УДК 636.4.082
© 2012
Березовський М. Д., доктор сільськогосподарських наук, професор, член-кореспондент НААНУ,
Ващенко П. А., Хатько І. В., кандидати сільськогосподарських наук
Інститут свинарства і АПВ НААН

ГЕНЕТИЧНИЙ ТРЕНД У СТАДІ СВИНЕЙ ЗАВОДСЬКОГО ТИПУ «БАГАЧАНСЬКИЙ» ВЕЛИКОЇ БІЛОЇ ПОРОДИ

Рецензент – кандидат сільськогосподарських наук Л. Г. Перетятько

Протягом 2002–2010 рр. проводилося визначення племінної (генетичної) цінності свиней створюваного заводського типу «Багачанський» у великій білій породі з використанням методу BLUP. На основі отриманих даних було охарактеризовано генетичний тренд у популяції за основними селекційними ознаками. Встановлено, що фенотипові значення ознак, які мають високий коефіцієнт успадкування досить точно відображають генетичний тренд. Мають місце й певні розбіжності: тварини зарубіжної селекції, яких використовували в 2004 році, не змогли в повній мірі проявити свій генетичний потенціал через умови утримання та годівлі.

Ключові слова: *свинарство, селекція, генетичний тренд, племінна цінність, BLUP.*

Постановка проблеми. На даному етапі велика біла порода є найбільш чисельною в Україні. Її питома вага у відношенні до інших генотипів становить 66,9 %. Від рівня продуктивності свиней цієї породи суттєво залежить ефективність виробництва продукції свинарства в країні. Тому, наразі, важливого значення для галузі свинарства набуває ефективна селекційна робота з даною породою.

Аналіз основних досліджень і публікацій, у яких започатковано розв'язання проблеми. Ефективність селекційно-племінної роботи повинна оцінюватися величиною досягнутого генетичного тренду. За даними літературних джерел відомо, що генетичний тренд (у більшості випадків) нижче від фенотипових змін. У той же час наявність негативної фенотипової тенденції не завжди обумовлена відсутністю генетичного прогресу – зниження рівня продуктивності може бути результатом погіршення умов утримання і годівлі [2].

Разом із тим генетична цінність тварини за винятком ознак, які сьогодні можна виявити за допомогою ДНК-маркерів, не піддається безпосередньому визначенню. Це обумовлює необхідність використання відповідних статистичних методів, котрі на основі власної продуктивності (фенотип) дають підстави зробити висновок про генетичну схильність до певної продуктивності (племінна цінність) і, таким чином, коректно перевести якість спадкової основи в числовий вираз [3].

Оцінка генотипу тварин у світовій практиці проводиться за різними джерелами інформації: за даними щодо продуктивності предків, сибсів і напівсибсів, потомства, власної продуктивності. Використовують як окремі джерела інформації, так і їх комбінації. В такому разі застосовують змішані лінійні моделі та методи прогнозування племінної цінності, загальні положення яких були визначені професором К. Р. Хендерсоном. Даний метод отримав назву BLUP (Best Linear Unbiased Prediction – найкращий лінійний незміщений прогноз). Використання BLUP у селекційній практиці дає змогу якнайкраще здійснювати поділ продуктивності на генетичні й не генетичні складові і в такий спосіб оцінити генетичне зрушення в популяції [1, 4–5].

Мета досліджень. Визначити ефективність селекційної роботи з новоствореним заводським типом «Багачанський», що входить до складу внутрішньопородного типу УВБ-3 великої білої породи.

Методики проведення досліджень. За матеріалами первинного зоотехнічного обліку, зібраними у провідному племзаводі Полтавської області ПАФ «Україна» (Великобагачанський район) протягом 2002–2010 років, було проведене визначення племінної цінності 4678 голів свиней створюваного заводського типу. Для цього використовували BLUP-модель одиничної тварини, що має вигляд:

$$y_i = \mu + x_i' b + a_i + e_i ,$$

де: y_i – спостереження ознаки у і-ої тварини;

$x_i b$ – сума фіксованих ефектів, що відносяться до і-ої тварини;

a_i – випадковий адитивний генетичний ефект і-ої тварини;

e_{ij} – випадкове відхилення (залишкове),

або у матричному вигляді:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \cdots \\ X_{21} & X_{22} & \cdots \\ \vdots & & \\ X_{n1} & X_{n2} & \cdots \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu \\ b_1 \\ b_2 \\ \vdots \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_{11} & Z_{12} & \cdots \\ Z_{21} & Z_{22} & \cdots \\ \vdots & & \\ Z_{n1} & Z_{n2} & \cdots \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_n \end{bmatrix}$$

де: X – матриця вияву фіксованих ефектів;

Z – матриця вияву випадкових ефектів;

μ – загальне середнє.

