

**НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
ІНСТИТУТ РОЗВЕДЕННЯ І ГЕНЕТИКИ ТВАРИН ІМЕНІ М.В.ЗУБЦЯ**

ШЕЛЬОВ АНДРІЙ ВОЛОДИМИРОВИЧ

УДК 571.1:591.151:577.21]:636(043.3)

**ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНЕТИЧНИХ РЕСУРСІВ ТВАРИН ЗА
МІКРОСАТЕЛІТНИМИ ЛОКУСАМИ ДНК**

03.00.15 – генетика

Автореферат
дисертації на здобуття наукового ступеня
доктора сільськогосподарських наук

с. Чубинське Київської області – 2021

Дисертацією є рукопис

Роботу виконано в Інституті розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця Національної академії аграрних наук України

Науковий

консультант:

доктор сільськогосподарських наук, професор

Копилов Кирило Вячеславович,

Інститут розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця

Національної академії аграрних наук України,

головний науковий співробітник відділу генетики та

біотехнології

Офіційні опоненти:

доктор сільськогосподарських наук, старший науковий

співробітник **Кулібаба Роман Олександрович,**

Національний університет біоресурсів і

природокористування України, професор кафедри біології

тварин

доктор сільськогосподарських наук, професор

Супрович Тетяна Михайлівна,

Подільський аграрно-технічний університет

Міністерства освіти і науки України, завідувачка кафедри

гігієни тварин та ветеринарного забезпечення кінологічної

служби Національної поліції України

доктор сільськогосподарських наук, старший науковий

співробітник **Почерняєв Костянтин Федорович,**

Інститут свинарства і агропромислового виробництва

Національної академії аграрних наук України,

завідувач відділу фізіології та здоров'я тварин

Захист відбудеться «13» травня 2021 року о 10⁰⁰ годині на засіданні спеціалізованої вченої ради Д 27.355.01 Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН за адресою: вул. Погребняка, 1, с. Чубинське, Бориспільський район, Київська обл., 08321.

З дисертацією можна ознайомитися у бібліотеці Інституту розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця НААН за адресою: вул. Погребняка, 1, с. Чубинське, Бориспільський район, Київська обл., 08321.

Автореферат розіслано « 10 » квітня 2021 року

Учений секретар

спеціалізованої вченої ради

О.Д. Бірюкова

ЗАГАЛЬНА ХАРАКТЕРИСТИКА РОБОТИ

Актуальність теми. Дослідження структурної організації та варіабельності геному організмів різного таксономічного рангу є одним з актуальних завдань сучасної молекулярної генетики. Питання генетичної мінливості тварин представляють особливий інтерес у зв'язку з їх не тільки фундаментальною, а й практичною значущістю.

Геномна реєстрація живих організмів набуває все більшої актуальності. Активно йде розробка методів генотипування рослин і тварин, цінних як з загальної біологічної, так і з сільськогосподарської точки зору. Здійснюються спроби створення генетичних паспортів для різних біологічних об'єктів (Yamasaki F. et al., 2016). Масштабність і важливість даної тенденції ілюструється також тим, що в багатьох країнах уже введені відповідні закони, які протоколюють і регулюють цей процес (Blackburn H.D., 2009, Telenius A., 2011, Oppermann M., 2015).

Згідно визначення комісії FAO з генетичних ресурсів у сфері продовольства й сільського господарства керування генетичним різноманіттям тварин є необхідною умовою для глобальної продовольчої безпеки, сталого розвитку й забезпечення існування людства (Рябчун В.К. та ін., 2003).

У тваринництві будь-якої країни генетичні ресурси є одним із найдорожчих і стратегічно найважливіших багатств, адже інтенсифікація систем виробництва має тенденцію до зменшення кількості порід та звуження їхнього різноманіття (Мельник Ю.Ф. та ін., 2002, Гуменний В.Д. та ін., 2015).

Раціональне використання племінних ресурсів сільськогосподарських видів тварин України безпосередньо пов'язано з розробкою і впровадженням комплексної системи молекулярно-генетичної оцінки тварин, проведенням широкомасштабного генетико-популяційного моніторингу, основу якого повинні складати ДНК-технології.

Вичерпна інформація про генетичне різноманіття та структуру популяцій є надзвичайно важливою для оцінки суттєвих обрисів будь-якого відповідного збереження та сталого управління племінними програмами для збереження максимальної генетичної мінливості та адаптаційної спроможності порід (Khanshour A. et al., 2015, Winton C.L. et al., 2013). Управління генетичним різноманіттям всередині популяції є ключовим фактором різних програм збереження для захисту генетичних ресурсів тварин (Gupta A. et al., 2015). Важливим для селекційної роботи є також оцінка генетичної варіабельності в генофондних популяціях, які є носіями цінних комбінацій генів, втрачених в селекційному процесі (Волкова В.В., 2012). Дотепер вітчизняні генофонди порід свійських тварин різних видів залишаються майже недослідженими відносно особливостей генетичної структури за високополіморфними ділянками ДНК, що відкриває широке коло можливостей для визначення стану генетичного різноманіття в окремих популяціях тварин із використанням молекулярно-генетичних маркерів, найінформативнішими та найзручнішими з яких є мікросателіти (Ниятшин Ф.И., 2018).

Виходячи з зазначеного, теоретичне обґрунтування та експериментальне відпрацювання системи використання поліморфізму мікросателітних локусів ДНК з метою оцінювання і прогнозування мікроеволюційних процесів в популяціях різних видів тварин в рамках програм збереження їх біорізноманіття, а також дослідження генетичної структури популяцій на різних рівнях організації геному відносяться до найактуальніших завдань вітчизняного тваринництва і мають суттєве теоретичне та практичне значення, що й обумовило напрям виконаної дисертаційної роботи.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами, грантами. Робота виконувалась з 2010 по 2020 роки, як складова частина науково-дослідних робіт відділу молекулярно-діагностичних досліджень Української лабораторії якості та безпеки продукції АПК Національного університету біоресурсів і природокористування України за темами «Молекулярно-генетичний моніторинг племінного поголів'я великої рогатої худоби і коней за допомогою ДНК-маркерів» (ДР №0108U001973); «Проведення генетичного дослідження собак різних порід для їх генотипування і паспортизації» (ДР №0110U003573); «Вивчити генетичну структуру популяцій курей яєчного напрямку продуктивності із застосуванням мікросателітних маркерів» (ДР №0110U003575) та Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН за завданнями: 24.01.01.01.Ф «Розробити методологію оцінки генотипу тварин різних за напрямком продуктивності порід великої рогатої худоби за генами кількісних ознак» (ДР №0111U003282), 37.00.01.01.Ф «Дослідження генетичної структури аборигенних, локальних і зникаючих порід сільськогосподарських тварин України для визначення молекулярно-генетичних маркерів продуктивності та адаптації» (ДР №0116U000524).

Мета і завдання дослідження. Теоретично обґрунтувати і експериментально відпрацювати систему використання поліморфізму мікросателітних локусів ДНК з метою оцінювання генетичних ресурсів різних видів тварин в рамках програм збереження їхнього біорізноманіття.

Для реалізації мети було поставлено наступні завдання:

- вдосконалити та оптимізувати методики генотипування різних видів тварин за мікросателітними локусами ДНК;
- оцінити інформативність різних мікросателітних маркерів;
- дослідити генетичну структуру популяцій тварин української червоно-рябої молочної, української чорно-рябої молочної та сірої української порід великої рогатої худоби; свійських коней порід: гуцульська, чистокровна верхова та українська верхова; собак порід німецька вівчарка, німецький дог, російський той-тер'єр; свійської курки кросів – Ломанн білий, Ломанн коричневий, Хайсекс білий, Хайсекс коричневий та Хай-Лайн W-98 за мікросателітними локусами ДНК;
- здійснити внутрішньовидовий аналіз генетичної структури досліджуваних порід;

- проаналізувати показники генетичного поліморфізму за мікросателітними локусами ДНК різних видів свійських тварин та оцінити їхню інформативність для різних таксономічних одиниць;
- дослідити та провести порівняльний аналіз мікроеволюційних процесів у різних таксономічних одиницях;
- оцінити ефективність різних математичних методів моделювання для оцінювання генетичного поліморфізму різних видів свійських тварин;
- визначити особливості використання поліморфізму мікросателітних локусів ДНК у системі збереження біорізноманіття та оцінювання генетичних ресурсів різних видів свійських тварин.

Об'єкт досліджень – мікросателітна мінливість в популяціях тварин різних видів.

Предмет досліджень – поліморфізм та інформативність мікросателітних локусів ДНК, особливості генетичної структури мікропопуляцій свійських видів в системі збереження біорізноманіття та раціонального використання генофондів тварин.

Методи дослідження. Молекулярно-генетичні (виділення ДНК, визначення чистоти та концентрації ДНК, проведення ПЛР, розділення одержаних фрагментів за допомогою капілярного гель-електрофорезу, фрагментний аналіз); популяційно-генетичні (визначення основних показників генетичного поліморфізму, генетичної структури, диференціації, генетичної подібності, генетико-автоматичних процесів); біометричні (математико-статистичний аналіз, параметричні та непараметричні методи, за використання відповідного програмного забезпечення).

Наукова новизна одержаних результатів. Вперше обґрунтовано, розроблено та апробовано комплексну систему оцінювання генетичного поліморфізму за мікросателітними локусами ДНК у представників різних таксономічних груп на різних рівнях організації геному (алельному, генотиповому, популяційному) та встановлено особливості мікроеволюційних процесів у досліджених популяціях. Встановлено особливості генетичної структури за мікросателітними локусами ДНК на внутрішньовидовому та міжвидовому рівнях та визначено адекватність різних моделей математичного аналізу та оцінки генетичної ситуації у досліджених популяціях тварин.

Вперше оцінено інформативність мікросателітних локусів ДНК для різних видів та окремих українських порід свійських тварин в залежності від структурних особливостей нуклеотидних послідовностей.

Оптимізовано технологію мультиплексного генотипування особин різних видів свійських тварин за мікросателітними локусами ДНК.

