

глибині 5,5–6 м при роботі земснаряду. Ф. ПКМ. — Інв. № ПКМ 28088, П.3321.

Перший шийний хребець(атлант). На місці будівництва Кременчуцької ГЕС, 1958 р. Ф. ПКМ. — Інв. № ПКМ 16045, П.2420.

#### Література

1. Громова В. Краткий обзор четвертичных млекопитающих Европы. — М.: Наука, 1965. — 142 с.
2. Серебряный Л.Р. Древнее оледенение и жизнь. — М.: Наука, 1980. — 128 с.
3. Природная обстановка и фауны прошлого. — К.: Наукова думка, 1968. — Вып. 4. — 199 с.
4. Ежегодник музея Полтавского губернского земства. 1913 год. — Полтава: Электр. Типо-Литография И.Л. Фришберга, 1915. — 82 с.
5. Штерне К. Эволюция мира. — М., 1910. — 458 с.
6. Отчет о естественно-историческом музее Полтавского губернского земства за 1908 г. — Полтава: Типография Бр. Попиловых, 1909. — С. 5–7.
7. Щорічник Полтавського народного природничого музею // Ред. В. Ніколаєв. — 1916–1918. — №–5–6–7. — 1919. — 59 с.
8. Підоплічко І.Г. Матеріали до вивчення минулих фаун УРСР. — К.: АН УРСР, 1956. — 234 с.
9. Гвриленко І.М., Кондратенко Т.К., Чубур А.А. Плейстоценова мегафауна лісостепового лівобережжя Дніпра // Археологічний літопис Лівобережної України. — 2002. — №1. — С. 121–130.
10. Котлік О. Палеонтологічні знахідки // Соціалістичне село. — 1956. — 5 квітня. — С. 2.
11. Музиченко Н.В. Знахідки плейстоценової фауни в палеонтологічній колекції Кременчуцького краєзнавчого музею // Археологічний літопис Лівобережної України. — 2002. — №1. — С.131–133.

### **ВИКОРИСТАННЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ ПРИ ВИРІШЕННІ АКТУАЛЬНИХ ПИТАНЬ СВИНАРСТВА**

*Лядський І.К., Почерняєв К.Ф.*

*Полтавський державний педагогічний університет імені В.Г. Короленка  
Інститут свинарства імені О.В. Квасницького УААН*

Свинарство — один з найдавніших розділів тваринництва. Головними напрямками свинарства є дослідження та удосконалення особливостей умов утримання, розведення і селекції свиней, їх походження, поширення та анатомо-морфо-фізіологічні особливості цих тварин. Ця галузь сільського господарства динамічно розвивається та використовує в своїй діяльності досягнення інших наукових дисциплін, зокрема й молекулярної генетики, в тому числі її розділу — ДНК-технології.

ДНК-технології — новий розділ молекулярної генетики, спрямований на розробку методів безпосереднього вивчення та зміни ДНК [4]. Їх методи дозволяють значно поліпшити селекційний процес, вдосконалити його стадії (покращити ефективність відбору необхідних особин, генно-інженерні методики оптимізації селекційного процесу, поява мож-

ливості міжвидового схрещування та штучного запліднення). Всі ці прогресивні технології сприяють збільшенню ефективності свинарства, покращенню кінцевих результатів та зниженню затрат, в зв'язку з вдосконаленням експериментальної частини і збільшенням теоретичної та практичної бази для подальшої діяльності [6].

Наведемо деякі приклади використання молекулярно-генетичних досліджень, спираючись на роботу, що проводиться на базі лабораторії генетики інституту свинарства імені О.В. Квасницького УААН.

Перспективним є вивчення **SNP** (*однонуклеотидного поліморфізму генів / single nucleotide polymorphism*) — джерела алельних варіантів генів, в тому числі і тих, які контролюють важливі господарські ознаки. Наприклад, в лабораторії генетики інституту свинарства проведені популяційні дослідження розповсюдження мутантних алелів гену **RYR 1** (*ryanodine receptore gene*), що визначає стресчутливість свиней, впливає на м'ясність, якість м'яса, репродуктивні характеристики, корелюється зі збереженістю порослят раннього віку [2]. Практикується також ДНК-типуння свиней по гену гормону росту (**соматотропіну**). Знайдені суттєві зв'язки алелів gena з показниками відгодівельних якостей, структурою туши тварин та її лінійними промірами [1]. Розпочато цілий ряд досліджень з пошуку асоціації **SNPs** ряду інших генів (наприклад, **MC4R** — ген рецептору меланокортину-4) з товщиною сала в тушах свиней і якістю м'яса.

