

УДК: 636.52/.58.082: 575: 637.413

ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА ЛІНІЙ І МІКРОЛІНІЙ КУРЕЙ СЕЛЕКЦІЇ ІНСТИТУТУ ПТАХІВНИЦТВА НААН УКРАЇНИ

Подстрешний О. П., Подстрешна І. О., Лютий Ю. С., Фесенко Н. А.
Інститут птахівництва НААНУ

Резюме. Вивчено генетичну структуру за поліморфними протеїнами яєчного білку яєчних та м'ясо-яєчних курей, а також проведено генетичний моніторинг на початковому етапі створення лінії білого леггорну з пізнім типом оперення і ресинтезу українських чорних та зозулястих курей. Виявлено значну різницю за розподілом фенотипів і частотою алелів, яка досить чітко пояснюється генеалогією птиці та напрямком її продуктивності. Величина генетичної відстані між популяціями птиці коливається в межах від 0,011 до 14,23. Кури подібної генеалогії об'єднуються в кластери в першу чергу. Гетерозиготність груп птиці коливається в межах 6,48-25,00.

Ключові слова: кури, поліморфізм, генетична структура, генетична відстань, генеалогія.

Summary. It has been studied the genetic structure by polymorphic proteins of the egg white of laying and meat-and-laying hens, and also it has been carried out the genetic monitoring at the beginning stage of the creation of the line of White Leghorn with the late feathering type and resynthesis of Ukrainian Black and Cuckoo hens. It has been revealed the considerable difference by the phenotypes distribution and allele frequency which is explained by genealogy of birds and productivity direction. The index of the genetic distance between birds populations fluctuates from 0,011 to 14,23. Hens of similar genealogy unite in clusters in the first turn. Heterozygosis of birds groups fluctuates in limits 6,48-25,00.

Key words: hens, polymorphism, genetic structure, genetic distance, genealogy.

Вступ. В останні десятиліття ХХ століття досягнуто значного селекційного прогресу в яєчному виробництві [2, 5]. Темпи розвитку птахівничої промисловості спричиняють необхідність безперервної цілеспрямованої селекції в напрямку удосконалення існуючих та створення нових високопродуктивних ліній і кросів яєчної птиці з високим генетичним потенціалом, покращеними господарсько-корисними ознаками і стабільним рівнем реалізації цього потенціалу в регіонах із різними кліматичними і господарськими умовами [4, 12, 14].

Одним із важливих напрямків селекційної роботи є створення аутосексних ліній і кросів птиці [6], тому в Інституті птахівництва НААНУ проводяться роботи по створенню такої птиці з використанням різних генетичних систем маркування статі. Створення аутосексних ліній або кросів базується на зчепленому зі статтю успадкуванні ознак забарвлення пуху або швидкості

оперення добового молодняку, для чого створюють спеціалізовані лінії курей, марковані генами, зчепленими зі статтю [3].

Перспективність створення і використання аутосексних кросів викликана в першу чергу економічними міркуваннями. При використанні 2-, 3- і 4-лінійних кросів з'являється необхідність видалення зі стада материнських ліній (форм) півників, у результаті чого скорочуються витрати кормів і краще використовуються виробничі площі при вирощуванні ремонтних молодок [4]. Крім того, деякі сучасні технології інтенсивного ведення галузі птахівництва передбачають роздільностатеве вирощування ремонтного молодняку, що дає змогу враховувати різні потреби самців і самок у поживних речовинах та оптимізувати щільність посадки особин кожної статі. Такий спосіб утримання і годівлі позитивно позначається на рості та розвитку молодняку, а також на подальшій плодючості племінної птиці [1, 11].

Показано, що при створенні високопродуктивних кросів необхідно враховувати генетичну структуру ліній птиці і в першу чергу величину генетичної відстані між батьківськими формами [8]. Вказується також на перспективність і необхідність проведення селекційної роботи під контролем молекулярно-генетичних маркерів та на важливість генетичної паспортизації ліній і порід птиці [9].

Метою роботи було вивчення ступеню генетичного різноманіття між створюваними вихідними формами перспективних аутосексних комбінацій яєчних і м'ясо-яєчних курей різної генеалогії.

Матеріал і методи. Робота проведена на лініях і групах курей, переважна більшість яких може бути використана при створенні аутосексних кросів. Мікролінії 8, 15, 22, 158, 215 породи білий леггорн та лінія в цілому, позначена як БЛПО, мають в генотипі ген пізнього оперення ("K"), а лінія 51 (білий леггорн) – носій гену раннього оперення ("k"). На їх основі планується створення крупнояєчного федерсексного кросу.

