

19. Podoba, Yu. V. 2013. Polimorfizm mitohondrial'noi' DNK u tvaryn siroi' ukrai'ns'koi' ta ukrai'ns'koi' bilogolovoi' porid velykoi' rogatoi' hudoby – Polymorphism of mitochondrial DNA in animals of the grey Ukrainian white breeds cattle. *Visnyk Sums'koho natsional'noho ahrarnoho universytetu – Bulletin of Sumy national agrarian University*. 7:208–211 (in Ukrainian).

20. Kharchuk, I. T. 1980. Molochna produktyvnist' pomisey pry pohlynal'nomu skhreshchuvanni bilo-holovoyi ukrayins'koyi porody z chorno-ryaboyu – Milk yield of the hybrids at absorbing crossing of Ukrainian whitehead breed with black-and-white. *Rozvedennya ta shtuchne osimeninnya velykoyi rohatoyi khudoby – Breeding and artificial insemination of cattle*. 12:38–43 (in Ukrainian).

21. Fylypovs'kyy, O. K., V. P. Ust'yantsev, Z. M. Byk, and B. L. Blomkvist. 1929. *Materiyaly obsliduvannya biloholovoyi koloniys'koyi rasy velykoyi rohatoyi khudoby – The survey data race white colonism cattle*. Kiev. 31:358 (in Ukrainian).

22. Yurkovs'ka, M. Kh. 1970. Zalezhnist' molochnoyi produktyvnosti koriv biloholovoyi ukrayins'koyi porody vid formy ta rozmiriv vym"ya – The dependence of milk productivity of cows of Ukrainian whitehead breed species from the shape and size of the udder. *Dairy and beef cattle – Kiev*. 21:19–22 (in Ukrainian).



УДК 636.082.2:575.174:577.212.213

ПОЛИМОРФИЗМ ПЯТИ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ ДНК ПРИ ИЗУЧЕНИИ СЕРОЙ УКРАИНСКОЙ И СЕРОЙ БОЛГАРСКОЙ ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

Ю. В. ГУЗЕЕВ¹, О. В. МЕЛЬНИК², Е. А. ГЛАДЫРЬ³, Н. А. ЗИНОВЬЕВА³

¹ТОВ «Голосеево» (Гоголев, Украина)

²Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины (Киев, Украина)

³Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства им. академика Л.К.Эрнста (Дубровицы, Россия)

Актуальность проблемы сохранения генетического разнообразия как компонента окружающей среды, последнее время становится общемировой. Среди пород крупного рогатого скота, требующих особого внимания в плане сохранения генетического разнообразия является серый степной скот. Серый степной скот – это очень древний скот, представителями серого степного скота на Украине является серая украинская, в Болгарии – серая болгарская породы. Целью настоящего исследования было проведение сравнительного анализа разнообразия аллелофонда серой украинской и серой болгарской пород крупного рогатого скота с помощью микросателлитных локусов ДНК.

Генетический анализ был проведен по пяти локусам ДНК: BM1824, BM2113, ETH225, SPS115, TGLA126, которые входят в перечень рекомендованных ISAG-FAO для генотипирования крупного рогатого скота.

В результате проведенных исследований нами было идентифицировано в 5 изучаемых микросателлитных локусах ДНК 26 аллелей в серой украинской породе и 30 аллелей в серой болгарской породе. В локусе SPS115 в обеих породах было выявлено 7 аллелей, с наибольшей частотой аллеля 248 п.н. В обеих микропопуляциях был обнаружен дефицит гетерозигот, но в микропопуляции серой украинской породы он был выше. Полученные результаты могут быть полезны в племенной работе с серыми породами крупного рогатого скота, для их мониторинга с целью сохранения его генетического разнообразия.

Ключевые слова: генетический анализ, серый степной скот, порода, микросателлитные локусы ДНК, аллели, полиморфизм, микропопуляция

© Ю. В. ГУЗЕЕВ, О. В. МЕЛЬНИК,
Е. А. ГЛАДЫРЬ, Н. А. ЗИНОВЬЕВА, 2016

THE POLYMORPHISM OF FIVE MICROSATELLITE DNA LOCI IN THE STUDY OF GRAY UKRAINIAN AND BULGARIAN GREY CATTLE BREEDS

Yu. V. Guseev¹, O. V. Mtylyk², E. A. Gladyr³, N. A. Zinovieva³

¹Farm «Golosiiv» (Hoholiv, Ukraine)

²National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine (Kyiv, Ukraine)

³All-Russian research Institute of animal breeding named after academician L. K. Ernst (Dubrovysia, Russia)

The problem of preserving genetic diversity as a component of the environment, has recently become the global. Among the cattle breeds that require special attention in terms of preserving genetic diversity is grey steppe cattle. Grey steppe cattle is a very ancient livestock, representatives of gray steppe cattle in Ukraine is Ukrainian grey, Bulgaria – Bulgarian grey breed.

