

8. Галицька Т.В. Особливості вивчення кріорезистентних властивостей ооцит-кумулюсних комплексів свинок різних порід / Т.В. Галицька, П.А. Троцький // Науково-технічний бюлетень. – Львів, 2011. – Вип.12, №. 1, 2– С. 228-332.

9. Capacitation of bovine spermatozoa by oviduct fluid / Parrish J.J., Susko-Parrish J.L., Handron R.R. [et al.] // Biol.Reprod.– 1989.– V.40.– P. 1020–1025.

10. Relationship between the cell number and Quality of Day-8 bovine blastocysts / Ushijima M., Okuda M., Nakajama T. [et al.] // Proc. 3 rd East Jpn. Soc. Anim. Embr. Trans.- 1988.– №9.– P. 37–38.

Проведено сравнительный анализ индивидуальных особенностей ооцит-кумулюсных комплексов свинок породы большая белая при криоконсервировании, а также морфологическую и цитогенетическую оценку полученных in vitro эмбрионов свиней. Установлено, что индивидуальные особенности по разному влияют на уровень формирования эмбрионов in vitro полученных из деконсервованных и созревших вне организма яйцеклеток.

The comparative analysis of individual features is conducted oocyte-cumulus complexes piggy-wiggies of breed large white at cryopreservation and morphological and cytogenetic estimation of got in vitro embryos pigs. It is set that individual features on different influence on the level of forming embryos in vitro got from frozen-thawed and mature out of organism ovules.

Дата надходження в редакцію: 29.11.2012 р.

Рецензент: д.с.г.н., професор Г.П. Котенджи

УДК 636.2.082:575.2.

ГЕНЕТИЧНА МІНЛИВІСТЬ ГАМЕТ У БУГАЇВ І КОРІВ ПРИ РІЗНИХ РІВНЯХ КОНСОЛІДАЦІЇ ЇХ СПАДКОВОСТІ

І.П. Петренко, д.с.-г.н., Інститут розведення і генетики тварин НААН України

О.Д. Бірюкова, к.с.-г.н., Інститут розведення і генетики тварин НААН України

Проведено теоретичний аналіз ймовірного утворення генетичної різноманітності гамет у бугаїв і корів за адитивним генетичним потенціалом активності (А.Г.П.А.) хромосом при різних рівнях консолідації їх спадковості.

Відбір і підбір тварин в породі, популяції за показниками племінної цінності їх селекційних ознак продуктивності, а також безпосередньо наявний стан їх спадковості – всіх гомологічних пар хромосом у тварин, а саме їх гетерологічність та консолідованість, є основними рушійними чинниками селекційного процесу в поколіннях потомства [1, 9, 10].

Теоретичне передбачення або визнання того, що кожна хромосома з гомологічної пари в каріотипі тварин в породі, популяції має більш за все різний, тобто одна більший (Б.) «+», а друга менший (М.) «-» адитивний (А.) генетичний (Г.) потенціал (П.) активності (А.) (гетерологічний стан всіх хромосом), або деякі з них рівний генетичний потенціал (консолідований стан певних хромосом) за впливом на прояв кількісних селекційних ознак продуктивності тварин дає можливість для пояснення та розуміння при відповідному моделюванні динаміки змін багатьох важливих селекційних процесів в породі, популяції [9, 10].

Вважаємо, що більший (Б.А.Г.П.А.«+») і менший (М.А.Г.П.А.«-») адитивний генетичний потенціал активності двох хромосом у всіх гомологічних пар каріотипу кожної тварини за впливом на прояв кількісних селекційних ознак продуктивності в породі, популяції створюється

реальною, об'єктивною наявністю різноманітного алельного складу чисельної кількості всіх функціонально активних локусів, алелей в них (хромосомах тварин), що беззаперечно, постійно підтверджується багатьма сучасними конкретними генетичними дослідженнями [2-8].

