

АНАЛІЗ ДАНИХ СВІТОВОГО ГЕНЕТИЧНОГО БАНКУ: ОДНОНУКЛЕОТИДНІ ПОЛІМОРФІЗМИ МІТОХОНДРІАЛЬНОГО ГЕНОМУ ТВАРИН ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ СІРОЇ УКРАЇНСЬКОЇ ТА УКРАЇНСЬКОЇ БІЛОГОЛОВОЇ ПОРІД

¹Ю. В. ПОДОБА, ²В. О. ПІНЧУК, ²В. П. БОРОДАЙ

¹«КБ Еко-Проект» (Київ, Україна)

²Інститут агроекології і природокористування НААН (Київ, Україна)

pinchuk_vo@ukr.net

*Проаналізовано поліморфізм мітохондріального геному сірої української та української білоголової порід великої рогатої худоби (*Bos taurus*) за даними світового генетичного банку. Аналіз доступних сиквенсів мтДНК досліджуваних порід дозволив розподілити їх за належністю до європейської, африканської та азійської гаплогруп. Показано подібність гаплотипів мтДНК вихідних чистопородних і помісних тварин, що підкреслює важливість збереження інтактної материнської основи у гібридів при схрещуванні в ряду поколінь та для виведення нових типів великої рогатої худоби на основі вітчизняних порід за використання різних плідників.*

Ключові слова: *Bos taurus*, сіра українська, українська білоголова, мтДНК, гаплогрупа, SNP

GENEBANK ANALYSIS: SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS OF ANIMALS MITOCHONDRIAL GENOME UKRAINIAN GRAY AND UKRAINIAN WHITEHEAD CATTLE BREEDS

¹Yu. V. Podoba, ²V. O. Pinchuk, ²V. P. Boroday

¹"KB Eco-Project" (Kyiv, Ukraine)

²Institute of agroecology and environmental NAAS (Kyiv, Ukraine)

*The polymorphism of the mitochondrial genome of ukrainian gray and ukrainian whitehead cattle breeds (*Bos taurus*) is analyzed according to the data of the world genetic bank. Analysis of the available mtDNA sequences of the studied rocks allowed them to be classified as belonging to the European, African and Asian haplogroups. The similarity of mtDNA haplotypes of purebred and local animals is shown, which emphasizes the importance of preserving the intact mother base in hybrids when crossing in a series of generations and for the withdrawal of new types of cattle on the basis of native breeds using different sires.*

Keywords: *cattle, Ukrainian Whitehead, Ukrainian Gray, mtDNA, haplogroup, SNP*

АНАЛИЗ ДАННЫХ МИРОВОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО БАНКА: ОДНОНУКЛЕОТИДНЫЕ ПОЛИМОРФИЗМЫ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА ЖИВОТНЫХ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА СЕРОЙ УКРАИНСКОЙ И УКРАИНСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОД

¹Ю. В. Подоба, ²В. А. Пинчук, ²В. П. Бородай

¹«КБ Эко-Проект» (Киев, Украина)

²Институт агроэкологии и природопользования НААН (Киев, Украина)

*Проанализирован полиморфизм митохондриального генома серой украинской и украинской белоголовой пород крупного рогатого скота (*Bos taurus*) по данным мирового генетического банка. Анализ доступных сиквенсов мтДНК исследуемых пород позволил распределить их по принадлежности к европейской, африканской и азиатской гаплогруппам. Показано сходство гаплотипов мтДНК выходных чистопородных и помесных животных,*

что подчеркивает важность сохранения интактной материнской основы у гибридов при скрещивании в ряду поколений и для вывода новых типов крупного рогатого скота на основе отечественных пород при использовании различных производителей.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, украинская белоголовая, серая украинская, мтДНК, гаплогруппа, SNP

Вступ. Реалізація програм збереження генофонду тварин передбачає розробку і застосування системи генетичного моніторингу, за допомогою якого відстежують межі внутріпопуляційних генних потоків [1, 2]. При збереженні генетичного різноманіття основне завдання полягає в тому, щоб не втратити специфічні генні комплекси, які обумовлюють фенотипові породні та індивідуальні характеристики, пов'язані з екстер'єрними особливостями, продуктивністю, життєздатністю, резистентністю тварин [4].

