



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **34698** (13) **U**

(51) МПК (2006)

A01K 67/00

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ  
І НАУКИ УКРАЇНИДЕРЖАВНИЙ ДЕПАРТАМЕНТ  
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ  
ВЛАСНОСТІ**ОПИС  
ДО ПАТЕНТУ  
НА КОРИСНУ МОДЕЛЬ**видається під  
відповідальність  
власника  
патенту**(54) ЗАСТОСУВАННЯ МЕТОДУ ISSR-ТИПУВАННЯ ДЛЯ ОПТИМІЗАЦІЇ СЕЛЕКЦІЙНОГО ПРОЦЕСУ У МАЛОЧИСЕЛЬНИХ ПОРОДАХ СВИНЕЙ ЯК ЗАСОБУ ІНДИВІДУАЛЬНОГО ПІДБОРУ ДЛЯ ПІДВИЩЕННЯ ПРОДУКТИВНОСТІ ТА ЗБЕРЕЖЕННЯ ГЕНЕТИЧНОЇ РІЗНОМАНІТНОСТІ ТВАРИН ЗНИКАЮЧИХ ПОПУЛЯЦІЙ**

1

2

(21) u200715045

(22) 29.12.2007

(24) 26.08.2008

(46) 26.08.2008, Бюл.№ 16, 2008 р.

(72) ВОЙТЕНКО СВІТЛАНА ЛЕОНІДІВНА, UA,  
МЕТЛИЦЬКА ОЛЕНА ІВАНІВНА, UA,  
ВИШНЕВСЬКИЙ ЛЕОНІД ВАСИЛЬОВИЧ, UA,  
ПІСКОВИЙ МИКОЛА БОРИСОВИЧ, UA(73) ІНСТИТУТ СВИНАРСТВА ІМЕНІ  
О.В.КВАСНИЦЬКОГО УААН, UA

(57) Застосування методу ISSR-типування для оптимізації селекційного процесу у малочисельних породах свиней як засобу індивідуального підбору для підвищення продуктивності та збереження генетичної різноманітності тварин зникаючих популяцій.

Корисна модель відноситься до галузі сільського господарства, а саме, свинарства і може бути застосована для підвищення продуктивності тварин мало чисельних вітчизняних генотипів та збереження їх генофонду.

Вивчено використання сучасних методів ДНК-технологій для підвищення продуктивності свиней мало чисельної популяції [1].

Сучасні генетичні методи - це методи ДНК-технологій, а саме ISSR-типування з використанням олігонуклеотидів S1, S2 [2, 3, 4].

Висновок про можливість використання генетичних методів для підвищення показників відтворювальної здатності свиней локальної вітчизняної популяції зроблено за результатами власних досліджень [5, 6].

Можливість здійснення корисної моделі, що заявляється, підтверджується власними дослідженнями.

Впровадження методу ISSR-типування для контролю селекційного процесу свиней вітчизняних локальних популяцій проводиться наступним чином. На основі молекулярно-генетичних маркерів, з урахуванням генетичної подібності між тваринами, розробляється план підбору кнурів і свиноматок для відтворення поголів'я. Шкалу поділу за генетичною схожістю розроблено на базі даних, одержаних за результатами визначення генетичної подібності між тваринами. За основу взято генетичну подібність від 0,5 до 0,9 з інтервалом градації 0,09 і в цих межах проаналізовано показники

багатоплідності, кількості поросят, середньої маси однієї голови та маси гнізда поросят при відлученні у 45 днів. У контрольній групі проводився індивідуальний підбір кнурів і свиноматок без урахування індексу схожості.

За результатами досліджень програмованого підбору встановлено підвищення на 6,2-10,3%; багатоплідності, 2,2-7,7%; кількості поросят при відлученні 9,7-27,9%; маси гнізда та 8,6-9,6% однієї голови при відлученні у поєднаннях кнурів і свиноматок, генетична подібність між якими 0,5-0,69 порівняно з використанням індивідуального підбору тварин на основі племінного обліку.

Висока генетична схожість (0,8-0,89) знижує на 14,4% багатоплідність у порівнянні з тваринами контрольної групи та 16,9-28,9% з дослідними групами, коефіцієнт подібності яких значно менший. Інші показники відтворювальної здатності свиноматок мали подібну закономірність.

Таким чином, результати визначення впливу гомогенного підбору тварин за генетичними маркерами на їх подальшу продуктивність, у даному випадку відтворювальну здатність, вказують на ефективність і доцільність впровадження генетичних методів для підвищення продуктивності тварин. Підбір батьківських пар для відтворення поголів'я, без урахування їх подібності за генетичними методами, створює загрозу стихійного інбридингу та знижує продуктивність. Найбільш оптимальним варіантом підбору кнурів і свиноматок у селекційних стадах мало чисельних порід свиней визнано такий, коли

(13) **U**(11) **34698**(19) **UA**

генетична подібність між тваринами становить 0,5-0,69. Не бажано проводити підбір тварин з індексом генетичної схожості 0,7-0,79 та без урахування даного показника, а з генетичною схожістю 0,8-0,89 вважати таким, що негативно впливає на відтворювальну здатність свиноматок.

Список використаної літератури:

1. В.И.Глазко, Г.В.Глазко. Введение в ДНК технологии и биоинформатику / Под редакцией Т.Т.Глазко. - К.: Нора-друк, 2001. - 544с.

2. Йовенко В.М. Метод програмованого добору батьківських пар овець на основі генетико-молекулярних маркерів // Науково-технічні розробки в галузі тваринництва. - Нова Каховка: "ПІЕЛ", 2006. - С. 144-145.

3. Доменюк В.П., Белоусов А.О., Сиволап Ю.М. Ефективність добору за ДНК-маркерами локусів кількісних ознак в популяціях кукурудзи // Цитология и генетика. -Т.38. -№1. -2004. -С.44-48.

4. Appuktan R. Pradeep, Shankar N. Chatterjee, Chirakkara Y. Nair. Genetic differentiation induced by selection in an inbred population of the silkworm *Bombyx mori*, revealed by RAPD and ISSR marker systems // J. Appl Genet. - 2005. - V 46. - N 3. - P. 291-298.

5. Войтенко С.Л., Метлицька О.І., Почерняєв К.Ф., Вишневський Л.В., Петренко С.М. Використання ДНК-технологій для оптимізації селекційного процесу в малочисельних популяціях свиней // Вісник Полтавської державної аграрної академії. - 2007. - №2. - с.92-95.

6. Войтенко С.Л., Метлицкая Е.И., Вишневский Л.В., Писковой Н.Б. Методы сохранения и использования малочисленных пород свиней в Украине // Сб. научных трудов XIУ международной конференции по свиноводству «Современные проблемы интенсификации производства свинины». - Ульяновск, 2007. - т.1. - с.142-145.