Зазначаємо, що менший (М.А.Г.П.А. «-») генетичний потенціал хромосоми з умовним позначенням «-» не означає, що цей адитивний потенціал має від'ємне значення і віднімається (-) в геномі гамети чи генотипі тварини. Ні, він завжди позитивний і тільки додається (+) до адитивного генетичного потенціалу інших хромосом з (Б.А.Г.П.А. «+» і М.А.Г.П.А. «-») потенціалом, що і створює сумарно загальний адитивний генетичний потенціал активності окремої гамети чи генотипу тварини в цілому в породі, популяції.

Метою даних досліджень були розробка методики, відповідних формул та теоретичний аналіз ймовірного утворення генетичної різноманітності гамет у різних видів тварин за кількісною мінливістю хромосом з Б.А.Г.П.А. «+» і М.А.Г.П.А. «-» адитивним генетичним потенціалом спадковості у повністю гетерогенних і частково консолідованих популяціях, яка б враховувала кількість пар хромосом (N) в їх каріотипах і їх реальній стан в генотипі тварин (гетерологічність і консолідованість).

Матеріал і методика досліджень. Теоретичне моделювання утворення (достатньо простої і досить узагальненої) генетичної мінливості гамет у тварин проводилось для великої рогатої худоби, яка має в своєму каріотипі 30 пар гомологічних хромосом (N), кожна з яких в парі має різний (більший Б. «+» і менший – М. «-») адитивний генетичний потенціал активності (А.Г.П.А.) за певними кількісними селекційними ознаками продуктивності.

Були розроблені відповідні формули (1, 2), які на ймовірній основі відображають закономірність утворення гамет у бугаїв і корів за кількісним поєднанням хромосом з більшим (Б.А.Г.П.А. «+») і меншим (М.А.Г.П.А. «-») адитивним генетичним потенціалом активності для повністю гетерогенних і різного рівня консолідованих тварин:

$$D_{\Gamma} = 2^{N-n} \cdot \sum_{i=0}^n \cdot C_n^i \cdot k^{i + \frac{N-n}{2}} \cdot a^{N - (i + \frac{N-n}{2})} - (1);$$

(1) – для парних чисел (2; 4; 6;...) гетерологічних пар хромосом в каріотипі тварини:

$$D_{\Gamma} = 2^{N-(n+1)} \cdot \sum_{i=0}^{n+1} \cdot C_{n+1}^i \cdot k^{i + \frac{N-(n+1)}{2}} \cdot a^{N - (i + \frac{N-(n+1)}{2})} - (2);$$

(2) – для непарних чисел (1, 3, 5 ...) гетерологічних пар хромосом в каріотипі тварини:

$P_{\Gamma(\text{гамет})}$ – генетична різноманітність гамет за поєднанням хромосом з більшим (Б.А.Г.П.А. «+») і меншим (М.А.Г.П.А. «-») адитивним генетичним потенціалом активності; N – кількість пар гомологічних хромосом в каріотипі тварини; k, a – хромосоми з більшим «+» і меншим «-» адитивним генетичним потенціалом активності в геномі

гамет (спермії чи яйцеклітині);
 $i + \frac{N-n}{2}$;
 $N - (i + \frac{N-n}{2}); i + \frac{N-(n+1)}{2}; N - (i + \frac{N-(n+1)}{2})$

- різні показники ступеня при k і a, що визначають кількість хромосом відповідного потенціалу («+» і «-») в тій чи іншій гаметі (спермії, яйцеклітині);

$\sum_{i=0}^n, \sum_{i=0}^{n+1}$ - знаки сум, що показують кількість ймовірних комбінацій хромосом в наведених

формулах (1, 2); C_n^i, \tilde{N}_{n+1}^i - ймовірні комбінації хромосом з різним генетичним потенціалом активності («+» і «-»), що визначають кількість гамет в кожному класі відповідних поєднань; n – кількість пар хромосом в генотипі тварини в

гетерологічному стані; - змінна величина, яка приймає відповідні цілі цифрові значення від 0 до n.