Genetic analysis of the grey Ukrainian and grey Bulgarian breeds was conducted at five microsatellite loci DNA: BM1824, BM2113, ETH225, SPS115, TGLA126, which are included into the list recommended by the ISAG-FAO for genotyping of cattle. The studies investigated in 5 microsatellite DNA loci identified 26 alleles in the grey Ukrainian breed and 30 alleles in the Bulgarian grey breed. Heterozygosity deficit was identified on all the loci, with the exception of the loci BM2113 (-0,182) and BM1824 (-0,025) in the micropopulations of the Ukrainian grey breed and locus BM1824 (-0,151) in the Bulgarian grey breed. The highest value was found in the F_{is} locus SPS115 (0,444) of the Ukrainian grey breed. Precisely this can explain the high deficit of heterozygosity in the micropopulations of the Ukrainian grey breed. The results may be useful in breeding grey cattle breeds, to monitor them in order to preserve its genetic diversity.

Keywords: genetic analysis, grey steppe cattle, breed, microsatellite DNA loci, alleles, polymorphism, micropopulations

ПОЛІМОРФІЗМ П'ЯТИ МІКРОСАТЕЛІТНИХ ЛОКУСІВ ДНК ПРИ ВИВЧЕННІ СІРОЇ УКРАЇНСЬКОЇ ТА СІРОЇ БОЛГАРСЬКОЇ ПОРІД ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

Ю. В. Гузеєв¹, О. В. Мельник², О. О. Гладирь³, Н. А. Зінов'єва³

¹ТОВ «Голосіїво» (Гоголів, Україна)

²Національний університет біоресурсів і природокористування України (Київ, Україна)

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

Актуальність проблеми збереження генетичного різноманіття як компонента навколишнього середовища, останнім часом стає загальносвітовою. Серед порід великої рогатої худоби, які потребують особливої уваги в плані збереження генетичного різноманіття, є сіра степова худоба. Сіра степова худоба є дуже давньою, Представниками сірої степової худоби на Україні є сіра українська, в Болгарії – сіра болгарська породи.

Метою даного дослідження було проведення порівняльного аналізу різноманітності алофонду сірої української та сірої болгарської порід великої рогатої худоби за допомогою мікросателітних локусів ДНК. Генетичні дослідження біоматеріалу сірої української породи були проведені за локусами: BM1824, BM2113, ETH225, SPS115, TGLA126, які входять у перелік рекомендованих ISAG-FAO для генотипування великої рогатої худоби. В результаті проведених досліджень нами було ідентифіковано в 5 досліджуваних мікросателітних локусах ДНК 26 алелів у сірої української породи і 30 алелів в сірій болгарській породи. За всіма локусами був виявлений дефіцит гетерозиготності, за винятком локусів BM2113 (-0,182) і BM1824 (-0,025) в мікропопуляції сірої української породи і локусу BM1824 (-0,151) в сірій болгарській породи. Найвище значення F_{is} було виявлено в локусі SPS115 (0,444) сірої української породи. Саме цим можна пояснити високий дефіцит гетерозиготності в мікропопуляції сірої української породи. Отримані результати можуть бути корисні в племінній роботі з сірими породами великої рогатої худоби, для їх моніторингу з метою збереження його генетичного різноманіття.

Ключові слова: генетичний аналіз, сіра степова худоба, порода, мікросателітні локуси ДНК, поліморфізм, мікропопуляція

Постановка проблеми. Сохранение генетического разнообразия как компонента окружающей среды в последнее время становится все более актуальной во всем мире. По данным продовольственной сельскохозяйственной организации ФАО, в мире ежемесячно исчезает одна порода животных, основная угроза исчезновения млекопитающих находится в ведущих странах Европы и Кавказа. Наибольшему риску вымирания (исчезновения), подвергаются овцы, лошади, кролики, свиньи, крупный рогатый скот и козы [5].

Развитие животноводства недопустимо без учета экологических требований, предъявляемых к использованию животных в специфических условиях окружающей среды. Продукция животноводства должна проходить сертификацию на экологическую чистоту. Генетическая сертификация должна быть и у животных, с этой целью необходимо шире воплощать в практику методы генетического маркирования и мониторинга ситуаций в стадах, породах, популяциях [3].

Целью настоящего исследования было проведение сравнительного анализа разнообразия аллелофонда микропопуляций серой украинской и серой болгарской пород крупного рогатого скота с помощью микросателлитных локусов ДНК.

Материалы и методы. Анализ ДНК 32 животных серой украинской породы, принадлежащих ТОВ «Голосеево» Броварского р-на Киевской обл, проводили в лаборатории молекулярной генетики и цитогенетики животных центра биотехнологии и молекулярной диагностики животных Всероссийского научно-исследовательского института животноводства (п.Дубровицы, Московская обл.). Геномную ДНК выделяли из биоматериала, полученного с ушной раковины путем выщипа, по методике, описанной Зиновьевой Н.А. с соавт. [4].

В качестве молекулярно-генетических маркеров были выбраны микросателлиты – короткие (1–7 п.о.) tandemно расположенные участки ДНК, обладающие высокой степенью полиморфизма [11].