Практичне значення одержаних результатів. Запропоновано новий комплексний підхід на індивідуальному і популяційному рівнях прогнозування та оцінки мікроеволюційних процесів у популяціях свійських видів тварин за поліморфізмом мікросателітних локусів ДНК, що дає можливість генетичного контролю формування генофондів різних таксономічних одиниць в селекції та системі збереження генетичного біорізноманіття.

Одержано нові дані щодо рівня поліморфізму геному окремих порід та видів свійських тварин за мікросателітними локусами ДНК. Оцінено можливість їх використання для оцінки генетичного різноманіття тварин.

Розроблено методичні підходи щодо використання мікросателітних локусів для оцінки генетичної ситуації в популяціях різних порід і видів свійських тварин.

Окремі положення та напрацювання використовуються у навчальному процесі Миколаївського національного аграрного університету при викладанні освітніх компонент «Спеціальна генетика», «Молекулярно-генетичні методи діагностики», «Загальна та молекулярна генетика» та «Генетика у ветеринарній медицині та основи розведення тварин» здобувачам вищої освіти початкового-третього рівнів вищої освіти спеціальностей 162 – «Біотехнології та біоінженерія», 204 – «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» та 212 – «Ветеринарна гігієна, санітарія та експертиза».

На основі одержаних результатів розроблено: методичні рекомендації «Генетична ідентифікація промислових видів риб», «Генетична ідентифікація та експертиза походження свійських коней (*Equus caballus*) мікросателітними фрагментами дезоксирибонуклеїнової кислоти: Методичні рекомендації», «Генетична ідентифікація собак» та «Рекомендації щодо проведення генетичної оцінки популяцій курей спеціалізованих яєчних кросів із застосуванням ДНК-маркерів», а також каталог «Інформаційна база даних (каталог) показників генетичної структури популяцій курей спеціалізованих яєчних кросів, які використовують в Україні».

Особистий внесок здобувача. Дисертантом розроблено концептуальні засади досліджень, сплановано роботу згідно плану дисертаційних досліджень, проаналізовано літературні джерела, розроблено схему і методику проведення молекулярно-генетичних досліджень та виконано експериментальну програму запланованих робіт. За безпосередньої участі дисертанта здійснено відбір біоматеріалу, виділення ДНК, проведення ПЛР, здійснено мікросателітний аналіз за 31 локусом у 4 різних видів свійських тварин. Самостійно здійснено аналіз даних одержаних в результаті проведених досліджень. Дисертантом на підставі проведених досліджень сформовано висновки та пропозиції виробництву.

Використання в роботі частини матеріалів експериментальних досліджень, в яких дисертант брав безпосередню участь, погоджено зі співавторами спільних публікацій.

Автор висловлює щире подяку фахівцям (Українська лабораторія якості і безпеки продукції АПК НУБіП України) за методичну допомогу і надання можливості проведення досліджень.

Апробація результатів дисертації. Результати досліджень представлено на щорічних наукових звітах Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН (Чубинське, 2012-2020); викладено в доповідях на наукових конференціях молодих вчених та аспірантів Інституту розведення і генетики тварин НААН (Чубинське, 2010–2020); наукових конференціях «Проблеми та перспективи розвитку конярства в сучасних умовах», які проходили під егідою

виставок «EQUISVIT 2009 та 2010» на базі СКС «Магнат» за сприяння Асоціації розвитку кінного спорту в Україні; науково-практичній конференції, присвяченій пам'яті академіка В.П. Бурката «Методологія наукових досліджень з питань селекції, генетики та біотехнології у тваринництві» (Чубинське, 2010); III міжнародної науково-практичної конференції «Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи» (Кам'янець–Подільський, 2013); міжнародній науково-практичній конференції, присвяченій 20-річчю створення кафедри розведення, генетики тварин та біотехнології Житомирського національного агроекологічного університету і 75-річчю з дня народження доктора с.-г. наук, професора Пелехатого Миколи Сергійовича «Сучасні проблеми розведення і селекції сільськогосподарських тварин» (Житомир, 2013); на міжнародній конференції «Challenges and Innovations» (Софія, Болгарія, 2013).

Публікації. Основні положення та результати дисертаційної роботи викладено у 39 наукових працях. У тому числі, монографія – 1, статті у фахових виданнях України – 19, у виданнях іноземних держав або які включено до міжнародних наукометричних баз – 3, робіт апробаційного характеру – 5, праць, додатково відображають наукові результати дисертації – 11 (в т.ч. методичних рекомендацій – 5, каталог – 1).

Структура та обсяг дисертації. Робота викладена на 396 сторінках комп'ютерного тексту, містить 120 таблиць та 106 рисунків та складається з анотацій, переліку умовних позначень, символів, одиниць, скорочень і термінів, вступу, огляду літератури, загальної методики та основних методів досліджень, результатів власних експериментальних досліджень, аналізу і узагальнення результатів досліджень, висновків, пропозицій виробництву, списку використаних джерел (697 джерел, у тому числі 549 латиницею), а також додатків.

МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Експериментальну частину робіт виконано у період з 2010 по 2020 рік: у лабораторії генетики Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН (с. Чубинське, Київської області) та відділі молекулярно-діагностичних досліджень Української лабораторії якості і безпеки продукції АПК Національного університету біоресурсів і природокористування України.

Для проведення досліджень використовували біологічний матеріал від свійських тварин 4 видів, 9 порід, 5 кросів у кількості 901 голова. А саме: 133 голови великої рогатої худоби, порід українська червоно-ряба молочна (УЧер, 45 голів), українська чорно-ряба молочна (УЧР, 43 голови) та сіра українська (СУ, 45 голів) (підприємство релігійної організації "Підсобне господарство Свято-Успенської Києво-Печерської лаври", с. Вороньків, Київська обл. та Банку генетичних ресурсів Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН України); 281 голова коней, порід Гуцульська (ГУЦ, ПФГ «Полонинське, Закарпатська обл., ПР ТзОВ «Варто», ПР СФГ «Заріччя», СОК «Сільський господар», Івано-Франківська обл., 78 голів), чистокровна верхова (ЧВ, приватні власники, 51 голова) та Українська верхова (УВП, приватні власники, члени АСРКУ, 152 голови); 79 голів собак, порід німецька вівчарка (НВ, приватні

власники, члени ФСССУ, 39 голів), німецький дог (НД, приватні власники, члени ФСССУ, 20 голів) та російський той-тер'єр (РТ, приватні власники, члени ФСССУ, 20 голів); 408 голів курки свійської спеціалізованих яєчних кросів, найбільш поширених в Україні, а саме «Ломанн ЛСЛ» (ЛБ, ВАТ «Птахофабрика «Україна», Васильківський р-н, Київська обл., ЗАТ «Птахофабрика «Київська», Броварський р-н, Київська обл., 100 голів), «Ломанн коричневий» (ЛК, ЗАТ «Птахофабрика «Київська», Броварський р-н, Київська обл., 83 голови), «Хайсекс білий» (ХСБ, ВАТ «Птахофабрика «Україна», Васильківський р-н, Київська обл., ВП НУБіП України НД ППЗ ім. Фрунзе, АР Крим, 122 голови), «Хай-Лайн W-98» (ХЛБ, АТ «Птахофабрика «Україна», Васильківський р-н, Київська обл., 22 голови), «Хайсекс коричневий» (ХСК, ВП НУБіП України НД ППЗ ім. Фрунзе АР Крим, 81 голова).

Загальну схему досліджень представлено на рисунку 1.

Забір крові з вени у ссавців здійснювали за допомогою двобічних голок «Venojest» і вакуумних пробірок та тримачів «Venosafe» (Terumo, Бельгія) за стандартною методикою згідно рекомендацій виробника з дотриманням умов стерильності. При взятті зразків волосся поверхню шкіри обробляли спиртом, після чого проводили висмикування волосся. Уважно стежачи, щоб на кінцях узятих волосин залишалися волосяні цибулини. Від однієї особини відбирали не менше 30-40 волосин із цибулинами. Для відбору зразків букального епітелію робили мазок зі слизової оболонки щік. Для цього використовували ватні палички, які потім висушували на повітрі. Відбір зразків у птиці здійснювали шляхом висмикування покривного пір'я з ділянки спини, від однієї особини відбирали не менше 6 пір'їн із пір'яними фолікулами. Зразки зберігали і транспортували за температури +4°C не більше 3-х діб з моменту взяття.

Виділення ДНК зі зразків здійснювали з використанням реагенту "Chelex-100", наборів «ДНК-сорб-А» та «ДНК-сорб-В» (Амплісенс, Росія), згідно рекомендацій виробника. Дослідження генетичної структури проводили на наступному обладнанні: ПЛР проводили на ампліфікаторі AB 2720 Thermal Cycler (Applied Biosystems, США). Реакційну суміш для ПЛР готували згідно протоколу рекомендованого виробником тест-систем (Stock Marcs, 2010). Ампліфіковану ДНК розділяли методом капілярного гель-електрофорезу на генетичному аналізаторі ABI Prism 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Документування отриманих графічних результатів здійснювалось за допомогою програм «Run 3130 Data Collection v.3.0» (Applied Biosystems, США) та «GeneMapper 3.7» (Applied Biosystems, США). Мікросателітний аналіз проводили за наступними локусами: для великої рогатої худоби було використано десять мікросателітних локусів ДНК (TGLA126, TGLA122, INRA023, ETH3, ETH225, BM1824, TGLA227, BM2113, ETH10, HMS03 та SPS115); для свійських коней – одинадцять (HTG04, HMS06, HTG06, АНТ04, ASB23, ASB17, СА425, HTG07, HMS03, VHL20, та HMS07); для свійських собак – п'ять (PEZ01, PEZ06, HTG08, FHC2010 та FHC2054); для свійської курки було, також, використано п'ять мікросателітних локусів ДНК (ADL0268, ADL0278, MCW0248, LEI0094 та MCW0216).