На основі формул (1, 2) були розроблені відповідні програми для комп'ютера і проведено (кількісні і у відсотках, %) розрахунки ймовірної

генетичної різноманітності гамет у бугаїв і корів для шести (6) різних рівнів консолідації їх спадковості (0; 20; 40; 60; 80; 100%), що відповідає наступному кількісному гетерологічному стану гомологічних пар хромосом в їх каріотипах (n=30; 24; 18; 12; 6; 0).

Зазначимо, що більш точний, але дуже складний і громіздкий процес можливого аналізу генетичної мінливості гамет за ймовірним поєднанням «+» і «-» (А.Г.П.А.) можна проводити далі (по горизонталі), тобто необхідно розкривати внутрішню структуру цієї мінливості в межах кожного із 31 теоретично утворюваних класів гамет (по вертикалі).

Результати досліджень. Теоретичне моделювання процесу утворення гамет у бугаїв і корів згідно запропонованої методики та формул наведено в табл. 1, де показано ймовірність кількісного комбінування хромосом з різними значеннями адитивного генетичного потенціалу активності (А.Г.П.А. «+» і «-») в них при змінних ступенях консолідації спадковості. Дані свідчать, що найбільший розмах генетичної мінливості гамет за кількісним поєднанням хромосом з Б.А.Г.П.А. «+» і М.А.Г.П.А. «-» адитивним генетичним потенціалом активності спостерігається у тварин з 100% гетерологічністю стану гомологічних хромосом (31 клас гамет по вертикалі). При зростанні рівня консолідації спадковості у тварин (до 20, 40, 60, 80, 100%) генетична мінливість, різноманітність гамет за цим показником постійно зменшується відповідно до 25,19, 13, 7 і 1 класів по вертикалі (табл. 1), тобто від 100 і до 3,2-0%.

Отже, структура гамет за кількісним поєднанням А.Г.П.А. («+» і «-»), яка ймовірно утворюється у бугаїв і корів, достатньо різна при мінливих рівнях консолідації їх спадковості і коливається в межах від (0 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 30 хр. М.А.Г.П.А. «-») до (30 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 0 хр. М.А.Г.П.А. «-») при 100% гетерологічності гомологічних пар хромосом в їх генотипах і до формально одного класу гамет типу (15 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 15 хр. М.А.Г.П.А. «-») при 100% їх консолідації. Цей клас гамет у таких тварин необхідно виключно позначати , як (30 хр. Б.А.Г.П.А. «+». Мах), так, як вони створюються тільки тривалою інтенсивною селекцією за певними кількісними ознаками продуктивності.

Слід зазначити, що гамет, які несуть сумарно найбільший адитивний генетичний потенціал активності (30 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 0 хр. М.А.Г.П.А. «-» або 29 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 1 хр. М.А.Г.П.А. «-» та інші), які мабуть найбільш цікаві і бажані для селекції, теоретично утворюється дуже і дуже мало, всього відповідно 1 і 3 на 10 млн. (спермій або яйцеклітин) і лише у тварин з 0% рівнем консолідації їх спадковості. У тварин з 20% рівнем консолідації спадковості і вище взагалі не утворюються гамети такої генетичної

структури (табл. 1).

Як видно із таблиці 1 у тварин з 100% рівнем консолідації спадковості утворюється лише один тип гамет за генетичною структурою, а саме (15 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 15 хр. М.А.Г.П.А. «-»). Проте, це не означає, що функціонально цей тип гамет має менший адитивний генетичний потенціал активності, ніж гамети структурного типу (30 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 0 хр. М.А.Г.П.А. «-») у тварин із початкової гетерогенної популяції (при 0% консолідації). Навпаки, гамети структурного типу (15 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 15 хр. М.А.Г.П.А. «-»), у відселекціонованих тварин із 100% рівнем консолідації спадковості несуть генетично і функціонально і найбільший адитивний генетичний потенціал активності хромосом, тобто їх клас стає, як (30 хр. Б.А.Г.П.А. «±»). Мах), що відмічалось вище, так як в процесі тривалої інтенсивної селекції їх за кількісною селекційною ознакою продуктивності, що приводить до зростання рівня консолідації спадковості в породі,

популяції, постійно і поступово відбираються, накопичуються в поколіннях потомства саме ті хромосоми (від М «-» до Б «+»). Мах) з кожної гомологічної пари із 30 через каріотиби бугаїв і корів, які мають функціонально не мінімальний (Min), або середній (M) рівень (А.Г.П.А.), а максимальний (Мах) і з їх мінливості в загальному генофонді початкової гетерогенної популяції тварин, що в кінцевому результаті приводить до досягнення «селекційного плато» за певними селекційними ознаками продуктивності тварин в процесі їх селекції.