В якості об'єкта контролю при збереженні порід різних видів сільськогосподарських тварин виступають внутрішньо- і міжпородна генетична різноманітність, здійснюється оцінка та прогнозування її динаміки, визначається оптимум і межі допустимих змін. Генетичний поліморфізм (структурних генів, полілокусних послідовностей ДНК, хромосомних і геномних мутацій) характеризує генетичну структуру породи, що береться за основу при збереженні генофонду рідкісних та зникаючих порід.

В останні роки в пошуках поліморфних молекулярно-генетичних маркерів все ширше стала використовуватися мітохондріальна ДНК (мтДНК). Поліморфні варіанти мтДНК можуть служити базою для оцінки ролі цитоплазматичного фактора у формуванні продуктивних характеристик. Варіації в структурі мтДНК можуть впливати на рівень енергетичного метаболізму, рівень якого корелює з продуктивністю тварин та їх відтворною здатністю. Материнський цитоплазматичний ефект, пов'язаний з материнським успадкуванням мтДНК, впливає на молочну продуктивність, вміст жиру і білка в молоці.

Швидкість мутування мтДНК у 5-10 разів вища за ядерну і становить 10⁻⁹ п.н. за 1 млн років [8]. Найбільша кількість одонуклеотидних замін (переважно транзиції) спостерігається у гіперваріабельних районах некодуєчої послідовності, яка є найбільш дивергентною частиною мітохондріального геному. МтДНК має унікальні властивості: суворе успадкування за материнською лінією, високу швидкість накопичення мутацій і відсутність рекомбінацій, велику кількість копій молекул мтДНК в клітинах, що дозволяє використовувати дані про поліморфізм мтДНК для філогенетичного аналізу, дослідження з походження і підтвердження батьківства за материнською лінією, маркування породних і внутрішньопородних особливостей тварин [3]. Гаплоїдність і материнський характер успадкування у поєднанні з наявністю високополіморфних ділянок надають унікальну перевагу використання маркованих характеристик мтДНК для генетичної ідентифікації особин в рамках материнських сімейств на основі подібності гаплотипу будь-яких родичів по материнській лінії [8, 11]. Індивідууми всередині виду, що походять від різних матерів, є генетично ізольованими один від одного щодо мтДНК навіть у тому випадку, коли вони є членами перехресчених популяцій.

Існує істотна різниця у особливостях виникнення поліморфізму ядерного і мітохондріального геному. У диплоїдному ядерному геномі поліморфні варіанти поширюються в популяції через кросинговер між генами в процесі мейозу, в той час як у мітохондріях поліморфізм виникає шляхом клонального відбору мутантів [10].

Мітохондріальний геном великої рогатої худоби представлений кільцевою дволанцюговою ДНК розміром 16337-16341 п.н. У ссавців мітохондріальна ДНК (мтДНК) складає 1% сумарної ДНК і кодує дві субодиниці рибосомальної РНК, 22 транспортні РНК і до 30-ти мітохондріальних білків, переважно ферментів окисного фосфорилування дихального циклу. МтДНК має некодуєчу послідовність приблизно 910 п.н., так звану D-петлю (D-loop), яка знаходиться між генами тРНК фенілаланіну та проліну, і контролює реплікацію мтДНК.

Гіперваріабельний регіон D-петлі, який виконує регуляторні функції, є найбільш оптимальною областю пошуку. Інтерес дослідників у галузі популяційної та еволюційної генетики

до цього регіону мтДНК обумовлений, насамперед, високою швидкістю накопичення мутацій, внаслідок чого є можливість пошуку специфічних маркерів материнських ліній мтДНК для дослідження питань про походження і диференціації популяцій тварин.