Исследования проводились по локусам: BM1824, BM2113, ETH225, SPS115, TGLA126, которые входят в перечень рекомендованных ISAG-FAO для генотипирования крупного рогатого скота (табл. 1).

1. Микросателлитные маркеры из рекомендованного списка ISAG-FAO

№	Микросателлит. локус	Хромосома	Маркер	Последовательность праймера	Темпер. режим	Диапазон аллелей
1	BM1824 (D1S34)	1	M16	GAGCAAGGTGTTTTCCTCAATC CATCTCTCCAAGTCTTCCTTG	55-60°C	176-197
2	BM2113 (D2S26)	2	M15	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCCTGAGAGAAGCAACACC	55-60°C	122-156
3	ETH225 (D9S1)	9	M3	GATCACCTTGCCACTATTTCTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	55-65°C	131-159
4	SPS115 (D15)	15	30	AAAGTGASACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG	55-60°C	234-258
5	TGLA126 (D20S1)	20	M27	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTCT TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTC	55-58°C	115-131

Электрофоретическое разделение фрагментов ДНК методом капиллярного электрофореза проводили на приборе MegaBase 500. Для идентификации аллелей исследованных локусов МС использовали программное обеспечение Genetic Profiler 2.0. Данные об аллелях каждого животного суммировали в электронной таблице Microsoft Excel. Полученная матрица генотипов служила основой для статистической обработки результатов.

Для статистической обработки данных использовали программное обеспечение Cervus 3.0.3, PowerStatsV12 (Promega), GENALEX 6 [9].

При проведении популяционно-генетических исследований определяли следующие показатели:

Аллельные профили, включая показатели: минимальное, максимальное и среднее число аллелей, частоты встречаемости аллелей, число информативных аллелей, число эффективных аллелей, число и частота встречаемости частных аллелей. Частоты встречаемости аллелей рассчитывали отдельно для каждого локуса по следующей формуле:

$$p_i = (2 * N_{ii} + N_{iy}) / (2 * N), \text{ (I)}$$

где p_i – частота встречаемости i -го аллеля, N_{ii} – число животных, гомозиготных по i -му аллелю, N_{iy} – число животных, гетерозиготных по i -му аллелю (y – любой другой аллель), N – число голов в выборке. Число информативных аллелей рассчитывали как число аллелей в популяции с частотой встречаемости более 5%.

Число эффективных аллелей – это число аллелей, встречающихся с равной частотой в идеальной популяции, которое необходимо для получения такой же степени гомозиготности или генетического разнообразия в реальной популяции, рассчитывали по формуле:

$$N_e = 1 / (1 - H_e), \text{ (II)}$$

где N_e – число эффективных аллелей в популяции, H_e – ожидаемая степень гомозиготности. Число частных аллелей рассчитывали, как число аллелей, которые встречаются только у одной из исследованных субпопуляций (групп).

Генетическую консолидированность изучаемых групп скота оценивали на основании анализа распределения популяций по методике предложенной Paetkau D. с соавторами (2004) [9], для каждого образца рассчитывается ожидаемая частота встречаемости генотипа в каждом из локусов, принимая во внимание случайный характер спаривания внутри популяции, переводится в логарифм с целью получения логарифмического значения подобия. Логарифмическое значение правдоподобия рассчитывается для каждой популяции, используя частоты встречаемости аллелей соответствующей популяции. Если частота встречаемости аллеля в популяции равна 0 (то есть аллель в данной популяции отсутствует), то при расчетах используется значение 0,01 или любое другое, определяемое пользователем. Образец относится к популяции с наиболее высоким логарифмическим значением правдоподобия или минимальным отрицательным логарифмическим значением правдоподобия.

Наблюдаемая степень гетерозиготности (H_o): рассчитывали для каждого локуса как отношение числа гетерозигот к общему числу исследованных животных. Для расчета H_o индивидуума находили среднее арифметическое значение H_o по всем исследованным локусам МС.

Ожидаемая степень гетерозиготности (H_e): рассчитывали для каждого локуса, используя следующую формулу:

$$H_e = 1 - \sum p_i^2, \text{ (III)}$$

где p_i – частота встречаемости i -го аллеля. Для расчета H_e индивидуума находили среднее арифметическое значение H_e по всем локусам МС.

Индекс фиксации F_{is} : коэффициент инбридинга у индивидуумов по отношению к субпопуляции (группе). Служит мерой измерения снижения уровня гетерозиготности индивидуума вследствие неслучайного спаривания внутри каждой группы. Для расчета использовали формулу:

$$F_{is} = (H_e - H_o) / H_e \text{ (IV)}$$

Показатель F_{is} количественно отражает отклонение частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой (по Харди-Вайнбергу) доли гетерозигот при случайном спаривании внутри популяции. Он является мерой уменьшения гетерозиготности у индивидуума вследствие неслучайного спаривания внутри субпопуляций. Индекс фиксации F_{is} позволяет установить связь между индивидуумами отдельной популяции и популяцией в целом. Так как данный показатель количественно отражает отклонение частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой по Харди-Вайнбергу доли гетерозигот при случайном спаривании внутри популяции, он может рассматриваться в качестве одного из критериев инбредности популяции. При этом положительное значение индекса F_{is} означает

нехватку гетерозигот в данной популяции, в то время как отрицательное значение индекса указывает на избыток гетерозигот [1, 2].

