

# Збереження біорізноманіття тварин

УДК636.293.2.082(477)

## ПОЛІМОРФІЗМ ПОПУЛЯЦІЇ УКРАЇНСЬКИХ РІЧКОВИХ БУЙВОЛІВ (RIVER BUFFALO) ЗА МІКРОСАТЕЛІТНИМИ ЛОКУСАМИ ДНК

Ю. В. ГУЗЄЄВ<sup>1</sup>, О. В. МЕЛЬНИК<sup>2</sup>, О. О. ГЛАДИРЬ<sup>3</sup>, Н. А. ЗІНОВ'ЄВА<sup>3</sup>

<sup>1</sup>ТОВ «Голосіїво» (Гоголів, Україна)

<sup>2</sup>Національний університет біоресурсів і природокористування України (Київ, Україна)

<sup>3</sup>Всеросійський науково-дослідний інститут тваринництва імені академіка Л. К. Ернста (Дубровиці, Росія)

У статті наведено результати досліджень генетичного різноманіття вітчизняної популяції буйволів (*Bubalus bubalis*), чисельність якої в Україні останніми десятиліттями суттєво скоротилася. Матеріалом для досліджень слугували 64 голови буйволів, які розводяться в ТОВ «Голосіїво» Київської обл., та особистих господарствах мешканців Закарпатської області. Генетичний аналіз проводили, використовуючи 11 мікросателітних локусів (BM1818, BM2113, BM1824, INRA023, ILST006, ETH10, ETH185, ETH225, SPS115, TGLA126, TGLA227), які рекомендовані ISAG для генотипування великої рогатої худоби.

У результаті проведених досліджень встановлено, що середня кількість алелів на локус становила 6,55. Значення фактичної гетерозиготності коливалося в межах від 0,260 (BM2113) до 0,980 (INRA023), теоретично очікуваної – від 0,291 (BM2113) до 0,753 (TGLA227). За усіма локусами, окрім BM1818, ETH185 та BM2113, встановлено високий рівень поліморфізму. Найбільш поліморфним виявився локус TGLA227. Незважаючи на обмежену чисельність поголів'я буйволів, у досліджуваній популяції зафіксовано надлишок гетерозиготних генотипів на рівні 5,5%, що свідчить про відсутність скорочення генетичного різноманіття в ній. Найбільший надлишок гетерозиготних генотипів встановлено за TGLA126 – 34,2%, у той час як за BM1818 зафіксовано максимальний дефіцит гетерозигот – 27,3%.

Незважаючи на використання мікросателітних локусів, рекомендованих для генотипування великої рогатої худоби, ефективність їх використання для генетичного аналізу буйволів виявилася досить високою і становила понад 99,99%. Останнє свідчить про можливість і ефективність використання обраного переліку мікросателітних локусів для оцінювання алелофонду і характеристики генетичного різноманіття української популяції буйволів.

**Ключові слова:** буйволи, генетичне різноманіття, популяція, мікросателітні локуси, алелі

THE POLYMORPHISM OF THE POPULATION OF THE UKRAINIAN RIVER BUFFALO  
AT MICROSATELLITE DNA LOCI

Yu. V. Guseev<sup>1</sup>, O. V. Melnyk<sup>2</sup>, E. A. Gladyr<sup>3</sup>, N. A. Zinovieva<sup>3</sup>

© Ю. В. ГУЗЄЄВ, О. В. МЕЛЬНИК,  
О. О. ГЛАДИРЬ, Н. А. ЗІНОВ'ЄВА, 2016

<sup>1</sup>«Golosiyyo» LLC (Hoholiv, Ukraine)

<sup>2</sup>National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine (Kyiv, Ukraine)

<sup>3</sup>All-Russian Research Institute of Animal Breeding named after Academician L. K. Ernst (Dubrovitsy, Russia)

The paper presents the results of genetic diversity studies of native buffalo population (*Bubalus bubalis*), the number of which decreased significantly in the recent decades in Ukraine. The material for these studies was 64 buffalo head, which are bred at «Golosiyyo» LLC, Kyiv region, and private households of residents of Transcarpathian region. Genomic DNA was isolated from cartilage tissues from ears. Genetic analysis was performed using 11 microsatellite loci (BM1818, BM2113, BM1824, INRA023, ILST006, ETH10, ETH185, ETH225, SPS115, TGLA126, TGLA227), which are recommended by ISAG for genotyping of cattle.