У мітохондріальної ДНК головний некодуєчий регіон поділяють на 3 домена: правий домен (R), що містить ділянку початку реплікації ОН, центральний домен (С) і лівий домен (L). Співставлення Д-петлі великої рогатої худоби з мтДНК інших видів дозволяє зробити висновок, що більш консервативний центральний домен може бути використаний як молекулярний годинник, а лівий і правий периферичні домени – для виявлення дивергенції [6, 8].

Аналіз гіперваріабельної послідовності D-петлі мітохондріальної ДНК (мтДНК) дозволив встановити два центри доместикації і два диких предки сучасної великої рогатої худоби [11]. Перший розташовується на Близькому Сході, де був одомашнений предок європейської худоби *Bos taurus*. Другий знаходиться на території сучасного Пакистану, де був одомашнений зебу *Bos indicus*. За даними філогенетичного аналізу, дики предки цих двох груп порід ВРХ розійшлися 200-1000 тис. років тому, тобто задовго до доместикації (8-10 тис. років тому). Всі породи європейської худоби відносяться до виду *Bos taurus*. Більш детальний аналіз походження європейської худоби (більше 400 тварин 34 порід і археологічні зразки туру) показав, що найбільша різноманітність типів мтДНК відзначається на Близькому Сході [15]. Автори зробили висновок, що худоба Європи має не місцеве походження, а бере початок від доместикованої в епоху неоліту худоби Близького Сходу. У міру розселення худоби з центру походження на північний захід генофонд популяцій збіднюється.

У великої рогатої худоби на сьогодні у світовій літературі описані 5 мітохондріальних гаплогруп *Bos taurus* T1, T1a (африканська); T2 (західноазійська); T3 (європейська), T4 (східноазійська), T5 (Італія, Ірак); Q (італійські аборигенні породи); AA (Creole), які відрізняються за характерними для кожної гаплогрупи одонуклеотидними замінами у визначених положеннях мтДНК [5, 9, 12, 13, 14, 15]. Окремо виділяють гаплогрупу *Bos indicus*. Безперечний інтерес подібні дослідження представляють з огляду на те, що відомості про різноманітність порід великої рогатої худоби України за мтДНК в літературі доволі обмежені.

Матеріали та методи досліджень. Секвеновані послідовності мітохондріальної ДНК від тварин великої рогатої худоби (*Bos taurus*) порід української сірої та української білоголової було отримано у вільному доступі з світового генетичного банку (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>).

Локальне вирівнювання послідовностей мітохондріального геному для різних порід великої рогатої худоби проводили із використанням програми MEGA 4.0. Для виявлення нуклеотидних замінок використали сиквенс мітохондріальної ДНК *Bos taurus* герфордської породи (Anderson S. et al., 1982) як референтний (номер доступу V00645).

Результати досліджень. Проведено вирівнювання та аналіз послідовностей мітохондріального геному для різних порід великої рогатої худоби (*Bos taurus*) із світового генетичного банку.

Для множинного вирівнювання зазвичай використовують алгоритм послідовного вирівнювання, коли спочатку вирівнюються всі найбільш близькі послідовності, а до них поступово додаються інші. На першій стадії послідовності вирівнюються відповідно до вищевикладеної процедури. Далі необхідно вирівняти групи різних послідовностей. Для цього будується профіль вирівнювання, який відрізняється від попарного вирівнювання тим, що відстань вирівнювання вважається для всіх нуклеотидів в кожній позиції двох груп послідовностей. Розриви вводяться в усі послідовності групи.

Нами проведено вирівнювання доступних сиквенсів мтДНК різних порід великої рогатої худоби та встановлені одонуклеотидні заміни (рис. 1), які надають можливість провести диференціацію тварин за мтДНК у межах досліджених порід.

Результати аналізу доводять ідентичність характеру розщеплення мтДНК помісних і чистопородних тварин, що узгоджується з особливостями успадкування мітохондріального геному. Подібність гаплотипів мтДНК вихідних чистопородних і помісних тварин підкреслює

збереження інтактної материнської основи при схрещуваннях у гібридів в ряду поколінь. Цей факт має важливе значення при виведенні нових типів великої рогатої худоби на основі вітчизняних порід з використанням різних плідників. За будь-яких значень ступенів кровності характер енергетичного метаболізму у отриманих тварин визначається особливостями мітохондріального генома, успадкованого від матері.