З тієї ж причини постійно і поступово в поколіннях потомства зростає також адитивний генетичний потенціал активності (А.Г.П.А. «+» і «-»), без винятку, у всіх інших за кількісною структурою хромосом (24; 18; 12; 6) класах гамет (табл. 1) у селекціонованих групах тварин із наростанням рівня консолідації їх спадковості (до 20, 40, 60, 80% і вище).

1. Мінливість гамет у бугаїв і корів за кількісним поєднанням («+» і «-») А.Г.П.А. хромосом при різних рівнях консолідації їх спадковості

Класи гамет за кількісним поєднанням «+» і «-» А.Г.П.А. хромосом	Рівні консолідації спадковості у бугаїв та корів і розподіл гамет (в %):					
	0%	20%	40%	60%	80%	100%
0 хр. Б.А.Г.П.А.(+) + 30хр. М.А.Г.П.А.(-)	$0,9 \cdot 10^{-7}$	-	-	-	-	-
1 хр. ••• (+) + 29 хр. ••• (-)	$0,3 \cdot 10^{-5}$	-	-	-	-	-
2 хр. ••• (+) + 28 хр. ••• (-)	$0,4 \cdot 10^{-4}$	-	-	-	-	-
3 хр. ••• (+) + 27 хр. ••• (-)	$0,4 \cdot 10^{-3}$	$0,60 \cdot 10^{-5}$	-	-	-	-
4 хр. ••• (+) + 26 хр. ••• (-)	0,003	$0,14 \cdot 10^{-3}$	-	-	-	-
5 хр. ••• (+) + 25 хр. ••• (-)	0,01	$0,16 \cdot 10^{-2}$	-	-	-	-
6 хр. ••• (+) + 24 хр. ••• (-)	0,06	0,012	$0,4 \cdot 10^{-3}$	-	-	-
7 хр. ••• (+) + 23 хр. ••• (-)	0,19	0,063	0,007	-	-	-
8 хр. ••• (+) + 22 хр. ••• (-)	0,54	0,25	0,06	-	-	-
9 хр. ••• (+) + 21 хр. ••• (-)	1,33	0,80	0,31	0,024	-	-
10 хр. ••• (+) + 20 хр. ••• (-)	2,80	2,06	1,17	0,29	-	-
11хр. ••• (+) + 19 хр. ••• (-)	5,09	4,38	3,27	1,61	-	-
12 хр. ••• (+) + 18 хр. ••• (-)	8,06	7,79	7,08	5,37	1,56	-
13 хр. ••• (+) + 17 хр. ••• (-)	11,15	11,69	12,14	12,09	9,37	-
14 хр. ••• (+) + 16 хр. ••• (-)	13,54	14,88	16,69	19,34	23,44	-
15 хр.Б.А.Г.П.А (+) + 15 хр.М.А.Г.П.А (-)	14,45	16,12	18,55	22,56	31,25	100
16 хр. ••• (+) + 14 хр. ••• (-)	13,54	14,88	16,69	19,34	23,44	-
17 хр. ••• (+) + 13 хр. ••• (-)	11,15	11,69	12,14	12,09	9,37	-
18 хр. ••• (+) + 12 хр. ••• (-)	8,06	7,79	7,08	5,37	1,56	-
19 хр. ••• (+) + 11 хр. ••• (-)	5,09	4,38	3,27	1,61	-	-
20 хр. ••• (+) + 10 хр. ••• (-)	2,80	2,06	1,17	0,29	-	-
21 хр. ••• (+) + 9 хр. ••• (-)	1,33	0,80	0,31	0,024	-	-
22 хр. ••• (+) + 8 хр. ••• (-)	0,54	0,25	0,06	-	-	-
23 хр. ••• (+) + 7 хр. ••• (-)	0,19	0,063	0,007	-	-	-
24 хр. ••• (+) + 6 хр. ••• (-)	0,06	0,012	$0,4 \cdot 10^{-3}$	-	-	-
25 хр. ••• (+) + 5 хр. ••• (-)	0,01	$0,16 \cdot 10^{-2}$	-	-	-	-
26 хр. ••• (+) + 4 хр. ••• (-)	0,003	$0,14 \cdot 10^{-3}$	-	-	-	-
27 хр. ••• (+) + 3 хр. ••• (-)	$0,4 \cdot 10^{-3}$	$0,60 \cdot 10^{-5}$	-	-	-	-
28 хр. ••• (+) + 2 хр. ••• (-)	$0,4 \cdot 10^{-4}$	-	-	-	-	-
29 хр. ••• (+) + 1 хр. ••• (-)	$0,3 \cdot 10^{-5}$	-	-	-	-	-
30 хр.Б.А.Г.П.А (+) + 0 хр.М.А.Г.П.А (-)	$0,9 \cdot 10^{-7}$	-	-	-	-	-