На базі сріблястих леггорнів (А) і курей полтавських глинястих (14) та червоних род-айлендів (2 і 38) створюється колорсексний крос за генами сріблястості – золотистості ("S-s"). В пошукових схрещуваннях самців ліній 14, 02 і 38 з курми сріблястого леггорну одержано колорсексні гібридні комбінації з точністю сексування за статтю 97,8-99,7% [7]. При використанні в якості батьківської лінії самців золотистого леггорну (ЗЛ) з курми материнської лінії А також одержано колорсексне потомство, але точність сексування недостатньо висока (90-95%) через слабку консолідованість птиці батьківської лінії.

Тестовано 7 субпопуляцій м'ясо-яєчних курей: смугасті (Г-1), сніжні (Г-2), золотисті (Г-3), рябі (Г-4), голубі (Г-5), синтетична популяція корніш (К), сріблясті (С), а також міні-м'ясо-яєчні кури (56) і гібриди на їх основі з групою Г2. Одною з цілей племінної роботи з цими підгрупами є створення аутосексного кросу з високими м'ясними якостями, високою несучістю, життєздатністю та іншими господарчо-корисними показниками. З використанням вказаних груп птиці одержано ряд аутосексних комбінацій

курей з високою точністю сексування, а саме: ♂полтавські глинясті × ♀Г-1 – точність сексування 100,0%; ♂К × ♀Г-2 – 98,9%; ♂Г-3 × ♀С – 89,1%; ♂Г-4 × ♀С – 91,7%. [10]. Планується перевірити точність сексування в схрещуваннях ♂Г5 × ♀Г5; ♂Г5 × ♀Г1; ♂Г4 × ♀Г1.

Тестовано також вихідні форми (полтавські глинясті (14), австралорпи (101) і група Г-1) та нащадки першого покоління створюваних різновидів українських чорних (У.чор.) і зозулястих (У.зоз.) курей. При схрещуванні зозулястих курей і півнів з геном золотистості (лінії, групи 14, 02, 38, Г-3, Г-4) можливе отримання колорсексних нащадків.

Роботи по тестуванню птиці за поліморфними ознаками і аналізу результатів виконувались у відповідності з методичними рекомендаціями [9]. Генетичну відстань між дослідженими групами птиці визначали за алгоритмом М. Nei [13]. Результат одержаний за формулою помножували на 100, для більшої зручності в оперуванні цифрами.

Результати досліджень. Результати тестування курей за поліморфними протейновими локусами виявили значну різницю між дослідженими лініями, мікролініями та групами курей за частотою прояву фенотипів за поліморфними локусами (табл. 1). Майже всі лінії і мікролінії виявились поліморфними за локусами Ov, G3, G2. Лінії 38 і 14 та групи Г5 і 58 м'ясояєчних курей мономорфні за овоглобуліновим локусом, а лінія золотистого леггорну мономорфна за локусом G2. Трансферини (Tf) у всіх групах птиці виявились мономорфними (BB), тому результати за цим локусом в таблицях не наводяться, але при розрахунку рівня гетерозиготності його враховували.

Таблиця 1. Розподіл фенотипів за поліморфними локусами, %

Лінії, популяції, групи	N	Локуси, фенотипи								
		Ov			G3			G2		
		AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB
158	19	68,4	26,3	5,3	73,7	21,1	5,3	5,3	15,8	78,9
22	17	88,2	11,8	0,0	70,6	29,4	0,0	23,5	47,1	29,4
15	16	93,8	6,3	0,0	93,8	6,3	0,0	12,5	31,3	56,3
8	30	86,7	13,3	0,0	93,3	6,7	0,0	3,3	46,7	50,0
215	7	85,7	14,3	0,0	100,0	0,0	0,0	14,3	14,3	71,4
БЛ _{ПО}	89	84,3	14,6	1,1	85,4	13,5	1,1	10,1	23,6	66,3
51	54	88,9	11,1	0,0	94,4	5,6	0,0	0,0	9,3	90,7
ЗЛ	77	75,3	24,7	0,0	80,5	19,5	0,0	0,0	0,0	100,0
А	181	65,2	30,9	3,9	71,8	26,0	2,2	0,6	14,9	84,5
02	69	98,6	1,4	0,0	26,1	50,7	23,2	0,0	7,2	92,8
38	64	100,0	0,0	0,0	43,8	43,8	12,5	0,0	21,9	78,1
14	69	100,0	0,0	0,0	66,7	33,3	0,0	10,1	40,6	49,3
Укр. зоз.	45	93,3	6,7	0,0	64,4	35,6	0,0	0,0	40,0	60,0
Укр. чор.	71	93,0	7,0	0,0	66,2	32,4	1,4	21,1	35,2	43,7
101	30	73,3	23,3	3,3	90,0	10,0	0,0	13,3	40,0	46,7

