

СЕЛЕКЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНИЙ МОНІТОРИНГ У КОНЯРСТВІ І ГЕНЕТИЧНІ АСПЕКТИ ЗБЕРЕЖЕННЯ ПОРІД КОНЕЙ З ОБМЕЖЕНИМ ГЕНОФОНДОМ IN VIVO

**І. В. Ткачова,
В. І. Россоха,
Г. М. Тур,
Н. М. Шкавро,
О. О. Алещенко,
Т. М. Ковальова**

Інститут тваринництва НААН

За даними генетичного моніторингу та генетико-популяційного аналізу створено інформаційну систему, на основі якої вирішуються селекційно-генетичні питання породного удосконалення у конярстві. Проведено аналіз генотипової ситуації в групах нащадків вивчених в даній роботі чистокровної верхової, української верхової, орловської та російської рисистих порід. Встановлено вплив міжпородного схрещування на генетичну структуру вітчизняної популяції коней. Проведена порівняльна характеристика породних маркерів алелофонду заводських порід коней за частотою еритроцитарних антигенів. Проведені генетико-популяційні дослідження коней української верхової породи за 8 мікросателітними локусами: АНТ4, АНТ5, АSB2, НТG4, НMS2, НMS6, НMS7, VHL20. Аналіз розподілу алельних варіантів мікросателітних локусів ДНК досліджених порід коней виявив їх високий поліморфізм.

Ключові слова: конярство, селекція, генетика, генофонд, алелофонд, маркери, ДНК

Основна мета генетичного моніторингу коней – ідентифікація і картування генів – маркерів кількісних ознак. Відома значна кількість маркерних локусів, які візуалізують за допомогою маркерних систем або маркерів, розташованих у відповідному порядку на хромосомі. При визначенні генетичного зчеплення важливо встановити, які маркерні локуси мають алелі, що корегують з алелями бажаного локусу. Користь маркера для селекції залежить від кількості алелів, які має цей маркер і їх частоти. Маркер характеризується як поліморфний, якщо він представлений, як мінімум двома алелями.

Проведений нами облік і аналіз стану поголів'я коней основних порід України дозволив встановити, що більшість їх складається з поголів'я у 150-300 конематок. У відповідності з міжнародними критеріями чисельного статусу популяцій, що підлягають збереженню (ALBC, RBST, FAO), ці породи наближаються до критичних категорій. Відомо, що збереження генофонду тварин можливе двома способами: *in vitro* та *in vivo*. Популяції коней на сучасних етапах удосконалення не завжди економічно вигідно та традиційно відтворювати (а іноді - заборонено, як для чистокровної верхової породи) шляхом штучного осіменіння та трансплантації ембріонів. Ми вважаємо, що накопичення і зберігання статевих клітин і ембріонів коней вітчизняних і високоцінних імпортованих порід для збереження і удосконалення вітчизняної популяції є життєво необхідною потребою. Разом з тим, зберігання популяції *in vivo* сприятиме економічній сталості і популяризації галузі, забезпечуватиме розвиток сільських територій, виховання сільської молоді у традиціях української тваринницької галузі і збільшення робочих місць.

Отже, необхідні розробки методів збереження і відтворення коней, які забезпечать збалансовану спадковість і мінливість вітчизняних популяцій, дозволять зберігати оригінальні ознаки вітчизняних порід і поряд з цим – мати простір для подальшої їх еволюції.

З метою вивчення генетичних особливостей вітчизняних популяцій коней в рамках державної програми ідентифікації і паспортизації племінних коней, в лабораторії генетики ІТ НААН на базі створеного банку імунодіагностикумів проведена атестація 12360 коней 28 порід.

На початку роботи була створена донорська група коней (n=108), яка включала поголів'я 6 порід: орловська та російська рисисті, новоалександрівська ваговозна, українська верхова, торійська та група місцевих безпородних коней. Було проведено добір пар - донор-реципієнт і виготовлено набір імунодіагностикумів. За результатами 2500 варіантів добору було визначено 12 донорів та 22 реципієнти для отримання реагентів за А (a,d), D (a,b,e), К (a) системами крові.