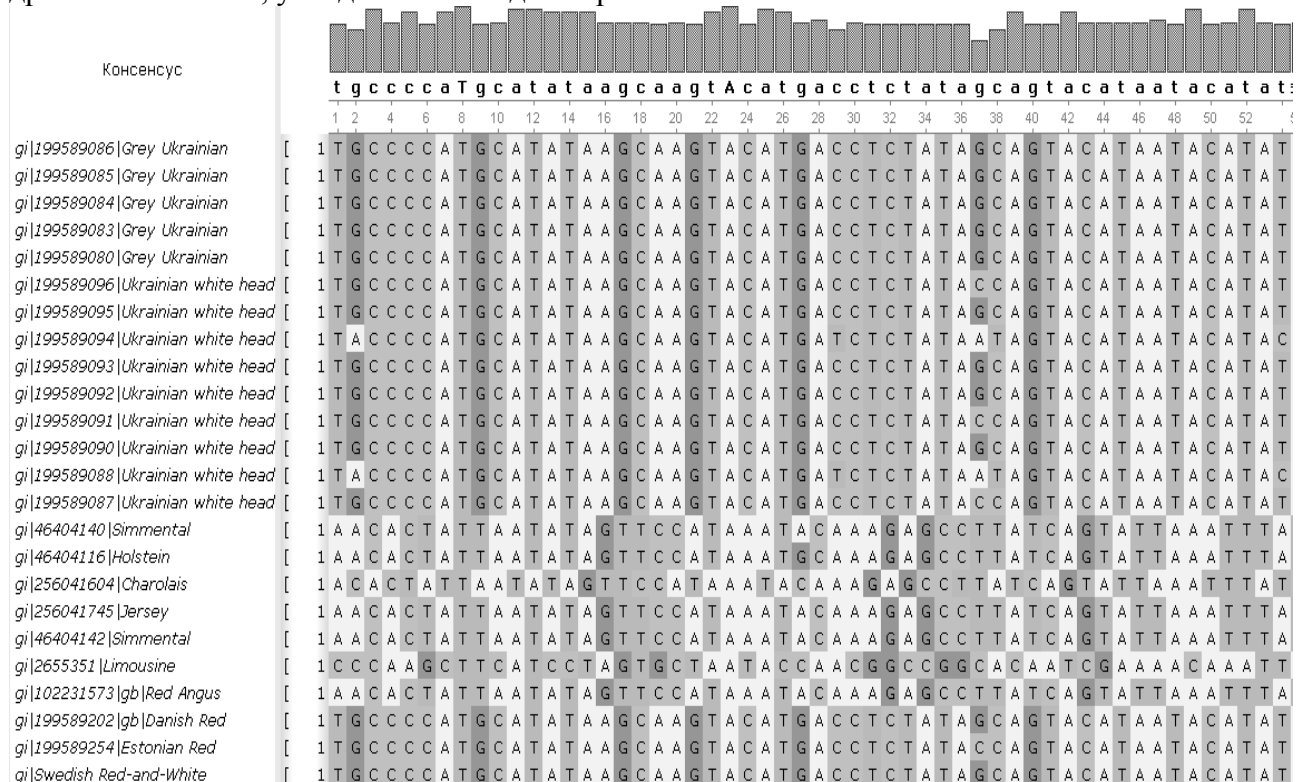


Рис. 1. Однуклеотидний поліморфізм мітохондріальної ДНК за результатами локального вирівнювання послідовностей мтДНК тварин різних порід великої рогатої худоби (за даними GenBank, алгоритм ClustalW)