Результаты генетического анализа 35 голов серой болгарской породы были взяты с литературных источников [12].

Результаты исследований. Важными факторами, определяющими необходимость сохранения видов, является количество животных и их генетическая уникальность. Первым шагом в разработке программ по сохранению видов является выявление уникального генетического биоразнообразия, определение принципов и методов их сохранения. К современным методам исследования генетического разнообразия являются использование молекулярно-генетических маркеров, которые открывают новые перспективы в изучении происхождения домашних видов животных, их географическое распространение и генетическое разнообразие. В настоящее время для изучения генетического разнообразия в качестве генетических маркеров используются микросателлитные локусы ДНК. Среди пород крупного рогатого скота, требующих особого внимания в плане сохранения генетического разнообразия является серый степной скот.

Серый степной скот – это очень древний скот, представителями серого степного скота в Украине является серая украинская, в Болгарии – серая болгарская породы. В глубокий древности, у протославян был распространен культ белого быка и белого коня, белый (серый) скот они разводили не только как культовые животные, а также их использовали как продуктивных животных.

В Украине серый скот сохранился только в трех хозяйствах: о/х «Поливановка» Днепропетровской обл., о/х «Маркеево» Херсонской обл., ТОВ «Голосеево» Киевской области.

В Болгарии серая болгарская порода является одной из первых пород крупного рогатого скота, внесенных в реестр охраняемых пород Болгарии [7].

В настоящее время численность популяции серой болгарской породы составляет около 600–700 голов и находится под угрозой исчезновения, серый степной скот является рабочим скотом, при внедрении механизации сельского хозяйства серый скот стал не востребованным как рабочие животные и начался процесс его замены техникой а также скрещиванием серой болгарской породы с другими более высокопродуктивными породами [8].

В результате проведенных исследований нами было идентифицировано в 5 изучаемых микросателлитных локусах ДНК 26 аллелей в серой украинской породе и 30 аллелей в серой болгарской породе. В локусе SPS115 в обеих породах было выявлено 7 аллелей, с наибольшей частотой аллеля 248 п.н. (рис. 1).

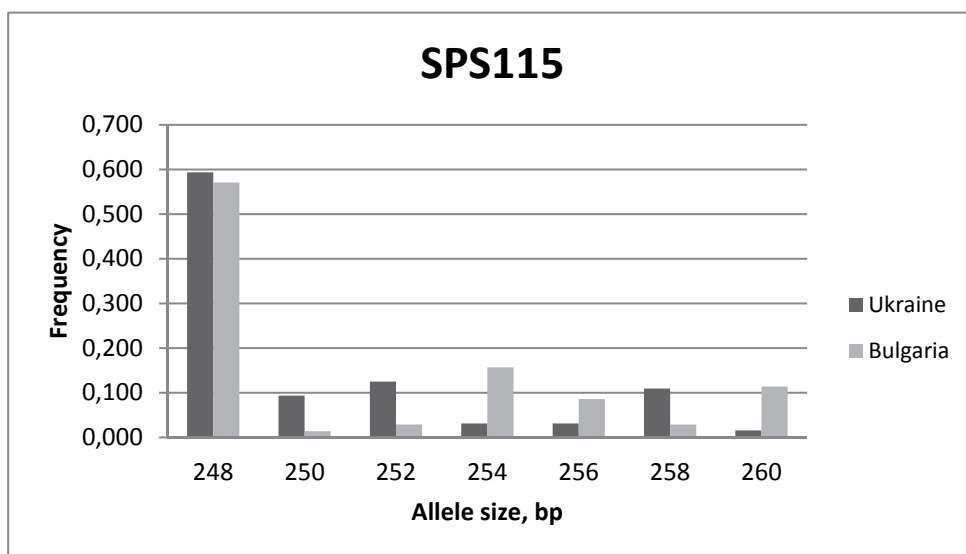


Рис. 1. Частоты аллелей в локусе SPS115

В локусе BM2113 были выявлены с наибольшей частотой в серой украинской породе

аллели 135 и 139 п.н., в то время как в микропопуляции серой болгарской породы наибольшая частота была выявлена в аллеле 133 п.н. (рис. 2).

