



смешивание свернутой крови и гидролизованного перьевого сырья, сушку смешанного кормового продукта, его охлаждение, перемалывание, упаковку и складирование готовой кормовой добавки.

Ключевые слова: кровь, перьевое сырье, коагуляция, гидролиз, инновационная линия, кровяно-перьевая кормовая добавка.

INNOVATIVE TECHNOLOGICAL LINE FOR THE PRODUCTION OF A COMBINED HIGH-PROTEIN BLOOD-FEATHER FEED ADDITIVE

Korh I. V., Institute of Animal Science NAAS of Ukraine

Murzha I. I., Kebko V. G., Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M. V. Zubets NAAS

Kobal B. I., Department of Food Safety and Veterinary Medicine

Zazulya I. N., Branch "Gavrilovsky Poultry Complex" LLC "Complex Agromars"

In LLC «Complex Agromars» (v. Gavrilovka, Vyshgorodsky district, Kyiv region) was mounted and effectively operates an innovative technological line for the production of a combined high-protein blood-feather feed additive, which at the first stage has two separate lines, one of which is designed for coagulation of blood, and the second – for the hydrolysis of the feather raw materials, and at the second stage the innovative line incorporate in a one and common technological process the final phase of production of a combined high-protein feed additive, which includes mixing of coagulated blood and hydrolyzed feather raw materials, drying the mixed food product, its cooling, milling, packing and storing the ready feed additive.

Key words: blood, feather raw materials, coagulation, hydrolysis, innovative line, blood-feather feed additive.

УДК 636.5: 577.21

**ВИКОРИСТАННЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИХ
МАРКЕРІВ ДЛЯ ОЦІНКИ СЕЛЕКЦІЙНОЇ РОБОТИ З
ПОПУЛЯЦІЯМИ КУРЕЙ УКРАЇНСЬКИХ ЛОКАЛЬНИХ ПОРІД**

Кулібаба Р. О., к. с.-г. н.,
Інститут тваринництва НААН

Проведено порівняльний аналіз основних показників гетерозиготності у популяціях курей локальних українських порід з використанням сукупності молекулярно-генетичних маркерів за локусами гормону росту, пролактину, гіпофізарного фактору транскрипції 1, інсуліноподібного ростового фактору-1, членів родини трансформуючих ростових факторів бета та Mx-гену. За результатами досліджень, найменші середні значення показників фактичної та очікуваної гетерозиготності характерні для лінії 14 породи полтавська глиняста, найбільші – для лінії А породи бірківська барвіста. Популяції курей порід плімутрок білий (лінія Г-2) та род-айленд червоний (лінія 38) займають проміжне значення. В результаті досліджень з'ясовано, що у дослідних популяціях курей не проводиться спрямована селекційна робота, яка впливає на основні гени-кандидати, пов'язані з продуктивними ознаками птиці.

Ключові слова: генетична структура, поліморфізм, алель, гетерозиготність, популяція, кури.



Використання досягнень сучасної генетики для вирішення різних завдань птахівництва – рутинна практика в більшості розвинутих країн світу. В іноземних країнах широко використовують сучасні молекулярно-генетичні методи оцінки й паспортизації різних порід й ліній різних видів сільськогосподарської птиці [1]. В контексті використання геномної, а також маркер-асоційованої селекції, застосування різних методик оцінки генетичної мінливості на рівні ДНК відноситься до необхідних засад проведення селекційної роботи в цілому [2, 3]. У будь-якому випадку, в умовах високої конкуренції за показниками продуктивності різних видів сільськогосподарської птиці, необхідність використання сучасних підходів, що дозволяють максимально розкрити продуктивний потенціал птиці, є беззаперечною.

Будь-яка селекційна робота зводиться, врешті решт, до спрямованих змін генетичної структури популяцій за низкою локусів, що так чи інакше пов'язані з продуктивними ознаками. Використання методів класичної селекції (оцінки особин за фенотипом) у випадку з генами кількісних ознак викликає труднощі внаслідок особливостей характеру спадковості (домінантний чи кодомінантний тип). Свого роду маскування небажаних алелів у гетерозиготному стані призводить до неможливості повної елімінації цих алельних варіантів з генофонду дослідних ліній. Також є труднощі з вірною ідентифікацією гетерозиготних генотипів, що не дозволяє проводити ефективну оцінку генетичної структури популяції. Всіх цих недоліків позбавлені методи, що дозволяють безпосередньо визначати генотип птиці за комплексом обраних генів.

У зв'язку з усім вищенаведеним, оцінка селекційної роботи з популяціями курей локальних українських порід з використанням молекулярно-генетичних маркерів, – актуальна й своєчасна.