The results of studies showed that the average number of alleles per locus was 6,55. The values of observed heterozygosity ranged from 0,260 to 0,980, expected one ranged from 0,291 (BM2113) to 0,753 (TGLA227). All microsatellite loci except BM1818, ETH185 and BM2113 showed high level of polymorphism. The most polymorphic locus was TGLA227. Despite the limited number of buffaloes, an excess of heterozygous genotypes at the level of 5,5% was stated at the studied population. It indicates the existence of high genetic variability of population. For TGLA126 was determined the largest excess of heterozygous genotypes – 34,2%, while for BM1818 was fixed maximum deficit of heterozygotes – 27,3%.

Despite the use of microsatellite loci, which are recommended for cattle genotyping, the efficiency of their use for genetic analysis of buffaloes was very high (more than 99,99%). It indicates the ability and efficiency of use of selected microsatellite loci for allele pool evaluation and genetic diversity characterization of Ukrainian buffalo population.

**Keywords: buffalo, genetic diversity, population, microsatellite loci, alleles**

## **ПОЛИМОРФИЗМ ПОПУЛЯЦИИ УКРАИНСКИХ РЕЧНЫХ БУЙВОЛОВ (RIVER BUFFALO) ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ ДНК**

**Ю. В. Гузев<sup>1</sup>, О. В. Мельник<sup>2</sup>, Е. А. Гладырь<sup>3</sup>, Н. А. Зиновьева<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>ООО «Голосеево» (Гоголев, Украина)

<sup>2</sup>Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины (Киев, Украина)

<sup>3</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л. К. Эрнста (Дубровицы, Россия)

В статье приведены результаты исследований генетического разнообразия отечественной популяции буйволов (*Bubalus bubalis*), численность которой в Украине в последние десятилетия существенно сократилась. Материалом для исследований послужили 64 головы буйволов, которые разводятся в ТОВ «Голосеево» Киевской обл., и личных хозяйствах жителей Закарпатской области. Геномную ДНК выделяли из ушных выщипов. Генетический анализ проводили, используя 11 микросателлитных локусов (BM1818, BM2113, BM1824, INRA023, ILST006, ETH10, ETH185, ETH225, SPS115, TGLA126, TGLA227), которые рекомендованы ISAG для генотипирования крупного рогатого скота.

В результате проведенных исследований установлено, что среднее количество аллелей на локус составило 6,55. Значение наблюдаемой гетерозиготности колебалось в пределах от (BM2113) до 0,980 (INRA023), ожидаемой – от 0,291 (BM2113) до 0,753 (TGLA227). За всеми локусами, кроме BM1818, ETH185 и BM2113, установлен высокий уровень полиморфизма. Наиболее полиморфным оказался локус TGLA227. Несмотря на ограниченную численность поголовья буйволов, в исследуемой популяции зафиксирован избыток гетерозиготных генотипов на уровне 5,5%, что свидетельствует об отсутствии сокращения генетического разнообразия в ней. Наибольший избыток гетерозиготных генотипов установлен за локусом

TGLA126 – 34,2%, в то время как за BM1818 зафиксирован максимальный дефицит гетерозигот – 27,3%.

Несмотря на использование микросателлитных локусов, рекомендованных для генотипирования крупного рогатого скота, эффективность их использования для генетического анализа буйволов оказалась достаточно высокой и составила более 99,99%. Последнее свидетельствует о возможности и эффективности использования выбранного перечня микросателлитных локусов для оценки аллелофонда и характеристики генетического разнообразия украинской популяции буйволов.

**Ключевые слова:** буйволы, генетическое разнообразие, популяция, микросателлитные локусы, аллели

**Вступ.** Буйволи – наземні тварини, невід’ємним середовищем їх існування є водоймища, в яких вони проводять більшу частину свого життя. По берегах річок, озер і т.д. росте різна соковита рослинність, трави та багато різних кущів і дерев, що забезпечує буйволам комфортні умови для життя, продукування та розмноження. Відповідно від середовища свого існування і походить їх класифікаційна назва. Вид Азіатський буйвол (*Bubalus bubalis*) розділяється на два підвиди – буйвол річковий (*river buffalo*) та болотяний (*swamp buffalo*).

