

теплоизоляционного материала 15 можно использовать пенопласт толщиной 15 мм или другой близкой толщины. Крышка 5, которая открывается только для чистки кормушки, может быть закреплена к корпусу 1 с помощью форточных петель 17 или с помощью полоски скотча. В качестве штифтов 10 могут быть шурупы-саморезы 20x4 мм, а петли 11 из проволоки 2 мм.

Внутренние размеры кормушки АxВxН можно принять 250x100x150 мм, что соответствует 3,75 л. Так как жидкий корм не должен переливаться через стенку 6, то в кормушку можно будет вливать его до 3 л. Наличие теплоизоляционного материала 15 позволит сохранять первоначальную температуру корма длительный период при любой погоде.

Внедрение такой кормушки в производство позволит значительно улучшить условия труда при подкормке пчел, облегчить контроль за расходом жидкого корма.

УДК 575.116:575.2

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ТЕХНОЛОГИИ ДЛЯ ИНТЕНСИФИКАЦИИ СЕЛЕКЦИОННОГО ПРОЦЕССА В ЖИВОТНОВОДСТВЕ: ПРОБЛЕМЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ

Рубан С.Ю., Метлицкая Е.И.

Институт разведения и генетики животных Национальной академии аграрных наук Украины
с. Чубинское Бориспольского района Киевской области, Украина

Оптимальное использование резерва генетической изменчивости сельскохозяйственных животных возможно лишь при условии комплексного подхода к ее оценке, основанного не только на сопоставлении фенологических показателей, особенностей генеалогии и продуктивности, но и на анализе результатов исследования генетического полиморфизма с применением современных ДНК-технологий. Последние достижения науки в области молекулярной генетики дают основание для оптимистичных прогнозов их использования в практической селекции как некое руководство к действию.

Составление генетических карт крупного рогатого скота с высокой плотностью идентифицированных однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), разработка технологии «микрочипирования» в результате использования которой возможен анализ экспрессии более 500 тысяч SNP маркеров одновременно, позволили реализацию и практическое внедрение в производство ведущих стран мира методологии

геномной селекции (GS), при которой стала возможной оценка тотальной геномной ценности производителей и прогнозирование оптимальных вариантов подбора родительских пар для получения потомства с максимально возможным уровнем продуктивности для используемой породы. Несмотря на ежегодное снижение стоимости микрочипов, их ридеров и соответствующего программного обеспечения, для животноводства в Украине такие прогрессивные методы все еще остаются нереализованной мечтой.

К настоящему периоду времени в ведущих племенных хозяйствах Украины начинают внедряться методы, зарекомендовавшие себя в ведущих странах мира несколько десятилетий назад, – маркер-ассоциированная селекция (MAS), основанная на выявлении полиморфизма главных генов локусов количественных признаков (QTL) при включении полученной информации в математические индексы – комбинированные критерии селекции, основанные на методе BLUP. Так, в Банке генетических ресурсов Института разведения и генетики животных НААН содержится репродуктивный материал (сперма, эмбрионы) от выдающихся представителей различных пород и видов сельскохозяйственных животных, оцененных не только по качеству потомства и собственной продуктивности, но и по молекулярно-генетическим маркерам.

Например, селекционерам доступна информация по быкам с оптимальными сочетаниями аллелей гена каппа-казеина (ассоциированным с наличием фракций белка-казеина, необходимого для получения высококачественных сыров), LG- бета, GH и др., оказывающих существенное влияние на формирование качественных показателей молочной продукции. Для недопущения снижения репродуктивного потенциала высокоудойного голштинизированного скота, сперма быков-производителей подвергается тестированию на наличие носительства генетических аномалий, приводящих к ранней неонатальной гибели телят и преждевременным абортам коров (цитруллинемия, BLUD, DUMS, SVM и др.).

Наряду с локус-специфическими технологиями выявления полиморфизма ДНК (ПЦР-ПДРФ), используются методы фингерпринтного анализа геномов – RAPD, ISSR. Целесообразность комплексного полилокусного молекулярно-генетического мониторинга популяций сельскохозяйственных животных по данным маркерам заключается в оценке их генетического разнообразия и консолидации проведения генетической паспортизации пород и отдельных особей для разработки научно обоснованных стратегий рационального использования племенных ресурсов, особенно в отношении малочисленных и исчезающих аборигенных пород. Использование ISSR анализа оказалось перспективным

для поиска QTL у малоизученных видов объектов сельскохозяйственного назначения – пчел медоносных. Обнаружен ДНК-маркерный фрагмент 950_{с4}, достоверно ассоциированный с высоким уровнем медовой продуктивности пчел украинской породы, что позволит производить отбор потенциально ценных семей и увеличить эффективность традиционных методов селекции.

Разработка современных концепций развития селекционной науки для выведения отрасли отечественного животноводства на качественно новый уровень, неотделима от разработки и внедрения молекулярно-генетических технологий в повседневную практику для повышения точности отбора, сокращения генерационного интервала, получения высококачественной конкурентоспособной продукции.

УДК 631.15: 004.9

ПОСТАНОВКА И РЕШЕНИЕ ЗАДАЧИ БАЛАНСИРОВАНИЯ РАЦИОНА КОРМЛЕНИЯ КРС

Сеньков А.Г.

УО «Белорусский государственный аграрный технический университет»
г. Минск, Республика Беларусь

«Задача о рационе» относится к классическим задачам оптимизации. Её общая постановка выражается следующим образом. Пусть имеется N кормов, с помощью которых необходимо удовлетворить потребности животного в M питательных компонентах (обменной энергии, сухом веществе и так далее). В соответствии с нормами животному в день необходимо D_j единиц j -го питательного компонента. При этом a_{ij} есть содержание j -го питательного компонента в 1 кг i -го корма, а c_i – цена единицы i -го корма. Обозначив через x_i потребление i -го корма, получаем задачу:

$$\begin{cases} x_i \geq 0, & i = 1, \dots, N; \\ \sum_{i=1}^N a_{ij} \cdot x_i \geq D_j, & j = 1, \dots, M; \end{cases} \quad z = \sum_{i=1}^N c_i \cdot x_i \rightarrow \min. \quad (1)$$

Недостатком описанного подхода является перекармливание животного, так как ограничивающие неравенства в (1) предполагают, что содержание в рационе каждого питательного компонента должно быть не меньше нормы. Кроме того, отклонения от нормы по различным питательным компонентам могут иметь различную степень значимости. Так, например, отклонение от нормы по обменной энергии должно