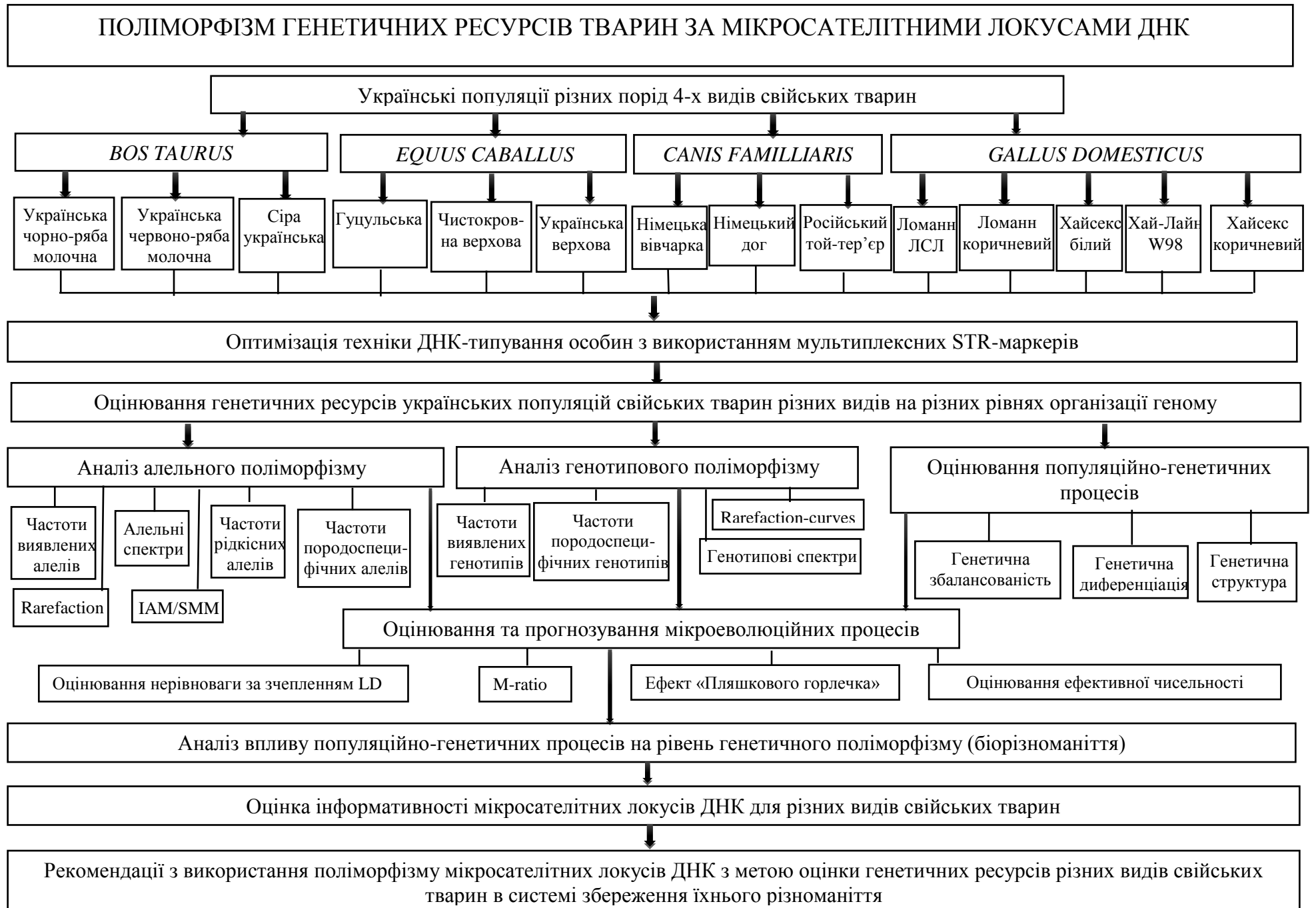


Рис. 1. Загальна схема досліджень

Усі математико-статистичні розрахунки було проведено за використання стандартних комп'ютерних програм Microsoft Excel 2010, STATISTICA (Халафян А., 2007) та спеціального програмного забезпечення для популяційно-генетичного аналізу: GenALEX (Peakall R. et al, 2012), PAST (Hammer O. et al, 2001), MICROSATELLITE ANALYSER (Dieringer D., Schlötterer C., 2003), GENEPOP (Raymond M., Rousset F., 1995), STRUCTURE (Pritchard J.K., 2000), FSTAT (Goudet J., 1995), Bottleneck (Piry S. et al., 1999), PopGene (Yeh F.C. et al. 1999), NeEstimator (Peel D. et al., 1999), CERVUS 3.0.3 (Kalinowski S.T. et al. 2007). Для коректного порівняння (як між породами, так і між окремими локусами мікросателітної ДНК) проаналізованих груп тварин різного розміру, було використано непараметричні методи А. Чао (Chao A., 1994) та *rarefaction*-метод із застосуванням програмного забезпечення HP-Rare (Kalinowski S.T., 2005).

РЕЗУЛЬТАТИ ДОСЛІДЖЕНЬ ТА ЇХ ОБГОВОРЕННЯ

ОПТИМІЗАЦІЯ ТЕХНІКИ ДНК-ТИПУВАННЯ

Для ефективного генотипування особин дослідних вибірок за мікросателітними локусами проведено роботу із вдосконалення та оптимізації технології ДНК-типування. Підібрано найполіморфніші мікросателітні локуси з рекомендованих ISAG-FAO для проведення популяційно-генетичних досліджень у різних видів свійських тварин, розроблено і запропоновано оптимальний склад мультиплексів мікросателітних локусів ДНК, визначено склад реакційних сумішей, а також відпрацьовано температурні та часові режими ампліфікації в мультиплексній ПЛР. Розроблено методичні підходи до проведення фрагментного аналізу мультиплексних систем для чотирьох видів свійських тварин. За розробленою технологією прогенотиповано особин великої рогатої худоби за 10-ма мікросателітними локусами з використанням 3-х реакцій, коней за 11-ма локусами – 4-х, а собак та курку за 5-ма локусами – 2-х реакцій. Зменшений час та кількість реактивів необхідних для проведення генотипування для великої рогатої худоби та коней у 3 рази, а собак та курки – у 2.

АЛЕЛОФОНД ТА ГЕНОТИПОВИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНЕТИЧНИХ РЕСУРСІВ ТВАРИН РІЗНИХ ВИДІВ ЗА МІКРОСАТЕЛІТНИМИ ЛОКУСАМИ ДНК

Використання оптимізованих методичних підходів до проведення ДНК-типування дало змогу успішно провести дослідження з вивчення мікросателітної мінливості в дослідних популяціях свійських тварин різних видів.

В усіх видів оцінки алельного поліморфізму одержані за використання *rarefaction*-методу співпадали з результатами безпосереднього аналізу.

Характер поліморфізму досліджених мікросателітів у всіх таксономічних груп, як відносно кількості виявлених алелів, так і характеру їх розподілу, відповідав покровоковій мутаційній моделі (SMM).

Встановлено істотний ступень подібності між дослідженими породами всередині видів, за розмахом спектрів генотипового поліморфізму та, водночас,

його відмінність за характером розподілу генотипів, кількістю виявлених (N_g), рідкісних (N_{g_1}, N_{g_2}) та унікальних генотипів ($N_{g_{unic}}$).

За непараметричним методом А. Чао, використання якого дозволяє більш коректно здійснити порівняння популяцій різного розміру, відмічався різний характер розподілу кількості генотипів, але, в цілому, розрахунки одержані за допомогою даного методу зберігали відповідність попередньо одержаним результатам безпосереднього аналізу. У великої рогатої худоби – за 10-ма мікросателітними локусами ДНК з 10, у коней – за 10-ма з 11 (крім ASB17).

Структура алелофонду та генотипова мінливість великої рогатої худоби за мікросателітними локусами ДНК. За результатами досліджень алелофонду великої рогатої худоби було виявлено 114 різних алельних варіантів, діапазон яких варіював від 76 п.н. (TGLA227) до 232 п.н. (INRA023). Різниця не перевищувала 3-х алелів/локус за всіма дослідженими мікросателітними локусами (табл. 1). Всі породи великої рогатої худоби диференційовані за алелями ($p < 0,001$), найбільша диференціація порід за характером алельних спектрів та кількістю породоспецифічних алелів ($N_{a_{unic}}$). Вітчизняні молочні породи (українська червоно-ряба молочна та українська чорно-ряба молочна) були більш схожі в порівнянні з сірою українською худобою, для останньої характерним було переважання алелів більшого розміру за локусами TGLA122 та ETH225. В неї, також, спостерігалась найбільша кількість породоспецифічних алелів (11), та локусів за якими виявлено породоспецифічні алелі (6).

1. Алелофонд великої рогатої худоби

Порода	Na	Na _{unic}	Частота Na _{unic}	Rarefaction (25)	
				Na	Na _{unic}
Українська червоно-ряба молочна	9,5 (7-13)	7	0,049	9,09±0,555	0,80±0,251
Українська чорно-ряба молочна	9,2 (6-14)	5	0,026	8,78±0,746	0,53±0,240
Сіра українська	9,2 (8-14)	11	0,022	8,42±0,565	0,90±0,302

В досліджених популяціях великої рогатої худоби виявлено значне насичення певними алелями окремих мікросателітних локусів, а саме: за 1 алельним варіантом у породи української чорно-рябої молочної (ETH10²²⁰ (0,349); за двома алелями – по одному локусу у кожній з порід – української червоно-рябої молочної (ETH3¹¹⁸ (0,356) та ETH3¹²⁸ (0,233), української чорно-рябої молочної (BM1824¹⁸² (0,244) та BM1824¹⁸⁴ (0,256) та сірої української (SPS115²⁴⁸ (0,333) та SPS115²⁵² (0,311); за трьома у сірої української породи (BM2113¹³⁴ (0,322), BM2113¹³⁶ (0,189), BM2113¹³⁸ (0,322) та ETH10²²² (0,333), ETH10²²⁴ (0,222), ETH10²³⁰ (0,222).

