

14. Герасименко В. В. Рівень мінливості асоціацій генів груп крові в популяції свиней української степової рябої породи / В. В. Герасименко // Науковий вісник "Асканія-Нова", 2009. – вип. 2. – С. 111–115.
15. Алтухов Ю. П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения / Ю. П. Алтухов // Генетика. – 1995. – Т. 31, № 10. – С. 1333–1357.
16. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях / Ю. П. Алтухов. – М. : Наука, 1983. – 280 с.
17. Левонтин Р. Генетические основы эволюции / Р. Левонтин: [пер. с англ.]. – М. : Мир, 1978. – 351 с.
18. Майр Э. Популяции, виды и эволюция / Э. Майр. – М. : Мир, 1974. – 460 с.
19. Животовский Л. А. Интеграция полигенных систем в популяциях / Л. А. Животовский. – М. : Наука, 1984. – 182 с.
20. Кейлоу П. Принципы эволюции. – М. : Мир, 1986. – 128 с.

УДК 636.082.22: 575.17

МОНІТОРИНГ АЛЕЛОФОНДУ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ХУДОБИ

*Гиль М.І. – д. с.-г. н., професор, член НААН України,
Крамаренко С.С. – к. б. н., доцент,
Волков В.А. – аспірант, Миколаївський ДАУ*

Постановка проблеми. У молочному скотарстві великомасштабна селекція нині ведеться при залученні великого арсеналу генетичних методів і прийомів оцінки спадкових характеристик. Імуногенетичне ж тестування стад і популяцій в Україні поки що займає чинне місце, воно є найбільш доступним (з огляду на кількість накопичених у спеціальних центрах матеріалів та, звичайно, цінність цих досліджень).

Стан вивчення проблеми. На думку Б.Є. Подоби [14, 15], порівняльну оцінку генофондів варто здійснювати на антигенному рівні, оскільки такі дослідження за алелями в багатьох випадках ускладнено через високу породоспецифічність. Разом із тим, ініційовані в країні породотворні процеси, особливо в останні півстоліття, обумовили тиск генетичного навантаження на самі популяції молочної худоби. На переконання багатьох дослідників [3, 5, 6, 9, 10, 13, 16], аналіз частот алелей та еритроцитарних факторів за певними генеалогічними структурами, різними генофондами на всіх етапах породотворення є невід'ємним елементом у технології селекції. Водночас, варто нагадати, що кількість наявної інформації [2, 4, 7, 11] про значимість імуногенетичного тестування викликало і потребу вдосконалення методології, яка дозволяє здійснювати моніторинг стад і порід, їх структур і, звісно, ознак селекції [12, 20]. Інколи такі дослідження ускладнені тим, що фахівцю відомо лише частоти еритроцитарних антигенів без інформації про частоти генотипів. У такому разі набір кров'яних факторів можливо розглядати як гаплотип.

Завдання і методика досліджень. Уже є перші роботи [8] з оцінювання

популяцій великої рогатої худоби на підставі таких даних, але за особливостями лінійної розподіленості тварин, їх генетичної характеристики в рамках такої породно-структурної належності досліді не здійснювались. А тому в нашій роботі це і стало предметом досліджень.

Матеріалом досліджень була українська чорно-ряба молочна порода (УЧРМ), оцінена в умовах ВАТ „Племзавод „Степной” Запорізької області і представлена п'ятьма генеалогічними лініями – 1650414.73 Валіанта (1), 1491007.65 Елевейшна (2), 30587 Аннас Адема (3), 1629391.72 Хановера РЕД (4), 352790.79 Старбака (5). Визначення груп крові піддослідних тварин проводили в лабораторіях імуногенетики Інституту тваринництва степових районів ім. М.Ф. Іванова «Асканія-Нова» НААН України з використанням стандартних моноспецифічних реагентів та методик дослідження [15]. Кров у корів брали з яремної вени з наступною консервацією розчином лимоннокислого натру (тризаміщений), глюкози та стрептоміцину. Проаналізовано поліморфізм восьми (*A*, *B*, *C*, *F-V*, *L*, *M*, *S*, *Z*) генетичних систем за 45 еритроцитарними факторами (за винятком тварин лінії Аннас Адема, до складу якої входило лише три корови). Було розраховано такі показники генетичної різноманітності: частку поліморфних локусів (*P*), середню генетичну різноманітність (*h*) і середню ефективну кількість алелей (*Ae*). Окрім оцінок фактичної різноманітності, також встановлено показники потенційної різноманітності (очікуваної при $n \rightarrow \infty$); використано метод А. Чао [17] та асимптотичний метод регресії [1, 18].