На основі розрахованої племінної цінності було визначено генетичний тренд за останні п'ять років за такими продуктивними ознаками: середньодобовий приріст, довжина тулуба, товщина шпику.

Результати досліджень. На рисунку 1 відображено динаміку генетичного тренду в ПАФ «Україна» за останні вісім років. Можемо відзначити стійку тенденцію до покращання даної ознаки. Суттєве зниження в 2004 році пояснюється використанням для племінної роботи генотипів зарубіжної селекції.

На рисунку 2 наводяться середні фенотипові значення товщини шпику в господарстві за ті ж самі роки. Для порівняння генотипових та фенотипових зрушень даної ознаки була проведена стандартизація значень за допомогою формули:

$$t = \frac{|X_i - \overline{X}|}{\sigma},$$

де: t – нормоване відхилення;

X_i – значення ознаки у і-тої тварини;

$\overline{X}$ – середнє значення ознаки;

σ – середньоквадратичне відхилення.

Рис. 1. Генетичний тренд за товщиною шпику

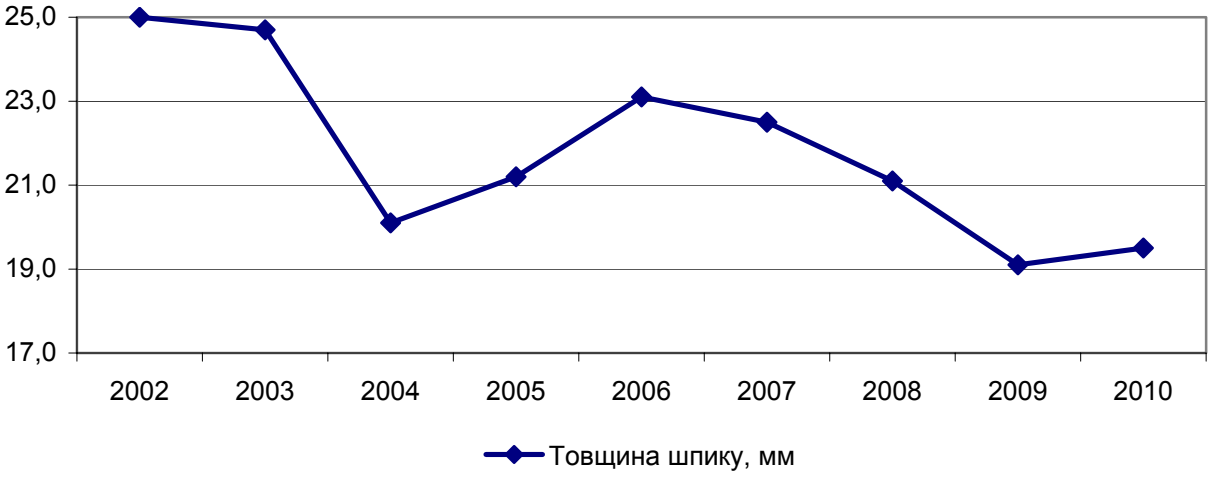

Рис. 2. Динаміка товщини шпику за роками

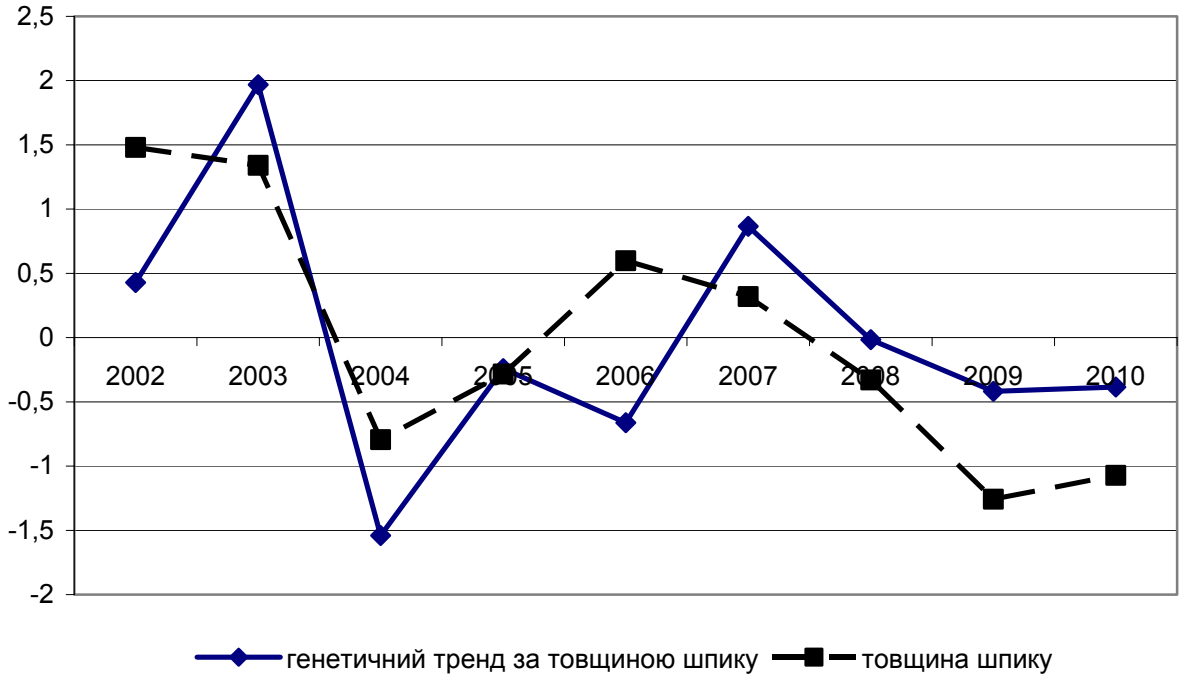

Рис. 3. Порівняння оцінок за фенотипом і генотипом (товщина шпику)

Як бачимо з рисунка 3, за рахунок того, що товщина шпику має досить високий коефіцієнт успадкування, фенотипові значення даної ознаки вкрай непогано відображають генетичний тренд. Водночас встановлено певні розбіжності: тварини зарубіжної селекції, яких використовували в 2004 році, не змогли в повній мірі проявити свій генетичний потенціал через умови утримання й годівлі, також і в 2006 році підвищення товщини шпику було викликане паратиповими факторами, а не генетичними.

Аналогічну картину ми спостерігаємо і за ознаками довжини тулуба та віком досягнення маси 100 кг (рис. 4 і 5).

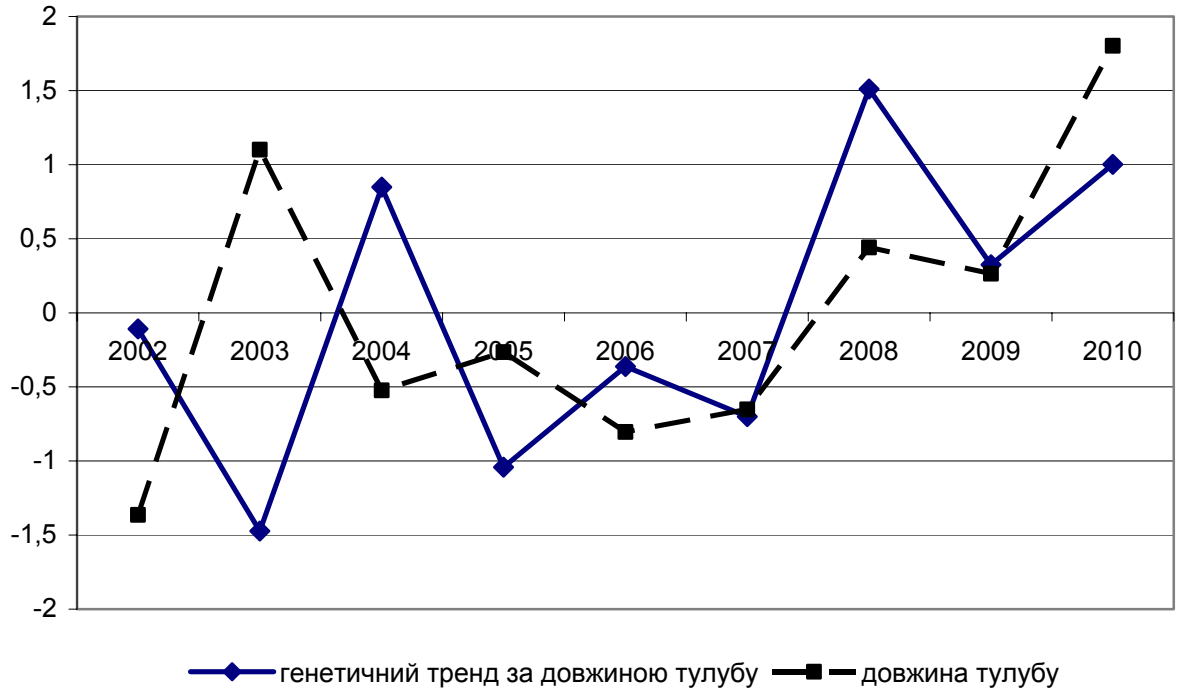

Рис. 4. Порівняння оцінок за генотипом і фенотипом (довжина тулуба)