Для оцінки селекційної (плеємної) роботи, яка проводиться, широко використовується аналіз співвідношення значень спостережаної (H_o) та очікуваної (H_e) гетерозиготності за сукупністю різних поліморфних локусів. Зокрема, якщо відмінності між H_o та H_e не виражені, тобто $H_o = H_e$, то у такому випадку у наявності рівноважний стан (панміксія), при якому відсутня плеємна робота у будь-якому напрямку, яка зачіпає даний локус. За умов $H_o < H_e$ у популяції спостерігається виражений дефіцит гетерозиготних особин (за фактом), що у свою чергу вказує на наявність інбридингу (близькоспоріднене схрещування). За умов $H_o > H_e$ спостерігається ексцес гетерозигот (збільшення кількості гетерозиготних особин відносно значень, що розраховуються), що, у свою чергу, вказує на аутбридинг.

У наших попередніх роботах було вивчено поліморфізм генів, що пов'язані з регуляцією загальних фізіологічних функцій організму, у дослідних популяціях курей української селекції (популяції курей порід бірківська барвіста, полтавська глиняста, плімутрок білий, род-айленд червоний). До об'єктів досліджень відносились гени гормону росту, пролактину, гіпофізарного фактору транскрипції 1, інсуліноподібного ростового фактору-1, родини трансформуючих ростових факторів бета, ген Mx. За результатами досліджень з вивчення зв'язку поліморфних генів з господарсько-корисними ознаками курей у межах дослідних породних груп, алельні варіанти кожного з вивчених локусів проявляли або виражений ефект, або нейтральний, що, у свою чергу, визначається виявленою породоспецифічністю різних поліморфних маркерів. Наявність маркерних алелів, що пов'язані з господарсько-корисними ознаками у межах дослідних ліній, значуща у контексті проведення спрямованої селекції для максимальної реалізації продуктивного потенціалу птиці. Безсумнівно, традиційні методи відбору та підбору особин за фенотиповими ознаками, що пов'язані з продуктивністю птиці, відіграють важливу



роль у селекційному процесі. Однак, як показує світова практика, відбір саме за генотипом дозволяє істотно підвищити ефективність роботи, що проводиться. Для підтвердження того, що було сказано, пропонується провести експрес-тест теперішнього стану дослідних ліній курей з використанням показників гетерозиготності за основними QTL. Це дасть змогу переосмислити результати селекції, що проводиться, та намітити плани на майбутнє. У зв'язку з цим, виражене значення має оцінка селекційної роботи, що проводиться, яка заходить своє відображення у існуючій (на даний момент) генетичній структурі дослідної популяції курей. У свою чергу, використання комплексного підходу у порівняльному аналізі нейтральних маркерів, додатково до значущих, дозволяє оцінити селекційну роботу, що проводиться, в цілому, без врахування напрямку продуктивності птиці або її породних особливостей.

Таким чином, **мета досліджень** – оцінка селекційної роботи з популяціями курей локальних порід української селекції на основі аналізу співвідношення показників гетерозиготності з використанням молекулярно-генетичних маркерів.

Матеріали та методи досліджень. Для оцінки проведеної селекційної роботи з дослідними популяціями курей використовували 13 поліморфних фрагментів різних генів, кожен з яких, так чи інакше, пов'язаний з проявом господарсько-корисних ознак (яєчна чи м'ясна продуктивність). Порівняльний аналіз показників гетерозиготності проводили шляхом аналізу алельних варіантів генів гормону росту (*GH*), пролактину (*PRL*), гіпофізарного фактору транскрипції 1 (*Pit*), інсуліноподібного ростового фактору-1 (*IGF-I*), членів родини трансформуючих ростових факторів бета (*TGF-β1*, *TGF-β2* та *TGF-β3*) та *Mx*-гену (*Mx*).

Для проведення досліджень було використано птицю української селекції: кури яєчного напрямку продуктивності, лінія А породи бірківська барвіста; м'ясо-яєчного напрямку продуктивності – лінія Г-2 породи плімутрок білий; яєчно-м'ясного напрямку продуктивності – лінія 14 породи полтавська глиняста та лінія 38 породи Род-айленд червоний.

Визначення поліморфізму цільових генів проводили з використанням молекулярно-генетичних маркерів PCR-RFLP та Indel. Ампліфікацію таргетних фрагментів проводили з використанням означених олігонуклеотидів:

PRL (інсерція в промоторі) [6]; *PRL* (мутація С-2402Т) [6]; *GH* (MspI-поліморфізм у 1 інтроні) [7]; *GH* (SacI-поліморфізм у 4 інтроні) [8]; *GH* (MspI-поліморфізм у 4 інтроні) [8]; *GH* (AluI-поліморфізм у 4 інтроні) [9]; *IGF-I* (HinfI-поліморфізм у промоторі) [10]; *IGF-I* (PstI-поліморфізм у 5'UTR) [11]; *TGF-β1* (MboII-поліморфізм в екзонній частині гену) [12]; *TGF-β2* (RsaI-поліморфізм у промоторі) [12]; *TGF-β3* (BslI-поліморфізм в 4 інтроні) [12]; *Mx* (RsaI-поліморфізм у 13 екзоні) [13]; *Pit1* (інсерція в другому інтроні) [14].

