

Науковий вісник Львівського національного університету
ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького

Scientific Messenger of Lviv National University
of Veterinary Medicine and Biotechnologies

ISSN 2519–2698 print
ISSN 2518–1327 online

doi: 10.15421/nvlvet8418
<http://nvlvet.com.ua/>

UDC 575.42:636.082

Options for genetic-biochemical markers in connection with dairy productivity

V.Y. Bodnaruk, P.V. Bodnar, A.J. Zhmur, L.I. Muzyka, Y.G. Kropyvka, T.V. Orihivskyj, J.V. Poslavska

Stepan Gzhytskyi National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies Lviv, Ukraine

Article info

Received 07.02.2018
Received in revised form
05.03.2018
Accepted 07.03.2018

Stepan Gzhytskyi National
University of Veterinary Medicine
and Biotechnologies Lviv,
Pekarska str., 50, Lviv, Ukraine.
Tel.: +38-032-239-26-82
E-mail: bodnaruk.vol@gmail.com

Bodnaruk, V.Y., Bodnar, P.V., Zhmur, A.J., Muzyka, L.I., Kropyvka, Y.G., Orihivskyj, T.V., & Poslavska, J.V. (2018). Options for genetic-biochemical markers in connection with dairy productivity. Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies. 20(84), 98–103. doi: 10.15421/nvlvet8418

The purposeful creation and use of highly productive animals largely depends on information laid down in their genes that control valuable economic useful features. The actual task is to identify and use marker genes that are responsible for displaying a certain sign of animals, in particular, the level of milk productivity. To create new forms of animals with a combination of high productivity and adaptability to various factors of external influences, for this purpose, for a long time in Ukraine, work was carried out to improve the Simmental cattle using the Red-Spotted Holstein breed. It was supposed that the increase in the number of animals with a part of the heredity of Red-Spotted Holstein to 70–80% will allow to receive herds, which are characterized by good adaptive capacity, fat-dairy, high growth and meat qualities, as well as high milk yield. The searches were carried out on cows (pure-bred Simmentals and between $\frac{1}{2}$ and $\frac{3}{4}$ in terms of the heredity of the Red-Spotted Holstein breed), which were divided into groups with different levels of milk productivity for the first lactation (on the milk yield and content of fat in milk). The genetic structure was estimated by genetically determined polymorphism of groups of genetic-biochemical systems. Experiments were conducted on erythrocytes and blood plasma. Blood from animals was taken from a jugular vein in a heparin test tube. Polymorphism of proteins and enzymes was evaluated using a method of electrophoretic protein separation in 13% starch gel in horizontal chambers followed by histochemical staining. The obtained data testify that differences of animals on such parameters of dairy as milk yield for 305 days of the first lactation and the content of fat in milk is accompanied by unequal differentiation of their genetic structures by different genetic-biochemical systems. With the difference in milk yield, the most pronounced changes are observed with the transferrin locus, and in the analysis of groups of animals differing in the fat content of milk – by the AM-1 locus. This suggests that, based on such cases of negative correlations between these features, specific interlocal interactions may be based on different genetic and biochemical systems. It can be argued that the development of such searches may lead to the discovery of characteristic genotypes by a complex of genetic-biochemical systems, closely related to the corresponding complex of economic useful features.

Key words: genetic structure, genetic markers, genetically determined sign, hemoglobin, transferrin, ceruloplasmin, purine nucleoside phosphorylase.