Дослідження поліморфізму гіперваріабельного регіону Д-петлі, який виконує регуляторні функції, надають інформацію для популяційної та еволюційної генетики. Вирівнювання доступних сиквенсів мтДНК різних порід великої рогатої худоби дозволило встановити однуклеотидні заміни, що характеризують належність мтДНК тварини до відповідних гаплогруп (рис. 2). Вагомим чинником, що впливає на оцінку генетичної гетерогенності, є приналежність більшості тварин до преобладаючого європейському гаплотипу T3, сиквенс якого використано нами в якості референтного при побудові розподілу мтДНК аналізованих тварин за приналежністю до тієї чи іншої гаплогрупи. Належність мітохондріальної ДНК тварин до гаплогрупи визначається за характерними для кожної гаплогрупи однуклеотидними замінами у визначених положеннях. Наприклад, заміни T16255C, T16255C, A16076G, T16255C, T16109C відрізняють гаплогрупу T1a африканського походження від гаплогрупи T3 європейського походження. Окремо виділяють гаплогрупу *Bos indicus* (I).

T3	B	C	I ₁	I ₂	D	E	T1a	T1a ₁	T1a ₂
	A16015G	A16076G T16077C	G16082A C16084T	G16082A C16084T T16108C	T16109C	T16165C	T16255C	T16255C A16076G	T16255C T16109C

Рис. 2. Мітохондріальні гаплогрупи великої рогатої худоби українських порід, визначені за результатами аналізу світового генетичного банку

Аналіз однонуклеотидних замін у одному із гіперваріабельних районів (з номером позицій 16019-16339 п.н.) мтДНК серед тварин української білоголової породи показав (рис. 3), що серед 10-ти представлених генотипів 3 (FJ014303, FJ014298, FJ014294) відносяться до гаплогрупи T1а африканського походження мтДНК, для якої характерна заміна Т на С в позиції 16255. Також встановлені дві тварини (FJ014301, FJ014295), однонуклеотидні заміни мтДНК якої характерні для *Bos indicus*.

```

[                               1111111111 1111111111 111111111]
[                               6666666666 6666666666 666666666]
[                               0000000001 1111111111 111222222]
[                               2445578890 0111122333 489334445]
[                               2297842442 9367912078 75602895]
#Bos_taurus_V00654.1           GTCGCTGCTG TTTGTGTTTT TGGACCCCT
#Ukrainian_Whitehead_FJ014303.1 ...C..... ..... .A.....C
#Ukrainian_Whitehead_FJ014302.1 .....T.... .....
#Ukrainian_Whitehead_FJ014301.1 A.TATCAT.A CCCACACCCC C.AG.TT.
#Ukrainian_Whitehead_FJ014300.1 .....
#Ukrainian_Whitehead_FJ014299.1 .....T.... .....
#Ukrainian_Whitehead_FJ014298.1 ...C..... ..... .A.....C
#Ukrainian_Whitehead_FJ014297.1 .....C. ....C..... ....T...
#Ukrainian_Whitehead_FJ014296.1 .C..T..... .....T...
#Ukrainian_Whitehead_FJ014295.1 A.TATCAT.A CCCACACCCC C.AG.TT.
#Ukrainian_Whitehead_FJ014294.1 ...C..... ..... .A..TT.C

```

Рис. 3. Нуклеотидні заміни у гіперваріабельному районі мтДНК (нумерація нуклеотидів 16019-16339) у тварин української білоголової породи

Аналіз сиквенсів всієї послідовності мітохондріальної ДНК 9-ти генотипів сірої української худоби (рис. 4) показав, що одна тварина (GQ129208) має гаплотип *Bos indicus*, решта відноситься до гаплогрупи T1 європейського походження мтДНК.

```

[                               1111 ]
[                               24992366 ]
[                               1357161301 ]
[                               6534386183 ]
[                               6395751384 ]
#Bos_taurus_V00654.1           ACCTCGTATT
#Hungarian_Grey_GQ129207.1     G.AC.C.CCC
#Ukrainian_grey_GQ129208.1     .GA.TCCC..
#Ukrainian_Grey_FJ014293.1     -----..
#Ukrainian_Grey_FJ014292.1     -----..
#Ukrainian_Grey_FJ014291.1     -----..
#Ukrainian_Grey_FJ014290.1     -----..
#Ukrainian_Grey_FJ014289.1     -----..
#Ukrainian_Grey_FJ014288.1     -----..
#Ukrainian_Grey_FJ014287.1     -----..
#Ukrainian_Grey_FJ014286.1     -----..