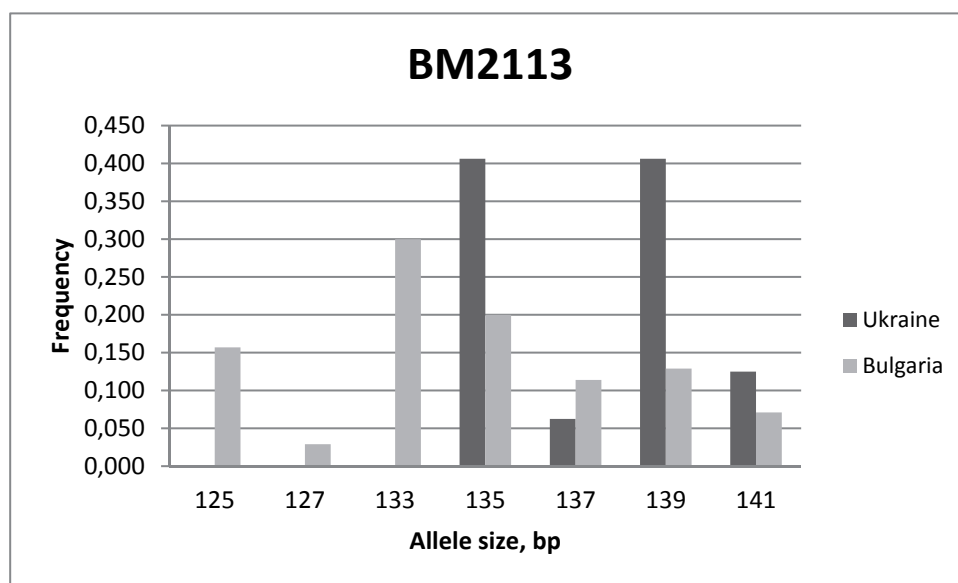


Рис. 2. Частоты аллелей в локусе BM2113

В локусе BM1824 наибольшая частота аллеля 188 п.н., 188 и 192 аллели присутствует только в микропопуляции серой украинской породы, в микропопуляции серой болгарской породы выявлен аллель 184 с частотой встречаемости 0,386 (рис. 3).

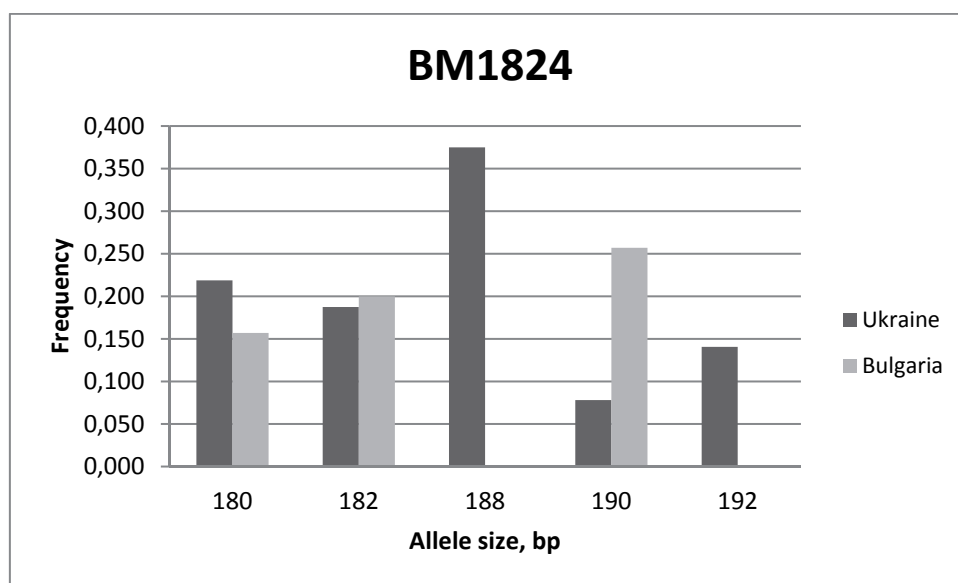


Рис. 3. Частоты аллелей в локусе BM1824

В микропопуляции серой украинской и серой болгарской пород в локусе ETH225 было выявлено 6 локусов, 152 аллель присутствовал только в группе серой украинской породы, а аллель 158 с частотой 0,043 и аллель 146 с частотой 0,129 выявлен только в микропопуляции серой болгарской породы. Наибольшая частота аллелей в исследованной серой болгарской породе был аллель 140 с частотой 0,371, а в серой украинской микропопуляции аллель 148 (рис. 4).