З метою оцінки ступеня генетичної диференціації між групами по відношенню до частот різних еритроцитарних антигенів був використаний метод аналізу молекулярної мінливості (АМОВА). Для оцінки рівня значущості як для парних величин Φ_{st} між окремими групами тварин, так і для інтегрального показника був застосований *resampling*-метод перестановок (999 пермутацій).

Для відшуку еритроцитарних антигенів, по відношенню частоти яких наявні вірогідні відмінності між групами, використаний критерій Хі-квадрат, що розрахований за методикою максимальної подібності правді (χ^2_{ML}). Більше того, для визначення ступеня подібності/відмінності між окремими групами тварин було використано методи багатомірного шкалювання (MDS) на підставі матриці евклідової відстані між групами, а також метод головних координат (РСоА) через матрицю парних оцінок генетичної диференціації (Φ_{st}). Використавши UPGMA-алгоритм, було побудовано дендрограму генетичної подібності між групами тварин на підставі частот еритроцитарних антигенів. Стійкість топології цієї дендрограми було оцінено для кожної гілки за допомогою *bootstrap*-процедури (використано по 1000 повторень).

Усі розрахунки було виконано з використанням програми GenAIEХ v. 6.0 [20], STATISTICA v5.5 [21] та PAST v. 1.82b [19].

Результати досліджень. З 45 еритроцитарних антигенів, що використано для аналізу, чотири були мономорфними для всіх піддослідних тварин. Це антигени *Z'*, *B'*, *B''* та *R₁*. Рівень генетичної різноманітності значно коливався серед тварин різних ліній. Кількість локусів, для яких встановлено внутрішньопопуляційний поліморфізм змінювалася серед досліджених ліній корів УЧРМ породи значно – від 32 антигенів (71,1%) в представників лінії Елевейшна до 40 антигенів (88,9%) в особин лінії Валіанта (табл. 1). Практично узгоджено з часткою поліморфних локусів коливалася генетична різноманітність –

від 0,250 (лінія Елевейшна) до 0,284 (лінія Валіанта). Ефективна кількість алелей, між тим, була найбільшою серед корів, що належали лінії Хановера РЕД (1,844), коли найменша (1,689) – серед тварин лінії Старбака (табл. 1).

Унікальні алелі було зареєстровано лише серед худоби лінії Валіанта (для еритроцитарних антигенів K та O_2) та Старбака (H'') з дуже малою частотою (0,022-0,044).

Як фактична різноманітність, так і потенційна для корів різних ліній знаходилась у досить близькій відповідності (табл. 1). Це свідчить про те, що обсяг вибірок (19-31 тварина) був достатнім для оцінювання їх генетичної різноманітності.

Таблиця 1 – Показники генетичного різноманіття генеалогічних ліній української чорно-рябї молочної породи за еритроцитарними антигенами