Ампліфікацію та рестрикцію таргетних фрагментів дослідних генів проводили згідно відповідним літературним джерелам та рекомендаціям виробника. Значення спостерігаємої (H_o) та очікуваної (H_e) гетерозиготності розраховували з використанням класичних методів [15]. Аналіз співвідношення значень спостерігаємої та очікуваної гетерозиготності проводили за відповідними методиками [4, 5].

Результати досліджень. На основі вивчених особливостей генетичної структури дослідних популяцій курей проведено аналіз загальних параметрів гетерозиготності окремо для кожної лінії.

На рисунку 1 представлена діаграма співвідношень значень спостерігаємої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи плімутрок білий (лінія Г 2).

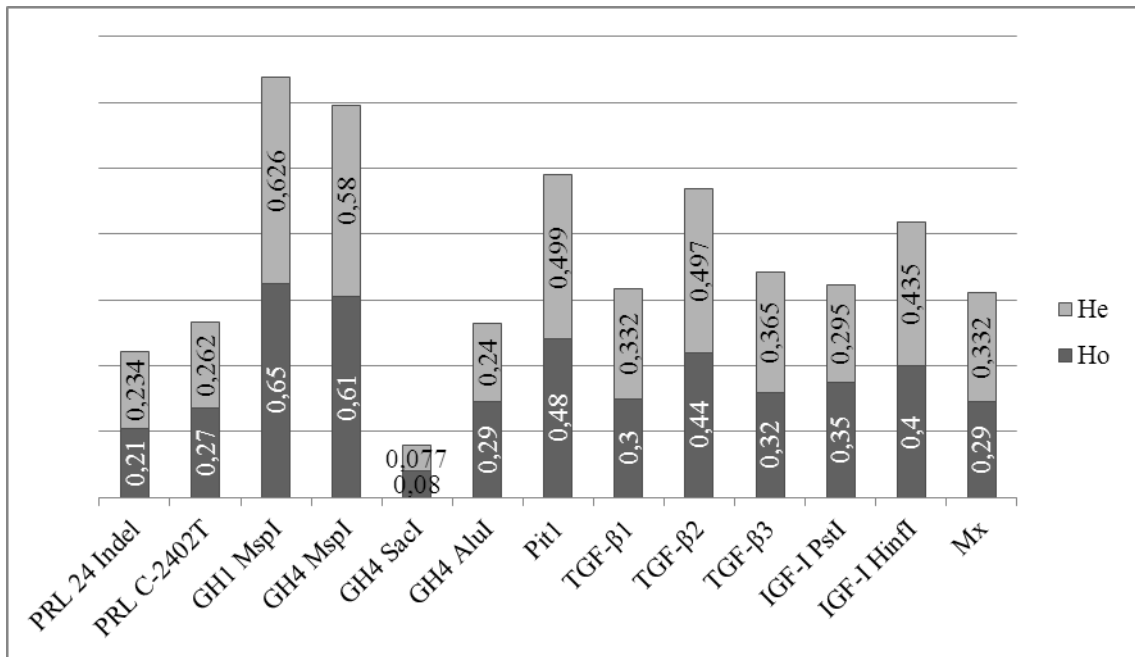


Рис. 1. Значення спостерігаємої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи плімутрок білий

Як слідує із представлених даних, співвідношення значень H_o та H_e у дослідній популяції курей були досить варіабельними за більшою частиною поліморфних маркерів, що були вивчені. Для локусів GH1 MspI, GH4 MspI, GH4 AluI та IGF-I PstI у наявності деякий надлишок гетерозиготних особин (мінімум для GH1 MspI, максимум для IGF-I PstI), що вказує на відсутність інбридингу. В той же час за іншими локусами ми спостерігаємо або паритет значень H_o та H_e (PRL C-2402T, GH4 SacI, TGF-β1), або незначну перевагу значень очікуваної гетерозиготності, тобто дефіцит фактичних гетерозигот (PRL 24 Indel, Pit1, TGF-β2, TGF-β3, IGF-I HinfI, Mx), що, в свою чергу, вказує на випадковий підбір батьківських пар, тобто відсутність племінної роботи. В цілому, зводячи значення до середніх, у дослідній популяції курей фактична гетерозиготність за всіма локусами склала 0,36; середня очікувана – 0,38. У відповідності до розрахунків, у популяції курей породи плімутрок білий за сукупністю вивчених поліморфних локусів у наявності слабо виражений дефіцит гетерозигот.

У подальшому проаналізували популяцію яєчних курей породи бірківська барвіста (лінія А).

На рисунку 2 представлена діаграма співвідношень значень спостерігаємої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи бірківська барвіста.