Варіанти генетико-біохімічних маркерів у зв'язку з молочною продуктивністю

В.Є. Боднарук, П.В. Боднар, А.Й. Жмур, Л.І. Музика, Ю.Г. Кропивка, Т.В. Орхівський, Ю.В. Пославська

Львівський національний університет ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького,
м. Львів, Україна

Цілеспрямоване створення і використання високопродуктивних тварин значною мірою залежить від інформації, закладеної у їх генах, які контролюють цінні господарські корисні ознаки. Актуальним завданням є виявлення і використання маркерних генів, які відповідають за прояв певної ознаки тварин, зокрема рівня молочної продуктивності. Для створення нових форм тварин з поєднанням високої продуктивності й адаптованості до різних факторів зовнішніх впливів досить давно в Україні проводилась робота щодо удосконалення симентальської худоби з використанням червоно-рябої голштинської породи. Передбачалось, що збільшення числа тварин з часткою спадковості червоно-рябих голштинів до 70–80% дозволить отримати стада, що характери-

зуються добрими адаптаційними можливостями, жирномолочністю, високими показником росту і м'ясними якостями, а також високими надоями. Дослідження проведені на коровах (чистопородні симентали і помісі $\frac{1}{2}$ і $\frac{3}{4}$ за часткою спадковості червоно-рябкої голштинської породи), яких були розділені на групи з різним рівнем молочної продуктивності за період лактацію (за надоем і вмістом жиру в молоці). Генетичну структуру оцінювали за генетично детермінованим поліморфізмом груп генетико-біохімічних систем. Досліди проводились на еритроцитах і плазмі крові. Кров у тварин брали з яремної вени в пробірку з гепарином. Поліморфізм білків та ферментів оцінювали, застосовуючи метод електрофоретичного розділення білків у 13% крохмальному гелі в горизонтальних камерах з подальшим гістохімічним фарбуванням. Одержані дані свідчать про те, що відмінності тварин за такими параметрами молочності, як надій за 305 днів періоду лактації і вміст жиру в молоці супроводжується неоднаковою диференціацією їх генетичних структур за різними генетико-біохімічними системами. При різниці за надоями найбільш виражені зміни спостерігаються за локусом трансферину, а при аналізі груп тварин, що відрізняються за вмістом жиру в молоці – за локусом AM-1. Це дозволяє припустити, що в основі таких випадків від'ємних кореляцій між даними ознаками можуть лежати специфічні між-локусні взаємодії за різними генетико-біохімічними системами. Можна стверджувати, що розвиток подібних досліджень може призвести до виявлення характерних генотипів за комплексом генетико-біохімічних систем, тісно пов'язаних з відповідним комплексом господарсько корисних ознак.

Ключові слова: генетична структура, генетичні маркери, генетично детермінована ознака, гемоглобін, трансферин, церулоплазмін, пуриннуклеозидфосфорилаза.

Вступ

Потреби інтенсифікації сільського господарства призводять до необхідності створення нових форм тварин з високою продуктивністю і адаптацією до різних умов зовнішнього середовища. Цілеспрямоване створення і використання високопродуктивних тварин значною мірою залежить від інформації, закладеної у їх генах, які контролюють цінні господарські корисні ознаки. Тому, актуальним завданням є виявлення і використання маркерних генів, які відповідають за прояв певної ознаки у тварин. Генотипування тварин за маркерними алелями дозволить проводити селекцію тварин на рівні ДНК, що значно підвищить ефективність ведення селекційної роботи та дозволить об'єктивно контролювати цей процес. Використання молекулярно-генетичних маркерів у селекції дозволяє збільшити конкурентоспроможність сільськогосподарської сировини (Novak et al., 2008; Kostenko, 2010; Metlyc'ka et al., 2016; Bodnaruk et al., 2017; Lugovoy et al., 2017).

Одним з найпоширеніших напрямів прискорення селекційної роботи з породами великої рогатої худоби молочного напрямку продуктивності є використання молекулярно-генетичних маркерів. Генетична структура порід великої рогатої худоби вітчизняної селекції характеризується різними цінними алельними варіантами, які мають також зв'язок з ознаками їх продуктивності (Bondarenko, 2003; Novak et al., 2008; Bodnaruk and Zhmur, 2013; Bodnaruk et al., 2015; Shherbatyj et al., 2015; Bodnaruk et al., 2017).

