Електрофоретичний спектр ампліконів нивківського лускатого коропа (ISSR-PCR) отриманий за використання праймеру  $(ACC)_6G$  – доріжки № 2-9; № 1,10 – маркер молекулярної ваги Gene Ruler 1kb DNA Ladder.

**Висновки.** Таким чином, виявлені специфічні особливості розподілу алейних варіантів ДНК-маркерів можуть характеризувати напрям селекційно-плеємної роботи, яка ведеться в даному господарстві. Варіацій виявлених ампліконів достатньо, щоб формувати селекційні групи. Для підвищення генетичного розмаїття дослідженої популяції нивківського лускатого коропа доцільним є підбір батьківських пар за низкою використаних ISSR-праймерів.

#### СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Базалій В.В., Шерман І.М., Пилипенко Ю.В. Основи рибогосподарської генетики: Навч. Посібник.- Херсон: Олди-плюс, 2007.-279 с.
2. Андрияшева М.А. Концепция сохранения генофонда природных популяций рыб//ГОСНИОРХ, Санкт-Петербург, 1996.-66 с.
3. Грициняк І.І, Гринжевський М.В,Третяк О. М, Ківа М.С, Мрук А.І, Фермерське рибництво. К.: Герб,2008.- 560с.
4. Шерман І.М., Гринжевський М. В., Грициняк І.І. Розведення і селекція риб. – К.– «БМТ».– 1999,238 с.
5. Wallace R. В. DNA recombinant technology. Boca Raton (Fla.)// CRC press, 1983.212 p.
6. Saiki R.K., Gelfand D.H., Stoffel S., Higuchi R. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase // Science. 1988. V.239. N.2. P.487-91.
7. Schlotterer C. Evolutionary dynamics of microsatellite DNA.// Chromosoma. 2000; V.109. P.365–371.
8. Сулимова Г.И. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения // Генетика. 1995. Т. 31. № 9. С.1294-1299.

9. Buntjer J.B., Otsen M., Nijman I.J., Kuiper M.T.R., Lenstra J.A. Phylogeny of bovine species based on AFLP fingerprinting. //Heredity. 2002. V.88. N.1. P.46.
10. Gupta M., Chyi Y.S., Romero-Severson J., Owen J.L. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of Inter simple-sequence repeats // Theoret. Appl. Genet. 1994. V.89. P.998-1006.
11. Neve G, Meglecz E. Microsatellite frequencies in different taxa.// Trends Ecol. Evol. 2000;V15:№9 376–377.
12. <http://www.totallab.com>.
13. Wintero A.K. Variable(d Y-d T)n-(d C-d A)n sequence in the porcine genome. A.K Wintero, M. Fredhoem P.D. Tomsen \ Genomics.-1992.-V.12.-P.281-288
14. Abot P. Individual and population variation in vertebrates revealed by Intersimple sequence Repeats (ISSRs)\ P. Abot\J.Insect Sci.2001.-V.1, № 8.-P.15-18.

УДК 636.4.03.082

## М'ЯСНІ ЯКОСТІ СВИНЕЙ РІЗНИХ ГЕНОТИПІВ

**Пелих В.Г.** – д.с-г н, професор, член-кореспондент НААН України

**Ушакова С.В.** – аспірант, ДВНЗ «Херсонський державний аграрний університет»

У статті викладені результати досліджень забійних і м'ясних якостей свиней різних генотипів. Найвищий забійний вихід встановлений у тварин групи ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) 73,77 %. Свині групи ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) перевищували чистопорідних тварин та тварин генотипу ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) за площею «м'язового вічка» на +11,25 см<sup>2</sup> і +0,6 см<sup>2</sup> відповідно та за масою задньої третини напівтуши на +1,80 кг і +0,45 кг. Найменшою товщиною шпикую (15,75 мм) та вищим вмістом сирого протеїну в м'ясі (21,10 %) виділялися свині варіанту схрещування ♀(Вб×Л)×♂(П×Д). За вмістом вологи у м'язевій тканині переважали тварини групи ♀(Вб×Л)×♂(Д×П).

**Ключові слова:** схрещування, туша, м'ясні якості, товщина шпикую, площа «м'язового вічка», сирий протеїн, рН.

### **Пельх В.Г., Ушакова С.В. Мясные качества свиней разных генотипов**

В статье изложены результаты исследований убойных и мясных качеств свиней различных генотипов. Высокий убойный выход установлен у животных группы ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) 73,77%. Свиные группы ♀(Вб×Л)×♂(П×Д) превышали чистопородных животных и животных генотипа ♀(Вб×Л)×♂(Д×В) по площади «мышечного глазка» на +11,25 см<sup>2</sup> и + 0,6 см<sup>2</sup> соответственно и по массе задней трети полутуши на +1,80 кг и 0,45 кг. Наименьшей толщиной шпика ( 15,75 мм) и высоким содержанием сырого протеина в мясе ( 21,10 %) выделялись свиньи варианта скрещивания ♀(Вб×Л)×♂(П×Д). По содержанию влаги в мышечной ткани преобладали животные группы ♀(Вб×Л)×♂(Д×В).

**Ключевые слова:** скрещивание, туша, мясные качества, толщина шпика, площадь «мышечного глазка», сырой протеин, рН.

### **Pelykh V.G., Ushakova S.V. Meat quality of pigs of different genotypes**

The article presents the results of research into slaughter and carcass traits of pigs of different genotypes. The study has found the highest carcass yield in animals of the ♀(LW×L)×♂(D×P) group 73,77%. The pigs of the ♀(LW×L)×♂(P×D) group exceeded purebred animals and animals of the ♀(LW×L)×♂(D×P) genotype in the loin eye area by 11,25 cm<sup>2</sup> (P<0,001) and 0,6 cm<sup>2</sup>, respectively, and by the weight of the posterior third of half carcass by