У цілому картина дещо схожа з вищеописаною, однак співвідношення параметрів гетерозиготності відрізняються від таких у популяції курей породи плімутрок білий за конкретними локусами. Так, надлишок гетерозигот (фактичної гетерозиготності відносно очікуваної) є характерним для наступних маркерів: PRL 24 Indel, PRL C-2402T, GH4 SacI та Pit1. В той же час для GH4 AluI, TGF-β2, TGF-β3 та IGF-I PstI у дослідній популяції виявлено нестачу гетерозиготних особин. Для інших маркерів спостерігається паритет значень.

Середня фактична гетерозиготність дослідної популяції курей склала 0,42; середня очікувана – 0,41. У цілому спостерігаємо практично однакові середні значення показників.

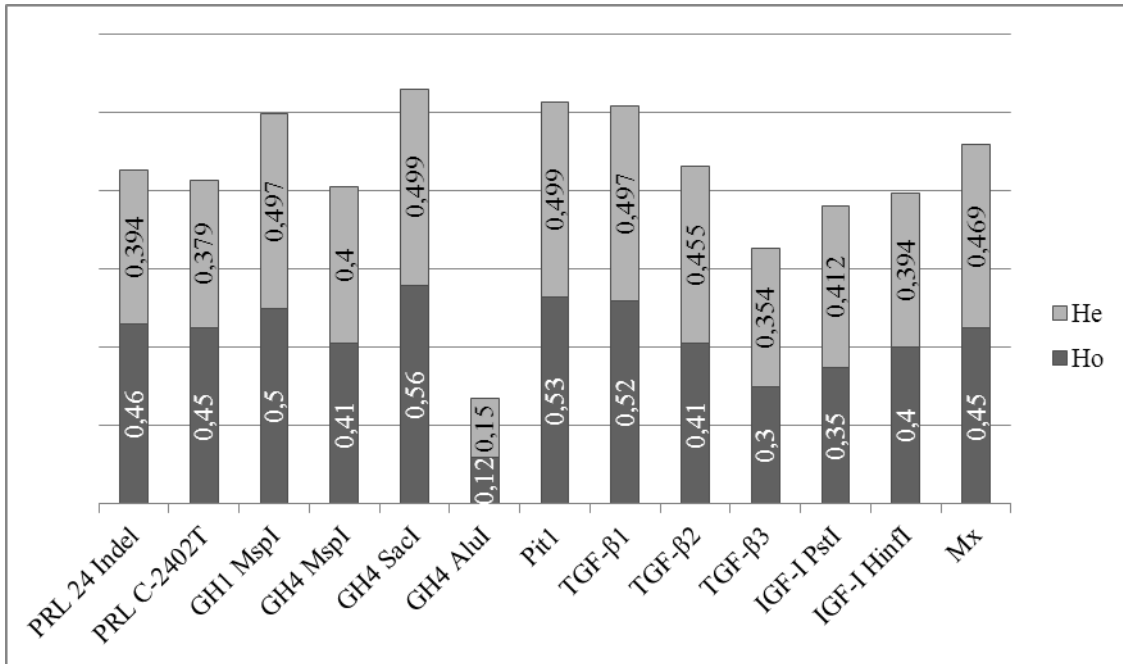


Рис. 2. Значення спостережимої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи бірківська барвиста

На рисунку 3 представлена діаграма співвідношень значень спостережимої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи полтавська глиняста (лінія 14).