За даними генетичного моніторингу та генетико-популяційного аналізу створено інформаційну систему, на основі якої вирішуються селекційно-генетичні питання породного удосконалення. Проведено аналіз генотипової ситуації в групах нащадків вивчених в даній роботі чистокровної верхової, української верхової, орловської та російської рисистих порід. Встановлено вплив імпортованих плідників на генетичну структуру вітчизняної популяції коней. Зафіксовані коефіцієнти схожості між структурними одиницями вищезазначених порід (лініями та родинами). Результати алеломорфного аналізу порід коней широко висвітлені у роботах вітчизняних дослідників [1-2].

Проведена порівняльна характеристика

породних маркерів алофонду заводських порід коней за частотою еритроцитарних антигенів (рис. 1-4).

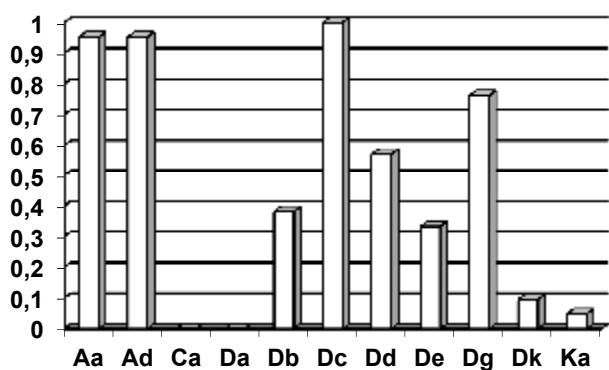


Рис. 1. Маркери алофонду чистокровної верхової породи за системами груп крові

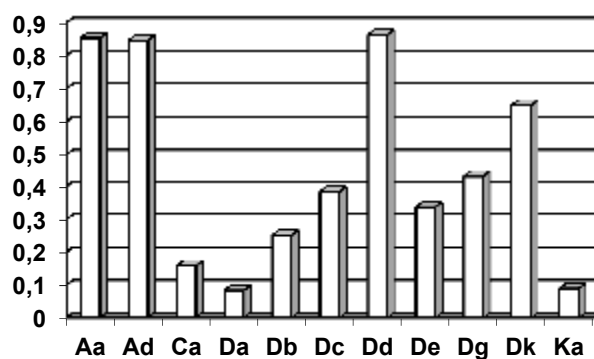


Рис. 2. Маркери алофонду української верхової породи за системами груп крові

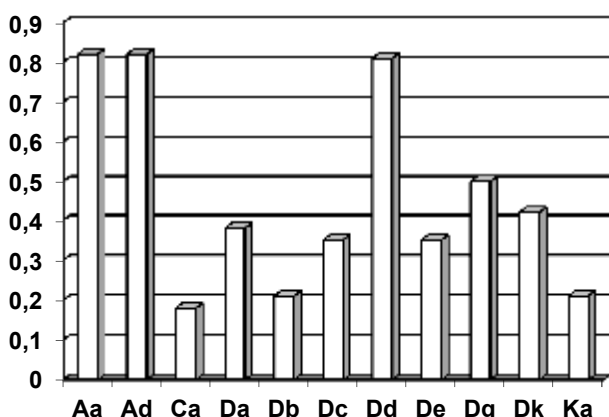


Рис. 3. Маркери алофонду орловської рисистої породи за системами груп крові

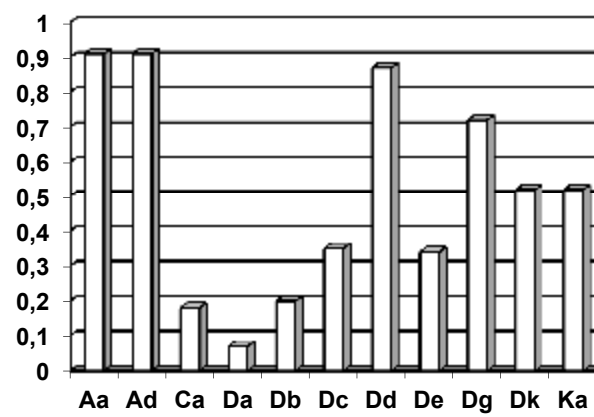


Рис. 4. Маркери російської рисистої породи за системами груп крові

Порівняльна характеристика української верхової породи і вихідних порід, що задіяні у міжпородному схрещуванні (чистокровна верхова,

тракєненська, ганюверська, вєстфальська) показала значне різноманіття цих порід за маркерами алєлів групи D (рис. 5).