За результатами досліджень українська червоно-ряба молочна та українська чорно-ряба молочна породи по всіх досліджених локусах виявили більшу схожість і вищий рівень генотипового поліморфізму за розподілом генотипів та за всіма характеристиками (табл. 2), який досягався лише за рахунок значної елімінації в спектрах генотипового поліморфізму сірої української породи, за умови практично однакового розмаху цих спектрів в усіх досліджених порід. Тварини української червоно-рябої молочної породи характеризувались

найвищим рівнем генотипової мінливості, а сірої української – найнижчими значеннями генотипового різноманіття (кількість виявлених ($N_g=17,4$), рідкісних ($N_{g_1}=7, N_{g_2}=4,8$) та унікальних генотипів ($N_{g_{unic}}=5,5$) ($p<0,0001$).

2. Генотиповий поліморфізм великої рогатої худоби

Порода	N_g	N_{g_1}	N_{g_2}	$N_{g_{unic}}$
Українська червоно-ряба молочна	24	13,8	5	9
Українська чорно-ряба молочна	22,9	13,1	5,3	8,1
Сіра українська	17,4	7	4,8	5,5

В усіх популяціях встановлено насиченість окремими генотипами: у української червоно-рябої молочної виявлено 18 таких генотипів за 4 мікросателітними локусами ДНК; в української чорно-рябої молочної – 14 за 3; у сірої української – 15 за 5 локусами. У тварин української червоно-рябої молочної – 4 з 18 найпоширеніших генотипів за 4 мікросателітними локусами були гомозиготними (TGLA126^{116/116}-22%, TGLA122^{154/154}-11%, INRA23^{210/210}-9% TGLA227^{92/92}-9%), в української чорно-рябої молочної – 3 з 14 за 3 локусами (TGLA126^{116/116}-23%, TGLA122^{144/144}-9%, ETH10^{220/220}-14%), а у сірої української – 6 з 15 за 5 локусами (TGLA126^{120/120}-27%, TGLA122^{156/156}-16%, ETH03^{118/118}-13%, ETH10^{222/222}-20%, BM2113^{138/138}-29% та BM2113^{134/134}-31%, причому останній був специфічним для сірої української породи.

Особливості мінливості мікросателітних ділянок геному у представників виду *Equus caballus*. Результати дослідження алелофонду коней свідчать, що найполіморфнішою з досліджених порід була українська верхова (найбільші середня кількість алелів (14,3), розмах алельного поліморфізму ($Lim_{Na}=11-16$) (крім ASB23), кількість породоспецифічних алелів (41 (89%) та локусів яких такі алелі виявлено (9 (82%)), а найнижчий рівень поліморфізму був характерним для чистокровної верхової породи (табл. 3).

3. Характеристики алелофонду свійських коней

Порода	Na	Na_{unic}	Частота Na_{unic}	Rarefaction (25)	
				Na	Na_{unic}
Гуцульська	10 (7-13)	3	0,015	9,54±0,471	0,28±0,092
Чистокровна верхова	8 (5-13)	2	0,01	7,97±0,629	0,24±0,175
Українська верхова	14,3 (11-16)	41	0,019	12,96±0,434	2,93±0,314

У чистокровної верхової та гуцульської порід було виявлено значне насичення певними алелями окремих мікросателітних локусів, а за одним (10 випадків по 8 локусам з 11) та двома (три випадки по 6 локусам з 11) алельними варіантами.

Загальна кількість виявлених генотипів у даного виду коливалась від 8 за локусом NTG09 у чистокровної верхової породи до 57 за локусом HMS03 в української верхової породи. Найбільшим рівнем поліморфізму характеризувались тварини породи українська верхова (розмах спектрів (Lim_{Ng}), кількість виявлених ($N_g=47,91$), рідкісних ($N_{g_1}=21,27, N_{g_2}=9$) та

породоспецифічних генотипів (307). Гуцульській породі коней був притаманний широкий розмах генотипових спектрів, за 6 мікросателітних локусів ДНК з 11 та переважання в них генотипів з більшим розміром алелів. Найвужчі генотипові спектри за всіма локусами та вища ніж в решти порід насиченість певними (1-3) генотипами переважної більшості локусів були характерними для особин породи англійська чистокровна ($p < 0,0001$) (табл. 4).

4. Характеристики генотипового поліморфізму свійських коней

Порода	Ng	Ng ₁	Ng ₂	Ng _{unik}
Гуцульська	26	11,6	5,1	6,4
Чистокровна верхова	15,4	6,6	3	1,5
Українська верхова	43,8	21,3	9	27,9

В усіх породах коней, за всіма мікросателітними локусами зафіксовано певну насиченість окремими генотипами (1-3 на локус). У тварин гуцульської породи – 5 з 18 найпоширеніших генотипів за 5 локусами були гомозиготними (HTG04^{129/129}-12%, HMS06^{169/169}-17%, THG06^{100/100}-12%, CA425^{240/240}-17%, HTG07^{128/128}-14%), у чистокровної верхової – 7 з 16 за 7 локусами (HTG04^{127/127}-9%, HMS06^{169/169}-16%, THG06^{90/90}-16%, ASB17^{106/106}-7%, CA425^{240/240}-29%, HTG07^{128/128}-11%, HMS03^{152/152}-16%), а в української верхової – 3 з 18 за 3 мікросателітами (АНТG04^{160/160}-13%, CA425^{240/240}-29%, HTG07^{128/128}-21%) ($p < 0,0001$).

Алельний та генотиповий поліморфізм STR-локусів ДНК у представників трьох порід виду *Canis familiaris*. В результаті аналізу алельного поліморфізму собак порід німецька вівчарка, німецький дог та російський той-тер'єр достовірні відмінності між породами було виявлено лише за локусами FHC2054 ($p < 0,05$) та PEZ06 ($p < 0,001$) (табл. 5). Найвищим рівнем алельного поліморфізму характеризувались собаки породи німецька вівчарка ($Lim_{Na}=5-13$), $Na=9,2$). Широкими, але з елімінацією одних і високою наповненістю окремими алелями інших локусів були алельні спектри породи російський той-тер'єр. Найменш поліморфною, як за кількістю виявлених алелів ($Na=8,4$), так і за розмахом алельних спектрів ($Lim_{Na}=6-13$) була порода німецький дог ($p < 0,05$).

5. Структура алелофонду свійських собак

Порода	Na	Na _{unic}	Частота	Rarefaction (25)	
				Na	Na _{unic}
Німецька вівчарка	9,2 (5-13)	1	0,051	8,58±1,284	0,19±0,19
Німецький дог	8,4 (6-13)	0	-	8,4±1,208	0,17±0,09
Російський той-тер'єр	8,2 (6-11)	2	0,025	8,2±0,86	0,68±0,388

Високий ступінь насиченості одним та двома мажорними алелями було зафіксовано у порід німецька вівчарка – за PEZ06¹⁸⁶ (0,359), німецький дог – за PEZ01¹²⁰ (0,300), а у російських той-тер'єрів – за PEZ01¹⁰⁰ (0,275), PEZ01¹⁰⁸ (0,300), PEZ08²²⁶ (0,325) та FHC2010²³⁶ (0,575). З 5 досліджених мікросателітних

локусів, породоспецифічні алелі було зареєстровано лише в породах німецька вівчарка (FHC2054¹⁵² (0,051) та російський той-тер'єр (PEZ06¹⁹², PEZ06¹⁹⁶ (0,025, кожен).

Найбільшим рівнем генотипового поліморфізму (табл. 6) характеризувалась німецька вівчарка, а німецькі доги були менш поліморфними у порівнянні з російськими той-тер'єрами. Відмінності між породами були достовірними лише для мікросателітних локусів PEZ06 ($p < 0,001$) та FHC2054 ($p < 0,05$). Загальна їхня кількість у представників даного виду коливалась від 15 (за локусом FHC2010) до 27 (за локусом FHC2054). При цьому, найвищий рівень генотипового поліморфізму спостерігався за локусом PEZ08 у німецьких вівчарок ($N_g = 24$). Найменш поліморфним виявився локус FHC2010 у тварин породи російський той-тер'єр ($N_g = 7$).

6. Показники генотипового поліморфізму свійських собак

Порода	N_g	N_{g1}	N_{g2}	$N_{g_{unik}}$
Німецька вівчарка	18,4	8,6	4,8	5,8
Німецький дог	10,4	5	3	0
Російський той-тер'єр	10,8	5,8	3,2	1,4

В усіх групах тварин, за всіма мікросателітними локусами ДНК зафіксовано певну насиченість окремими генотипами. За 3 з 5 локусів (PEZ01, PEZ08 та FHC2010) у представників порід німецька вівчарка та німецький дог ці генотипи були однаковими, за цими ж локусами було виявлено однакові найпоширеніші алелі і в порід німецька вівчарка та російський той-тер'єр, а в порід російський той-тер'єр та німецький дог однакові найпоширеніші генотипи було виявлено за локусами PEZ06 та FHC2054. Генотипи PEZ06^{182/206}, PEZ06^{166/174}, FHC2054^{168/172}, FHC2054^{140/160} та FHC2054^{156/160} було виявлено тільки у породи німецька вівчарка.