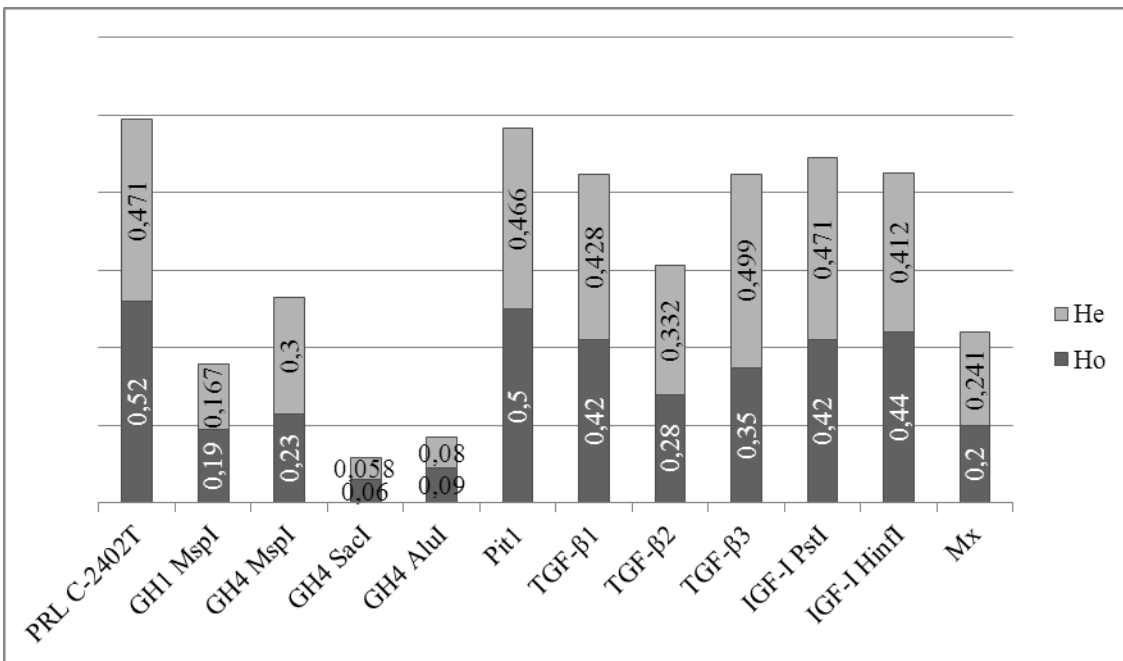


Рис. 3. Значення спостережимої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи полтавська глиняста



Істотною відмінністю яєчно-м'ясних курей породи полтавська глиняста від усіх інших ліній, які були вивчені, є мономорфність популяції за наявністю інсерції розміром 24 п.н. у промоторному фрагменті гену пролактину (PRL 24 Indel). Виходячи з цього, аналіз дослідної популяції проводили тільки за 12 маркерами, що залишилися.

Превалювання показників спостерігаємої гетерозиготності над очікуваною виявлено за маркерами PRL C-2402T, GH1 MspI, Pit1 та IGF-I HinfI. В той же час превалювання показнику Ho над He відмічено для маркерів GH4 MspI, TGF-β2, TGF-β3, IGF-I PstI та Mx. За іншими поліморфними локусами значення показників, що були вивчені, практично співпадають.

Середня фактична гетерозиготність у дослідній популяції курей склала 0,31; середня очікувана – 0,33. Також як і для лінії Г-2 породи плімутрок білий у цілому по популяції курей породи полтавська глиняста за сукупністю поліморфних локусів, що були вивчені, у наявності деякий дефіцит гетерозигот (аутбридинг).

На рисунку 4 представлена діаграма співвідношень значень спостерігаємої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи род-айленд червоний (лінія 38).

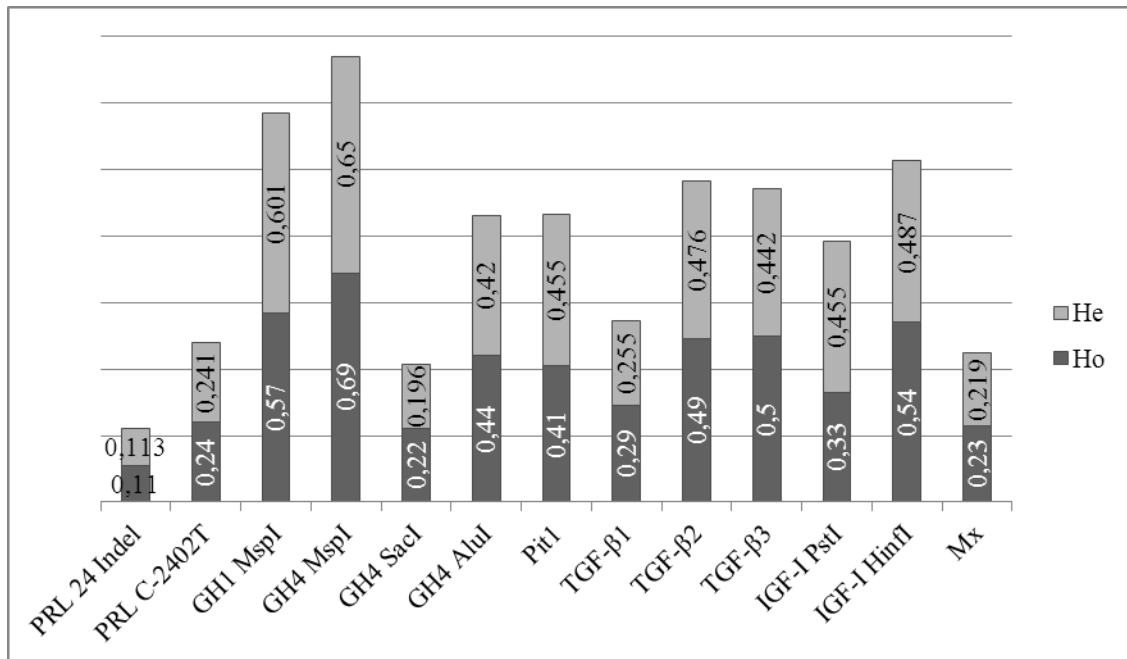


Рис. 4. Значення спостерігаємої та очікуваної гетерозиготності у популяції курей породи род-айленд червоний

Як і в інших дослідних популяціях, в лінії 38 курей породи род-айленд червоний співвідношення значень Ho та He були різними в межах досліджених поліморфних локусів. Так за маркерами GH4 MspI, GH4 SacI, TGF-β1, TGF-β3 та IGF-I HinfI у дослідній популяції виражено превалювання значення фактичної гетерозиготності. В той же час за маркерами GH1 MspI, Pit1 та IGF-I PstI картина протилежна вищеописаній, – відмічено превалювання значень очікуваної гетерозиготності. По іншим маркерам показано паритетні значення.