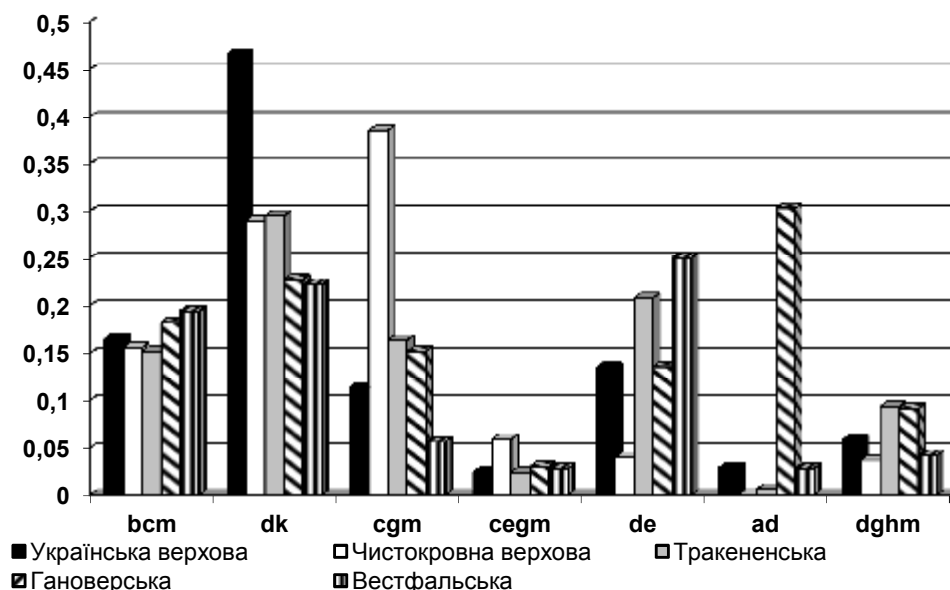


Рис. 5. Маркери алофонду коней верхових порід за D- системою груп крові

Тобто, міжпородне схрещування може значно підвищувати генетичну мінливість української

верхової породи, що може вплинути на її кількісні ознаки. Отже, при плануванні підборів, необхідно

враховувати необхідність збереження у певній мірі генотипової стабільності породи і використовувати міжпородне схрещування лише у популяціях з високим рівнем гомозиготності, якими є популяції Лозівського, Олександрійського кінних заводів і ТОВ «Харківській кінний завод» – тобто, кінних заводів з найбільшим обсягом чистопорідного розведення української верхової породи.

В результаті міжпородного схрещування орловської рисистої породи з чистокровною верховою породою у помісних коней змінився генетичний профіль, про що свідчить рисунок 6. Тобто, на прикладі змін D-системи груп крові можна впевнено констатувати збагачення генофонду, що можна використовувати при інтенсивній селекції порід коней з обмеженим генофондом.

Аналіз ефективності схрещування російської рисистої породи з французькою рисистою показав (рис. 7), що значна різниця спостеріга-

ється лише за алелями D-системи, зокрема - D^{cgm} та D^{de} . Загальна схожість порід може бути пов'язана зі схожістю походження і тривалим схрещуванням обох порід з американською стандартбредною породою. Необхідно враховувати, що характер успадкування цих алелів у потомків різних плідників французької рисистої породи значно різниться. Так, нащадки Міндена та Карп Д'єма характеризуються вищою за середнє значення по породи частотою алеля D^{dk} - 4,74 % та 59,23 % відповідно. Найвищою частотою алеля D^{cgm} характеризуються нащадки LoopingSun, Intrepide Davril, Монпел'є. Таким чином, плануючи підбори, побудовані на міжпородному схрещуванні, слід враховувати алельний спектр батьків і добирати, відповідних особин залежно від поставленого завдання – отримати гомо- або гетерозиготного пробанда.