Актуальним питанням в генетиці сільськогосподарських тварин є **паспортизація** порід та генеалогічних груп тварин (ліній, родин); що не завжди можливо з використанням хромосомних маркерів; вивчення процесів доместикації, міграції та породоутворення. Ці питання вирішуються завдяки використанню техніки **ДНК-типуння** не ядерного, а мітохондріального геному [3,8,9,12]. Як відомо, він представлений однією групою зчеплення (однією хромосомою) та має вищу (у 5–10 разів) у порівнянні з ядерними генами швидкість еволюції. Відсутність рекомбінації, незначний розмір та материнський тип успадкування робить його ще привабливішим для генеалогічних досліджень.

Пояснення необхідності вивчення мітохондріального геному полягає у тому, що морфологічна подібність між певними породами свійських тварин та підвидами, які зараз існують в дикому стані, не є обов'язково доказом доместикації саме цих підвидів, так як схрещування у далекому минулому тварин різного генетичного походження може привести до подібності, що, спостерігається зараз, як на рівні фенотипу, так і ядерного генотипу. Вивчення мітохондріальних геномів дало нагоду через ряд поколінь розрізнити в сучасних породах свійських тварин їх диких предків, не звертаючи увагу на морфологічні зміни викликані доместикацією та міжпородним схрещуванням [5,8].

Питання часу й місця доместикації диких свиней було досліджене за допомогою даного підходу. Наприклад, з використанням методу поліморфізму довжин рестриктних фрагментів (ПДРФ) була досліджена мт-ДНК восьми тварин європейського дикого кабана та восьми тварин породи німецький ландрас. Рестрикційні сайти мт-ДНК дикого кабана та німецького ландраса виявились повністю ідентичними [13]. Вчені університету Саарланд, Німеччина зробили висновок — німецький ландрас походить від європейського дикого кабана, що пояснює відсутність в історії виведення німецького ландраса свідощв використання азійського материнського типу.

Подібні дослідження 29 місцевих китайських порід, однієї європейської породи та дикого кабана, забезпечили молекулярний доказ на підтримку гіпотези, про подвійне материнське походження європейських порід, від азіатського та європейського дикого кабана, в той час, як китайські місцеві породи можуть мати одного предка [14].

Незначний розмір мітохондріального геному забезпечує йому більшу збереженість не протязі тривалого часу, в порівнянні з ядерним [8]. Ця властивість широко використовується в палеогенетичних дослідженнях. Певна робота в даному напрямку проводилася і на базі лабораторії генетики інституту свинарства УААН, в співпраці з Центром охорони та дослідження пам'яток археології управління культури Полтавської облдержадміністрації та Інститутом історії матеріальної культури Російської АН [7,10,11].

В лабораторії генетики Інституту свинарства розроблено техніку **ISSR типування** (полягає у використанні мікросателітних локусів як ділянок випалу праймерів і ампліфікації ділянок, які знаходяться між їх інвертованими повторами), за допомогою якої проведено популяційний аналіз в ряді стад великої білої, великої чорної та миргородської порід, що дозволило оцінити ефективність „прилиття крові”, відібрати тварин генетично наближених до вихідних генотипів, або породи-поліпшувача, скорегувати селекційний процес в потрібному напрямку [3].

Важливою складовою селекційної роботи є контроль походження тварин, точності записів родоводів. Генетична експертиза походження проводиться на основі типування особин за допомогою молекулярно-генетичних маркерів [3]. Генетична експертиза походження поросят-трансплантантів в дослідіах по ембріотрансплантації та походження молодняку, в окремих стадах племінних тварин, дали конкретні результати і були першими прикладами успішного застосування розробленої технології.

Підсумовуючи все вищесказане, можна зробити висновок, що велика кількість досліджень в галузі молекулярної генетики і селекції свині проводиться на базі лабораторії генетики Інституту свинарства імені О.В. Квасницького УААН. До найбільш перспективних напрямків належать вивчення SNPs (наприклад, гени RyR 1 та MC4R, ген соматотропіну), паспортизація порід та генеалогічних груп тварин з використанням техніки ДНК-типування мітохондріального геному, палеогенетичні дослідження, ISSR-типування, контроль походження тварин і точності запису родоводів.