Середня фактична гетерозиготність склала 0,39; середня очікувана – 0,39. Збіг значень фактичної та очікуваної гетерозиготності вказує на повний рівнова-



жний стан дослідної популяції та свідчить про відсутність племінної роботи, яка б стосувалася локусів, що розглядаються.

За результатами досліджень, найменші середні значення показників фактичної та очікуваної гетерозиготності характерні для лінії 14 породи полтавська глиняста, найбільші – для лінії А породи бірківська барвиста. Популяції курей порід плімутрок білий та род-айленд червоний займають проміжне значення. Аналізуючи значення співвідношень показників гетерозиготності (середні значення) можна відмітити або повну відсутність відмінностей (род-айленд червоний), або незначні відхилення (усі інші дослідні популяції). Все це вказує на рівноважний стан дослідних ліній, тобто випадковий характер підбору пар та відсутність вираженої дії відбору. Однак, не дивлячись на те, що у кожній із порід відмічене зміщення співвідношення за різними локусами в ту або іншу сторону, істотного впливу кожного із них на загальну ситуацію не виявлено, внаслідок ефекту «компенсації» з боку інших маркерів. Наявність породоспецифічних маркерів (алелів) різних локусів вносить свій вклад у співвідношення коефіцієнтів гетерозиготності наряду з нейтральними алелями, що в цілому й приводить до картини, яка спостерігається. З урахуванням усталеної генетичної структури кожної із досліджених популяцій курей, що ми відмітили у наших попередніх дослідженнях, коли для окремої популяції характерно певне співвідношення частот алелів поліморфних локусів, можна зробити висновок про відсутність вираженої племінної роботи, яка так або інакше пов'язана зі станом спадкового матеріалу птиці. Зміна генетичної структури за низкою локусів відбувалась у попередні роки на етапі формування ліній (порід), що й знайшло своє відображення у генетичній диференціації дослідних популяцій за кластерами, які співпадають із напрямками продуктивності птиці. На даному етапі ми спостерігаємо підтримання ліній у стані status quo, тобто свого роду феномен «розведення у собі», при якому істотних змін генетичної структури популяцій не відбувається (мікроеволюційні процеси відсутні). У цьому контексті можна відмітити як позитивні, так і негативні сторони. До негативних факторів відноситься практична неможливість селекційної роботи з птицею у напрямку покращення її будь-яких продуктивних якостей (яєчна та м'ясна продуктивність, резистентність до захворювань і так далі). До позитивних факторів – збереження загального пулу алелів різних генів у популяції (збереження генофонду). Слід відмітити, що основна причина ситуації, що склалася, – це виключне використання лише класичних селекційних методів (в умовах парадигми, що превалює у Державній дослідній станції птахівництва НААН), які ґрунтуються на оцінці особин за фенотипом, чого явно недостатньо у контексті рішення задач сучасного птахівництва. У першу чергу це викликано неможливістю виявлення відмінностей гомозиготних особин від гетерозиготних за цілим рядом маркерів. У зв'язку з чим контрпродуктивні алелі, свого роду маскуються в гетерозиготному стані, що й приводить до їх розповсюдження у популяції. У свою чергу, варіативність фенотипового прояву генів не дає можливості опосередковано визначити генотипи птиці й оцінити стан її спадкового матеріалу. Недостатня ефективність вузькоспрямованого селекційного процесу й підтверджується вищенаведеними дослідженнями. Вихід із ситуації, що склалася, полягає у використанні комплексного підходу, який враховує весь інструментарій, як класичної селекції, так і маркер-асоційованої. Виходячи з результатів досліджень, тільки оцінка особин за генотипом (із використанням методів сучасної генетики) за сукупністю генів-кандидатів, дозволяє отримати експериментальні лінії курей, які характеризуються конкретними комплексними генотипами, що, у свою чергу, дозволить у подальшому максимально ефективно реалізувати продуктивний потенціал птиці.



Висновки:

1. Серед дослідних популяцій курей найменші середні значення показників фактичної та очікуваної гетерозиготності характерні для лінії 14 породи полтавська глиняста (0,31 і 0,33), найбільші – для лінії А породи бірківська барвиста (0,42 і 0,41). Популяції курей порід плімутрок білий та род-айленд червоний займають проміжне значення (0,36; 0,38 і 0,39; 0,39 відповідно).

2. За результатами аналізу значень співвідношень показників гетерозиготності виявлено або повну відсутність відмінностей у популяції курей породи род-айленд червоний, або незначні відхилення (усі інші дослідні популяції), що вказує на рівноважний стан дослідних ліній та відсутність вираженої дії відбору.