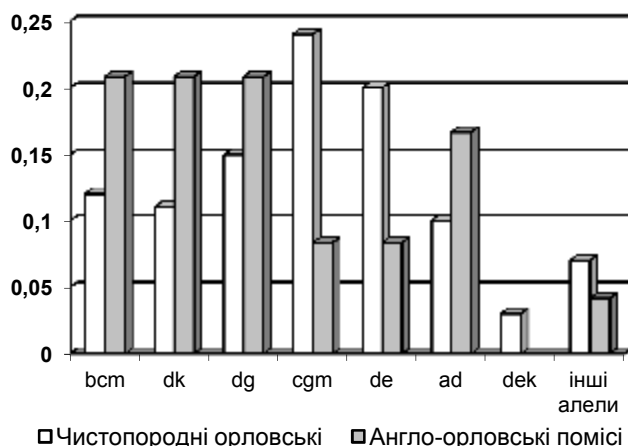


Рис. 6. Динаміка алельного спектра за D-системою груп крові коней орловської рисистої породи в результаті схрещування з чистокровною верховою

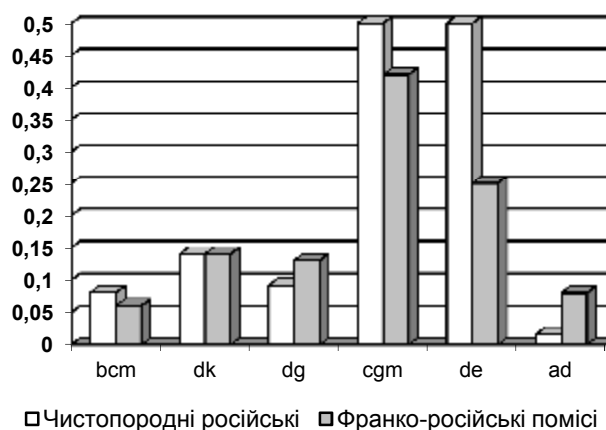


Рис. 7. Динаміка алельного спектра за D-системою груп крові коней російської рисистої породи в результаті схрещування з французькою рисистою

Сучасні вимоги до племінного обліку коней заводських порід включають обов'язкове тестування за стандартним (рекомендованим ISAG) набором мікросателітних локусів ДНК як маркерів для генетичної експертизи походження коней. Алельний поліморфізм мікросателітів заснований на кількості тандемів повторів нуклеотидних блоків ДНК. Саме визначення поліморфізму дінуклеотидних повторів ДНК дозволило досягти значних успіхів у вивченні геному людини і тварин на початку 1990-х років [3-5].

Мікросателіти ДНК є ідеальними генетичними маркерами завдяки високій поліморфності (6-8 алелів на локус у середньому), кодомінантному характеру успадкування, сталості в онтогенезі і відомою локалізацією у геномі. Ці властиво-

сті дозволяють продуктивно використовувати цей тип маркерів в програмах преселекції [6]. Комерційний набір для типування ДНК коней включає 17 мікросателітних локусів, для яких відома хромосомна локалізація, що забезпечує виявлення зчеплення генетичних маркерів з кількісними ознаками.

З метою накопичення даних про генотипову структуру коней заводських порід та генетичної паспортизації, нами проведені генетико-популяційні дослідження коней української верхової породи за 8 мікросателітними локусами: АНТ4, АНТ5, АСВ2, НТГ4, НМС2, НМС6, НМС7, VHL20, що входять до панелі маркерів, рекомендованих ISAG для диференціації порід коней (табл. 1).

1. Розподіл гомо- та гетерозиготних генотипів коней української верхової породи за мікросателітними локусами ДНК

Мікросателітні локуси ДНК	Гомозиготні генотипи	Гетерозиготні генотипи
AHT4 (148-164 п.н.)	36,7 %	63,3 %
AHT5 (128-142 п.н.)	7,0 %	93,0 %
ASB2 (154-188 п.н.)	24,2 %	75,8 %
HTG4 (129-141 п.н.)	40,6 %	59,4 %
HMS2 (216-238 п.н.)	32,0 %	68,0 %
HMS6 (159-173 п.н.)	45,5 %	55,5 %
HMS7 (170-186 п.н.)	32,7 %	77,3 %
VHL20 (87-105 п.н.)	32,7 %	77,3 %

Встановлена переважна гетерозиготність за всіма дослідженими мікросателітними локусами, особливо за локусами AHT5 – 93,0 %, ASB2 – 75,8 %, HMS7 та VHL20 – по 77,3 %. При цьому, за локусами HTG4 та HMS6 виявлена значна кількість гомозиготних варіантів (40,6 % та 45,5 %, відповідно).