```

Рис. 4. Однонуклеотидний поліморфізм всієї послідовності мтДНК у тварин сірої української породи

Також проведено вирівнювання по референтному сиквенсу (*Bos_taurus_v00654.1*) та порівняльний аналіз нуклеотидних послідовностей іншого гіперваріабельного району Д-петлі (з номером позицій 1-240 п.н.) мтДНК 5-ти генотипів української білоголової породи і 5-ти генотипів сірої української породи, які представлені у Генбанку (рис. 5).

[11111111	1112222222	2]
[2222333445	6667889999	9900011246	7780112233
[0578356072	0232071456	7905856523	4878016746
[9]
#Bos_taurus_V00654.1(2)	TGCCTGCAAT	GCTTGTGTTGA	TGTCTTTTTTG	GGTACCCCTT
#Ukrainian_Whitehead_FJ014298.1C.....A.....C.....T.....
#Ukrainian_Whitehead_FJ014297.1C.....C.....T.....T.....
#Ukrainian_Whitehead_FJ014296.1	C.....T.....T.....T.....T.....
#Ukrainian_Whitehead_FJ014295.1	..T..AT..C	AT..ACCCA.	CAC.CCCC..	A..G..TT..
#Ukrainian_Whitehead_FJ014294.1C.....A.....T.T.C.....T.T.C.....
#Ukrainian_Grey_FJ014290.1C.....A.....T.T.C.....T.T.C.....
#Ukrainian_Grey_FJ014289.1C.....A.....T.T.C.....T.T.C.....
#Ukrainian_Grey_FJ014288.1C.....A.....T.T.C.....T.T.C.....
#Ukrainian_Grey_FJ014287.1C.....A.....T.T.C.....T.T.C.....
#Ukrainian_Grey_FJ014286.1C.....A.....T.T.C.....T.T.C.....

Рис. 5. Порівняння нуклеотидних заміни у гіперваріабельної послідовності мтДНК (нумерація нуклеотидів 1-240) у тварин української білоголової породи тварин сірої української породи

Серед представлених генотипів з української білоголової породи (FJ014298, FJ014297, FJ014296, FJ014295, FJ014294) всі виявилися поліморфними за цією послідовністю, що характеризує неспорідненість цих тварин за материнською лінією і вказує на гетерогенну материнську популяцію дослідженої групи тварин, причому генотип FJ014295 суттєво відрізняється за кількістю сегрегуючих сайтів.

Проаналізовані послідовності (FJ014290, FJ014289, FJ014288, FJ014287, FJ014286) 5-ти представлених генотипів сірої української породи не показали поліморфізму і повністю ідентичні референтному сиквенсу.

Висновки

1. Аналіз однонуклеотидних заміни у гіперваріабельних районах мтДНК української білоголової та сірої української порід великої рогатої худоби показав належність більшості тварин до європейської гаплогрупи Т3.

2. Серед десяти представлених генотипів тварин української білоголової породи п'ять сиквенсів мітохондріальної ДНК європейського походження Т3; три сиквенси мтДНК відносяться до гаплогрупи Т1а африканського походження. Також встановлені дві тварини, однонуклеотидні заміни мтДНК якої характерні для *Bos indicus*.

3. Серед дев'яти представлених генотипів сірої української худоби вісім має європейське походження мтДНК – гаплогрупа Т1, і одна тварина має гаплотип *Bos indicus*.

4. За нуклеотидною послідовністю мтДНК гіперваріабельного району Д-петлі (з номером позицій 1-240 п.н.) проаналізовані тварини української білоголової породи виявилися поліморфними за цією послідовністю, на відміну від сиквенсів мтДНК тварин сірої української породи великої рогатої худоби.