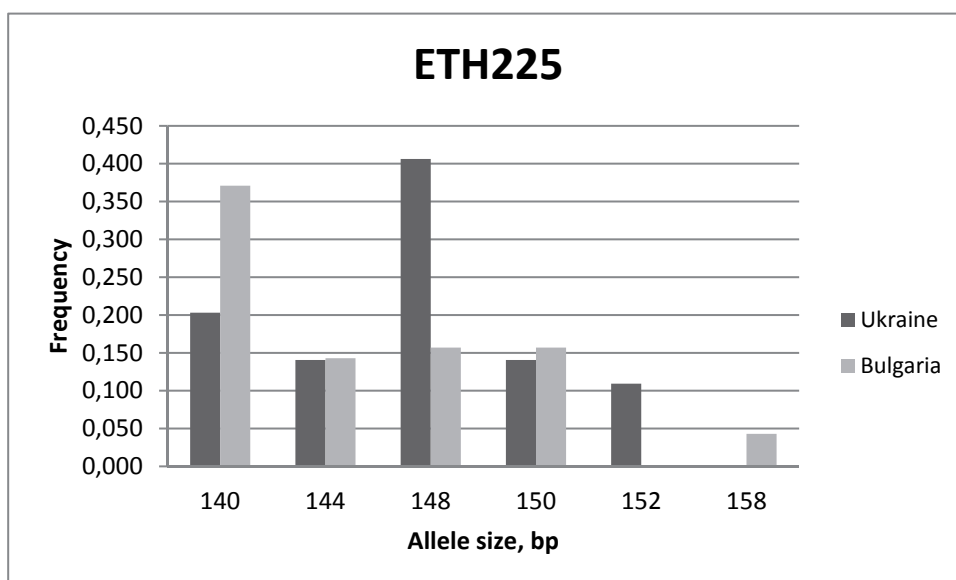


Рис. 4. Частоты аллелей в локусе ETH225

В локусе TGLA126 было выявлено 7 аллелей, 109, 115, 117, 119, 121, 123, 125. Аллель 115 был выявлен лишь в микропопуляции серой украинской породы, а аллель 109 с частотой 0,014 и аллель 121 с частотой 0,014 выявлены только в микропопуляции серой болгарской породы (рис. 5).

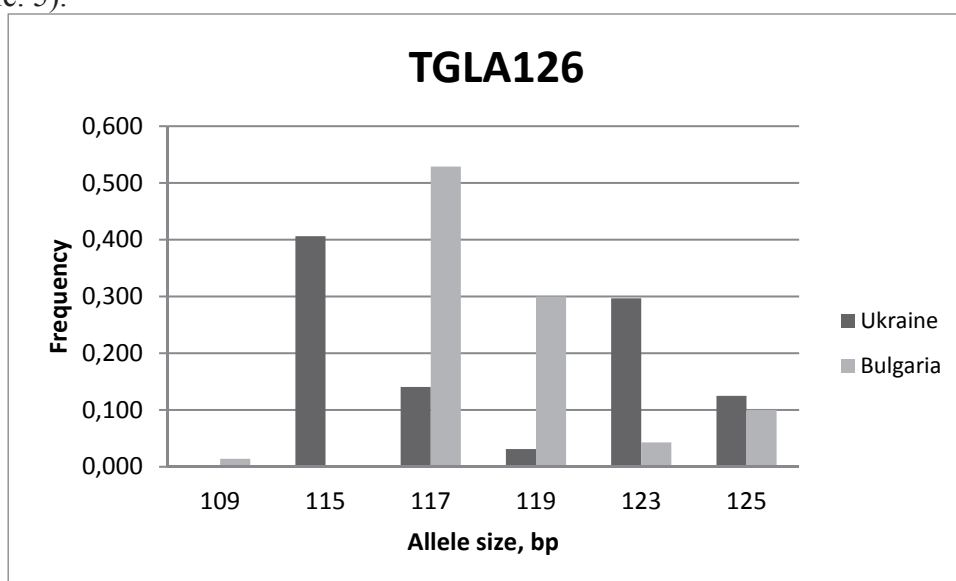


Рис. 5. Частоты аллелей в локусе TGLA126

Кроме того нами была рассчитана величина информативной ценности использованных маркеров (PIC). Чем больше величина PIC для данного локуса, тем информативнее оказывается он в качестве маркера. Согласно Botstein и др. локусы со значением $PIC > 0,500$ локус очень информативен (высокополиморфный), при $0,5 > PIC > 0,25$ достаточно информативен (умеренно полиморфный) и при $PIC < 0,250$ слегка информативен [6].

В микропопуляции серой украинской породы, наивысшее значение наблюдалось в локусах BM1824 $PIC=0,710$, и ETH225 $PIC=0,710$. В микропопуляции серой болгарской породы наиболее полиморфные локусы были BM2113 $PIC=0,790$ и ETH225 $PIC=0,740$ (табл.2).

2. Результаты генетического анализа серой украинской и серой болгарской пород крупного рогатого скота

Локус	Серая украинская порода (n=32)					Серая болгарская порода (n=35) [12]				
	N _a	H _o	H _e	PI _C	F _{is}	N _a	H _o	H _e	PI _C	F _{is}
BM1824	5	0,781	0,762	0,710	-0,025	4	0,829	0,720	0,640	-0,151
BM2113	4	0,781	0,661	0,580	-0,182	7	0,829	0,944	0,790	0,122
ETH225	5	0,688	0,754	0,710	0,088	6	0,857	0,928	0,740	0,077
SPS115	7	0,344	0,619	0,580	0,444	7	0,686	0,733	0,590	0,064
TGLA126	5	0,688	0,722	0,660	0,047	6	0,714	0,742	0,560	0,038
Средне	5,2	0,656	0,704	0,648	0,074	6,0	0,783	0,813	0,664	0,030

N_a – число аллелей на локус; H_o – наблюдаемая степень гетерозиготности; H_e – ожидаемая степень гетерозиготности; PI_C – величина информативной ценности использованных маркеров; F_{is} – индекс фиксации где: «+» – дефицит гетерозигот; «-» – избыток гетерозигот.