Чисельність буйволів (*Bubalus bubalis*) у світі постійно зростає, в Європі, Азії, Єгипті розводять буйвола річкового, нині їх кількість складає більше 182 млн. голів, близько 174 млн. гол. в азіатських країнах, 3,7 млн. гол. в Єгипті, в Південній Америці в основному розводять гібридних буйволів *river buffalo* × *swamp buffalo*, їх кількість становить 4,3 млн. гол., в Європі 459 тис. гол. В Австралії розводять буйвола болотяного, їх кількість варіює від 70 тис. до 200 тис. голів.

В Україні розводять буйволів азіатського кореня, тобто буйвола річкового (*river buffalo*). В недавньому минулому буйволоводство в Україні було однією із традиційних галузей тваринництва у русинів в Закарпатському регіоні, але за часів перебудови та комерціалізації всіх галузей народного господарства настав занепад і цієї галузі.

Не так давно володарі буйволів в Закарпатському регіоні України використовували їх як тяглове зусилля, від них отримували м’ясо, молоко, шкіру, кістки та гній, який застосовувався для будівництва житла та його обігріву, покращення родючості землі, вирощування черв’яків для рибальства. Ця традиція ведення буйволоводства залишилась і до теперішнього часу в східних народів.

Так як буйволи розповсюджені в зонах із жарким та вологим кліматом, а ця зона сприятлива для інфекцій та паразитів, буйволи мають підвищену стійкість до кровосисних та кровопаразитарних захворювань, туберкульозу, ящуру, піроплазмозу, анаплазмозу. Буйволиці, що хворіють на бруцельоз, народжують телят. Самиці менше вражаються на хвороби вим’я (мастити та інші) [1].

Збереження генетичного різноманіття великої рогатої худоби, овець, кіз, свиней, птиці та буйволів в Україні виглядає плачевно. До сьогодення в Україні відсутні скоординовані дії щодо розведення української популяції буйволів, не розроблено жодної програми по збереженню генофонду буйволів і відповідно не виділяються з бюджету кошти на їх збереження, не внесені вони і до реєстру статистичної звітності України, а це означає що буйволів в Україні не існує, хоча в Україні всі буйволи ідентифіковані.

Тому дослідження генетичного різноманіття буйволів є особливо актуальним. Одним із методів його вивчення є використання молекулярно-генетичних маркерів, зокрема послідовностей ДНК, поліморфізм яких зумовлений відмінностями в послідовності нуклеотидів різних алелів одного локусу. Одним із таких типів генетичних маркерів є микросателітні локуси ДНК. Останніми роками генетична характеристика буйволів за використання микросателітів набула особливого поширення. Це підтверджують численні дослідження іноземних авторів [7, 8, 9].

Незважаючи на ряд існуючих мікросателітних локусів, які використовують для дослідження буйволів, досить ефективним є генетичний аналіз буйволів за використання мікросателітних локусів для великої рогатої худоби [13,15].

Метою досліджень була характеристика генетичного різноманіття української популяції буйволів за мікросателітними локусами ДНК.

**Матеріал та методи досліджень.** Під час експедиційного обстеження 2007–2008 років залишків водяних буйволів в Україні, відбиралися біопроби (вищип з вушної раковини) для подальших генетичних досліджень. Генетичний аналіз 64 голів буйволів, проводився на базі лабораторії молекулярної генетики і цитогенетики тварин Центру біотехнології і молекулярної діагностики Державної наукової установи «Всеросійський науково-дослідний інститут тваринництва». Геномну ДНК виділяли за методикою Зінов'євої зі співавт. [2].

Для аналізу було обрано 11 мікросателітних локусів (BM1818, BM2113, BM1824, INRA023, ILST006, ETH10, ETH185, ETH225, SPS115, TGLA126, TGLA227), які входять до переліку рекомендованих ISAG-FAO для генотипування великої рогатої худоби (табл. 1).

*1. Дизайн праймерів та хромосомна локалізація ідентифікованих в дослідженнях мікросателітних локусів ДНК*

Мікросателітний локус	Хромосома	Послідовність праймера	Автор
BM1818 (D23S21)	23	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGGTCCA	[4]
BM2113 (D2S26)	2	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCCTGAGAGAAGCAACACC	[4]
BM1824 (D1S34)	1	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATCTCCAAGTCTTCCTT	[4]
INRA023 (D3S10)	3	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTAGATGAACTC	[14]
ILST005 (D10S25)	10	GGAAGCAATGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC	[6]
ILST006 (D7S8)	7	TGTCTGTATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG	[6]
ETH10 (D5S3)	5	GTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCACTTCTCTTCTC	[11]
ETH185 (D17S1)	17	TGCATGGACAGAGCAGCCTGGC GCACCCCAACGAAAGCTCCCAG	[12]
ETH225 (D9S1)	9	GATCACCTTGCCACTATTCCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	[12]
TGLA126 (D20S1)	20	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTC TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTC	[3]
TGLA227 (D18S1)	18	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	[3]

Розділення продуктів ампліфікації проводили шляхом капілярного електрофорезу на приладі MegaBace500. Для ідентифікації алелів досліджуваних мікросателітних локусів використовували програму MegaBace Genetic Profiler 2.0.