Структура алелофонду та генотипова мінливість у різних промислових кросів свійської курки (*Gallus domesticus*). Найвищими показниками алельної мінливості характеризувались коричневі кроси (Ломанн коричневий та Хайсекс коричневий) (N_a (Lim_{Na})=9,2 (5-17) та 7,4 (6-11), ($N_{a_{unik}}$ =11 та 3, відповідно). Кроси фірми «Lohmann Tierzucht» характеризувались переважанням алелів меншого розміру (табл. 7). Ломанн білий вирізнялись серед птиці інших кросів надзвичайною наповненістю окремими алелями по всіх досліджених мікросателітних локусах ДНК (від ADL278¹¹⁴ – 0,343 та ADL268¹⁰⁸ – 0,485 до

7. Алелофонд промислових кросів свійської курки

Крос	N_a	$N_{a_{unik}}$	Частота $N_{a_{unik}}$	Rarefaction (50)	
				N_a	$N_{a_{unik}}$
Курка	11,6 (6-22)	17	0,0225	5,865±2,077	0,57±0,91
Ломанн білий	4,6 (3-8)	2	0,015	3,89±0,599	0,47±0,287
Ломанн коричневий	9,2 (5-17)	11	0,018	7,40±1,332	1,49±0,679
Хайсекс білий	6,6 (5-9)	1	0,008	5,95±0,702	0,08±0,076
Хай-Лайн W-98	5,2 (4-6)	0	-	5,20±0,49	0,16±0,137
Хайсекс коричневий	7,4 (6-11)	3	0,053	6,89±0,614	0,66±0,342

LEI094²⁵⁹ – 0,720, MCW0248²¹³ – 0,785 та MCW0216¹³⁷ – 0,920). Специфічні алелі з найбільшою частотою зафіксовано, у курей коричневих кросів Ломанн коричневий – 11 та Хайсекс коричневий – 3, а у білих Ломанн білий – 2, Хайсекс білий – 1 та Хай-Лайн W-98 – 0 ($p < 0,001$).

Всі мікросателітні локуси характеризувались середньою загальною кількістю виявлених різних генотипових варіантів. Загальна їхня кількість у особин даного виду коливалась від 20 (за локусами MCW216 та ADL0268) до 55 (за локусом LEI094). При цьому, найвищий рівень генотипового поліморфізму було зафіксовано за локусом LEI094 у особин, що належать до кросу Хайсекс коричневий (32 варіанти). Найменш поліморфними виявились локуси MCW216 у тварин кросу Ломанн білий та MCW216 – у Ломанн білий та Хай-Лайн W-98 (по 4 варіанти) (табл. 8).

8. Генотиповий поліморфізм промислових кросів свійської курки

Крос	Ng	Ng ₁	Ng ₂	Ng _{unik}
Ломанн білий	7	1,4	0,8	1
Ломанн коричневий	18,8	5,8	4,8	6
Хайсекс білий	11	0	2,6	1
Хай-Лайн W-98	6,4	2,2	1,2	3
Хайсекс коричневий	18,6	5,2	3,2	7,4

За локусами ADL268 та LEI094 найполіморфнішими були особини кросу Хайсекс коричневий, а за рештою – Ломанн коричневий, Серед білих кросів в усіх випадках найбільший рівень генотипового різноманіття зафіксовано у кросу Хайсекс білий, а за локусом ADL268 найбільшу кількість генотипів виявлено, у кросу Ломанн білий. Відмінності між досліджуваними кросами за кількістю виявлених генотипових варіантів були достовірними ($p < 0,001$).

Крос Ломанн білий виявив надзвичайно високий рівень консолідованості за певними генотипами по кожному з досліджених мікросателітних локусів. Так генотип ADL0278^{108/114} зустрічався у 40% випадків, ADL0268^{108/110} -50%, LEI094^{259/259} -58%, MCW248^{213/213} -77% і MCW216^{137/137} -84%. Причому останні 3 – гомозиготні.

ПОПУЛЯЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНІ ОСОБЛИВОСТІ ФОРМУВАННЯ ГЕНОФОНДІВ ДОСЛІДЖЕНИХ ВИДІВ

Згідно одержаних результатів у всіх досліджених видів значення індексів С. Райта (Fis та Fit) свідчили про значний рівень генетичної консолідованості досліджених популяцій. Водночас, тварини досліджених порід характеризувались незначним але достовірним рівнем внутрішньовидової міжпородної генетичної диференціації (Fst) ($p < 0,001$, крім НТГ07 у коней), що підтверджувалось результатами аналізу молекулярної мінливості (AMOVA) (відносно низькі значення генетичної диференціації порід (Φst) були високо достовірним ($p < 0,001$).

Популяційно-генетичні характеристики генетичної мінливості великої рогатої худоби. Найбільшою генетичною мінливістю характеризувались породи

українська червоно-ряба молочна та українська чорно-ряба молочна, а популяція сірої української була найбільш однорідною (табл. 9).

9. Популяційно-генетичні характеристики великої рогатої худоби

Порода	Na	Ae	I	Ho	He	F	PIС
Українська червоно-ряба молочна	9,5	6,757	2,021	0,784	0,844	0,069	0,826
Українська чорно-ряба молочна	9,2	6,023	1,924	0,821	0,819	-0,003	0,807
Сіра українська	9,2	5,707	1,871	0,673	0,814	0,176	0,789
Середнє	9,3	6,162	1,939	0,760	0,825	0,081	0,807

Рівновага за Гарді-Вайнбергом (МСМС) вказує на однорідність порід української червоно-рябої молочної та української чорно-рябої молочної на відміну від сірої української (українська чорно-ряба молочна порода великої рогатої худоби знаходилась в стані генетичної рівноваги за 8-ма, української червоно-рябої молочної порода – за 7-ма, а сіра українська – лише за 3 мікросателітними локусами з 10, що може бути наслідком малої чисельності та замкнутості існуючої популяції сірої української худоби. Слід відмітити що лише у Сірої української зафіксовано достовірний надлишок гетерозигот за локусом SPS115 ($p < 0,05$) та відсутність повних гетерозигот ($H_i = 1$).

Точність прогнозу щодо віднесення певної тварини до однієї з порід (*assignment*-тест) становив близько 84%. Причому, найвищою була точність прогнозу щодо сірої української породи (89%), а української червоно-рябої молочної та української чорно-рябої молочної – дещо нижчі (82 та 81%, відповідно) (табл. 10).

10. Результати *assignment*-тесту великої рогатої худоби, голів

Фактична група	Теоретична група			Точність прогнозу
	УЧеР	УЧР	СУ	
УЧеР	37	3	5	82
УЧР	8	35	0	81
СУ	1	4	40	89
Загалом	46	42	45	84

Результати аналізу «тонкої» генетичної структури свідчили про розподіл за генетичними групами відповідно до породної належності. Молочні породи демонстрували високий ступінь подібності й, спочатку формували один спільний кластер, який за більш детального аналізу поділяється на 2 самостійні генетичні групи. Таку саму картину ми спостерігали за результатами розрахунків генетичної дистанції та генетичною ідентичності за Неєм (N_{ei}).

Популяційно-генетична структура досліджених порід коней. Найбільші значення всіх розрахованих популяційно-генетичних характеристик зафіксовано в української верхової породи, а найнижчі – в чистокровної верхової (табл. 11). Виявлений нижчий рівень фактичної гетерозиготності ніж очікуваної в середньому по виду і по всіх породах є свідченням того, що популяція виявляли

тенденцію до консолідації.

11. Популяційно-генетичні характеристики досліджених порід коней

Порода	Na	Ae	I	Ho	He	F	PIС
Гуцульська	10,00	5,25	1,869	0,775	0,802	0,035	0,779
Чистокровна верхова	8,00	3,96	1,539	0,653	0,707	0,081	0,670
Українська верхова	14,27	7,63	2,250	0,812	0,865	0,062	0,842
Середнє	10,758	5,61	1,886	0,747	0,791	0,059	0,764

У гуцульській породі коней не було виявлено особин з коефіцієнтом гетерозиготності нижчим за 0,45. За результатами розрахунку рівноваги за Гарді-Вайнбергом (МСМС) гуцульська порода з усіх протестованих знаходилась у стані найближчому до генетичної рівноваги (7 з 11) мікросателітних локусів достовірно не відхилялись від стану рівноваги, у чистокровної верхової породи – лише 4 (HTG06, HTG07, VHL20 та HMS07), а в української верхової – 2 (VHL20 та HMS07).

Точність прогнозу щодо віднесення певної тварини до однієї з порід (*assignment*-тест) становила близько 89,8%. Причому, найвищою була точність прогнозу щодо гуцульської (93,6%) та чистокровної верхової порід коней (92,2%), а для української верхової породи – значно нижче (83,6%) (табл. 12).

12. Результати *assignment*-тесту між різними породами коней, голів

Фактична група	Теоретична група			Точність прогнозу
	Гуцульська	Чистокровна верхова	Українська верхова	
Гуцульська	73	3	2	93,6
Чистокровна верхова	3	47	1	92,2
Українська верхова	15	10	127	83,6

Одержані результати аналізу «тонкої» генетичної структури свідчили про наявність трьох генетичних груп, що відповідали породній належності тварин. Українська верхова порода містила, в тому числі, генотипи характерні для решти порід, що підтверджувалось результатами оцінки генетичної дистанції та генетичної ідентичності за Неєм – тварини порід гуцульська та чистокровна верхова відносились до різних кластерів, а українська верхова демонструвала практично однакові значення генетичних дистанцій (0,220 та 0,238) та ідентичності (0,803 та 0,889) відносно гуцульської та чистокровної верхової, відповідно.

Популяційно-генетична структура порід собак. За результатами проведених розрахунків найбільшу кількість ефективних алелів та найвищі значення індексу Шеннона, було встановлено у тварин породи німецька вівчарка. У породі німецький дог зафіксовано найвищий рівень фактичної ($H_o=0,754$), очікуваної ($H_e=0,833$), індивідуальної ($H_i=0,820$) гетерозиготностей та індексу

поліморфізму ($PIC=0,812$). Для російського той-тер'єра встановлено найнижчий рівень поліморфізму (табл. 13).

13. Популяційно-генетичні характеристики досліджених порід собак

Порода	Na	Ae	I	Ho	He	F	PIС
Німецька вівчарка	9,2	6,451	1,958	0,754	0,830	0,086	0,808
Німецький дог	8,4	6,244	1,920	0,82	0,833	0,012	0,812
Російський той-тер'єр	8,2	5,467	1,804	0,69	0,788	0,121	0,766
Середнє	8,6	6,054	1,894	0,755	0,817	0,073	0,795

Відповідно до результатів розрахунків рівноваги за Гарді-Вайнбергом (МСМС) німецька вівчарка знаходилась в стані генетичної рівноваги за трьома мікросателітними локусами з п'яти (крім PEZ08 та FHC2010), а німецький дог та російський той-тер'єр – за чотирма з п'яти (крім PEZ08). Точність прогнозу щодо віднесення певної тварини до однієї з порід (*assignment*-тест) становила близько 58%. Причому, найвищою була точність прогнозу щодо німецьких догів (80%), та російських той-тер'єрів (70%), а стосовно німецьких вівчарок – значно нижчою (41%).