Розраховані частоти гомо- та гетерозигот-

них генотипів в цілому по породі за всіма досліджуваними мікросателітними локусами (характеристика породи) (табл. 2). Встановлено, що українська верхова порода коней характеризується 71 % гетерозиготних генотипів, що свідчить про наявність генетичної різноманітності в даній популяції, яка є необхідною умовою для ефективною селекційної роботи.

2. Розподіл генотипів досліджених груп коней української верхової та чистокровної верхової порід за мікросателітними локусами ДНК

Мікросателітні локуси ДНК	Гомозиготні генотипи	Гетерозиготні генотипи
українська верхова порода		
HTG4 (129-141 п.н.)	77,7 %	22,3 %
HMS7 (167-189 п.н.)	-	100,0 %
VHL20 (87-105 п.н.)	72,7 %	27,3 %
HMS6 (159-173 п.н.)	66,6 %	33,3 %
AHT5 (128-142 п.н.)	40,0 %	60,0 %
ASB2 (154-188 п.н.)	38,5 %	61,5 %
AHT4 (148-164 п.н.)	77,7 %	22,3 %

Дослідженням генетичної структури випадкової вибірки коней української верхової породи за мікросателітними локусами ASB2, HMS2,

HTG6 встановлено значний ступінь поліморфізму (рис. 8).

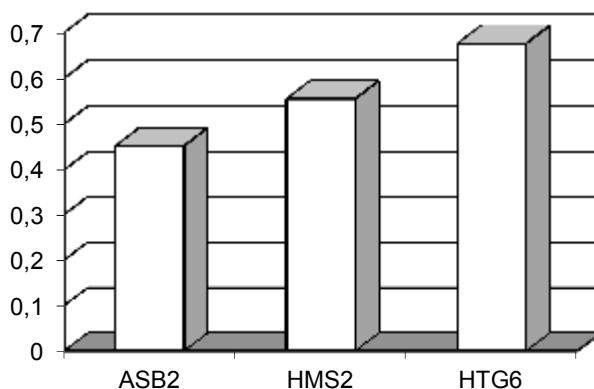


Рис. 8. Ступінь поліморфізму української верхової породи за мікросателітними локусами ДНК

Досліджено генетичну структуру групи коней орловської рисистої породи (n=24) за мікросателітними локусами: ASB2, HMS2, HTG6, за

якими виявлено високий поліморфізм за всіма локусами (визначено по 4 різних алельних варіанти кожного локусу) (табл. 3).

3. Розподіл генотипів підконтрольних груп коней орловської рисистої породи за мікросателітними локусами ДНК

Локус	Кількість генотипів	Гомозиготні генотипи, %	Гетерозиготні генотипи, %
ASB2	5	4,2	95,8
HMS2	8	37,5	62,5
HTG6	5	16,7	83,3

Максимальна гетерозиготність встановлена за локусом ASB2 (0,958), також значною кількістю гетерозиготних генотипів характеризується досліджена популяція за локусом HTG6 (83,3%). Розподіл гомо- та гетерозиготних генотипів на рівні 37,5% та 62,5% виявлено за локусом HMS2.

За кількістю ідентифікованих алелів за до-

слідженими локусами і визначених частот алелів розраховано ступені гетерозиготності - H, ефективна кількість алелей в локусі - E та індекс ступеня поліморфізму – PIC (табл. 4, рис. 9), показано, що в популяціях підконтрольних груп коней досліджені мікросателітні локуси мають високий ступінь поліморфізму.

4. Популяційно-генетичні параметри, обчислені за мікросателітними локусами ДНК підконтрольних груп коней орловської рисистої породи

Локус	Кількість алелів	Кількість генотипів	H	E	PIC
ASB2	4	5	0,721	3,59	0,668
HMS2	4	8	0,739	3,83	0,691
HTG6	4	5	0,735	3,78	0,686