Під час проведення досліджень визначали частоти ідентифікованих алелів, кількість алелів на локус ( $N_a$ ), фактичну ( $H_o$ ) і теоретично очікувану ( $H_e$ ) гетерозиготність, індекс поліморфізму (PIC), індекс фіксації (F), вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE). Для статистичної обробки даних використовували програмне забезпечення PowerStatsV12 (Promega), GENALEX 6 [10].

**Результати досліджень.** У результаті проведених досліджень було ідентифіковано 73 алельних варіанти та визначено частоти, з якими вони зустрічалися (табл. 2).

## 2. Частоти ідентифікованих алелів в українській популяції буйволів

Локус	Алель (частота)											
	256 (0,070)	260 (0,020)	264 (0,020)	266 (0,040)	268 (0,740)	272 (0,010)	274 (0,050)	280 (0,050)				
BM1818												
BM2113	127 (0,150)	129 (0,830)	133 (0,020)									
BM1824	176 (0,070)	178 (0,220)	180 (0,050)	182 (0,040)	188 (0,070)	190 (0,020)	192 (0,530)					
INRA023	202 (0,070)	206 (0,370)	208 (0,040)	210 (0,030)	212 (0,200)	214 (0,290)						
ILST006	287 (0,010)	289 (0,050)	291 (0,100)	295 (0,230)	297 (0,030)	299 (0,530)	301 (0,010)	305 (0,040)				
ETH10	209 (0,290)	215 (0,130)	217 (0,460)	219 (0,040)	221 (0,060)	223 (0,020)						
ETH185	234 (0,010)	236 (0,280)	240 (0,170)	242 (0,540)								
ETH225	140 (0,450)	144 (0,050)	148 (0,030)	150 (0,160)	152 (0,150)	154 (0,010)	156 (0,020)	158 (0,110)	164 (0,020)			
SPS115	250 (0,420)	254 (0,140)	256 (0,270)	260 (0,010)	264 (0,160)							
TGLA126	115 (0,190)	117 (0,350)	125 (0,430)	127 (0,030)								
TGLA227	71 (0,130)	73 (0,030)	75 (0,340)	77 (0,340)	79 (0,020)	81 (0,020)	85 (0,010)	89 (0,010)	91 (0,060)	95 (0,010)	97 (0,020)	99 (0,010)

Кількість алелів на локус коливалася від 3 (BM2113) до 12 (TGLA227). Середня кількість алелів на локус становила 6,55 (табл. 3).

### 3. Генетична характеристика української популяції буйволів за мікросателітними локусами ДНК

Локус	Кількість алелів	Фактична гетерозиготність	Теоретично очікувана гетерозиготність	Індекс фіксації	Індекс поліморфізму	Вірогідність виключення випадкового збігу алелів
BM1818	8	0,320	0,444	0,273	0,426	0,072
BM2113	3	0,260	0,291	0,098	0,257	0,048
BM1824	7	0,480	0,663	0,269	0,620	0,171
INRA023	6	0,980	0,739	-0,340	0,687	0,960
ILST006	8	0,740	0,658	-0,137	0,611	0,493
ETH10	6	0,900	0,689	-0,320	0,633	0,795
ETH185	4	0,740	0,607	-0,231	0,534	0,493
ETH225	9	0,760	0,740	-0,037	0,704	0,527
SPS115	5	0,600	0,713	0,149	0,656	0,291
TGLA126	4	0,880	0,662	-0,342	0,587	0,755
TGLA227	12	0,740	0,753	0,008	0,708	0,493
Середнє значення	6,55	0,673	0,633	-0,055	0,584	-
Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів						0,999939

Фактична гетерозиготність коливалася в межах від 0,260 (BM2113) до 0,980 (INRA023), у той час як теоретично очікувана – від 0,291 (BM2113) до 0,753 (TGLA227). Перевищення середнього значення фактичної гетерозиготності над теоретично очікуваною свідчить про наявність надлишку гетерозиготних генотипів в популяції. Це ж підтвердив і індекс фіксації, який характеризує рівень інбридингу особини по відношенню до популяції. В середньому за одинадцятьма локусами він становив 5,5%. Загалом за половиною з досліджуваних локусів зафіксовано надлишок гетерозиготних генотипів, причому найвищим він був за локусом TGLA126 (34,2%). Максимальний дефіцит гетерозигот зафіксовано за BM1818 – 27,3%.