Г-1	60	98,3	1,7	0,0	56,7	31,7	11,7	6,7	35,0	58,3
Г-2	60	98,3	1,7	0,0	40,0	48,3	11,7	0,0	31,7	68,3
Г-3	60	98,3	1,7	0,0	45,0	46,7	8,3	5,0	45,0	50,0
Г-4	60	96,7	3,3	0,0	35,0	51,7	13,3	3,3	20,0	76,7
Г-5	60	100,0	0,0	0,0	38,3	45,0	16,7	0,0	31,7	68,3
К	60	98,3	1,7	0,0	35,0	58,3	6,7	5,0	25,0	70,0
С	60	96,7	3,3	0,0	35,0	45,0	20,0	3,3	26,7	70,0
56	60	98,3	1,7	0,0	38,3	50,0	11,7	13,3	48,3	38,3
58	60	100,0	0,0	0,0	56,7	38,3	5,0	8,3	23,3	68,3

Статистичний аналіз даних таблиці 1 показав, що за частотою фенотипів $Ov*AA$, найбільш поширених в локусі Ov , групи птиці білих леггорнів, українські зозулясті та чорні і астралорпи практично не відрізняються між собою. Лише в групі 158 частота даного фенотипу статистично значимо нижча, а частота фенотипу $Ov*AB$ вища, ніж в групі 15 та українських зозулястих і чорних ($P<0,05$). Частота фенотипів $Ov*AA$ в групі 158, лініях БЛ_{ПО}, 51 білих леггорнів і в золотистих та сріблястих леггорнів високовірогідно була нижчою порівняно з лініями 2 і 38 червоних род-айлендів, полтавськими глинястими курями і майже з усіма групами м'ясо-яєчних курей в більшості випадків при $P<0,01-0,001$. Всі сублінії м'ясо-яєчних курей мають практично однакову генетичну структуру за цим локусом.

Серед груп білих леггорнів за частотою фенотипів локусу $G3$ вірогідно відрізняються між собою та з деякими іншими групами кури груп 215 та 22. Порівняно з лінією золотистого леггорну виявлено 2 випадки вірогідних відмінностей за частотою фенотипів AA і AB – в групі 215 та лінії 51. Розподіл фенотипів серед австралорпів подібний до розподілу серед білих леггорнів. При аналізі білих леггорнів і австралорпів у порівнянні з усіма іншими групами і лініями курей майже у всіх випадках виявлено високовірогідну різницю за частотою прояву трьох фенотипів. Лінії червоного род-айленду (02 та 38) статистично значимо відрізняються за фенотипами цього локусу від білих і кольорових леггорнів, полтавських, українських курей і австралорпів при $P<0,01-0,001$ і подібні до субліній м'ясо-яєчних курей. Серед м'ясо-яєчних курей статистично значимо вищу частоту фенотипу $G3*AA$ порівняно з іншими сублініями (при $P<0,05$) мають кури груп Г1 і 58. Полтавські глинясті та українські кури за розподілом фенотипів локусу $G3$ статистично значимо відрізняються від род-айлендів і більшості груп леггорнів та м'ясо-яєчних курей.

За локусом $G2$ виявлено дещо інші закономірності в розподілі фенотипів. Так кури лінії 51 білих леггорнів, кольорові леггорни і лінія 2 червоних род-айлендів статистично значимо (в більшості випадків при $P<0,01-0,001$) відрізняються від усіх інших груп птиці за частотою особин з фенотипами $G2*AB$ і $G2*BB$. Групи білих леггорнів 22 і БЛ_{ПО} та полтавські і українські кури лише в окремих випадках статистично значимо відрізняються між собою та з м'ясо-яєчними курми при $P<0,05-0,01$. Серед м'ясо-яєчних курей

виділяються групи Г3 і 56, які мають вірогідно нижчу частоту фенотипу G2*BB порівняно з усіма іншими.