5. На оцінку генетичної гетерогенності впливає подібність гаплотипів мтДНК різних порід тварин, що підкреслюється збереженням інтактною материнської основи при міжпородних схрещуваннях у гібридів в ряду поколінь.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Генетико-селекційний моніторинг у м'ясному скотарстві / [Зубець М. В., Буркат В. П., Мельник О. Ф. та ін.]; за ред. М. В. Зубця. – К.: Аграрна наука, 2000. – 187 с.
2. Генетико-селекційний моніторинг у молочному скотарстві / [Зубець М. В., Буркат В. П., Єфіменко М. Я. та ін.]; наук. ред. В. П. Бурката. – К.: Аграрна наука, 1999. – 88 с.
3. Почерняєв, К. Ф. Установлення породності свиней з використанням поліморфізму мітохондріального геному / Почерняєв К. Ф., Гетья А. А. // Розведення і генетика тварин. – 2007. – Вип. 41. – С. 233–239.
4. Столповский Ю. А. Концепция и принципы генетического мониторинга для сохранения *in situ* пород domestизированных животных / Ю.А. Столповский // Сельскохозяйственная биология. – 2010. – № 6. – С. 3–8.

5. Achilli, A. Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle / Achilli A., Olivieri A., Pellecchia M. et al. // *Current Biology*. – 2008. – V.18. – P. 157–158.
6. Avise, J. C. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics / Avise J. C., Arnold J., Ball R. M., Bermingham E., Lamb T., Neigel J. E. et al. // *Annu. Rev. Ecol. Syst.* – 1987. – V. 18. – P. 489–522.
7. Anderson, S. Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved features of the mammalian mitochondrial genome / Anderson S., De Bruijn M.H., Coulson A.R. et al. // *Journal of Molecular Biology*. – 1982. – V. 156. – P. 683–717.
8. Cymbron, T. Mitochondrial sequence variation suggests an African influence in Portuguese cattle / Cymbron T., Loftus R. T., Malheiro M. I., Bradley D. G. // *Proceedings of the Royal Society of London, Series B, Biological sciences*. – 1999. – V. 266. – P. 597–603.
9. Ginja, C. Origins and genetic diversity of New World Creole cattle: inferences from mitochondrial and Y chromosome polymorphisms / Ginja C., Penedo C. T., Melucci L. et al. // *Animal Genetics*. – 2010. – V. 41, № 2. – P. 128–141.
10. Kantanen, J. Maternal and paternal genealogy of Eurasian taurine cattle (*Bos taurus*) / Kantanen J., Edwards C. J., Bradley D. G. et al. // *Heredity*. – 2009. V.103. – P.404–415.
11. Loftus, R. T. Evidence for two independent domestications of cattle / Loftus R. T., MacHugh D. E., Bradley D. G. et al. // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. – 1994. – V. 91. – P. 2757–2761.
12. Lai, S. J. Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation / Lai S. J., Liu Y. P., Liu Y. X. et al. // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. – 2006. – V. 38. – P. 146–154.
13. Mannen, H. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle / Mannen H., Kohno M., Nagata Y. et al. // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. – 2004. – V. 32. – P. 539–544.
14. Miretti, M. M. African-derived mitochondria in South American native cattle breeds (*Bos taurus*): evidence of a new taurine mitochondrial lineage / Miretti M. M., Pereira H. A., Jr. Poli M. A. et al. // *Journal of Heredity*. – 2002. – V. 93. – P. 323–330.
15. Troy, C. S. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle / Troy C. S., MacHugh D. E., Bailey J. F. et al. // *Nature*. – 2001. – V. 410. – P. 1088–1091.