Згідно з Botstein та ін. [5] локуси зі значенням  $PIC > 0,500$  є високополіморфними,  $PIC$  в межах  $0,250-0,500$  характеризує помірно поліморфні локуси, а якщо  $PIC < 0,250$ , то маркери є низькополіморфними. В середньому за досліджуваними локусами популяція виявилася високополіморфною ( $PIC = 0,584$ ). Виняток становили локуси BM1818, BM2113 та ETH185, для яких було зафіксовано середній рівень поліморфізму. Найбільш поліморфним у досліджуваній популяції був локус TGLA227.

Аналіз вірогідності виключення випадкового збігу алелів дозволив провести оцінку ефективності використання мікросателітних локусів для проведення генетичної експертизи походження. Незважаючи на те, що генетичне дослідження української популяції буйволів проводили за мікросателітними локусами, рекомендованими для дослідження великої рогатої худоби, ефективність їх використання виявилася надзвичайно високою і становила понад 99,99%. Найменш ефективним виявився локус BM2113, у той час як ефективність використання INRA023 становила 96%.

**Висновки.** Проблема, яка склалася на сьогодні в Україні щодо розведення буйволів, на жаль, залишається невирішеною. Незважаючи на високу якість молока та м'яса, які отримують від буйволів, їх кількість в нашій країні залишається мізерною. У результаті проведених генетичних досліджень української популяції буйволів за кількістю локусів та алелів спостерігається генетичне різноманіття. Використання мікросателітних локусів, які рекомендовані для генетичного аналізу великої рогатої худоби, показало високий рівень поліморфізму у буйволів, що підтверджує результати досліджень інших авторів. Ефективність використання наведеного переліку мікросателітів виявилася надзвичайно високою, що свідчить про доцільність їх застосування для генетичного моніторингу буйволів в Україні та розробці селекційних програм по збереженню та подальшому їх розведенню в нашій країні. Для координування цих напрямків в Україні назріла необхідність створення державного центру по буйволоводству.

## БІБЛІОГРАФІЯ

1. Гузєєв, Ю. Буйволи – унікальне біорізноманіття великої рогатої худоби України / Ю. Гузєєв // Тваринництво України. – 2014. – № 3–4. – С. 5–8.
2. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / Н. А. Зиновьева, А. П. Попов, Л. К. Эрнст, и др. – Дубровицы: ВИЖ. – 1998. – 47 с.
3. A genetic linkage map of the bovine genome / W. Barendse, S. M. Armitage, L. M. Kossarek, A. Shalom, B. W. Kirkpatrick, A. M. Ryan, D. Clayton, L. Li, H. L. Neibergs, N. Zhang, W. M. Grosse, J. Weiss, P. Creighton, F. Mc. Carthy, M. Ron, A. J. Teale, R. Fries, R. A. McGraw, S. S. Moore, M. Georges, M. Soller, J. E. Womack and D.J.S. Hetzel // *Nature Genet.* – 1994. – P. 6–227.
4. Bishop, M. D. A genetic linkage map for cattle // M. D. Bishop, S. M. Kappes // *Genetics.* – 1994. – 136. – P. 619–639.
5. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms // D. Botstein, R. L. White, M. Skolnick, R. W. Davis // *The American Journal of Human Genetics.* – 1980. – 32 (3). – P. 314–331.
6. Brezinsky, L. S. A polymorphic bovine microsatellite / L. S. Brezinsky, J. Kemp, A. J. Teale // *Anim. Genet.* – 1993. – 24. – 73 p.
7. Genetic variation and relationships among Turkish water buffalo populations. / M. Gargani, L. Pariset, M. I. Soysal, E. Özkan, A. Valentini // *Animal Genetics.* – 2010. – Vol. 41. – P. 93–96
8. Jaayid, T. A. (2014). Genetic diversity and conservation of animal genetic resources in Iraqi buffalo using microsatellite markers. / T. A. Jaayid, M. A. K. Dragh // *Buffalo Bulletin.* – 33(3) – P. 271–276.