3. За результатами досліджень з'ясовано, що у дослідних популяціях курей не проводиться спрямована селекційна робота, яка впливає на основні гені-кандидати, пов'язані з продуктивними ознаками птиці.

Бібліографічний список

1. Fulton J. E. Genomic selection for poultry breeding / J. E. Fulton // *Animal Frontiers*. – 2012. – Vol. 2, № 1. – P. 30–36.
2. Wolc A. Understanding genomic selection in poultry breeding / A. Wolc // *World's Poultry Sci. J.* – 2014. – Vol. 70. – P. 309–314.
3. Marker Assisted Selection (MAS) in Animal Breeding: A Review / R. Wakchaure, S. Ganguly, P. K. Praveen [et al.] // *J. Drug. Metab. Toxicol.* – 2015. – Vol. 6. – P. e127.
4. Кузнецов В. М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация / В. М. Кузнецов // *Проблемы биологии продуктивных животных / РАСХН, ГНУ ВНИИФБиП с.-х. животных.* – Боровск, 2014. – № 4. – С. 80–104.
5. Чесноков Ю. В. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия / Ю. В. Чесноков, А. М. Артемьева // *Сельскохозяйственная биология.* – 2015. – Том 50, № 5. – С. 571–578.
6. Association of polymorphisms in the promoter region of chicken prolactin with egg production / J. X. Cui, H.L. Du, Y. Liang [et al.] // *Poultry Sci.* – 2006. – Vol. 85. – P. 26–31.
7. Ip S. C. Y. Genomic growth hormone gene polymorphisms in native Chinese chickens / S. C. Y. Ip, X. Zhang, F. C. Leung [et al.] // *Exp. Biol. Med.* – 2001. – Vol. 226, №5. – P. 458–462.
8. Trait association of genetic markers in the growth hormone and the growth hormone receptor gene in a white leghorn strain / X. P. Feng, U. Kuhnlein, S. E. Aggrey [et al.] // *Poultry Sci.* – 1997. – Vol. 76. – P. 1770–1775.
9. Kulibaba R. A. Novel AluI-polymorphism in the fourth intron of chicken growth hormone gene / R. A. Kulibaba, Y. V. Liashenko, P. S. Yurko // *Cytol. Genet.* – 2017. – Vol. 51, №1. – P.54–59.
10. Insulin-Like Growth Factor-I Gene Polymorphism Associations with Growth, Body Composition, Skeleton Integrity, and Metabolic Traits in Chickens / H. Zhou, A. D. Mitchell, J. P. McMurtry [et al.] // *Poultry Sci.* – 2005. – Vol. 84. – P. 212–219.
11. Trait association of a genetic marker near the IGF-I gene in egg-laying chickens / S. C. Nagaraja, S. E. Aggrey, J. Yao [et al.] // *J. Hered.* – 2000. – Vol. 91. – P. 150–156.
12. Chicken quantitative trait loci for growth and body composition associated with transforming growth factor- β genes / H. Li, N. Deeb, H. Zhou [et al.] // *Poultry Sci.* – 2003. – Vol. 82. – P. 347–356.



13. Analysis on the polymorphism and the genetic effects on some economic traits of Mx gene S631N mutation site in chicken / D. Q. Luan, G. B. Chang, Z. W. Sheng [et al.] // *Thai. J. Vet. Med.* – 2010. – Vol. 40, №3. – P. 303–310.

14. The PIT1 gene polymorphisms were associated with chicken growth traits / Q. Nie, M. Fang, L. Xie [et al.] // *BMC Genet.* – 2008. – Vol. 9. – P. 20–24.

15. Меркурьева Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве / Меркурьева Е. К. – Москва: Колос, 1977. – 240 с.

References

1. Fulton, J. E. (2012). Genomic selection for poultry breeding. *Animal Frontiers*, 2 (1), 30-36.

2. Wolc, A. (2014). Understanding genomic selection in poultry breeding. *World's Poultry Sci. J.*, 70, 309-314.

3. Wakchaure, R., Ganguly, S., Praveen, P. K., Kumar, A., Sharma, S., Mahajan, T. (2015). Marker Assisted Selection (MAS) in Animal Breeding: A Review. *J. Drug. Metab. Toxicol.*, 6, 127.

4. Kuznecov, V. M. (2014). F-statistiki Rajta: ocenka i interpretacija [Wright's F-statistics: evaluation and interpretation]. *Problemy biologii produktivnyh zhivotnyh – The problems of the biology of productive animals*, 4, 80-104 [in Russian].

5. Chesnokov, Ju. V., Artem'eva, A. M. (2015). Ocenka mery informacionnogo polimorfizma geneticheskogo raznoobrazija [Assessment of the measure of information polymorphism of genetic diversity]. *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya – Agricultural Biology*, 50, (5), 571-578.