Показники	Генеалогічні лінії породи				
	Валіанта ($n = 28$)	Елевей-шна ($n = 19$)	Аннас Адема ($n = 3$)	Хановера РЕД ($n = 19$)	Старбака ($n = 31$)
Частка поліморфних локусів (P), %	88,9	71,1	-	84,4	77,8
Генетичне різноманіття (h)	0,284± 0,026	0,250± 0,029	-	0,267± 0,026	0,271± 0,028
Ефективна кількість алелей (Ae)	1,778± 0,047	1,711± 0,069	-	1,844± 0,055	1,689± 0,063
Частота унікальних алелей	0,044	-	-	-	0,022
Фактична кількість зареєстрованих антигенів	40	32	-	38	35
Очікувана кількість зареєстрованих антигенів, коли $n \rightarrow \infty$:					
модель А.Чао	41,78± 0,83	32,01± 0,20	-	39,29± 0,71	38,50± 4,00
модель регресії	43,36± 0,16	35,57± 0,13		43,45± 0,22	37,60± 0,10

На рисунку 1 наведено криві «розрідження» (rarefaction curves), що відображають залежність кількості виявлених у групі еритроцитарних антигенів від обсягу вибірки. Загалом можливо відзначити, що для тварин лінії Валіанта та Хановера РЕД інтенсивність зростання різноманітності більш суттєва, ніж у худоби лінії Старбака. Більше того, для корів лінії Елевейшна рівень максимально можливої різноманітності встановлюється вже при обсягу вибірки у 10-12 голів, що додатково свідчить про дуже низький рівень генетичної різноманітності тварин цієї лінії.

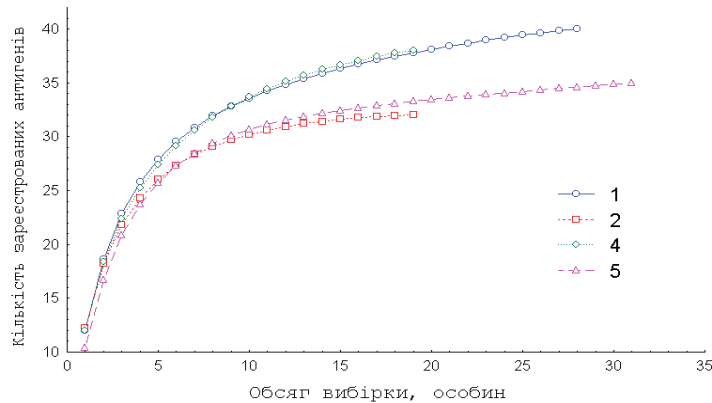


Рис. 1. Криві залежності кількості зареєстрованих антигенів від обсягу вибірки (rarefaction curves) для корів різних груп

З 41 еритроцитарних антигенів, що виявляють мінливість у досліджених тварин, для 12 було встановлено достовірні відмінності по відношенню їх частот серед тварин різних ліній (табл. 2). Це – антигени A_1 , A_2 , G_2 , I_1 , G' , O' , Q' , G'' , R_2 , W , C' та L . Частоти решти 29 антигенів достовірно не різнились серед корів обстежених груп худоби.

Таблиця 2 – Еритроцитарні антигени, за частотою яких відмічені вірогідні відмінності між коровами різних генеалогічних ліній УЧРМ породи

Антигени	Критерій Хі-квадрат (χ^2_{ML})	Рівень значущості (p)
A_1	15,13	0,0045
A_2	14,97	0,0048
G_2	11,86	0,0185
I_1	23,15	0,0001
G'	12,62	0,0132
O'	20,23	0,0005
Q'	11,28	0,0236
G''	14,17	0,0068
R_2	16,13	0,0029
W	10,67	0,0305
C'	14,67	0,0055
L	10,37	0,0346

Загалом, результати AMOVA (табл. 3) свідчать про те, що рівень генетичної диференціації між тваринами підслідних ліній є значущим ($\Phi_{st} = 0,047$; $p = 0,001$).

Попарні оцінки генетичної диференціації між коровами генеалогічних ліній УЧРМ змінювалися від 0,003 (між представниками ліній Валіанта та Хановера РЕД) до 0,092 (відповідно, Елевейшна та Старбака). Проте, достовірні відмінності (з поправкою Бонферроні на множинні порівняння) було встановлено лише для однієї пари – худоби з ліній Елевейшна та Старбака. Між тваринами інших ліній суттєвих генетичних відмінностей не виявлено.