Згідно результатів аналізу «тонкої» генетичної структури у собак були наявні дві генетичні групи. Перша – це тварини породи німецький дог, друга – тварини породи російський той-тер'єр. У свою чергу, тварини породи німецька вівчарка поділялися на два кластери, один з яких був подібним до першої групи, а інший – до другої. Аналіз результатів оцінки генетичної відстані за Неєм, показав, що собаки породи німецький дог виявились значно генетично обособленими від решти тварин. Породи німецька вівчарка та російський той-тер'єр формували спільний кластер (рис. 2).

Популяційно-генетична структура окремих кросів свійської курки. Для *Gallus domesticus* середні значення індексу Шеннона (I) становили 1,42, індексу, а поліморфізму (PIС) – 0,644, що вказує на відносно низький рівень різноманітності досліджених промислових кросів. Нижчий середній рівень фактичної гетерозиготності ($Ho=0,624$) ніж очікуваної ($He=0,684$) по виду загалом та по всіх, крім Хай-Лайн W-98, кросах зокрема, є свідченням того, що досліджені популяції виявляли тенденцію до консолідації. Популяція кросу Хай-Лайн W-98, на відміну від решти досліджених кросів, демонструвала тенденцію до збільшення генетичної мінливості ($Ho>He$) (табл. 14).

14. Популяційно-генетичні характеристики промислових кросів свійської курки за дослідними локусами

Локус	Na	Ae	I	Ho	He	F	PIС
Ломанн білий	4,600	2,079	0,865	0,424	0,452	0,135	0,414
Ломанн коричневий	9,200	4,474	1,673	0,665	0,764	0,132	0,726
Хайсекс білий	6,600	3,902	1,508	0,590	0,731	0,191	0,690
Хай-Лайн W-98	5,200	2,969	1,239	0,727	0,650	-0,123	0,594
Хайсекс коричневий	7,400	5,817	1,814	0,716	0,822	0,132	0,796
Середнє	6,6	3,848	1,42	0,624	0,684	0,093	0,644

Згідно результатів розрахунку рівноваги за Гарді-Вайнбергом (MCMC) ми можемо говорити про те, що у стані генетичної рівноваги перебували лише локуси: в кросі Ломанн білий – MCW216 та ADL278; Ломанн коричневий та Хайсекс білий – ADL268; Хай-Лайн W-98 – MCW216, ADL278 та MCW248; Хайсекс коричневий – MCW216. Найбільшу подібність профілів індивідуальної гетерозиготності продемонстрували лише дві пари кросів – Ломанн коричневий й Хайсекс білий та Хай-Лайн W-98 й Хайсекс коричневий), тоді, як крос Ломанн білий характеризувався найбільшою частотою особин з найнижчим рівнем гетерозиготності 0,20 і відсутністю повністю гетерозиготних особин ($H_i=1,0$).

Точність прогнозу щодо віднесення певної тварини до однієї з порід (*assignment-тест*) становила близько 78,4%. Причому, найвищою була точність прогнозу щодо кросу Ломанн білий (99%).

Відповідно до результатів аналізу «тонкої» генетичної структури у курки були наявні дві генетичні групи. Перша – це тварини кросу Ломанн коричневий, друга – тварини кросів Ломанн білий, Ломанн коричневий та Хай-Лайн W-98, і нарешті тварини кросу Хайсекс білий поділялися на два кластери, один з яких був подібним до першої групи, а інший – до другої (рис. 2).

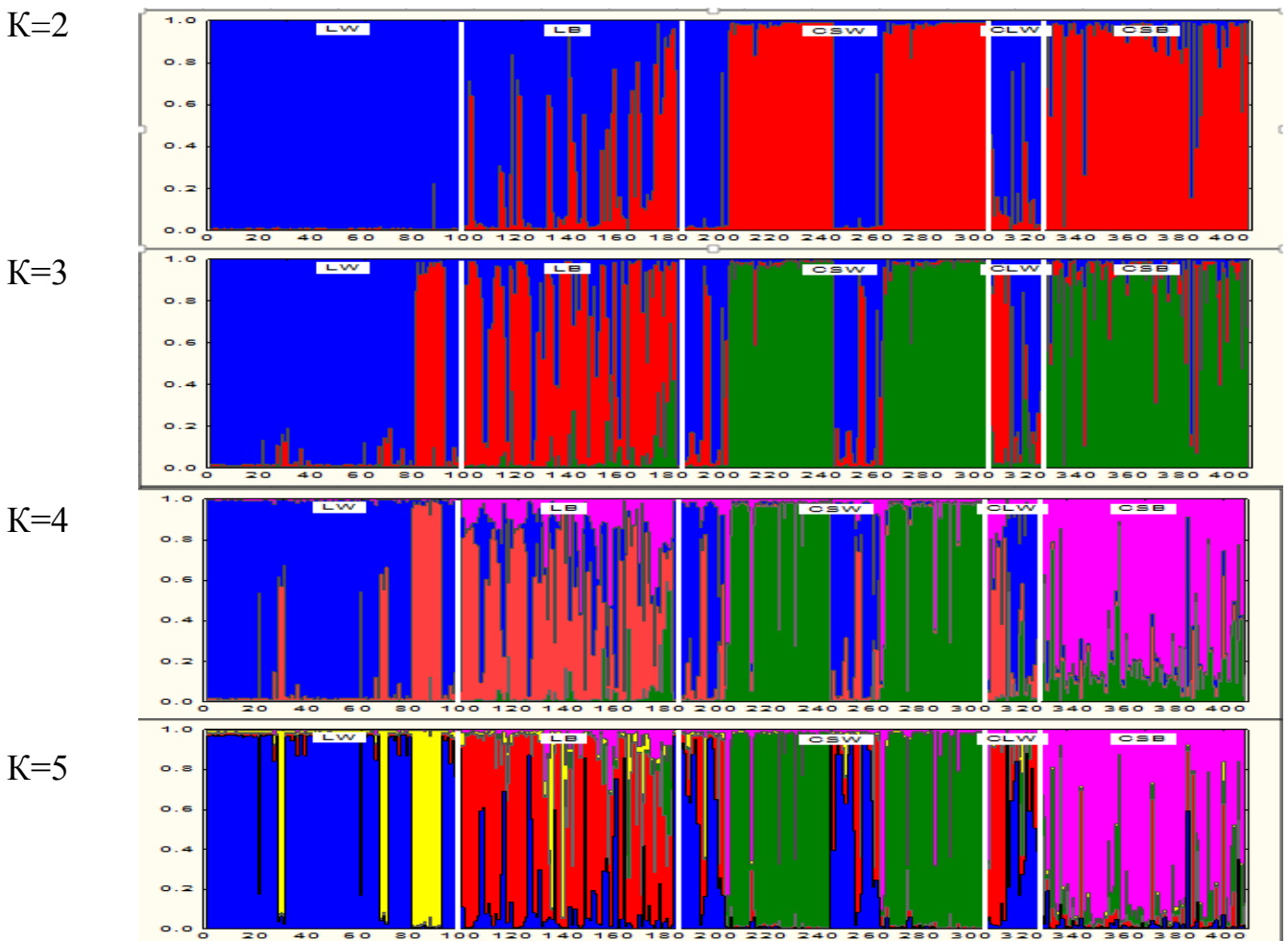


Рис. 2. Оцінки «пропорції суміші» (admixture proportions, Q) для свійської курки, різних кросів, розраховані за допомогою програми STRUCTURE, для K від 2 до 5

Аналіз результатів оцінки генетичної дистанції та генетичної ідентичності за Неєм свідчив, що досліджені кроси формують кластери відповідно до компанії виробника (рис. 3). Несподіваним виявилось приєднання кросу ХЛБ до кластеру кросів ЛБ та ЛК. Особливо цікавим виглядав факт більшої подібності ХЛБ до коричневого кросу ЛК. Найбільшу генетичну дистанцію за Неєм було виявлено між кросами ЛБ та ХСК, за найменшого рівня генетичної ідентичності (0,480).

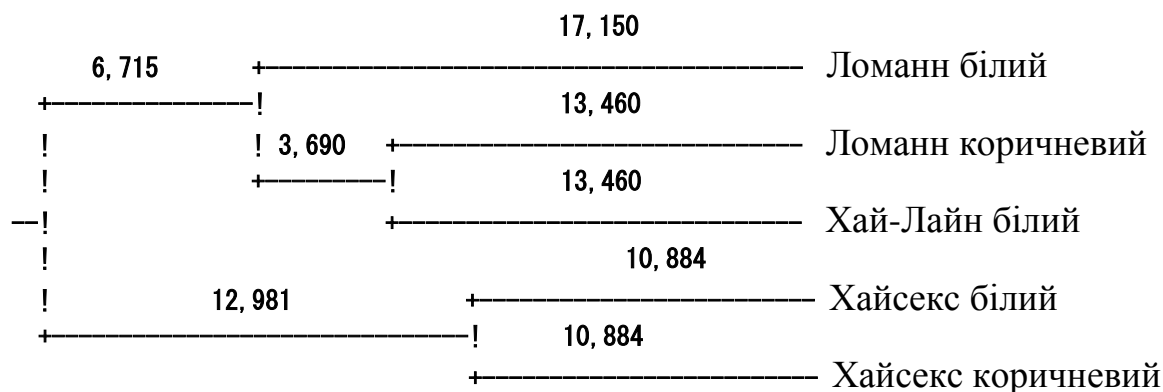


Рис. 3. UPGMA-дендрограма подібності, побудована на основі матриці генетичних дистанцій М. Нея, розрахованих між особинами різних кросів курей за поліморфізмом 5 мікросателітних локусів

АНАЛІЗ МІКРОЕВОЛЮЦІЙНИХ ПРОЦЕСІВ У ПОПУЛЯЦІЯХ ВИДІВ *BOS TAURUS*, *EQUUS CABALLUS*, *CANIS FAMILIARIS*, *GALLUS DOMESTICUS*.