Анализируя сводные данные (табл. 2), среднее значение N_a по серой украинской породе составило 5,2 аллеля по пяти локусам; в микропопуляции серой болгарской породы среднее значение N_a составило 6,0 аллеля; среднее значение наблюдаемой степени гетерозиготности H_o в микропопуляции серой украинской породы составило 0,656, в серой болгарской породе 0,783. Ожидаемая степень гетерозиготности H_e по серой украинской породе составило 0,704, по серой болгарской породе 0,813, что свидетельствует о большем генетическом разнообразии в микропопуляции серой болгарской породы. Общее среднее значение F_{is} по микропопуляции серой украинской породы составил 0,074, по серой болгарской 0,030. Избыток гетерозигот обнаружен в микропопуляции серой украинской породы по локусам BM2113 и BM1824 (18,2 и 2,5%, соответственно), в микропопуляции серой болгарской породы по локусу BM1824 (15,1%).

По всем локусам был выявлен дефицит гетерозиготности, за исключением локусов BM2113 (-0,182) и BM1824 (-0,025) в микропопуляции серой украинской породы и локуса BM1824 (-0,151) в серой болгарской породе. Наивысшее значение F_{is} было выявлено в локусе SPS115 (0,444) серой украинской породы. Именно этим можно объяснить высокий дефицит гетерозиготности в микропопуляции серой украинской породы.

Выводы. Серая степная порода крупного рогатого скота считается древней уникальной породой Европейских стран. Настоящее исследование подтверждает эффективность использования микросателлитных локусов ДНК для характеристики генетического разнообразия популяций серого степного скота разводимого во многих странах мира. Серая украинская и серая болгарская породы генетически очень близки между собой. Проведенный генетический анализ показывает, что они имеют низкую генетическую вариабельность. Хотя в обеих микропопуляциях был обнаружен дефицит гетерозигот, но в микропопуляции серой украинской породы он был выше. Полученные результаты могут быть полезны в племенной работе с серыми породами крупного рогатого скота, для их мониторинга с целью сохранения его генетического разнообразия.

БИБЛИОГРАФИЯ

1. Айла, Ф. Введение в популяционную и эволюционную генетику / Ф. Айла; пер. с англ. наук А. Д. Базыкина. – М. : Мир, 1984. – 232 с.
2. Вейр, Б. Анализ генетических данных / Б. Вейр; пер. с англ. Д. В. Зайкина, А. И. Пудовкина, А. Н. Татаренкова. – М. : Мир, 1995. – 400 с.
3. Жебровский, Л. С. Генофонд сельскохозяйственных животных и его использование в селекции / Л. С. Жебровский, А. В. Бабуков, К. М. Иванов. – Л. : Колос, 1983. – 352 с.

4. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / Н. А. Зиновьева, А. П. Попов, Л. К. Эрнст, Н.С. Марзанов, В.В. Бочкарев, Н.И. Стрекозов, Г. Брем. – Дубровицы : ВИЖ, 1998. – 48 с.
5. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства – краткий отчет / Комиссия по генетическим ресурсам в сфере продовольствия и сельского хозяйства, Продовольственная сельскохозяйственная организация Объединенных Наций. – Рим, 2007. – 510 с. <http://www.fao.org/3/a-a1250e/index.html>
6. 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. – Vol. 32, № 3. – P. 314–331.
7. Gorinov, J. The Bulgarian legislation for conservation of biological diversity / J. Gorinov // *Arch Anim Breed*. – 2004. – Vol. 5. – P. 4–5.
8. Population structure of two native bulgarian cattle breeds with regard to CSN₃ and CSN_{1S1} gene polymorphism / P. I. Hristov, D. R. Teofanova, B. S. Neov, L. I. Zagorchev, G. A. Radoslavov // *Bulg. J. Vet. Med*. – 2014. – Vol. 17. – P. 18–24.
9. Paetkau, D. Genetic assignment methods for the direct, real time estimation of migration rate: a simulation-base exploration of accuracy and power / D aetkau, R. Slade, M. Burdens // *Molecular Ecology*. – 2004. – Vol. 13. – P. 55–65.
10. Peakall, R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research / R. Peakall, P. E. Smouse, R. Peakall // *Mol. Ecol. Notes*. – 2006. – Vol. 6. – P. 288–295.
11. Tautz, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers / D. Tautz // *Nucl Acids Res*. – 1989. – Vol. 17. – P. 6463–6471.
12. Molecular characterization of Bulgarian livestock genetic resources. 1. Genetic diversity in Bulgarian grey cattle as revealed by microsatellite markers / A. Teneva, E. Todorovska, N. Tyufekchiev, L. Koztlov, A. Atanosov, S. Foteva, S. Ralcheva, S. Slatarev // *Biotechnol. in Anim. Husb.* – 2005. – Vol. 21 (5-6). – P. 35–41.