Загальна ймовірна закономірність утворення гамет за кількісним поєднанням («+» і «-») А.Г.П.А. хромосом у тварин з різним рівнем консолідації їх спадковості спостерігається наступна: загальна мінливість і частка гамет (кількі-

сно і у відсотках, %), які несуть відповідно різною мірою кількісно, структурно більший (17 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 13 хр. М.А.Г.П.А. «-» і більше), або менший (13 хр. Б.А.Г.П.А. «+» + 17 хр. М.А.Г.П.А. «-» і менше) адитивний генетичний

потенціал активності хромосом від половинного (1/2) генетичного потенціалу тварини (15 хр.Б.А.Г.П.А „+” + 15 хр.М.А.Г.П.А „-”) постійно зменшується від 47,75; 41,94; 40,73; 38,72; 34,38 і до 0%, а кількість гамет, які несуть рівно половину (1/2) адитивного генетичного потенціалу тварини (бугая або корови) (15 хр.Б.А.Г.П.А «+» + 15 хр.М.А.Г.П.А «-») , а потім до типу (30 хр.Б.А.Г.П.А «+»). Мах) постійно зростає від 14,45; 16,12; 18,55; 22,56; 31,25 і до 100% при підвищенні рівня консолідації спадковості у тварин до 100%. Слід зазначити, що відсотково постійно зростає (до певної межі – 25%) також частка гамет в популяції ще двох середніх класів (14 хр.Б.А.Г.П.А «+» + 16 хр.М.А.Г.П.А «-») і (16 хр.Б.А.Г.П.А «+» + 14 хр.М.А.Г.П.А «-»), тобто суміжних з класом (15 хр.Б.А.Г.П.А «+» + 15 хр.М.А.Г.П.А «-»), при підвищенні консолідації спадковості у тварин до рівня 93,3 – 96,7%.

Отже, така динаміка утворення досить узагальненої генетичної мінливості гамет у бугаїв і корів за адитивним генетичним потенціалом активності хромосом (А.Г.П.А. «+» і «-») має безпосередній вплив на адекватне формування достатньо різних за структурою та безсумнівно генотиповою мінливістю популяцій потомства тварин щодо рівня їх племінної цінності, генетичного потенціалу продуктивності тощо при зростаючих ступенях консолідації їх спадковості.

Висновки. Ймовірна закономірність утворення генетичної різноманітності гамет у тварин (кількісно і у відсотках) за кількісною мінливістю в їх структурі хромосом з (Б.А.Г.П.А. «+» та М.А.Г.П.А. «-») адитивним генетичним потенціалом активності завжди програмується двома основними чинниками: кількістю пар гомологічних хромосом в каріотипі тварини та кількісним, відсотковим (%) співвідношенням їх

стану (гетерологічність та консолідованість) в їх генотипах.