Таким чином, з представленою аналізу даних видно, що закономірність розподілу фенотипів за кожним з трьох поліморфних локусів різна – формуються групи подібних ліній з птиці не тільки однакової генеалогії, а й зосім різного походження. Так кури ліній 51, ЗЛ, А і 2 різного походження за локусами Ov та G3 мають дуже різний розподіл фенотипів, а за локусом G2 різниця між ними невелика і вони статистично значимо перевершують майже всі інші групи птиці за частотою фенотипу G2*BB. Кури ліній 2 і 38 однакового походження (порода род-айленд) мають подібну частоту фенотипу Ov*AA і вірогідно різну за локусами G3 G2. Серед груп м'ясо-яєчних курей, створених на базі одного вихідного матеріалу, за частотою фенотипів локуса G3 виділяються групи Г1 і 58, а G2 – Г3 і 56.

Результати обчислення показників ступеня генетичної рівноваги (χ^2) на основі аналізу фактичного і теоретичного розподілу фенотипів наведено в таблиці 2. З таблиці видно, що порушення генної рівноваги виявлено лише у трьох випадках – за локусом G2: в створюваній на базі різних мікроліній лінії курей з повільним оперюванням, у відновлюваному різновиді чорних курей і гібридів (58) при $P < 0,01$, $P < 0,05$ і $P < 0,05$ відповідно. Таким чином, порушення генетичної рівноваги виявлено лише в групах птиці, де проходять активні формотворчі процеси з використанням гібридизації. В інших випадках використані методи розведення і селекції птиці не призводять до порушення генетичної рівноваги в дослідних групах курей.

Таблиця 2. Показники ступеня генетичної рівноваги χ^2

Популяції	Локуси		
	Ov	G3	G2
158	0,29	0,82	1,82
22	0,07	0,51	0,05
15	0,02	0,02	0,82
8	0,15	0,04	1,12
215	0,04	0,00	2,32
БЛ _{ДЮ}	0,26	0,43	8,58**
51	0,19	0,04	0,13
ЗЛ	1,53	0,90	0,00
А	0,01	0,01	0,03
02	0,00	0,02	0,10
38	0,00	0,06	0,97
14	0,00	0,24	0,12
У. зоз.	0,05	2,10	2,81
У.чор.	0,09	0,96	4,73*
101	0,22	0,08	0,30
Г-1	0,00	2,54	0,12

Г-2	0,00	0,16	2,12
Г-3	0,00	0,37	0,99
Г-4	0,02	0,43	1,09
Г-5	0,00	0,19	2,12
К	0,00	1,89	0,53
С	0,02	0,38	0,10
56	0,00	0,35	0,06
58	0,00	0,13	4,40*

Примітки: * - $P < 0,05$; ** $P < 0,01$

Розраховано генні частоти алелів поліморфних локусів та рівень гетерозиготності (табл.3). Частота алелів овальбумінового локусу знаходиться в межах 0,807-1,0. Найменша частота алеля Ov^*A в групах 158 і БЛ_{ПО} білих леггорнів, у курей сріблястого і золотистого леггорну та австралорпів (0,807-0,916). Різниця порівняно з червоними род-айлендами, полтавськими глинястими та м'ясо-яєчними курми високовірогідна.

Генетична структура білих і золотистих леггорнів, австралорпів та українських зозулястих курей за локусами Ov та $G3$ практично не відрізняються між собою, не зважаючи на їх різне походження. Субпопуляції м'ясо-яєчних курей, маючи спільну генеалогію, за частотою алелів в цих локусах також дуже подібні.

За частотами алелів локусів $G3$ і $G2$ виявлено значно більше розсіювання частоти алелів порівняно з локусом Ov . Так частота більш поширеного алеля A за локусом $G3$ коливається в межах від 0,515 до 1,0, а частота більш поширеного алеля B за локусом $G2$ – в межах 0,529-1,0.

Таблиця 3. Частота алелів та рівень гетерозиготності за поліморфними локусами

Групи курей	N	Ov		$G3$		$G2$		He, %
		A	B	A	B	A	B	
158	19	0,816	0,184	0,842	0,158	0,132	0,868	15,79
22	17	0,941	0,059	0,853	0,147	0,471	0,529	22,06
15	16	0,969	0,031	0,969	0,031	0,281	0,719	10,94
8	30	0,933	0,067	0,967	0,033	0,267	0,733	16,67
215	7	0,929	0,071	1,0	0,0	0,214	0,786	7,14
БЛ _{ПО}	89	0,916	0,084	0,921	0,079	0,219	0,781	12,92
51	54	0,944	0,056	0,972	0,028	0,046	0,954	6,48
ЗЛ	77	0,877	0,123	0,903	0,097	0,0	1,0	11,04
A	181	0,807	0,193	0,848	0,152	0,080	0,920	17,96
02	69	0,993	0,007	0,515	0,485	0,036	0,964	14,86
38	64	1,0	0,0	0,656	0,344	0,109	0,891	16,41
14	69	1,0	0,0	0,833	0,167	0,304	0,696	18,48