Таблиця 3 – Результати аналізу молекулярної мінливості (АМОВА) еритроцитарних антигенів корів різних генеалогічних ліній УЧРМ породи

Джерело мінливості	SS	df	MS	Φ_{PT}	p
Між групами	48,713	4	12,178	0,047	0,001
Внутрішньогрупова	600,747	95	6,324		
Загальна	649,460	99	18,502		

На рисунку 2 наведено дендрограму генетичної подібності між коровами різних ліній на підставі частот окремих еритроцитарних антигенів. Як встановлено, найбільш та максимально віддаленими виявилися тварини лінії Аннас Адема, в той час як решта ліній утворюють єдиний пул. Низькі оцінювання bootstar-вірогідностей (от 37% до 49%) свідчать про те, що топологія гілок, які утворені вивченими групами тварин УЧРМ породи, не є стійкою. Тому для більшої деталізації характеру генетичної диференціації між окремими структурними елементами породи нами був використаний метод ординації центроїдів у просторі решти двох вісей багатомірного шкалювання та перших двох вісей головних координат (рис. 3).

Фактично, в обох випадках одержано результати, що узгоджуються. З п'яти ліній худоби, що аналізувалася, найбільш близькими за імуногенетичною мінливістю виявилися тварини ліній Валіанта та Хановера РЕД, проте представниці Елевейшна, Аннас Адема та Старбака виявляються віддаленими між собою, як і від ровесниць ліній Валіанта і Хановера РЕД. При цьому вісь 1 та головна координата 2, вісь 2 та головна координата 1 опинилися отроgonальними між собою.

Найбільший внесок у формування цієї ординації центроїдів окремих генеалогічних ліній вносять частоти антигенів: до вісі 1 – I' , K' , C_2 , X_2 (з позитивним знаком) і L (з від'ємним знаком); до вісі 2 – Y_2 (з позитивним знаком) і A_2 , U' (з від'ємним знаком).

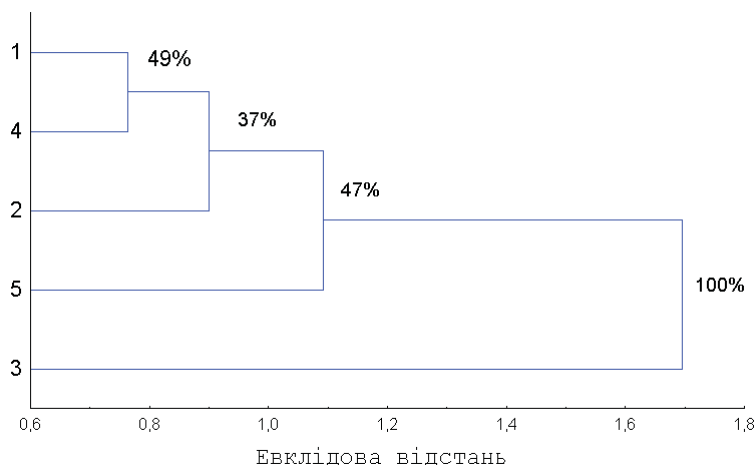


Рис. 2. Дендрограма подібності корів різних груп за частотами еритроцитарних антигенів (наведено бутстреп-ймовірності формування окремих гілок для 1000 повторів)

З метою більш детального аналізу формування генетичної структури окремих ліній УЧРМ породи нами було використано гаплотипи на підставі п'яти еритроцитарних антигенів, для яких встановлені найбільші відмінності по відношенню до частоти їх попадання. Загалом, для цих антигенів відмічено наявність 13 гаплотипів (табл. 4). Три з них встановлено як унікальні: два (гаплотипи $---I_1--$ та $--I_1O'-$) зустрічаються лише серед корів лінії Старбака, а один (A_1----) – серед худоби лінії Валіанта. Віднайдено гаплотипи унікальні і для двох ліній. Наприклад, лише серед тварин ліній Хановера РЕД та Старбака зустрічається гаплотип $A_1A_2I_1--$, а серед худоби ліній Валіанта та Елевейшна – гаплотип A_1A_2-O' . З іншого боку, серед тварин ліній Валіанта та Старбака не виявлено гаплотип $---O'R_2$, який зафіксовано для корів решти досліджених ліній.