Дані досліджень свідчать про недостатнє використання результатів молекулярно-генетичного аналізу в селекційній роботі. Це стосується перш за все відсутності даних про генотипи плідників, сперма яких використовується на маточному поголів'ї племінних господарствах України. Тому використання сперми плідників-носіїв цінних господарсько корисних алелів може за короткий термін підвищити показники молочної продуктивності корів під час створення високопродуктивних стад із бажаними ознаками (Novak et al., 2012; Stavec'ka, 2013; Kuziv and Fedorovych, 2016).

Пошук та використання ДНК-маркерів, що дозволяють мітити окремі господарсько корисні ознаки тварин за генами кількісних ознак дає можливість визначити генотип особин та передбачити цінні озна-

ки на рівні алельних варіантів генів, незалежно від статі, віку та фізіологічного стану особин (Gyl' et al., 2011).

Однією з основних господарсько корисних ознак молочної худоби є їх молочно продуктивність, формування якої обумовлено великою кількістю генетичних локусів. Аналіз кореляційних зв'язків засвідчує можливість їх використання для подальшого вдосконалення селекційного процесу та отримання високопродуктивних тварин. Добір корів за генотипами алелів, які асоційовані з кількісними та якісними показниками молочної продуктивності буде ефективним для подальшого розвитку стада (Kopylov, 2011; Novak and Oblap, 2012; Chernenko and Gubarenko, 2014; Fedorovych et al., 2016; Babik et al., 2017; Fedorovych, 2017).

Метою наших досліджень було вивчення генетичної структури корів симентальської породи, які мали різний рівень молочної продуктивності за першу лактацію.

Матеріал і методи досліджень

Генетичну структуру оцінювали за генетично-детермінованим поліморфізмом груп генетико-біохімічних систем. Досліди проводились на еритроцитах і плазмі крові. Кров у тварин брали з яремної вени в пробірку з гепарином. Поліморфізм білків та ферментів оцінювали, застосовуючи метод електрофоретичного розділення білків у крохмальному гелі в горизонтальних камерах з подальшим гістохімічним фарбуванням (Harris and Hopkinson, 1976).

До групи досліджуваних генетико-біохімічних систем входили транспортні білки: гемоглобін, церулоплазмін, трансферин, амілаза та фермент пуриннуклеозидфосфорилаза.

З метою порівняльного аналізу генетичної структури груп тварин, які відрізняються за величиною надою та вмісту жиру в молоці за першу лактацію, була виконана оцінка генотипових і алельних частот за поліморфними генетико-біохімічними системами. Всі досліджені корови (чистопородні симентали і помісі $\frac{1}{2}$ і $\frac{3}{4}$ «часткою кровності» за червоно-рябими голштинами) розділили на такі групи: 1 група – корови з надоем до 4000 кг; 2 група – з надоем 4001–5000 кг; 3 група – з надоем 5001 кг і більше (до

7000 кг); 4 група – тварини з вмістом жиру в молоці до 3,90%; 5 група – корови з вмістом жиру в молоці 3,91% і більше.

Результати та їх обговорення

Аналіз генетичної структури за поліморфними генетико-біохімічними системами різних груп тварин за рівнем надою і вмісту жиру в молоці за першу лактацію показав, що між коровами досліджуваних груп відсутні розбіжності за генетичною структурою локусу PN (табл. 1). Групи 1–3, що помітно відрізняються за надоями і за середньою гетерозиготністю на локус. Найбільш гетерозиготна – група корів з найбільшими надоями (3 група). За локусом TF вона також відрізняється від всіх інших груп відносно підвищеною частотою поширеності алейного варіанту TFD1. Ці

дані збігаються з літературними, оскільки більш ніж в 40% публікацій, в яких робилися спроби вивчення зв'язку розподілення алейних частот локусу TF з характеристиками молочної продуктивності, такі зв'язки виявлені у голштинів, а саме за величиною надою. Припускають, що це може бути результатом генетичного зчеплення локусу TF з певними генами, що безпосередньо впливають на величину надою. Можна припустити також, що певні відмінності у 1–3 групах за локусом CP можуть бути зумовлені достатньо близьким розміщенням локусу CP до локусу TF в одній і тій же групі зчеплення. Міжгрупові відмінності за локусами AM-I і HB відносно менш виражені, за винятком деякого підвищення частоти поширеності гетерозигот за локусом HB у корів з найбільшими показниками надою.