#### Література

1. Балацкий В.Н. Генетический полиморфизм соматотропина и ассоциации его аллелей с количественными признаками животных // Сельскохозяйственная биология. — 1998. — №4. — С. 43–54.
2. Балацкий В.Н., Метлицкая Е.И. ДНК-диагностика стрессиндрома свиней и ассоциация RYR 1-генотипов с жизнеспособностью поросят раннего возраста // Цитология и генетика. — 2001. — №3. — С. 43–49.
3. Балацкий В.Н., Почерняев К.Ф. Використання ДНК-типування в практиці селекційно-племінної роботи // Вісник Полтавської державної аграрної академії. — 2005. — №3. — С. 25–26.

4. Глазко В.И., Глазко Г.В. Русско-англо-украинский толковый словарь по прикладной генетике, ДНК-технологии и биоинформатике. — К.: Нора-принт, 2000. — 464 с.
5. Закалюжний В.М., Почерняев К.Ф., Лядський І.К. Морфолого-анатомічні та генетичні особливості domestикації великої рогатої худоби // Мат. Всеукр. студ. наук.-практ конф. „Біологія та проблеми захисту генофонду домашніх та декоративних тварин”. — Полтава, 2005. — С. 33-37.
6. Лядський І.К. Досягнення та перспективи молекулярної генетики в контексті генетичної освіти // Біоетика: сучасний стан та перспективи розвитку / Всеукр. студ. наук.-практ. конф. — Полтава, 2006. — С. 135-143.
7. Лядський І.К. Нові можливості роботи з викопним остеологічним матеріалом // Мат. Всеукр. студ. наук.-практ. конфер. „Проблеми відтворення та охорони біорізноманіття України” (до 115-річниці М.І. Гавриленка). — Полтава, 2004. — С. 179-181.
8. Почерняев К.Ф. Використання поліморфізму мітохондріальної ДНК у дослідженні сільськогосподарських тварин // Вісник Полтавської державної аграрної академії. — 2003. — №5. — С. 122-125.
9. Почерняев К.Ф. Спосіб визначення мітохондріальних гаплотипів свиней / Деклараційний патент України №А61D7/00 з пріоритетом від 16.05.2005, бюлетень №5.
10. Почерняев К.Ф., Каспаров О.К., Лядський І.К. Визначення придатності викопних кісток, знайдених на території України, для аналізу ДНК // Археологічний літопис Лівобережної України. — 2003. — №2. — С. 124-127.
11. Почерняев К.Ф., Лядський І.К. Удосконалення методу виділення ДНК з кісток вищих викопних ссавців // Вісник Білоцерківського державного аграрного університету: Зб. наук. праць. — Біла Церква, 2004. — Вип. 29. — С. 198-203.
12. Почерняев К.Ф., Сметанін В.Т. Аналіз локальної популяції свиней із використанням методу ПЛР-ПДРФ мітохондріальної ДНК // Науковий вісник ЛНАВМ імені С.З. Гжицького. — 2005. — Т.7. — №2. — С. 240-245.
13. Chen H, Leibenguth F. Restriction patterns of mitochondrial DNA in European wild boar and German Landrace // Comp. Biochem. Physiol. B. Biochem. Mol. Biol. — 1995. — V.110. — P. 725-728.
14. Huang Y.F., Shi X.W., Zhang Y.P. Mitochondrial genetic variation in Chinese pigs and wild boars // Biochem. Genet. — 1999. — V.37. P. 335-343.

## **БІОЛОГІЧНЕ РІЗНОМАНІТТЯ ТВАРИННОГО СВІТУ ПРИ ВІДНОСНІЙ СТАЛОСТІ БУДОВИ ЖИВОЇ МАТЕРІЇ НА ПРИКЛАДІ КОРОПОВИХ РИБ**

*Ляньзберг О.В., Лагутік О.П.  
Херсонський державний аграрний університет*

Біологічне різноманіття тваринного світу обумовлюється великою кількістю систематичних угруповань. В сучасному світі має місце тенде-