У. зоз.	45	0,967	0,033	0,822	0,178	0,200	0,800	20,56
У. чор.	71	0,965	0,035	0,824	0,176	0,387	0,613	18,66
101	30	0,850	0,150	0,950	0,050	0,333	0,667	18,33
Г-1	60	0,992	0,008	0,725	0,275	0,242	0,758	17,08
Г-2	60	0,992	0,008	0,642	0,358	0,158	0,842	20,42
Г-3	60	0,992	0,008	0,683	0,317	0,275	0,725	23,33
Г-4	60	0,983	0,017	0,608	0,392	0,133	0,867	18,75
Г-5	60	1,0	0,00	0,608	0,392	0,158	0,842	19,17
К	60	0,992	0,008	0,642	0,358	0,175	0,825	21,25
С	60	0,983	0,017	0,575	0,425	0,167	0,833	18,75
56	60	0,992	0,008	0,633	0,367	0,375	0,625	25,00
58	60	1,0	0,0	0,758	0,242	0,20	0,80	15,42

Виявлено деякі закономірності у розподілі частот серед ліній різного походження. Так, серед ліній і мікроліній білих і кольорових леггорнів, а також полтавських глинястих курей, австралорпів і їх гібридів частота алеля G3*A знаходиться в межах 0,822-1,0. Серед субпопуляцій м'ясо-яєчних курей та червоних род-айлендів частота цього алеля складає 0,515-0,725. За локусом G2 таких чітких закономірностей не виявлено, хоча індивідуальна різниця між групами курей значна. Так, найнижчі частоти алеля В в групах м'ясних міні-курей (0,625), українських чорних (0,613) та в мікролінії 22 білого леггорну (0,529). Найвищі частоти цього алеля в лініях золотистого (1,0), сріблястого (0,964) та білого леггорнів (0,954).

За частотою алеля G3*A групи та лінії білих і кольорових леггорнів (за винятком груп 158 і 22) та австралорпи статистично значимо (в більшості випадків при $P < 0,001$) переважають червоних род-айлендів та м'ясо-яєчних курей. Полтавські глинясті та українські зозулясті і чорні за частотою алеля G3*A статистично значимо поступаються білим леггорнам (групи 8, 215, лінія 51) та червоним род-айлендам при $P < 0,05-0,01$.

Як за розподілом фенотипів в локусі G2, так і за частотою алелів в цьому локусі групи курей, що пізно (лінія 51) та рано (група БЛ_{до}) оперюються в більшості випадків статистично значимо відрізняються. Це свідчить про те, що створювана лінія птиці з пізньою оперюваністю генетично відрізняється не тільки за генами, що контролюють ріст пера, а й за набором деяких інших генів, зокрема тих, що контролюють поліморфізм протеїнів яєчного білку. Групи курей, що пізно оперюються, (за винятком групи 22) за частотою алелів цього локусу подібні до полтавських глинястих, українських чорних та зозулястих, австралорпів і м'ясо-яєчних курей. Найвища частота алеля G2*В у курей ліній 51, 02, золотистого та сріблястого леггорну (0,92-1,0), а різниця з показниками майже всіх інших груп птиці високовірогідна.

Рівень гетерозиготності у більшості груп птиці високий (табл. 3). Лише у курей лінії 51 і групи 215 він низький і складає відповідно 6,48 і 7,14. Різниця між лінією 51 та сріблястими, полтавськими, українськими і більшістю

субпопуляцій м'ясо-яєчних курей статистично значима. Лінія 51 найбільш консолідована, оскільки вона створена на основі лінії В7, яка розводилась в Інституті птахівництва протягом довше 30 років.

На основі частоти алелів розраховано показники генетичної відстані між лініями та мікролініями птиці (табл.4), які коливаються в дуже широких межах – від 0,011 між субпопуляціями м'ясо-яєчних курей Г1 і К до 14,234 між род-айлендами (лінія 02) і групою 22 білих леггорнів.

Таким чином, розподіл частоти алелів, як і частоти фенотипів, для різних поліморфних локусів різний.