Виключно у всіх гамет різного типу за кількісною структурою хромосом з (Б. «+» і М. «-» А.Г.П.А.) постійно зростає їх загальний адитивний генетичний потенціал активності при підвищенні рівня консолідації спадковості у тварин (від 0 до 100%), як наслідок створення більш кращих, консолідованих генотипів тварин за набором хромосом (від М «-» до Б «+» «Мах») в поколіннях потомства в породі, популяції в процесі їх селекції.

Підвищення рівня консолідації спадковості у генотипі тварин на кожен послідовну одну хромосому з гомологічної пари призводить до зменшення генетичної мінливості гамет за кількісним поєднанням хромосом з («-» і «-») А.Г.П.А. при їх утворенні на один клас.

Виявлена закономірність утворення різноманітності гамет у тварин за кількісним поєднанням хромосом із (Б.А.Г.П.А. «+») і (М.А.Г.П.А «-») адитивним генетичним потенціалом активності при зростаючих рівнях консолідації їх спадковості є незаперечним чинником впливу на неминуче, адекватне, але різне звуження, зменшення генетичної мінливості генотипів потомства у тварин за цим показником при їх розведенні «у собі», що суттєво впливає на різні селекційні процеси в породі, популяції.

Запропонована ймовірна закономірність утворення гамет у бугаїв і корів за кількісним поєднанням в їх складі хромосом з (Б.А.Г.П.А. «+» та М.А.Г.П.А. «-») адитивним генетичним потенціалом активності при різних рівнях консолідації їх спадковості надає можливість проводити теоретичні узагальнення і аналіз певних селекційних процесів в популяціях тварин при відповідному їх моделюванні.

Список використаної літератури:

1. Басовский Н.З., Буркат В.П., Власов В.И., Коваленко В.П. Крупносмаштабная селекция в животноводстве. – К.: Ассоциация «Урожай», 1994. – 373 с.
2. Дымань Т.Н. Полиморфизм гена каппа-казеина, его связь с хозяйственно-ценными признаками у крупного рогатого скота / Т.Н.Дымань, В.И.Глазко // Цитология и генетика. - 1997. – т. 31. - №4. – С. 114-118.
3. Калашникова Л. Геномная оценка молочного скота / Л. Калашникова // Молочное и мясное скотарство. - 2010. -№1. – С. 10-12.
4. Копилова К.В. Взаємозв'язок поліморфізму генів з показниками продуктивності у великої рогатої худоби / К.В.Копилова, К.В.Копилов, О.І.Метлицька // Вісник аграрної науки. – 2007. - №7. – С. 40-44.
5. Копилова К.В. Особливості генетичної структури різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак (QTL) / К.В.Копилова, К.В.Копилов, К.О.Арнаут // Науковий вісник Національного університету біоресурсів та природокористування України. – 2009. – Вип. 138. – С. 239-246.
6. Копилова К.В. Генетична структура бугаїв різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак / К.В.Копилова // Вісник аграрної науки. – 2012. - №2. – С. 47-49.
7. Копилов К.В. Поліморфізм генів асоційованих з господарсько-корисними ознаками (QTL) у різних порід великої рогатої худоби / К.В.Копилов // Науково-технічний бюлетень / УААН, Інститут тваринництва. – Харків. – 2008. - №96. – С. 228-229.

8. Копилов К.В. Генетична структура різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак у тварин / К.В.Копилов // Розведення і генетика тварин. Міжвід. темат. наук. зб. – К.: Аграрна наука. - 2010. – Вип. 44. – С. 91-95.

9. Петренко І.П., Зубець М.В., Винничук Д.Т. Структура генофонда породи по аддитивному генетичному потенціалу продуктивності // Вісник аграрної науки.- 1995. - №1. – С. 73-91.

10. Петренко І.П., Зубець М.В., Винничук Д.Т., Петренко А.П. Генетико-популяційні процеси при розведенні тварин. – К.: Аграрна наука, 1997. – 473 с.