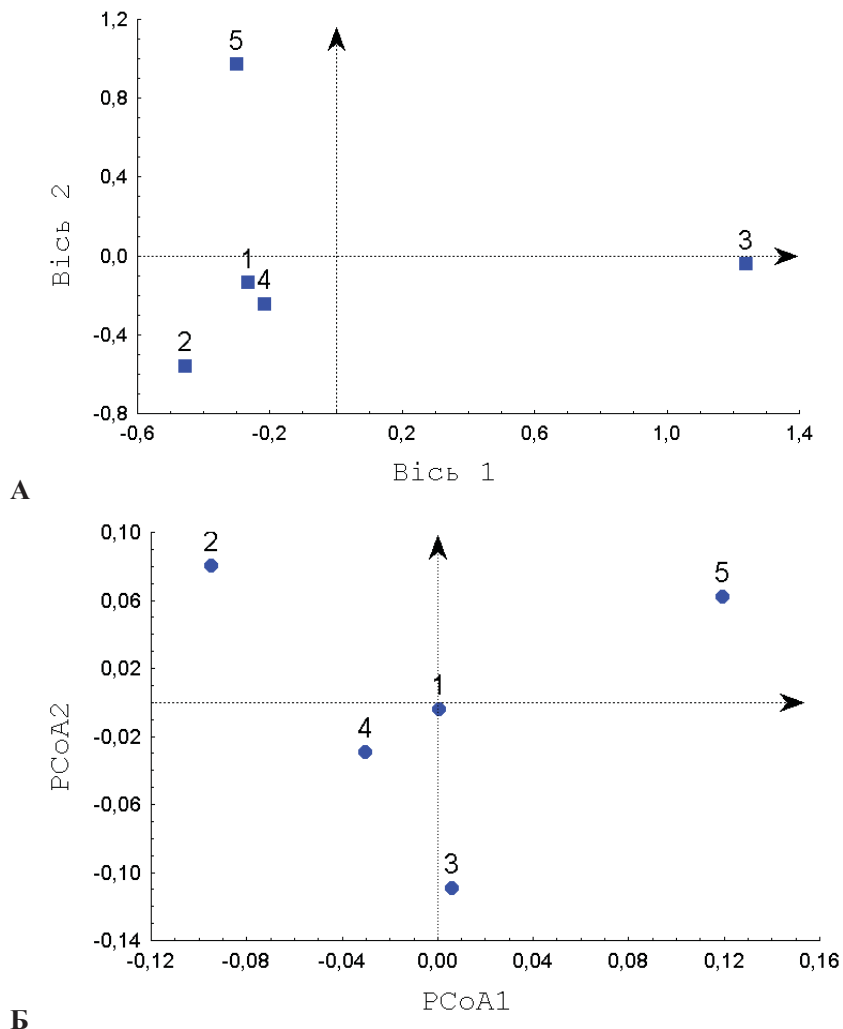


Рис. 3. Розподіл центроїдів груп корів у просторі перших двох вісей багатовимір-ного шкалювання (А) та головних координат (Б) на підставі частот еритроцитар-них антигенів

Використавши частоти одержаних гаплотипів ми побудували ще одну дендрограму подібності (рис. 4). І хоча її топологія дуже близька до тієї, що була одержана на підставі частот окремих антигенів, але при цьому стійкість цієї дендрограми виявилася набагато більшою. Загалом, з досить високою вірогідністю (85%) формується кластер, що включає представників ліній Валіанта, Елевейшна та Хановера РЕД. Відокремлено від них розташовано тварин-ровесниць з лінії Аннас Адема (85%) та окремо від худоби ліній Валіанта, Елевейшна, Хановера РЕД та Старбака – корови лінії Аннас Адема (100%).