Величини генетичної відстані між лініями і групами курей, що дають аутосексних нащадків (в таблиці 4 виділено), порівняно невисокі і змінюються в широких межах – від 0,011 до 6,46. Відносно невисокі показники генетичної відстані між вихідними формами здогадних аутосексних кросів свідчать про малу ймовірність отримання ефекту гетерозису у створюваних кросах [16]. Однак їх перевагою буде саме ефект аутосексності, що дасть економічний ефект навіть при відсутності гетерозису.

Середні показники генетичної відстані (визначені як результат ділення суми показників генетиної відстані даної лінії з усіма іншими групами і лініями

Таблиця 4. Генетичні відстані між лініями та мікролініями курей

Група	22	15	8	215	БЛ _{по}	51	ЗЛ	А	02	38	14	У. зоз	У. чор	101	Г-1	Г-2	Г-3	Г-4	Г-5	К	С	56	58	Серед- не*
158	6,20	2,51	1,97	1,08	1,00	1,04	0,68	0,11	6,50	3,02	2,86	1,20	4,10	2,46	2,60	3,27	3,58	3,77	4,08	3,34	4,68	6,43	2,01	2,98
22		1,93	2,23	4,78	2,98	7,48	9,61	7,98	14,23	7,88	1,36	3,33	0,39	1,69	3,31	6,77	3,30	8,27	7,56	6,33	8,22	2,88	3,85	5,33
15			0,05	0,86	0,34	2,02	3,65	3,40	11,55	5,42	0,77	1,13	1,18	0,57	2,51	5,22	3,37	6,53	6,26	5,05	7,30	5,09	2,13	3,43
8				0,60	0,19	1,69	3,10	2,76	11,43	5,39	0,97	1,10	1,43	0,40	2,63	5,24	3,56	6,51	6,32	5,10	7,34	5,47	2,21	3,39
215					0,34	0,56	1,36	1,40	10,16	4,84	2,11	1,24	3,25	1,37	3,23	5,10	4,48	6,11	6,20	5,10	7,24	7,39	2,45	3,53
БЛ _{по}						1,01	1,90	1,58	8,97	3,87	0,95	0,54	1,70	0,74	1,93	3,85	2,84	4,85	4,80	3,78	5,69	5,02	1,46	2,62
51							0,40	0,98	8,34	3,97	3,18	1,49	5,09	3,16	3,59	4,59	5,04	5,33	5,60	4,73	6,65	8,76	2,52	3,79
ЗЛ								0,36	6,74	3,48	4,50	2,07	6,69	4,51	4,04	4,21	5,47	4,62	5,10	4,44	5,93	9,50	2,96	4,14
А									6,46	3,28	3,91	1,78	5,51	3,45	3,40	3,72	4,54	4,11	4,55	3,87	5,17	7,89	2,64	3,60
02										1,07	7,62	5,28	9,94	13,72	3,71	1,28	3,65	0,73	0,96	1,46	0,79	5,61	3,70	6,26
38											3,02	1,59	4,75	7,17	0,94	0,09	1,16	0,12	0,18	0,17	0,39	3,05	0,80	2,99
14												0,52	0,33	1,63	0,68	2,58	1,00	3,58	3,21	2,38	3,87	1,93	0,72	2,33
У.зоз.													1,52	2,10	0,49	1,53	1,07	2,22	2,13	1,48	2,77	2,91	0,22	1,70
У.чор														1,47	1,45	3,96	1,54	5,14	4,61	3,64	5,21	1,74	1,78	3,32
101															3,64	6,75	4,43	8,13	7,91	6,52	8,83	5,84	3,44	4,34
Г-1																0,62	0,12	1,14	0,92	0,51	1,28	1,16	0,11	1,91
Г-2																	0,67	0,08	0,05	0,01	0,20	2,09	0,67	2,72
Г-3																		1,15	0,85	0,52	1,08	0,57	0,44	2,37
Г-4																			0,04	0,13	0,09	2,66	1,19	3,33
Г-5																				0,06	0,06	2,12	1,06	3,22
К																					0,20	1,80	0,62	2,66
С																						2,17	1,53	3,77
56																							1,96	4,09
58																								1,76

Примітка: * – Середнє значення генетичної відстані даної лінії, мікролінії одержане як результат ділення суми генетичних відстаней з усіма іншими групами птиці на їх кількість.

на кількість порівнянь) коливаються в менших межах – від 1,74 до 6,34. Найбільше відрізняються від всіх інших ліній 02 червоного род-айленду ($d=6,26$) і мікролінія 22 білого леггорну ($d=5,33$), а найменше – група українських зозулястих курей ($d=1,70$) і гібриди 58 ($d=1,76$). Це узгоджується з їх гібридним походженням – українські зозулясті гібрид полтавських глинястих курей і групи Г1, а 58 – гібрид Г2 × 56. В обох випадках гібриди більше подібні на материнську форму, що свідчить про її більший вклад в генетичну структуру нащадків.