Таблиця 1

Генетична структура за поліморфними генетико-біохімічними системами корів симентальської породи з різним рівнем молочної продуктивності за першу лактацію

Локуси		Групи корів за продуктивністю першої лактації				
		I – надій менше ніж 4000 кг	II – надій 4001–5000 кг	III – надій 5001 кг і більше	IV – вміст жиру в молоці до 3,90 %	V – вміст жиру в молоці 3,91 % і більше
TF Генотипи	AA	12,5	7	–	10	10
	AD1	12,5	7	28	10	10
	AD2	31	30	28	20	20
	D1D2	–	4	–	3	3
	D1D2	18	11	33	23	23
	D2D2	25	41	11	33	33
Гетерозиготність, %		61,5	48	89	76	53
Алелі	A	0,344	0,259	0,278	0,323	0,250
	D1	0,156	0,130	0,306	0,177	0,200
	D2	0,500	0,611	0,417	0,500	0,550
CP Генотипи	AA	41	50	17	50	29
	AB	53	40	66	4010	58
	BB	6	10	17		13
Гетерозиготність, %		53	40	66	40	58
Алелі	A	0,676	0,700	0,500	0,694	0,581
	B	0,324	0,300	0,500	0,306	0,419
AM-I Генотипи	BB	50	32	44	27	55
	BC	50	64	56	70	45
	CC	–	4	–	3	–
Гетерозиготність, %						
Алелі	B	0,750	0,643	0,719	0,617	0,774
	C	0,250	0,357	0,281	0,383	0,226
HB Генотипи	AA	94	96	76	83	96
	AB	6	4	24	17	4
PN Генотипи	L	88	83	88	83	90
	H	12	17	12	17	10
Середня гетерозиготність за всіма поліморфними локусами, %		37	31	47	38	32

При розділенні тварин на групи у зв'язку з різними значеннями вмісту жиру в молоці спостерігається інша картина. Ці групи майже не відрізняються одна від одної за генетичною структурою локусу TF, але помітно диференціюються за локусом CP (у 5 групи відносно 4 знижується частота поширеності гомозигот CpAA, зростає гетерозиготність і за локусом AM-I (у 5 групи порівняно з 4 зростає частка гомозигот CpBB та зменшується частота поширеності гетерозигот

CpBC). Відмінності за локусом CP між 4 і 5 групами збігаються із аналогічними відмінностями між групами 3 і 1 та 2. Таким чином, одержані дані свідчать про те, що мінливість груп корів за величиною надою і вмісту жиру в молоці збігається з генетичною диференціацією цих груп за локусом CP, проте відрізняється участю в ній в першому випадку TF, а в другому – локусу AM–I. Варто відмітити, що втягування локусу AM–I в мінливість генетичної структури корів за

вмістом жиру в молоці описано в ряді інших досліджень (Glazko et al., 2005). Так як і у випадку трансферину припускається, що таке втягування відбувається за рахунок генетичного зчеплення локусу AM-1, а основними генами контролю вмісту жиру в молоці.

Участь в генетичній деференціації груп корів CP незалежно від локусу TF (між групами, які відрізняються за величиною надою разом з локусом TF, а за % жиру в молоці – разом з локусом AM-1) свідчать про те, що наявність фізичного генетичного значення не завжди збігається з особливостями мінливості алельних частот навіть за локусами, які відносно близько розміщені в одній групі зчеплення. Також очевидні, мабуть, і традиційні уявлення про розвиток між гетерозиготністю локусів і гетерозиготними ефектами за різноманітними ознаками продуктивності. В наших дослідженнях такі взаємовідносини являються локус-специфічними. Так, за локусом CP гетерозиготність найбільша у тварин з найвищим надоєм (3 група) і

вмістом жиру в молоці (5 група), проте за локусом AM-1 в 5 групі – найменша, а найбільша в групі тварин з найменшим вмістом жиру в молоці (4 група).