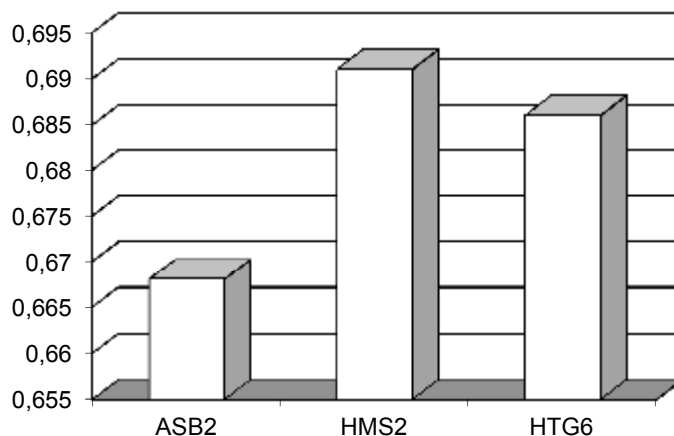


Рис. 9. Ступінь поліморфізму орловської рисистої породи за мікросателітними локусами ДНК

Таким чином, аналіз розподілу алельних варіантів мікросателітних локусів ДНК досліджених порід коней виявив їх високий поліморфізм, отже - високу інформативність, що дозволяє використовувати їх не тільки для вивчення особливостей генетичної структури популяцій коней, а і в вирішенні спірних питань експертизи походження племінних коней за умов порівняння молекулярно-генетичних профілів ДНК за мікросателітними локусами батьків та їх нащадків.

Висновок:

Встановлено, що вивчені породи коней мають характерні генетичні профілі, що підтверджують їх оригінальність. Встановлено вплив

імпортного генофонду на генетичну структуру вітчизняної популяції коней. Зафіксовані коефіцієнти схожості між структурними одиницями порід (генеалогічними лініями та маточними родинами). За кількістю ідентифікованих алелів за дослідженими локусами і визначених частот алелів розраховано ступені гетерозиготності, ефективна кількість алелей в локусі та індекс ступеня поліморфізму, показано, що в популяціях підконтрольних груп коней досліджені мікросателітні локуси мають високий ступінь поліморфізму, тобто вітчизняна популяція коней характеризується достатнім потенціалом генетичної мінливості.

Список використаної літератури:

1. Россоха В.І. Моніторинг генетичних змін у популяціях коней української верхової породи / В.І. Россоха, Т.М. Ковальова, Г.М. Тур // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН (конярство). – Харків, 2014. - № 111. – С.146-150.
2. Алещенко О.О. Генетична структура української популяції рисаків за поліморфними системами білків крові / О.О. Алещенко, В.І. Россоха, Г.М. Тур // Науково-технічний бюлетень ІТ НААН (конярство). – Харків, 2010. - № 103. – С.105-112.
3. Amer P.R. Approaches to formulating breeding objectives / P.R. Amer // Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13-18, 2006. – Brazil, 2006. – P.1771-1774.
4. Kennedy B.W., Quinton M., van Arendonk J.A. Estimation of effects of single genes on quantitative traits / B.W.Kennedy, M.Quinton, J.A. van Arendonk // Journal of Animal Science. Vol. 70. – 1992. – P.2000-2012.
5. Hreidarsdottir G.E. Analysis of the history and population structure of the Icelandic horse using pedigree data and DNA analyses / G.E. Hreidarsdottir, T. Arnason, V. Svansson, J.H. Hallsson // Icelandic Agri-

References:

1. Rossokha, V.I., T.M. Kovalova, G.M. Tur. 2014. *Monitoring genetichnyh zmin u populyatsiyah koney ukrainskoi verhovoi porodi - Monitoring genetic changes in populations of horses of the Ukrainian warmblood breed*. Kharkiv, Scientific and technical Bulletin IASNAAS (horses), 146-150 (in Ukrainian).
2. Aleschenko, O.O., V.I. Rossokha, G.M. Tur. 2010. *Genetichna struktura ukrayinskoj populyatsii risakiv za polimorfnimi sistemami bilkiv krovi - Genetic structure of the Ukrainian population trotters for polymorphic systems of blood proteins*. Kharkiv, Scientific and technical Bulletin IASNAAS (horses), 105-112 (in Ukrainian).
3. Amer, P.R. *Approaches to formulating breeding objectives*. 2006. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Brazil, Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 1771-1774 (in Brazil).
4. Kennedy, B.W., M. Quinton, van J.A. Arendonk *Estimation of effects of single genes on quantitative traits*. 1992. USA, Journal of Animal Science. 2000-2012 (in USA).
5. Hreidarsdottir, G.E., T. Arnason, V. Svansson, J.H. Hallsson. *Analysis of the history and population structure of the Icelandic horse using pedigree data and DNA analyses*. 2014. Icelandic Agricultural Sciences. 63-79 (in Icelandic).
6. Smaragdov, M.G. *Metodi molekulyarnih markerov v selektsii hozyaystvenno tsennih priznakov u krupnogo rogatogo skota - Methods of molecular markers in the breeding of economically important traits in cattle*. 2005. Moscow, Agricultural biology. 3-7 (in Russian Federation).