Результати аналізу одержаних даних свідчили про приблизно однаковий рівень мікроеволюційних процесів в досліджених популяціях, адже у всіх досліджених видів ссавців не було зафіксовано істотних відмінностей за показником *M-ratio*.

Аналіз генетико-автоматичних процесів в популяціях різних порід великої рогатої худоби. Результати оцінювання та порівняння значень фактичної та рівноважної гетерозиготності свідчили про наявність тенденції прояву ефекту «пляшкового горлечка» для худоби породи сіра українська, оскільки нульову гіпотезу в її випадку можна було відкинути з рівнем значущості $p=0,014$ (тест знаків).

Відповідно до результатів тесту Вілкоксона (*Wilcoxon test*) в української червоно-рябої молочної та сірої української порід достовірно ($p<0,05$, та $p<0,01$) мав місце дефіцит гетерозигот. У сірої української худоби однакове число локусів достовірно ($p<0,05$) знаходилося в стані нестачі та надлишку за гетерозиготністю. Випадки зчепленого успадкування різних локусів відмічалися у тварин всіх досліджених порід великої рогатої худоби. Однак, оцінка міри невідповідного об'єднання гамет (*HWD*) у тварин породи сіра українська (0,328) достовірно ($p<0,001$) переважала відповідну у корів решти порід, а значення даного показника у тварин української чорно-рябої молочної породи були близьким до нуля (-0,021), що є свідченням того, що об'єднання гамет в даній популяції були

практично випадковим. Велике значення N_{LD} для СУ (39) свідчило про високий ступінь інбредності даної популяції (табл. 15).

15. Результати аналізу LD досліджених порід

Порода	N_{LD}	HWD	df	χ^2	p
Українська червоно-ряба молочна	12	0,117	10	8,56	0,575
Українська чорно-ряба молочна	7	-0,021	10	7,30	0,696
Сіра українська	39	0,328	10	41,96	0,000

Результати проведених розрахунків ефективної чисельності досліджених порід говорили про те, що українська червоно-ряба молочна порода знаходилася в сприятливому стані (ефективна чисельність 554,6 з довірчим інтервалом 132,8 – нескінченість особин), українська чорно-ряба молочна порода – у загрозовому (ефективна чисельність 397,1 з довірчим інтервалом 93,2 – нескінченість особин), а сіра українська – на межі зникнення (ефективний розмір цієї популяції становив 25,1, з довірчим 95% інтервалом 15,7-44,2 особин)

Аналіз мікроеволюційних процесів у популяціях досліджених порід коней. Результати оцінки та порівняння значень фактичної та рівноважної гетерозиготності свідчили про наявність прояву ефекту «пляшкового горлечка» у всіх досліджених порід коней, оскільки нульову гіпотезу в даному випадку можна було відкинути (з рівнем значущості) для гуцульської ($p < 0,05$), для української верхової ($p < 0,01$) та для чистокровної верхової породи коней ($p < 0,001$) (тест знаків) (табл. 16).

16. Параметри гетерозиготності для мікросателітних локусів коней різних порід

Локус	Гуцульська		Чистокровна верхова		Українська верхова	
	H_o	H_{eq}	H_o	H_{eq}	H_o	H_{eq}
HTG04	0,808	0,832	0,588	0,671	0,783	0,871
HMS06	0,808	0,818	0,647	0,767	0,796	0,860
HTG06	0,692	0,852	0,608	0,767	0,855	0,890
ATH04	0,910	0,851	0,765	0,823	0,789	0,890
ASB23	0,859	0,851	0,824	0,884	0,816	0,882
ASB17	0,885	0,877	0,706	0,800	0,901	0,896
CA425	0,756	0,762	0,314	0,768	0,691	0,896
HTG07	0,679	0,791	0,647	0,769	0,724	0,845
HMS03	0,718	0,836	0,588	0,843	0,796	0,896
VHL20	0,833	0,851	0,725	0,769	0,914	0,889
HMS07	0,577	0,816	0,765	0,797	0,862	0,880
Тест знаків	0,03863		0,00006		0,00801	

Відповідно до результатів тесту Вілкоксона (*Wilcoxon test*) в українській верхової та чистокровної верхової порід достовірно ($p < 0,05$, $p < 0,001$) мав місце

дефіцит гетерозигот. Відмічалось зчеплене успадкування різних локусів у тварин досліджених порід свійських коней. За результатами розрахунків ефективної чисельності всі досліджені породи коней знаходились у загрозовому стані, а Гуцульська порода наближалась до межі зникнення (ефективний розмір цієї популяції становив 55,1, з довірчим 95% інтервалом 44,9-69,0 особин).

Оцінювання мікроеволюційних процесів у собак. Випадки зчепленого успадкування різних локусів відмічались лише у тварин породи німецька вівчарка (табл. 17). Хоча, в цілому, оцінка міри невинного об'єднання гамет (HWD) у тварин породи російський той-тер'єр (0,2405) переважали відповідну у собак порід німецька вівчарка (0,1054) та німецький дог (0,0081) виявлені відмінності були недостовірними ($p > 0,05$). Значення даного показника у тварин породи німецький дог було близьким до нуля (0,0081), що є свідченням того що об'єднання гамет в даній популяції були практично випадковим.

17. Ефективна чисельність різних порід собак, за поліморфізмом мікросателітів ДНК

Порода	N_e	95% довірчий інтервал
Німецька вівчарка	88,2	21,1-нескінченість
Німецький дог	28,9	8,5-нескінченість
Російський той-тер'єр	124,0	24,9-нескінченість

Позитивне значення N_{LD} для породи німецька вівчарка (1 випадок з 5) свідчило про наявність інбредного навантаження в даній популяції тварин і, відповідно, відсутність такого навантаження в популяціях порід німецький дог та російський той-тер'єр. Відповідно до результату проведених розрахунків німецька вівчарка та російський той-тер'єр знаходились у загрозовому стані, а німецький дог – на межі зникнення (ефективний розмір цієї популяції становив 28,9, з довірчим 95% інтервалом 8,5-нескінченість особин). Що, безумовно, є наслідком специфіки селекційних підходів до створення і розведення окремих порід собак. І свідчить про неоднозначне сприйняття даної характеристики при роботі з синтетичними породами.

ПОРІВНЯЛЬНИЙ АНАЛІЗ ВНУТРІШНЬОВИДОВИХ ТА МІЖВИДОВИХ ОСОБЛИВОСТЕЙ ГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ НА РІЗНИХ РІВНЯХ ОРГАНІЗАЦІЇ ГЕНОМУ

Особливості внутрішньотаксономічного поліморфізму різних видів свійських тварин. Було визначено особливості розмаху генетичного поліморфізму (Lim_{Na}) який становив (велика рогата худоба – 6-8; коні – 11-16; собаки – 5-13; курка – 3-17) і генотипового (Lim_{Ng}) (велика рогата худоба – 11-32; коні – 8-57; собаки – 7-24; курка – 4-32) поліморфізму та практично однакові, профілі індивідуальної гетерозиготності (велика рогата худоба – 0,759; коні – 0,773; курка – 0,597), що вказує на загальні тенденції формування геномів різних представників досліджених одиниць, про що свідчили результати розрахунків M -ratio.

Для всіх дослідних порід всіх таксонів характерною була наповненість певними алелями та генотипами окремих мікросателітних локусів ДНК.

Значний рівень консолідованості порід підтверджувався результатами розрахунків рівноваги за Гарді-Вайнбергом (МСМС), а саме: велика рогата худоба: українська чорно-ряба молочна порода знаходилась в стані генетичної рівноваги за 8 мікросателітними локусами з 10, українська червоно-ряба молочна – за 7 з 10, а сіра українська – лише за 3; коні: гуцульська порода – за 7 з 11, чистокровна верхова – за 4 з 11 і українська верхова – за 2 мікросателітними локусами ДНК; собаки: німецька вівчарка – за 3 з 5, а німецький дог та російський той-тер'єр – за 1 мікросателітним ДНК-локусом з п'яти. Висока консолідованість окремих порід різних видів, також, підтверджувалася нижчим рівнем фактичної гетерозиготності ніж очікуваної в середньому по видах і по всіх породах та значеннями індексів S . Райта F_{is} та F_{it} (велика рогата худоба – 0,033 та 0,092; коні – 0,062 та 0,108; собаки 0,100 та 0,142, відповідно).

Середні значення потоку генів для різних видів коливались від 4,679 та 5,599, відповідно у собак та коней до 8,075 у великої рогатої худоби.

Точність прогнозу щодо віднесення певної тварини до однієї з порід (*assignment*-тест) становив від 41% (німецька вівчарка) до 93,6% (гуцульські коні) та 92,2% (англійські чистокровні коні), а щодо віднесення певної тварини до одного з видів від 58,2% (собаки) до 84% (велика рогата худоба) та 88% (коні).

Випадки зчепленого успадкування різних мікросателітних локусів ДНК було відмічено тільки в сірої української породи великої рогатої худоби ($HWD=0,328$; $N_{LD}=39$; $p<0,001$) та собак породи німецька вівчарка ($HWD=0,2405$; $N_{LD}=1$; $p<0,05$). Об'єднання гамет у тварин решти порід досліджених видів було практично випадковим.

Відповідно до результатів розрахунків ефективної чисельності популяцій (N_e) в сприятливому стані перебувала тільки українська червоно-ряба молочна порода великої рогатої худоби – 554,6), у загрозовому стані знаходились популяції української чорно-рябої молочної породи великої рогатої худоби (5397,1), української верхової (103,9) та чистокровної верхової (96,2) порід коней, собак порід німецька вівчарка та російський той-тер'єр (88,2 та 124,0, відповідно), на межі зникнення – гуцульська порода коней (55,1), а за цією межею сіра українська порода великої рогатої худоби (25,1) та собаки породи німецький дог (28,9).