Аналіз розподілу генних частот в досліджених групах за поліморфними локусами показав, що в більшості випадків вони перебувають у врівноваженому стані відповідно до закону Харді-Вайнберга, за винятком локусу AM-1, за яким виявлено статистично достовірний надлишок гетерозигот у 2 групі (надій 4001–5000 кг, P = 0,043) і в 4 групі (вміст жиру 3,90% і менше, P=0,011).

Значення генетичних відстаней (табл. 2), розраховані на основі алельних частот за поліморфними локусами свідчать про те, що за генетичною структурою найбільші відмінності знаходять між групою корів з найвищими надоями (3 група) і групами з низькими надоями (1 і 2 групи) та низьким вмістом жиру в молоці (4 група).

Таблиця 2

Генетичні відстані (DN), розраховані за поліморфними генетико-біохімічними системами між групами корів з різним рівнем молочної продуктивності за першу лактацію*

Групи корів за надоєм та вмістом жиру в молоці	I група	II група	III група	IV група	V група
I група	*****	0,007	0,017	0,008	0,004
II група	0,993	*****	0,029	0,003	0,013
III група	0,983	0,971	*****	0,023	0,013
IV група	0,992	0,997	0,977	*****	0,014
V група	0,996	0,988	0,990	0,986	*****

Примітка: *вище діагоналі – значення генетичних відстаней, нижче діагоналі – індекс ідентичності

Кластерний аналіз, розрахунки якого також засновані на алельних частотах поліморфних локусів показав, що тварини з низьким надоєм близькі до тварин з високим % жиру (рис. 1, групи 1 і 5), а з більш високим надоєм (2 група, надій 4001–5000 кг) за генетичною структурою утворюють один кластер з тваринами з низьким вмістом жиру в молоці (4 група).

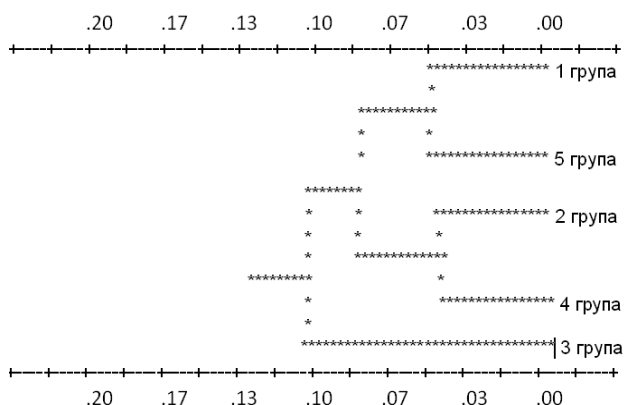


Рис. 1. Дендограма груп корів з різним рівнем молочної продуктивності

Наявність від’ємної кореляції між величиною надою і вмістом жиру неодноразово описано в різних літературних джерелах, при цьому відзначається її непостійність – у деяких тварин вона відсутня, а в

деяких змінюється на позитивну. Можливо, ці дані (табл. 1, рис. 1) свідчать про те, що в основі таких взаємовідносин можуть лежати особливості поєднання алельних варіантів досліджуваних генетико-біохімічних систем.

Висновки

Внаслідок виконаних досліджень одержані дані свідчать про те, що відмінності тварин за такими характеристиками молочності, як загальний надій за 305 днів першої лактації і вміст жиру в молоці, супроводжується неоднаковою диференціацією їх генетичних структур за різними генетико-біохімічними системами. При різниці за надоями найбільш виражені зміни спостерігаються за локусом трансферину, при аналізі груп тварин, що відрізняються за вмістом жиру в молоці – за локусом AM-1. Це дозволяє припустити, що в основі таких випадків від’ємних кореляцій між даними ознаками можуть лежати специфічні міжлокусні взаємодії за різними генетико-біохімічними системами, в які і входять розглянуті нами системами. Можна говорити, що розвиток подібних досліджень може призвести до виявлення характерних генотипів за комплексом генетико-біохімічних систем, тісно пов’язаних з відповідним комплексом господарсько корисних ознак.