9. Genetic variation and relationships among eight Indian riverine buffalo breeds. / S. Kumar, J. Gupta, N. Kumar, K. Dikshit, N. Navani, P. Jain, M. Nagarajan // *Molecular Ecology*. – 2006. – 15. – P. 593–600.
10. Peakall, R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research / R. Peakall, P. E. Smouse // *Molecular Ecology Notes*. – 2006 – 6. – P. 288–295.
11. Solinas Toldo, S. Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes / S. Solinas Toldo, R. Fries // *Mamm. Genome*. – 4. – P. 720–727.
12. Steffen, P. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle / P. Steffen, A. Eggen. // *Anim. Genet*. – 1993. – 24. – P. 121–124.
13. Analysis of Genetic Diversity of the Thai Swamp Buffalo (*Bubalus bubalis*) Using Cattle Microsatellite DNA Markers. / K. Triwitayakorn, B. Moolmuang, S. Sraphet, S. Panyim, A. Na-Chiangmai, D. R. Smith // *Asian-Australasian Journal of Animal sciences*. – 2006. – 19. – P. 617–621.
14. A set of 99 cattle microsatellite: characterization, syntenic mapping and polymorphism / D. Vaiman, D. Mercier, K. Moazami-Goudarzi, A. Eggen, R. Ciampolini, A. Lepingle, R. Velmala, J. Kaukinen, S.L. Varvio, P. Martin, H. Leveziel and G. Guerin // *Mammalian Genome*. – 1994. – 5. – P. 288–297.
15. Applicability of bovine microsatellite markers for population genetic studies on African buffalo (*Syncerus caffer*) / W. F. Van Hooft, O. Hanotte, P. W. Wenink, A. F. Groen, Y. Sugimoto, H. H. T. Prins, A. Teale // *Animal Genetics*. – (1999). – 30 – P. 214–220.

## REFERENCES

1. Huzyeyev, Yu. 2014. Buyvoly – unikal'ne bioriznomanittya velykoyi rohatoyi khudoby Ukrayiny – Buffalo – the unique biodiversity of cattle Ukraine. *Tvarynnytstvo Ukrayiny – Ukraine Animal Breeding*. 3–4:5–8 (in Ukrainian).
2. Zynovyeva, N. A., A. P. Popov, L. K. Ernst, N. S. Marzanov, V. V. Bochkarev, N. I. Strekozov, and H. Brem. 1998. *Metodicheskie rekomendatsii po ispol'zovaniyu metodopolimeraznoy tsepnoy reaktzii v zhivotnovodstve – Guidelines for using of polymerase chain reaction in animal husbandry*. Dubrovtsy, VYZH, 47.
3. Barendse, W., S. M. Armitage, L. M. Kossarek, A. Shalom, B. W. Kirkpatrick, A. M. Ryan, D. Clayton, L. Li, H. L. Neibergs, N. Zhang, W. M. Grosse, J. Weiss, P. Creighton, F. McCarthy, M. Ron, A. J. Teale, R. Fries, R. A. McGraw, S. S. Moore, M. Georges, M. Soller, J. E. Womack, and D. J. S. Hetzel. 1994. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nature Genet*. 6. 227.
4. Bishop, M. D., and S. M. Kappes. 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics*. 136:619–639.
5. Botstein, D., R. L. White, M. Skolnick, and R. W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*. 32(3):314–331.
6. Brezinsky, L. S., J. Kemp, and A. J. Teale. 1993. A polymorphic bovine microsatellite. *Animal Genet*. 24:73.
7. Gargani, M., L. Pariset, M. I. Soysal, E. Özkan, and A. Valentini. (2010). Genetic variation and relationships among Turkish water buffalo populations. *Animal Genetics*. 41:93–96
8. Jaayid, T. A., and M. A. K. Dragh. 2014. Genetic diversity and conservation of animal genetic resources in Iraqi buffalo using microsatellite markers. *Buffalo Bulletin*. 33(3):271–276.
9. Kumar, S., J. Gupta, N. Kumar, K. Dikshit, N. Navani, P. Jain, and M. Nagarajan. (2006). Genetic variation and relationships among eight Indian riverine buffalo breeds. *Molecular Ecology*. 15:593–600.
10. Peakall, R., and P. E. Smouse. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 6:288–295.
11. Solinas Toldo, S., and R. Fries. 1993. Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes. *Mamm. Genome*. 4:720–727.