Таблиця 4 - Частоти окремих гаплотипів за еритроцитарними антигенами серед корів різних генеалогічних ліній УЧРМ породи

Гап-лоти-пи	Еритроцитарні антигени					Генеалогічні лінії породи				
	A_1	A_2	I_1	O'	R_2	Валі-анта	Елевей-шна	Аннас Адема	Хано-вера РЕД	Стар-бака
1	0	0	0	0	0	5	1	0	5	12
2	0	0	0	0	1	1	0	1	2	0
3	0	0	0	1	0	6	2	1	1	0
4	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0
5	0	0	1	0	0	1	0	0	0	7
6	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1
7	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
8	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
9	1	1	0	0	0	5	4	0	3	6
10	1	1	0	0	1	4	5	0	3	1
11	1	1	0	1	0	2	4	0	0	0
12	1	1	0	1	1	3	2	0	3	0
13	1		1	0	0	0	0	0	1	3

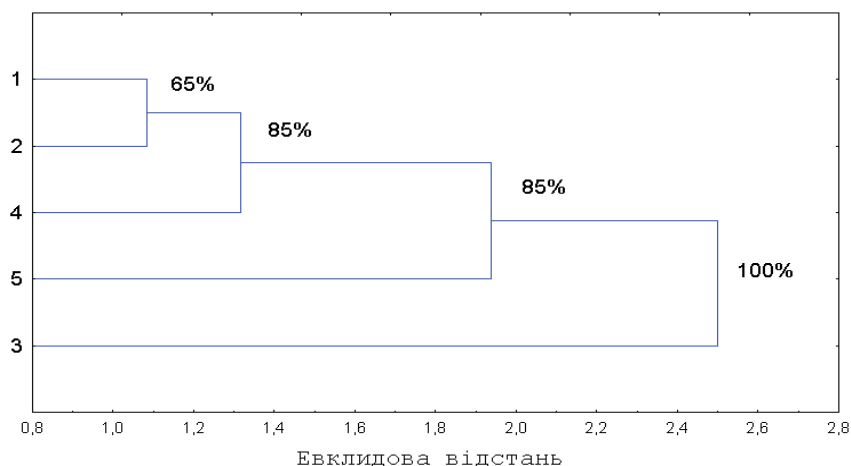


Рис. 4. Дендрограма подібності корів різних груп за частотами 13 гаплотипів еритроцитарних антигенів (наведено бутстреп-ймовірності формування окремих гілок для 1000 повторів)

Висновки та пропозиції. Проведені дослідження дозволили встановити:

1. Методика оцінки гаплотипів із використанням програм GenIAEx v.6.0 (Peakall, Smouse, 2006), STATISTICA v.5.5 та PAST v. 1.82b (Kumar, Tamura, Nei, 2005) забезпечує технологу-селекціонеру достатньо повну характеристику алелофонду і генетичної структури наявних ліній української чорно-рябої молочної породи.

2. Генетичний поліморфізм гінеалогічних ліній УЧРМ породи є значущим – 7,1-88,9%, причому ефективна кількість алелей більша серед корів, що належали лінії ХанOVERA РЕД (1,844), коли найменша (1,689) – серед тварин лінії Старбака. Унікальні алелі зареєстровано лише серед худоби ліній Валіанта та Старбака з дуже малою частотою (0,022-0,044).

3. Для тварин лінії Валіанта та ХанOVERA РЕД інтенсивність зростання різноманітності більш суттєва, ніж у худоби лінії Старбака, а для корів лінії Елевейшна рівень максимально можливої різноманітності встановлено при обсягу вибірки у 10-12 голів, що свідчить про дуже низький рівень генетичної різноманітності тварин цієї лінії. 12 еритроцитарних антигенів, що виявляють мінливість у досліджених тварин, мають достовірні відмінності по відношенню їх частот серед тварин різних ліній, коли решта 29 – достовірно не різняться.