Перспективи подальших досліджень. У наступних дослідженнях буде продовжено вивчення генофонду інших порід великої рогатої худоби вітчизняної селекції.

References

- Babik, N., Fedorovych, Y., & Fedorovych, V. (2017). The influence of live weight of holstein cows on the duration and effectiveness of their economic use during the period of breeding. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 19(74), 71–75. doi: 10.15421/nvlvet7416.
- Bodnaruk, V.E., Shherbatyj, Z.E., Kropyvka, Ju.G., Bodnar, P.V., & Zhmur, A.I. (2015). Vlijanie roditel'skih porod na formirovanie geneticheskoy struktury polesskoj mjasnoj porody. *Nauchno-prakticheskij zhurnal «Uchenye zapiski Uchrezhdenija obrazovanija «Vitebskaja ordena «Znak Pocheta» gosudarstvennaja akademija veterinarnoj mediciny»*, 51, 1(2), 23–27 (in Russian).
- Bodnaruk, V.Je., Kropyvka, Ju.G., Muzyka, L.I., & Zhmur, A.J. (2014). Osoblyvosti genetychnoi' struktury polis'koi' m'jasnoi' porody velykoi' rogatoj' hudoby. *Naukovyj visnyk L'viv's'kogo NUVM ta BT im. S.Z. Gzhyc'kogo*. 16, 3(60), 3, 21–26 (in Ukrainian).
- Bodnaruk, V.Je., & Zhmur, A.J. (2013). Analiz genetychnoi' minlyvosti ukrai'ns'koi' m'jasnoi' porody velykoi' rogatoj' hudoby. *Naukovyj visnyk L'viv's'kogo NUVM ta BT im. S.Z. Gzhyc'kogo*, 15, 3(57), 3, 3–7 (in Ukrainian).
- Bodnaruk, V.Y., Muzyka, L.I., Bodnar, P.V., Zhmur, A.J., & Orihivskyj, T.V. (2017). New possibilities of effective breeding in cattle based on the study of the genome. *Scientific Messenger LNUVMB*. 19(79), 32–37. doi:10.15421/nvlvet7907.
- Bodnaruk, V., Shchebatyj, Z., Muzyka, L., Zhmur, A., & Orihivskyj, T. (2017). Genofond of some breed of cattle. *Scientific Messenger LNUVMBT named after S.Z. Gzhyc'kogo*. 19 (74), 131–134. doi:10.15421/nvlvet7429.
- Bondarenko, G.P. (2003). Zastosuvannja imunogenetychnogo ta genetyko-statystychnogo metodiv pry prognovuvanni molochnoi' produktyvnosti koriv: avtoref. dys. na zdobuttja nauk. stupenja kand. s.-g. nauk: spec. 06.02.01 «Rozvedennja ta selekcija tvaryn». *Nacional'nyj agrarnyj universytet (Kyj'v)* (in Ukrainian).
- Chernenko, O., & Gubarenko, N. (2014). Vplyv genotypiv za genamy GH i RIT-1 na molochnist' golshtyn's'kyh koriv. *Tvarynnyctvo Ukrai'ny*. 11, 31–35 (in Ukrainian).
- Fedorovych, V. (2017). Dairy productivity of Simmental breed cows depending on their live weight during growing period. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 19(79), 93–99. doi: 10.15421/nvlvet7919.
- Fedorovych, V. (2017). The impact of reproductive capacity indicators of simmental cattle on their milk productivity. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 19(74), 52–56. doi: 10.15421/nvlvet7412.
- Fedorovych, V., Orihivskyj, T., Babik, N., Fedorovych, E., & Oseredchuk, R. (2016). The characteristics of simmentals by their economically useful traits in the conditions of Lviv region. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 18(2(67)), 255–260. doi: 10.15421/nvlvet6756.