REFERENCES

1. Ayala, F. 1984. *Vvedenie v populyatsionnyuyu i evolyutsionnyuyu genetiku – Introduction to population and evolutionary genetics*. Moskow, Mir, 232 (in Russian).
2. Veyr, B. 1995. *Analiz geneticheskikh dannyykh – Analysis of genetic data*. Moskow, Mir, 400 (in Russian).
3. Zhebrovskiy, L. S., A. V. Babukov, K. M. Ivanov. 1983. *Genofond sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh i ego ispol'zovanie v selektsii – The gene pool of farm animals and its use in selection*. Moskow, Kolos, 352.
4. Zinov'eva, N. A., A. P. Popov, L. K. Ernst, N. S. Marzanov, V. V. Bochkarev, N. I. Strekozov, and G. Brem. 1998. *Metodicheskie rekomendatsii po ispol'zovaniyu metoda polimeraznoy tsepnoy reaktsii v zhivotnovodstve – Guidelines on the use of polymerase chain reaction in livestock*. Dubrovitsy, VIZh, 48.
5. 2007. Sostoyanie vseмирnykh geneticheskikh resursov zhivotnykh v sfere prodovol'stviya i sel'skogo khozyaystva. Kраткий отчет – State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture - a brief report. *Komissiya po geneticheskim resursam v sfere prodovo-l'stviya i sel'skogo khozyaystva, Prodovol'stvennaya sel'skokhozyaystvennaya organizatsiya Ob"edinennykh Natsiy – Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, Food and Agriculture Organization of the United Nations*. Rim, 510. <http://www.fao.org/3/a-a1250e/index.html>
6. 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.
7. Gorinov, J. 2004. The Bulgarian legislation for conservation of biological diversity. *Arch Anim Breed*. 5:4–5.

8. Hristov, P. I., D. R. Teofanova, B. S. Neov, L. I. Zagorchev, G. A. Radoslavov. 2014. Population structure of two native bulgarian cattle breeds with regard to CSN₃ and CSN_{1S1} gene polymorphism. *Bulg. J. Vet. Med.* 17:18–24.
9. Paetkau, D. R. Slade, and M. Burdens. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real time estimation of migration rate: a simulation-base exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology*. 13:55–65.
10. Peakall, R. P. E. Smouse, and R. Peakall. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes*. 6:288–295.
11. Tautz, D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucl Acids Res.* 17:6463–6471.
12. Teneva, A., E. Todorovska, N. Tyufekchiev, L. Koztlov, A. Atanosov, S. Foteva, S. Ralcheva, and S. Slatarev. 2005. Molecular characterization of Bulgarian livestock genetic resources. 1. Genetic diversity in Bulgarian grey cattle as revealed by microsatellite markers. *Biotechnol. in Anim. Husb.* 21(5–6):35–41.
-

УДК 338.5:636.2.082

ЕКОНОМІЧНІ ЗАСАДИ ЗБЕРЕЖЕННЯ ГЕНОФОНДУ ЛОКАЛЬНИХ І ЗНИКАЮЧИХ ПОРІД СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИХ ТВАРИН УКРАЇНИ

О. В. КРУГЛЯК, І. С. МАРТИНЮК

*Інститут розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця НААН (Чубинське, Україна)
irgtnaandpdg@ukr.net*

Обсяг бюджетної підтримки на збереження генофондових об'єктів передбачає визначення мінімальної (нормативної) кількості генетичних ресурсів (поголів'я маток, сперма плідників, ембріони) та вибір раціонального методичного підходу до визначення розміру бюджетної підтримки на збереження кожного виду генетичного ресурсу. Для забезпечення повноцінного збереження генофонду локальних і зникаючих порід сільськогосподарських тварин України за використання двох методів збереження: *in situ* (живі тварини) та *ex situ* (кріоконсервування їх генетичної продукції, «віртуальні кріостада»), протягом наступних п'яти років необхідно 75137,5 тис. грн. державного фінансування. Реалізація розробленого економічного механізму забезпечить збереження генофонду сільськогосподарських тварин вітчизняних аборигенних та місцевих порід та їх подальше використання в селекції тварин спеціалізованих та комбінованих порід, виконання закріплених міжнародними угодами зобов'язань України щодо збереження біорізноманіття сільськогосподарських тварин. Одержані наукові результати використані при розробці Програми збереження локальних та зникаючих порід сільськогосподарських тварин в Україні на 2016–2020 роки.

Ключові слова: збереження генофонду, локальна, зникаюча порода, державна підтримка, генетичний ресурс, нормативне поголів'я, розмір річної дотації

ECONOMIC BASES OF GENE POOL OF LOCAL AND ENDANGERED BREEDS OF FARM ANIMALS SPECIES PRESERVATION IN UKRAINE

O. V. Kruglyak, I. S. Martynyuk

Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V.Zubets of NAAS (Chubynske, Ukraine)

The level of budget support in the preservation of gene pool objects involves the calculation of the minimum (normative) number of genetic resources (livestock, sperm, embryos) and a choice of rational methodical approach to determining the level of budget support for preservation of each type