REFERENCES

1. Zubets' M. V., V. P. Burkat, and O. F. Mel'nyk. 2000. *Henetyko-selektsiynyy monitoring u m'yasnomu skotarstvi – Genetic and breeding beef cattle monitoring*. K. : Ahrarna nauka, 187 (in Ukrainian).
2. Zubets', M. V., V. P. Burkat, and M. Yu. Yefimenko. 1999. *Henetyko-selektsiynyy monitoring u molochnomu skotarstvi – Genetic and monitoring breeding in dairy farming*. K. : Ahrarna nauka, 88 (in Ukrainian).
3. Pochernyayev K. F., and A. A. Hetya. 2007. Ustanovlennya porodnosti svynei z vykorystanniam polimorfizmu mitokhondrial'noho henomu – Rozvedennya i henetyka tvaryn – *Animal Breeding and Genetics*. 41:233–239 (in Ukrainian).
4. Stolpovskiy, Yu. A. 2010. Kontsepsiya i printsypy geneticheskogo monitoringa dlya sokhraneniya in situ porod domestitsirovannykh zhivotnykh – The concept and principles of genetic monitoring for the conservation of in situ breeds of domesticated animals. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya – Agricultural Biology*. 6:3–8 (in Russian).
5. Achilli, A., A. Olivieri, and M. Pellecchia. 2008. Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle. *Current Biology*. 18:157–158.
6. Avise, J. C., J. Arnold, R. M. Ball, E. Bermingham, T. Lamb, and Neigel J. E. 1987. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 18:489–522.

7. Anderson, S., M. H. De Bruijn, A. R. Coulson. 1982. Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *Journal of Molecular Biology*. 156:683–717.
8. Cymbron, T. R. T. Loftus, M. I. Malheiro, D. G. Bradley. 1999. Mitochondrial sequence variation suggests an African influence in Portuguese cattle. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B, Biological sciences*. 266:597–603.
9. Ginja, C., C. T. Penedo, L. Melucci, 2010. Origins and genetic diversity of New World Creole cattle: inferences from mitochondrial and Y-chromosome polymorphisms. *Animal Genetics*. 41, 2:128–141.
10. Kantanen, J., C. J. Edwards, D. G. Bradley. 2009. Maternal and paternal genealogy of Eurasian taurine cattle (*Bos taurus*). *Heredity*. 103:404–415.
11. Loftus, R. T., D. E. MacHugh, D. G. Bradley. 1994. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 91:2757–2761.
12. Lai, S. J., Y. P. Liu, Y. X. Liu. 2006. Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 38:146–154.
13. Mannen H., M. Kohno, Y. Nagata. 2004. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 32:539–544.
14. Miretti M. M., H. A. Pereira, M. A. Jr. Poli. 2002. African-derived mitochondria in South American native cattle breeds (*Bos taurus*): evidence of a new taurine mitochondrial lineage. *Journal of Heredity*. 93:323–330.
15. Troy C. S., D. E. MacHugh, J. F. Bailey. 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*. 410:1088–1091.



УДК 636.1:575.17

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ЛОШАДЕЙ ПО ГЕНАМ SCID И HYPP

¹Е. С. ЧЕБУРАНОВА, ¹О. А. ЕПИШКО, ²Т. И. КУЗЬМИНА

¹Учреждение образования «Гродненский государственный аграрный университет» (Гродно, Республика Беларусь)

²ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных (Санкт-Петербург, Российская Федерация)

escheburanova@inbox.ru

Тяжелый комбинированный иммунодефицит (SCID) – ауточомное рецессивное заболевание, проявляющиеся у людей, мышей, лошадей и собак. Данное заболевание тестировались с помощью ПЦР-анализа. В итоге носителей данной аномалии не выявлено. Гиперкалиемический периодический паралич (HYPP) – ауточомное доминантное заболевание, которое у лошадей проявляется в возрасте 2 лет, когда животное начинает усилено тренироваться. Для тестирования данного заболевания использовался метод ПЦР- ПДРФ-анализа. В результате исследования среди тестируемых животных носителей не обнаружено.

Ключевые слова: ген SCID, ген HYPP, арабская порода, верховая порода, генетическая диагностика, мутация, иммунодефицит

© Е. С. ЧЕБУРАНОВА, О. А. ЕПИШКО, Т. И. КУЗЬМИНА, 2017

Розведення і генетика тварин. 2017. Вип. 53