Ткачева, И. В., Россоха, В. И., Тур, Г. Н., Шкавро, Н. Н., Алещенко, О. А., Ковалева, Т. Н. СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ В КОНЕВОДСТВЕ И ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СОХРАНЕНИЯ ПОРОД ЛОШАДЕЙ С ОГРАНИЧЕННЫМ ГЕНОФОНДОМ IN VIVO

По данным генетического мониторинга и генетико-популяционного анализа создана информационная система, на основе которой решаются селекционно-генетические вопросы породного совершенствования в коневодстве. Проведен анализ генотипической ситуации в группах потомков изученных в данной работе чистокровной верховой, украинской верховой, орловской и русской рысистых пород. Установлено влияние межпородного скрещивания на генетическую структуру отечественной популяции лошадей. Проведена сравнительная характеристика породных маркеров аллелофонда заводских пород лошадей по частоте эритроцитарных антигенов. Проведены генетико-популяционные исследования лошадей украинской верховой породы по 8 микросателлитным локусам: AHT4, AHT5, ASB2, HTG4, HMS2, HMS6, HMS7, VHL20. Анализ распределения аллельных вариантов микросателлитных локусов ДНК исследованных пород лошадей обнаружил их высокий полиморфизм.

Ключевые слова: коневодство, селекция, генетика, генофонд, аллелофонд, маркеры, ДНК

Tkachova I.V., Rossokha V.I., Shkavro N.M., Aleschenko O.O., Kovalyova T.M. BREEDING AND GENETIC MONITORING IN HORSE BREEDING AND GENETIC ASPECTS OF THE CONSERVATION OF HORSE BREEDS WITH A LIMITED GENE POOL IN VIVO

According to genetic monitoring and genetic population analysis of an information system, which are solved by breeding and genetic issues of the breed improvement. The analysis genotypic situation in groups of descendants studied in this work, thoroughbred, Ukrainian warmblood breed, Orlov's and Russian Trotter breeds. The influence of foreign manufacturers on the genetic structure of populations of domestic horses. Fixed coefficients of similarity between the structural units of the above-mentioned rocks (lines and families). Comparative characteristics of the breed markers allele factory horse breeds in the frequency of erythrocyte antigens.

Comparative characteristics of Ukrainian warmblood breed and source rocks that are involved in breeds crossing (thoroughbred, Trakenen, Hanoverian, Westphalian horses) showed significant heterogeneity of these rocks for markers of the alleles of group D.

The result breeds crossing the Orlov's Trotter breed with a thoroughbred in the local horses have changed the genetic profile. That is, for example, changes to D-system of blood groups, we can confidently say the enrichment of the gene pool that can be used in intensive breeding horse breeds with a limited gene pool. Thus, planning heels, built on breeds crossing, consider the allele spectrum of parents and to choose appropriate individuals depending on the tasks – to homo - or heterozygous offspring of.

Conducted genetic and population studies of Ukrainian rider horse breed for 8 microsatellite locus: AHT4, AHT5, ASB2, HTG4, HMS2, HMS6, HMS7, VHL20, included in the panel of markers recommended by ISAG for differentiation of breeds of horses.

Calculated frequency of Homo - and heterozygous genotypes in the whole species for all the studied microsatellit locus (characteristic of the breed). It is established that Ukrainian horse breed is characterized by 71% of heterozygous genotypes, which indicates genetic diversity in this population, which is a prerequisite for effective breeding work.

The study of the genetic structure of a random sample of Ukrainian rider horse breed microsatellit locus ASB2, HMS2, HTG6 installed a significant degree of polymorphism.

Investigated the genetic structure of groups of horses Orlov's trotters (n=24) microsatellite locus: ASB2, HMS2, HTG6, for which high polymorphism at all locus (determined by the 4 different allelic variant of each locus).