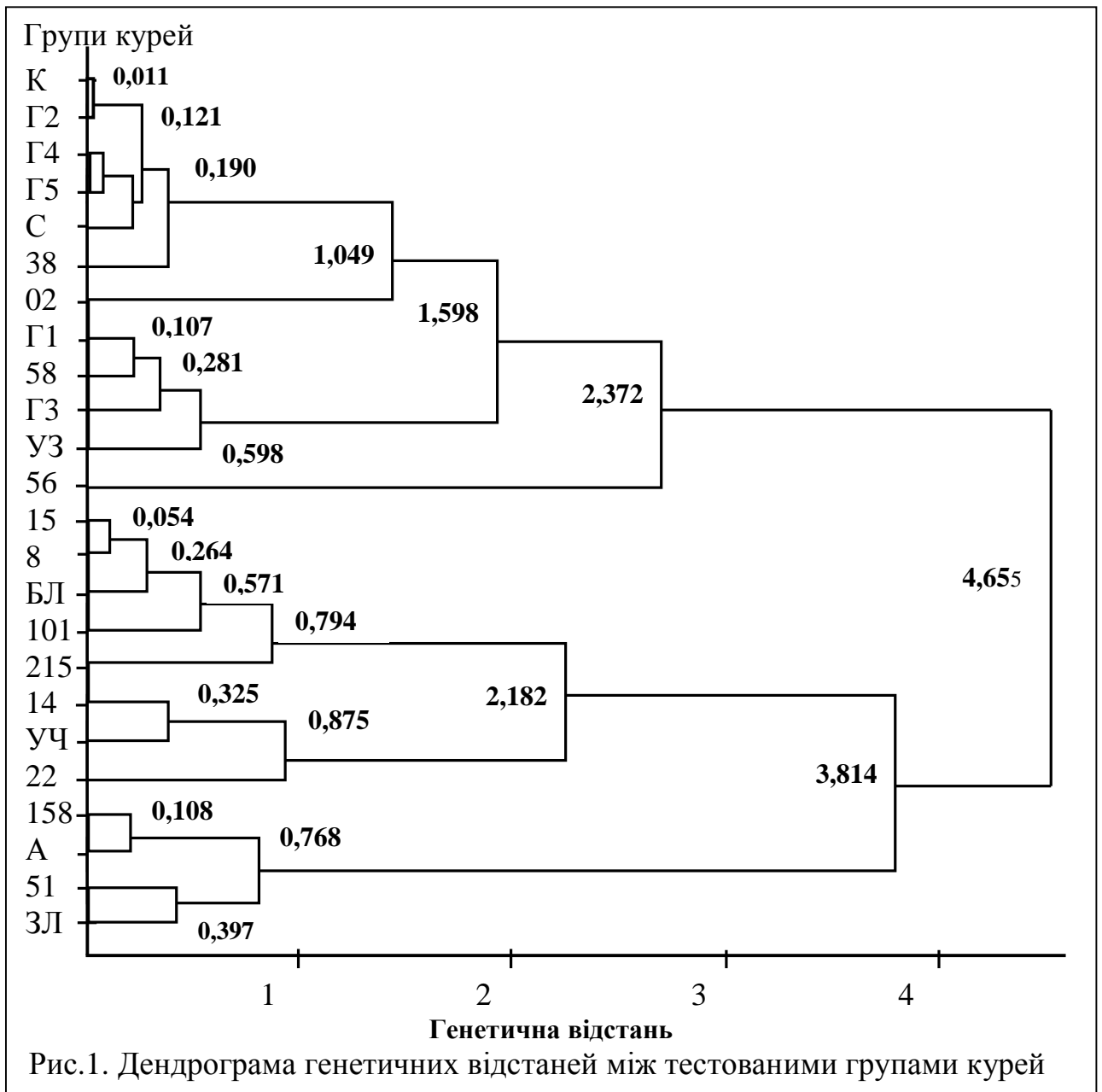
Результати кластерного аналізу показують, що всі досліджені групи об'єднуються в два великих кластери (рис. 1). В один кластер об'єдналися мікролінії і лінії білих і кольорових леггорнів, полтавські глинясті, австралорпи та українські чорні, отримані на основі курей полтавських глинястих та австралорпів, а в інший всі субпопуляції м'ясо-яєчних курей, червоні род-айленди і українські зозулясті кури, отримані з використанням м'ясо-яєчних курей групи Г1. Це добре погоджується з генеалогією птиці та напрямком продуктивності. Ці великі кластери в свою чергу поділяються на 2-3 дрібніших, але генеалогічна основа таких міні-кластерів не завжди така очевидна. Наприклад, коли в один кластер об'єднуються ліній сріблястого, золотистого і білого леггорну та підгрупа 158 створеної лінії білих леггорнів з пізнім оперенням, це логічно. Те, що до полтавських глинястих і українських чорних курей приєднується група 22 білих леггорнів з невисоким показником генетичної відстані, не має чіткого пояснення.