- Glazko, T.T., Zubec, M.V., & Tarasjuk, S.Y. (2005). Genetycheskaja komponenta byoraznoobraznja krupnogo rogatogo skota. *Kyj'v: KVYC*, 111–121 (in Russian).
- Gyl', M.I., Gorodna, O.V., Gorodna, O.V., & Smetana, O.Ju. (2011). Analiz zalezhnosti molochnoi' produktyvnosti koriv vid polimorfizmu okremyh strukturnyh geniv. *Naukovyj visnyk Nacional'nogo universytetu bioresursiv i pryrodokorystuvannja Ukrai'ny: Tehnologija vyrobnyctva i pererobky produkciij' tvarynnyctva*, 160(2), 285–293 (in Ukrainian).
- Harris, H., & Hopkinson, D.A. (1976). *Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics*. Amsterdam. Retrieved from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1685231/>
- Kopylov, K.V. (2011). DNK-diagnostyka genetychnyh resursiv velykoi' rogatoj' hudoby: avtoref. dys. na zdobuttja nauk. stupenja dokt. s.-g. nauk: spec. 03.00.15 «Genetyka», Chubyn's'ke (in Ukrainian).
- Kostenko, S.O. (2010). Vykorystannja genetychnyh markeriv produktyvnosti sil'skogospodars'kyh tvaryn dlja pidvyshhennja konkurentnospromozhnosti harchovoi' syrovyny. *Zbirnyk naukovyh prac' Vinnyc'kogo nacional'nogo agrarnogo universytetu*. 5(45), 36–41 (in Ukrainian).
- Kuziv, M., & Fedorovych, E. (2016). Repproductive ability of ukrainian black and white dairy cows. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 18(2(67)), 120–123. doi: 10.15421/nvlvet6727.
- Lugovoy, S., Kramarenko, S., & Lykhach, V. (2017). Genetic polymorphism of the Landrace pig based on microsatellite markers. *Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies*. 19(74), 63–66. doi: 10.15421/nvlvet7414.
- Metlyc'ka, O.I., Kopylov, K.V., & Berezov's'kyj, O.V. (2016). Suchasni molekularno-genetychni pidhody dlja pidvyshhennja efektyvnosti selekcijnogo procesu v tvarynnyctvi Ukrai'ny. *Rozvedennja i genetyka tvaryn*, 51, 193–200 (in Ukrainian).
- Novak, N.B., Oblap, R. V., & Mel'nychuk, M.D. (2008). Vykorystannja molekularno-genetychnyh markeriv dlja ocinky genetychnogo potencijalu ukrai'ns'koi' chorno-rjaboi' porody VRH. *Biologija tvaryn (L'viv)*. 10 (1–2). *Rezhym dostupu: http://archive.inenbiol.com.ua:8080/bt/2008/7/2.pdf* (in Ukrainian).
- Novak, N.B., & Oblap, R.V. (2012). Analiz genetychnoi' struktury VRH ta biotehnologichni pidhody shhodo vdoskonalennja pokaznykiv molochnoi' produktyvnosti. *Visnyk Sums'kogo nacional'nogo agrarnogo universytetu. Serija «Tvarynnyctvo»*, 12(21), 73–76 (in Ukrainian).

- Shherbatyj, Z.Je., Bodnaruk, V.Je., Bodnar, P.V., Muzyka, L.I., & Zhmur, A.J. (2015). Porivnjal'nyj analiz blyz'korodnyh vydiv velykoi' rogatoi' hudoby. Naukovyj visnyk L'vivs'kogo NUVM ta BT im. S.Z. Gzhyc'kogo. 17, 1(61), 3, 293–299 (in Ukrainian).
- Stavec'ka, R.V. (2013). Molekuljarno-genetychna dyferenciacija bugai'v-plidnykiv za genamy, asocijovanymy iz gospodars'ky korysnymy oznakamy. Zbirnyk naukovyh prac' Vinnyc'kogo natsional'noho ahrarnoho universytetu. 2(72), 136–144 (in Ukrainian).