4. Результати АМОВА свідчать про те, що рівень генетичної диференціації між тваринами піддослідних ліній є значущим ($F_{st} = 0,047$; $p = 0,001$). Проте, достовірні відмінності (з поправкою Бонферроні на множинні порівняння) встановлено лише для однієї пари – худоби з ліній Елевейшна та Старбака. Між тваринами інших ліній суттєвих генетичних відмінностей не виявлено.

5. Оцінювання bootstrap-вірогідностей та одночасно метод ординації центроїдів у просторі вісей багатомірного шкалювання надійно дозволяє визначати стійкість топології породно-структурної характеристики УЧРМ породи, причому з визначенням найбільшого внеску певного еритроцитарного антигена у цю характеристику.

6. Методика визначення гаплотипів достовірно дозволяє маркувати генеалогічні лінії української чорно-рябої молочної породи.

Перспективи подальших досліджень. Опрацьована методика моніторингу алелофонду певним чином має бути перевіреною на інших породах великої рогатої худоби з можливим наступним її включенням до процедури атестації селекційних досягнень у галузі племінного тваринництва України.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Аналіз структури популяцій / [Шебанін В.С., Мельник С.І., Крамаренко С.С., Ганганов В.М.]. — Миколаїв : МДАУ, 2008. — 240с.
2. Банникова Л.В. Генетическая структура некоторых аборигенных и заводских пород крупного рогатого скота (BOS TAURUS) Евразии / Л.В. Банникова, Л.А. Зубарева // Генетика. — 1995. — Т. 31. — № 5. — С. 697-708.
3. Баулов М. Анализ на алелного разнообразие и оценка на генетичните дистанции между популяции овце в България / М. Баулов // Генет. и селек. — 1992. — Г. 25. — № 3. — С. 268-274.

4. Баулов М. Динамика в аллелофонда, контролиращ фенотипно и генетично разнообразие на ензими и протеини в кръвната тука на овце с направление на мляко / М. Баулов, В. Карчева // Генет. и селек. — 1994. — Г. 27. — № 1-2. — С. 16-22.
5. Некоторые итоги изучения биохимического полиморфизма сельскохозяйственных животных в БССР / Л.В. Богданов, В.И. Поляковский, А.А. Лазовский и др. // Вопросы генетики и селекции. — Минск : Наука и техника, 1970. — С. 3-12.
6. Глазко Г.В. Генетична паспортизація порід і породної належності тварин на основі лінійного дискримінантного аналізу / Г.В. Глазко // Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть. — К. : Логос, 2001. — Т. 4. — С. 138-139.
7. Глазко В.И. Внутривидовая дифференциация генетических структур крупного рогатого скота и овец в связи с эколого-генетическими особенностями их разведения / В.И. Глазко // Агроэкология і біотехнологія. — К. : Аграрна наука, 1996. — С. 171-189.
8. Гиль М.И. Молекулярно-генетичні дослідження в оцінці популяцій молочної худоби / М.И. Гиль // Науковий вісник НАУ : Зб. наукових праць. — Вип. 109. — 2007. — С.63-69.
9. Иовенко В.Н. Особенности и возможности использования в селекции полиморфизма некоторых белков и ферментов крови овец асканийской тонкорунной и цыгайской пород : автореф. на соискание науч. степени канд. с.-х. наук : спец. 06.02.01 «Разведение и селекция животных / В.Н. Иовенко. — Аскания-Нова, 1986. — 26 с.
10. Иовенко В.Н. Генетические взаимоотношения популяции овец асканийского многоплодного каракуля с породами, использованными при его создании / В.Н. Иовенко, Н.М. Туринский // Тез. докл. II Междунар. конф. «Молекулярно-генетические маркеры животных». — К. : Аграрна наука, 1996. — С. 28-29.
11. Ларцева С.Х. Практикум по генетике / С.Х. Ларцева, М.К. Муксинов — М. : Агропромиздат, 1985. — 228 с.
12. Аллелофонд овец опаринской породы / Н.С. Марзанов, Я.М. Бадалов, Л.К. Марзанова и др. // Докл. Рос. акад. с.-х. наук. — 2000. — № 2. — С. 38-40.
13. Мещеряков В.Я. Исследования генетического полиморфизма эритроцитарных антигенов и сывороточных белков у пород крупного рогатого скота Украины : автореф. на соискание науч. степени докт. с.-х. наук : спец. 06.02.01 «Разведение и селекция животных / В.Я. Мещеряков. — Харьковский зооветеринарный институт. — Харьков, 1975. — 62 с.
14. Подоба Б.Є. Використання поліморфізму еритроцитарних антигенів для оцінки племінних ресурсів, підвищення генетичного потенціалу і збереження генофонду великої рогатої худоби : автореф. на здобуття наук. ступеня докт. с.-г. наук : спец. 03.00.15 / Б.Є. Подоба. — Інститут розведення і генетики тварин УААН. — с. Чубинське, Київська обл., 1997. — 33 с.
15. Подоба Б.Є. Генетична експертиза у скотарстві / Б.Є. Подоба, В.С. Кучура, М.В. Дідик. — К. : Урожай, 1991. — 176 с.