Висновки

1. Вивчено генетичну структуру за поліморфними протеїнами яєчного білку груп курей різних порід і ліній та проведено генетичний моніторинг на початковому етапі створення ліній білого леггорну з пізнім типом оперення і ресинтезу українських чорних та зозулястих курей.

2. Виявлено значну різницю за розподілом фенотипів і за генними частотами, яка досить чітко пояснюється генеалогією птиці та напрямком її продуктивності. Величина генетичної відстані між популяціями птиці коливається в дуже широких межах – від 0,011 до 14,23.

3. Показано, що кури подібної генеалогії і напрямку продуктивності об'єднуються в кластери в першу чергу і в результаті утворюється два великих кластери.



Список літератури

1. Бондаренко Ю. В. Генетичні основи виведення та використання аутосексної птиці : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня докт. біол. наук : спец. 03.00.15 "Генетика" / Ю. В. Бондаренко. – Харків, 1995. – 48 с.
2. Бониц Винфрид «Ломанн Тирцухт» - надежный партнер российских птицеводов / Винфрид Бониц, Дитмар Флок // Птицеводство. – 2003. – № 7. – С. 28-29.
3. Варакина Р. Медленнооперяющаяся линия яичных кур ВР 2 / Р. Варакина, Н. Фузеева, Н. Исаева // Птицеводство. – 2005. – № 11. – С. 20-21.
4. Гальперн И. Л. Создан яичный кросс кур / И. Л. Гальперн, Т. Н. Пахомова, М. Н. Джолова // Птицеводство. – 2000. – № 5. – С. 20-23.

5. Джолова М. Н. Методы выведения линий и создание новых отечественных аутосексных кроссов УК Кубань с коричневой скорлупой яиц : автореф. дис. на соискание науч. степени канд. с.-х. наук : спец. 06.02.01 "Разведение и селекция животных / М. Н. Джолова. – Краснодар, 2000. – 22 с.
6. Кравченко Н. Племенное птицеводство России / Н. Кравченко, В. Онисовец, М. Анненкова // Птицеводство. – 2004. – № 2. – С. 7-10.
7. Лютий Ю. С. Точність сексування молодняка колорсексних гібридів в залежності від консолідації батьківських форм за генами маркуючими стать / Ю. С. Лютий // Птахівництво: міжвід. темат. наук. зб./ ІІІ УААН. – Харків, 2005. – Вип. 57. – С. 62-67
8. Подстрешный А. П. Прогнозирование сочетаемости линий кур с использованием иммуногенетических маркеров / А. П. Подстрешный, А. В. Рожковский // Птахівництво: міжвід. темат. наук. зб./ ІІІ УААН. – Харків, 1997. – Вип. 47. – С. 8-15.
9. Генетична ідентифікація і паспортизація порід і ліній птиці : методичні рекомендації / [Подстрешный О. П., Терещенко О. В., Ткачик Т. Е. та ін.]. – Бірки, 2009. – 76 с.
10. Ткачик Т. Е. Комплексне використання різних класів генетичних маркерів у процесі створення нових популяцій курей : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. біол. наук : спец. 03.00.15 "Генетика" / Т. Е. Ткачик. – Харків, 2008. – 20 с.
11. Flock O. K. Genetic-economic aspect of feed efficiency in laying hens / O. K. Flock // Poultry Sc. – 1998. – Vol. 54, № 3. – P. 225-239.
12. Genetic superiority from research and technology // International Hatchery Practik. – 2003. – Vol. 18, № 1. – P. 23.
13. Nei M. Genetic distance between populations / M. Nei // Amer. Natur. – 1972. – Vol. 106. – P. 283-292.
14. On doing invest mend strengthens Arbor Acres // International Hatchery Practik. – 2003. – Vol. 18, № 1. – P. 29.