12. Steffen, P., and A. Eggen. 1993. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Anim. Genet.* 24:121–124.
13. Triwitayakorn, K., B. Moolmuang, S. S. Sraphet Panyim, A. Na-Chiangmai, and D. R. Smith. 2006. Analysis of Genetic Diversity of the Thai Swamp Buffalo (*Bubalus bubalis*) Using Cattle Microsatellite DNA Markers. *Asian-Australasian Journal of Animal sciences.* 19:617–621.
14. Vaiman, D., D. Mercier, K. Moazami-Goudarzi, A. Eggen, R. Ciampolini, A. Lepingle, R. Velmala, J. Kaukinen, S. L. Varvio, P. Martin, H. Leveziel, and G. Guerin. 1994. A set of 99 cattle microsatellite: characterization, synteny mapping and polymorphism. *Mammalian Genome.* 5:288–297.
15. Van Hooft, W. F., O. Hanotte, P. W. Wenink, A. F. Groen, Y. Sugimoto, H. H. T. Prins, and A. Teale. 1999. Applicability of bovine microsatellite markers for population genetic studies on African buffalo (*Syncerus caffer*). *Animal Genetics.* 30:214–220.

УДК 636.2.033:575

## ХАРАКТЕРИСТИКА СІРОЇ УКРАЇНСЬКОЇ ПОРОДИ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ ЗА ДНК-МАРКЕРАМИ

Н. Б. МОХНАЧОВА<sup>1</sup>, Т. М. СУПРОВИЧ<sup>2</sup>, М. Л. ДОБРЯНСЬКА<sup>1</sup>, Н. М. ФУРСА<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Інститут розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця НААН (Чубинське, Україна)*

<sup>2</sup>*Подільський державний аграрно-технічний університет (Кам'янець-Подільський, Україна)*

<sup>3</sup>*Інститут тваринництва степових районів імені М. Ф. Іванова «Асканія-Нова» (Асканія-Нова, Україна)*

[nm82@i.ua](mailto:nm82@i.ua)

*Проведено дослідження популяції корів сірої української породи за QTL-маркерами, що зумовлюють молочну продуктивність та якісні показники м'яса. У роботі використано зразки крові від 136 голів корів із господарств ДП ДГ «Маркеєво» Херсонської області. Спектр алелів генів гормону росту (GH), бета-лактоглобуліну (βLG), тиреоглобуліну (TG5) і калпаїну (CAPN) вивчали за допомогою ПЛР-ПДРФ. Встановлено, що за геном бета-лактоглобуліну найбільша кількість корів є носіями гомозиготного генотипу BB; він визначався у кожній другій дослідженій тварини. Вивчення поліморфізму гена тиреоглобуліну встановило, що у популяції представленої породи найчастіше проявляється гетерозиготний генотип ST, носієм якого є 57% тварин. За геном гормону росту значно превалює також гомозиготний генотип LL (98%), а генотип тварин VV зовсім не виявлено; за геном калпаїну у досліджених тварин взагалі виявлено лише генотип GG.*

**Ключові слова:** корови, господарські корисні ознаки, молекулярно-генетичні маркери, алелі, QTL-маркери, ПЛР-ПДРФ

## CHARACTERISTICS OF UKRAINIAN GREY CATTLE BY DNA-MARKERS

N. Mokhnachova<sup>1</sup>, T. Suprovich<sup>2</sup>, M. Dobrynska<sup>1</sup>, N. Fursa<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V.Zubets of NAAS (Chubynske, Ukraine)*

<sup>2</sup>*Podolsky State Agrarian Technical University (Kamenetz-Podolsk, Ukraine)*

<sup>3</sup>*Institute of Animal Breeding in the Steppe Regions nd. a. M. F. Ivanov «Ascania-Nova» (Ascania-Nova, Ukraine)*

*Population of Ukrainian Grey cattle by QTL-markers which determine milk productivity and*

© Н. Б. МОХНАЧОВА<sup>1</sup>, Т. М. СУПРОВИЧ<sup>2</sup>,  
М. Л. ДОБРЯНСЬКА<sup>1</sup>, Н. М. ФУРСА, 2016