16. Використання генетико-біохімічних маркерів в породотворчому процесі / С.І.Тарасюк, В.І. Глазко, І.А. Макар, О.В. Городна // Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть. — Том I. — К. : Логос, 2001. — С. 428-432.
17. Chao A. User's guide for program SPADE v.3.1 / A. Chao, T-J. Shen. — Taiwan, 2006. — 47 p.
18. Estimating population size by genotyping faeces / [Kohn M.H., York E.C., Kamradit D.A. etc.] // Proc. R. Soc. Lond. Ser. B. — 1999. — V. 266. — P. 657-663.
19. Hammer O. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis / O. Hammer, D.A.T. Harper, P.D. Ryan // Paleontologia Electronica. — 2001. — V. 4(1). — 9 p.
20. Peakall R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel / R. Peakall, P.E. Smouse // Population genetic software for teaching and research : Molecular Ecology Notes 6. — 2006 — p. 288-295.
21. Weir B.S. Genetic data analysis : Methods for Discrete Population Genetic Data / B.S. Weir. — Massachusetts : Sinauer Associates Inc., Publishers Sunderland. — 400 p.

УДК 636.4.082

УДОСКОНАЛЕННЯ МЕТОДІВ ОЦІНКИ ПЛЕМІННОЇ ЦІННОСТІ КНУРІВ-ПЛІДНИКІВ У СЕЛЕКЦІЙНОМУ СТАДІ

Гришина Л.П. — к. с.-г. н, пр. н. с. ІСв і АПВ НААНУ

Постановка проблеми. Теорія і практика племінної справи показують, що у всіх селекційних програмах перенесення генетичного прогресу з племінних у товарні стада здійснюється через чоловічі особини. Зарубіжний досвід доводить, що 61% успіху селекційного прогресу стада досягається правильним вибором плідників і лише на 39% — вибором маток [1]. Незважаючи на те, що у свинарстві роль самок у спадковості є значно вищою, ніж у скотарстві та вівчарстві, генетичне поліпшення популяцій також відбувається переважно за рахунок інтенсивного використання плідників. Досягають цього більш високою точністю оцінки їх племінної цінності порівняно з самками. Саме тому заслуговують на увагу дослідження з визначення племінної цінності кнурів-плідників за продуктивними якістьми потомків.

Стан вивчення проблеми. В умовах широкого використання штучного осіменіння найбільший вплив на генетичний прогрес мають плідники, що оцінені за нащадками. Це обумовлено тим, що використання кнурів-поліпшувачів сприяє отриманню більшого селекційного прогресу в наступних поколіннях порівняно з масовим відбором тварин за продуктивними ознаками. Однак, на думку науковців [2], найбільш перспективним є комбінований метод відбору тварин: плідників - за якістю нащадків, маток — за власною продуктивністю та відтворними якістьми за першим опоросом. Такий метод забезпечує скоро-