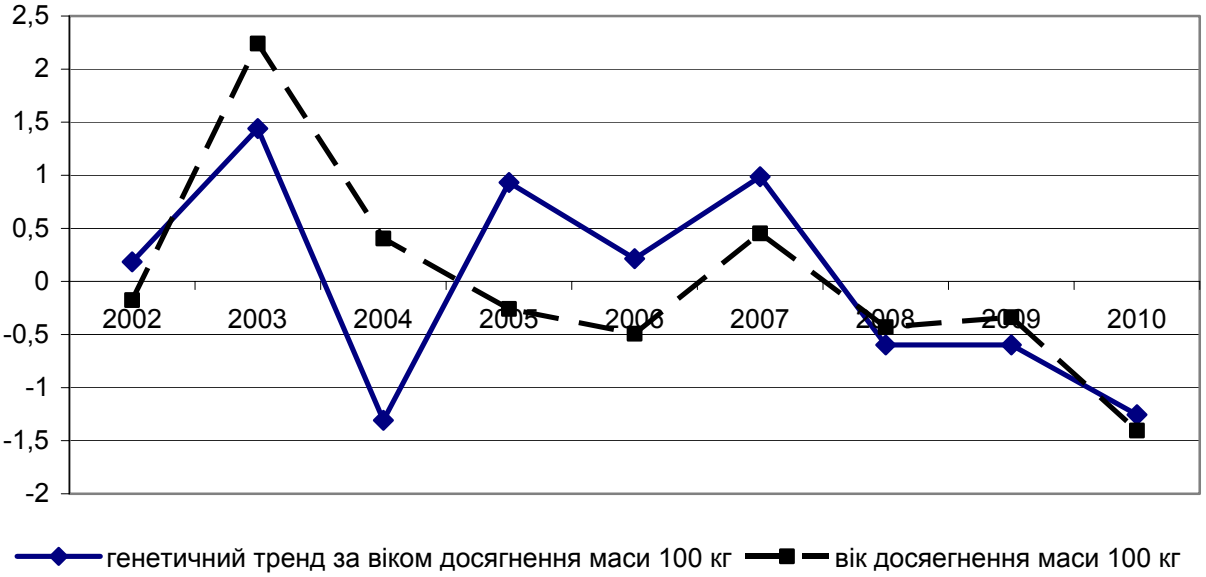

Рис. 5. Порівняння оцінок за фенотипом і генотипом (вік досягнення маси 100 кг)

Висновки:

1. Визначення генетичного тренду на основі даних щодо племінної цінності тварин, отриманої методом BLUP, показало, що за останні 8 років у господарстві ПАФ «Україна» спостерігається стійка тенденція покращання за основними ознаками відгодівельної та м'ясної продуктивності свиней заводського типу «Багачанський». Водночас найбільше значення генетичного зрушення продуктивних ознак зафіксовано після використання генотипів зарубіжної селекції.

2. Встановлено, що фенотипові значення ознак, які мають високий коефіцієнт успадкування, досить точно відображають генетичний тренд. Мають місце і певні розбіжності: тварини зарубіжної селекції, яких використовували в 2004 році, не змогли в повній мірі проявити свій генетичний потенціал через умови утримання і годівлі. Також і в 2006 році підвищення товщини шпику було викликане паратиповими, а не генетичними факторами.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. *Александров Б. В.* Применение пробит-метода для обработки результатов оценки наследственных качеств хряков / Б. В. Александров, В. З. Боркум, З. А. Маштак [и др.] // Вопросы селекции и разведения в животноводстве: Сб. науч. тр. – М., 1985. – С. 25–33.

2. *Косяченко Н. М.* Анализ и оценка генетического потенциала ярославской породы крупного рогатого скота с разработкой методов по его контролю и управлению : Автореф. дис. … доктора биол. наук : спец. 02.06.01 «Разведение, селекция, генетика и воспроизводство сельскохозяйственных животных» / Н. М. Косяченко. – СПб. – Пушкин, 1998. – 36 с.

3. *Чинаров Ю.* Метод племенной оценки свиней на основе BLUP / Ю. Чинаров, Н. Зиновьева, Л. Эрнст // Животноводство России. – 2007. – № 2. – С. 45–46.

4. *Piepho H. P.* A comparison of experimental designs for selection in breeding trials with nested treatment structure / H. P. Piepho, E. R. Williams // Theor Appl Genet. – 2006. – 113:1505-1513. – DOI 10.1007/s00122-006-0398-8.

5. *Satoh M.* A method of computing restricted best linear unbiased prediction of breeding values for some animals in a population // J. Anim Sci. – 2004. – 82:2253-2258.