The number of identified alleles at the investigated loci and specific allele frequencies, we calculated the extent of heterozygote - H, effective number of alleles at the locus - E and index of the degree of polymorphism - PIC, it is shown that in populations controlled groups of horses studied microsatellite locus have a high degree of polymorphism.

Thus, the analysis of the distribution of allelic variants of microsatellite DNA locus of the studied breeds of horses found their high polymorphism and consequently high information content, allowing them to be used not only to study the characteristics of the genetic structure of populations of horses, and in dealing with controversial issues, examination of the origin of breeding of horses in terms of comparison of molecular genetic profiles of microsatellite DNA locus of parents and their offspring's.

Key words: horse breeding, selection, genetics, gene pool, allele, markers, DNA

Дата надходження до редакції: 16.09.2016 р.

Рецензенти: доктор с.-г. наук, професор А. М. Хохлов
доктор с.-г. наук, ст.н.с. К. В. Копилов

УДК 636.52/.58+636.598:575

СПАДКОВИЙ ТЯГАР У ПОПУЛЯЦІЯХ КУРЕЙ ВІТЧИЗНЯНОГО ГЕНОФОНДУ

В. П. Хвостик, д.с.-г.н., Державна дослідна станція птахівництва НААН

Ю. В. Бондаренко, д.б.н., Сумський національний аграрний університет

У яєчних курей лінії А породи Сріблястий леггорн серед досліджених завмерлих ембріонів виявлено найбільший (6 фенотипів) спектр морфологічних аномалій розвитку. З переважаючою частотою (57,1%) у обстежених ембріонів виявлено «екзенцефалію» (відкритий мозок). Подвійна мутація «екзенцефалія + вкорочений наддзьобок» траплялася з частотою 14,3%. Інші виявлені аномалії мали однакову частоту зустрічання – 7,1%. Рівень генетичного тягара у яєчних курей склав 5,38%, у лінійної птиці яєчно-м'ясного напрямку продуктивності – 1,67-8,59%. Найбільший рівень спадкового тягара визначено у курей лінії 38 породи Червоний род-айленд (8,59%), що свідчить про необхідність здійснення селекційних заходів щодо елімінації летальних генів з цієї популяції.

Ключові слова: кури, вітчизняний генофонд, генетичний тягар, загиблі ембріони, аномалії.

Постановка та стан вивчення проблеми.

Одержання повноцінних інкубаційних яєць та якісного кондиційного добового молодняку залежить від багатьох факторів, недотримання яких може призвести до підвищеної смертності ембріонів під час інкубації яєць. Особливе значення в діагностиці ембріональної смертності відводиться патолого-анатомічному аналізу, який виступає невід'ємною частиною генетичного моніторингу шкідливих мутацій в популяціях сільськогосподарської птиці з метою розробки ефективних методів елімінації генетичного тягара [1, 2].

Як доречно зазначає Бессарабов Б. Ф. (2006), в роботі племінних заводів і селекційно-генетичних станцій слід знову звернутися до проведення процедури скринінгу завмерлих ембріонів й встановлення причини відходів інкубації та фіксації аномалій розвитку ембріонів у родоводах. Це дасть можливість виявляти особин-носіїв різного роду летальних і напівлетальних генів, від племінного використання яких слід відмовитися

для зниження генетичного тягара в популяціях птиці усіх видів, і досягти реального, генетично обумовленого підвищення показників відтворення [3].

Мета та методика досліджень. Метою роботи було визначення спектру і частоти прояву спадкових генетичних дефектів розвитку ембріонів з ціллю встановлення рівня генетичного тягара у популяціях курей вітчизняного генофонду.

Дослідження проведено на базі експериментальної ферми «Збереження державного генофонду птиці» Державної дослідної станції птахівництва НААН. Об'єктом дослідження були кури яєчного (лінія А породи Сріблястого леггорну), яєчно-м'ясного (лінія 14 породи Полтавська глиняста, лінії 02 та 38 породи Червоний род-айленд) напрямку продуктивності.

Всі ембріони, загиблі під час інкубації яєць, підлягали ретельному огляду з ціллю виявлення у них морфопатології. Основний метод досліджень - патоморфологічний аналіз генетичних