6. Cui, J.-X., Du, H.-L., Liang, Y., Deng, X.-M., Li, N., Zhang, X.-Q. (2006). Association of Polymorphisms in the Promoter Region of Chicken Prolactin with Egg Production. *Poultry Sci.*, 85, 26-31.

7. Ip, S. C. Y., Zhang, X., Leung, F. C. (2001). Genomic growth hormone gene polymorphisms in native Chinese chickens. *Exp Biol Med*, 226 (5), 458–462.

8. Feng, X. P., Kuhnlein, U., Aggrey, S. E., Gavora, J. S., Zadworny, D. (1997). Trait association of genetic markers in the growth hormone and the growth hormone receptor gene in a white leghorn strain. *Poultry Sci.*, 76, 1770–1775.

9. Kulibaba, R.A., Liashenko, Y.V., Yurko, P.S. (2017). Novel AluI-polymorphism in the fourth intron of chicken growth hormone gene. *Cytol. Genet.*, 51 (1), 54-59.

10. Zhou, H., Mitchell, A. D., McMurtry, J. P., Ashwell, C. M., Lamont, S. J. (2005). Insulin-Like Growth Factor-I Gene Polymorphism Associations with Growth, Body Composition, Skeleton Integrity, and Metabolic Traits in Chickens. *Poultry Sci.*, 84, 212-219.

11. Nagaraja, S. C., Aggrey, S. E., Yao, J., Zadworny, D., Fairfull, R. W., Kuhnlein, U. (2000). Trait association of a genetic marker near the IGF-I gene in egg-laying chickens. *J. Hered.*, 91, 150-156.

12. Li, H., Deeb, N., Zhou, H., Mitchell, A. D., Ashwell, C. M., Lamont, S. J. (2003). Chicken quantitative trait loci for growth and body composition associated with transforming growth factor- β genes. *Poultry Sci.*, 82, 347-356.

13. Luan, D. Q., Chang, G. B., Sheng, Z. W., Liu, Y., Chen, G. H. (2010). Analysis on the polymorphism and the genetic effects on some economic traits of Mx gene S631N mutation site in chicken. *Thai J. Vet. Med.*, 40 (3), 303–310.

14. Nie, Q., Fang, M., Xie, L., Zhou, M., Liang, Z., Luo, Z. et al. (2008). The PIT1 gene polymorphisms were associated with chicken growth traits. *BMC Genet.*, 9, 20–24.



15. Merkur'eva, E. K. (1977.) *Geneticheskie osnovy selekcii v skotovodstve* [Genetic basis of selection in cattle breeding]. Moscow: Kolos [in Russian].

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ СЕЛЕКЦИОННОЙ РАБОТЫ С ПОПУЛЯЦИЯМИ КУР УКРАИНСКИХ ЛОКАЛЬНЫХ ПОРОД

Кулибаба Р. А., Институт животноводства НААН.

Проведены исследования по сравнительному анализу основных показателей гетерозиготности в популяциях кур локальных украинских пород с использованием совокупности молекулярно-генетических маркеров по локусам гормона роста, пролактина, гипофизарного фактора транскрипции I, инсулиноподобного ростового фактора-I, семейства трансформирующих ростовых факторов бета и Mx гена. По результатам исследований наименьшие значения показателей фактической и расчетной гетерозиготности характерны для линии 14 породы полтавская глинистая, наибольшие – для линии А породы борковская барвистая. Популяции кур пород плимутрок белый (линия Г-2) и род-айленд красный (линия 38) занимают промежуточное положение. В результате исследований показано, что в опытных популяциях кур не проводится направленная селекционная работа, затрагивающая основные гены-кандидаты, связанные с продуктивными признаками птицы.

Ключевые слова: генетическая структура, полиморфизм, аллель, гетерозиготность, популяция, куры.

MOLECULAR-GENETIC MARKERS USING FOR SELECTION WORK IN POPULATIONS OF LOCAL UKRAINIAN CHICKEN BREEDS ESTIMATION

Kulibaba R.O., Institute of Animal Science of National academy of agrarian sciences of Ukraine, Kharkiv

The research on the comparative analysis of the main indicators of heterozygosity in populations of chickens of local Ukrainian breeds by a set of molecular genetic markers of growth hormone, prolactin, pituitary transcription factor I, insulin-like growth factor-I, a family of transforming growth factors beta and Mx gene were carried out. According to the results of the research, the lowest values of the observed and expected heterozygosity were characterized for the line 14 of the Poltava clay chicken breed, the highest values – for the A-line of the Birkivska Barvista chicken breed. Chicken breed populations of White Plymouth Rock (line G-2) and Rhode Island Red (Line 38) occupy an intermediate position. It has been shown that in investigated populations of chicken breeds is not carried out the targeted selection work affecting the main candidate genes associated with the productive traits of the chicken lines.

Key words: genetic structure, polymorphism, allele, heterozygosity, population, chicken.