Проведен теоретический анализ вероятностного образования генетического разнообразия гамет у быков и коров по аддитивному генетическому потенциалу активности (А.Г.П.А.) хромосом при разных уровнях консолидации их наследственности.

The theoretic analysis of probable formation of genetic variability of bulls' and cows' gametes an additive genetic potential of activity (A.G.P.A.) at different levels of heredity consolidation is conducted

Дата надходження в редакцію: 7.11.2012 р.

Рецензент: д.с.г.н., професор Л.М.Хмельничий

УДК 575.22:597.442

STR-АНАЛІЗ ГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ АЗОВСЬКОЇ СЕВРЮГИ

О.В. Дубін, к.с.-г.н., Білоцерківський національний аграрний університет

Л.В. Шостак, Білоцерківський національний аграрний університет

Т.М. Димань, д.с.-г.н., Білоцерківський національний аграрний університет

Досліджено молекулярно-генетичний поліморфізм азовської севрюги за сімома мікросателітними локусами: AfuG34, AfuG41, AfuG51, AfuG54, An20, AoxD161 та AoxD165. За всіма дослідженими STR-локусами виявлено поліморфізм. На підставі розрахунку алельних частот визначено основні показники генетичної мінливості досліджених риб. Середнє число алелей на локус становило 8,143, ефективне число алелей – 5,345, середня наявна та середня очікувана гетерозиготність дорівнювали 0,765 і 0,788 відповідно.

Ключові слова: севрюга, молекулярно-генетичний поліморфізм, STR-маркери, гетерозиготність.

Збереження та відтворення зникаючих видів неможливе без оцінювання їх генетичної різноманітності. Севрюга, колись поширений та важливий промисловий вид іхтіофауни Азовського моря, нині не тільки втратила своє промислове значення, але й перебуває на межі повного зникнення. Недостатність інформації щодо генетичної характеристики популяції азовської севрюги значно ускладнює її штучне розведення. Особливого значення дослідження генетичного поліморфізму набуває у зв'язку з формуванням ремонтно-маточних стад севрюги, без створення яких неможливе ефективно відтворення цього виду як для поповнення природних популяцій, так і для товарного вирощування.

Важливе значення для максимально ефективного використання обмеженої кількості плідників азовської севрюги має пошук інформативних маркерів для оцінювання їх генетичної різноманітності та підтвердження належності особин до тієї чи іншої популяції в межах одного виду. Застосування в рибництві новітніх наукових розробок, зокрема тих, що базуються на дослідженні ДНК, уможливить вирішення низки практичних завдань – проведення генетичної паспортизації плідників та моніторингу популяційного різноманіття, виявлення видоспецифічних маркерів як

для живих риб, так і продуктів їх переробки, вивчення внутрішньовидової структури природних та штучних популяцій тощо.

Молекулярно-генетичні методи дослідження геномів останнім часом набули широкого розповсюдження у всіх галузях вітчизняного сільського господарства. Нині найбільш ефективними та достовірними для вивчення генетичного поліморфізму є молекулярно-біологічні методи за використання полімеразної ланцюгової реакції.

Метою роботи було дослідження генетичного поліморфізму ядерної ДНК севрюги азовської популяції за сімома мікросателітними локусами.

Матеріали та методи. Матеріалом для досліджень слугували зафіксовані у етанолі плавці севрюги. 34 зразки було відібрано зажиттєво впродовж 2007–2008 рр. у акваторії Азовського моря. Всі використані у роботі генетичні матеріали належать Лабораторії генетичних досліджень ДП НАМ (м. Бердянськ). Виділення геномної ДНК проводили за методикою сорбції ДНК на силіцій оксиді [1] з власними модифікаціями.

ПЛР проводили на ампліфікаторі "Терцик" за таким температурним режимом: початкова денатурація – 4 хв за 94 °С; 36 циклів: 20 с за 94°С, 20 с за 58–61°С (залежно від локусу), 20 с за 72°С; термінальна елонгація – 5 хв за 72 °С. Реакційна