Тварини українських популяцій різних порід *Ungulata* всередині таксонів характеризувались незначним, але достовірним рівнем генетичної диференціації (F_{st}) (велика рогата худоба – 0,122, коні – 0,049, – 0,047, курка – 0,143), що підтверджувалось результатами аналізу молекулярної мінливості (AMOVA). Відносно низькі значення генетичної диференціації (Φ_{st}) між досліджуваними породами (велика рогата худоба – 0,058, коні – 0,089, собаки – 0,082 та курка – 0,228) демонстрували високий рівень значущості ($p<0,001$). А одержані дані характеризувалися високими рівнями достовірності, свідченням чого були значущість різниці між частотами виявлених алельних ($p<0,001$) та генотипових ($p<0,001$) варіантів.

Для усіх досліджених видів розподіл частот виявлених алельних варіантів відповідав покроковій мутаційній моделі (SMM) (вона була більш адекватною для апроксимації рівня алельного різноманіття за всіма, без виключень, дослідженими мікросателітними локусами, в порівнянні з моделлю IAM ($p < 0,001$). Остання значно завищувала фактичні величини, як по кожній породі зокрема, так і по кожному з досліджених видів у цілому. Що робить саме модель SMM оптимальною для прогнозування та моделювання генетичних процесів в популяціях свійських тварин.

В усіх досліджених видів ссавців (3) високопродуктивні (інтенсивні), відкриті для прилиття нового генетичного матеріалу, популярні породи свійських тварин, такі як українська червоно-ряба молочна й українська чорно-ряба молочна породи великої рогатої худоби, українська верхова порода коней та собаки порід німецька вівчарка й російський той-тер'єр, характеризувались підвищеним рівнем генетичного поліморфізму. Це підтверджувалось більшою середньою кількістю виявлених генотипів (24,0 й 22,3; 43,8 та 18,4 й 10,8, відповідно) та рідкісних генотипів ($Ng_1=13,8$ й 13,1, та 21,3 й 8,6 й 5,8; $Ng_2=5,0$ й 5,3 та 9, 4,8 й 3,2, відповідно), породоспецифічних генотипів (9,0 й 8,1, 27,9 та 5,8 й 1,4, відповідно) ефективних алелів (6,757 й 6,023, 7,63 та 6,451 й 5,467, відповідно) та вищими значеннями індексу Шеннона, (2,021 й 1,924, 2,250 та 2,250 й 1,958, відповідно). Українська червоно-ряба молочна й українська чорно-ряба молочна породи великої рогатої худоби та українська верхова порода коней мали найвищі значення фактичної (0,784 й 0,821 та 0,812, відповідно), очікуваної (0,844 й 0,819 та 0,865, відповідно) й індивідуальної (0,784 й 0,821, та 0,784, відповідно) гетерозиготностей, індексу поліморфізму досліджених локусів (0,826 й 0,807 та 0,842, відповідно). Найменший рівень поліморфності було виявлено у найдавніших порід – сірої української породи великої рогатої худоби, чистокривної верхової у коней та собак породи німецький дог.

У сірої української породи було виявлено найбільшу кількість локусів за якими зафіксовано найбільшу кількість виявлених алелів (4), за якими зафіксовано найбільшу кількість породоспецифічних алелів (6), а також, власне породоспецифічних алелів ($Na_{unic}=11(0,022)$). Порода характеризувалась проявом ефекту «пляшкового горлечка», оскільки нульову гіпотезу в її випадку можна було відкинути з рівнем значущості $p=0,014$ (тест знаків). Мав місце високий ступінь інбредованості даної популяції (невипадковість об'єднання гамет ($HWD=0,328$, N_{LD} для сірої української (39 випадків з 45), а сама порода перебувала на межі зникнення, адже ефективна чисельність (Ne) її становила 25,1 голів, з довірчим 95% інтервалом 15,7-44,2 особин. Також в неї зафіксовано найвужчі генотипові спектри за всіма мікросателітними локусами ДНК та більш високий ніж в решти порід худоби рівень наповненості певними (1-3) генотипами переважної більшості локусів.

Локальні породи (гуцульська порода коней), характеризувалися більшими розмірами алелів, середнім рівнем поліморфізму ($Na=10$, $Ng=26$, $Ng_1=11,64$ $Na_1=7$, $Ng_2=5,09$, $Na_{unik}=3$, $Ng_{unik}=70$ $Ne=5,253$ $Ho=0,775$, $He=0,802$, $Hi=0,673$ $I=1,869$,

РІС=0,779) та широким розмахом спектрів генотипової мінливості (Lim_{Ng}), за 6 мікросателітними локусами ДНК з 11 досліджених.

Для собак породи німецький дог характерними виявились найбільші значеннями фактичної (0,754), очікуваної (0,833) та індивідуальної (0,820) гетерозиготностей та індексу поліморфізму (0,812) найменша кількість виявлених (10,4) та рідкісних ($Ng_1=5$, $Ng_2=3$) генотипів, а також відсутність породоспецифічних алелів та генотипів.

Російські той-тер'єри характеризувалися досить широким, але з великою кількістю випадінь, спектрами алельної та генотипової мінливості, високою консолідованістю за певними алелями, найбільшою кількістю породоспецифічних алелів (2(0,025) та найменшою середньою кількістю виявлених (8,2) алельних варіантів та найнижчими значеннями фактичної (0,690), очікуваної (0,788), та індивідуальної (0,690) гетерозиготностей, індексів Шеннона (1,804) та поліморфізму (0,766)

Найбільшу кількість алелів (Na), породоспецифічних алелів (Na_{unic}), а також локусів за якими було виявлено унікальні алелі та локусів за якими виявлено найбільшу кількість алелів взагалі, зафіксовано у наймолодших (тобто таких де ще не завершений процес формування власної специфічної генетичної структури) порід – української верхової породи коней та собак породи російський той-тер'єр, а також аборигенної (однієї з найдавніших культурних порід – сірої української породи великої рогатої худоби).

Найбільшу консолідованість, як за кількістю виявлених алелів так і за розмахом алельних спектрів, виявили найдавніші породи з найбільш суворими стандартами селекційної роботи – чистокровна верхова ($p<0,001$) та німецький дог ($p<0,05$). Цей факт може бути наслідком порівняно невеликого розміру світових популяцій даних порід та більш тривалого (німецький дог, за деякими даними, з більш ніж 36 року до н.е.) розведення за дотримання суворих стандартів селекційної роботи і, як наслідок, меншого генетичного поліморфізму.

Кроси фірми Ломанн характеризувалися ширшими алельними спектрами і меншими розмірами алелів. Причому коричневий крос дещо переважав білий. Курка кросу Ломанн білий вирізнялась серед птиці інших кросів надзвичайною наповненістю окремих локусів певними алелями.

Аналіз особливостей генетичного поліморфізму у різних видів свійських тварин. У зв'язку з некоректністю (неможливістю) безпосереднього порівняння генетичного поліморфізму у різних таксонів через використання різних мікросателітних локусів ДНК, з метою здійснення такого порівняння в різних таксонах було здійснено аналіз статистичних характеристик (табл. 18). В результаті проведеної роботи встановлено, що середня кількість алелів була найбільшою у коней і значно нижчою у решти досліджених порід.

18. Алельний поліморфізм різних видів свійських тварин

Вид	Na	Na_{unic}	Частота Na_{unic}	Rarefaction (25)	
				Na	Na_{unic}
Велика рогата худоба	11,3 (8-16)	23	0,031	8,763±1,938	0,74±0,827

Коні	14,8 (12-16)	46	0,0182	10,154±2,691	1,149±1,453
Собаки	10,8 (9-13)	3	0,0337	8,393±2,35	0,344±0,581
Курка	11,6 (6-22)	17	0,0225	5,865±2,077	0,570±0,910

Найбільший розмах, найменшу та найбільшу кількість виявлених алелів зафіксовано у свійської курки (6-22), у ссавців ці показники були практично однаковими з найбільшим значенням (12-16) у свійських коней і найнижчим (9-13) у свійських собак.

Кількість породоспецифічних алелів в досліджених таксонах коливалась від 3 у собак до 46 у коней, за середніх значень у свійської курки (17) та великої рогатої худоби (23). Такі алелі виявляли в усіх видах з практично однаковою частотою, в середньому 0,026, від 0,018 у коней, з середнім 0,023 значенням у курки, до 0,031 у собак та 0,034 у великої рогатої худоби.

З метою порівняння рівнів генотипового поліморфізму в різних таксонах було здійснено порівняльний аналіз статистичних характеристик (табл. 19).

19. Генотиповий поліморфізм різних видів свійських тварин

Вид	Ng	Ng ₁	Ng ₂	Ng _{unic}
Велика рогата худоба	41,2	15,4	7,8	22,6
Коні	57,36	21	9,81	35,73
Собаки	22,4	5,4	4,2	7,2
Курка	31,4	5,6	4,8	18,4

За всіма дослідженими характеристиками генотипового поліморфізму найбільші рівні було виявлено у коней, дещо нижчі у великої рогатої худоби та курки і найнижчі – у собак.

Специфічні генотипи було виявлено у всіх видів ссавців крім собак породи німецький дог, та у всіх досліджених кросах свійської курки. Найбільшу кількість породоспецифічних генотипів виявлено у коней (35,73) породи українська верхова (27,91), а найменшу – у собак (7,2) породи російський той-тер'єр (1,4) та курей кросів Ломанн білий (1,0) та Хай-Лайн W-98 (1,0).

Свійська курка характеризувалась найнижчими значеннями кількості виявлених (6,6) та ефективних (3,85) алелів, індексів Шеннона (1,42) та поліморфізму (0,644), а також фактичної (0,684) та очікуваної (0,624) гетерозиготностей (табл. 20). Для цього таксона зафіксовано найнижчі значення PE (0,39) та CRE (0,9212).

20. Популяційно-генетичні характеристики різних видів

Вид	Na	Ae	I	Ho	He	PIС
Велика рогата худоба	9,30	6,16	1,939	0,760	0,825	0,807
Коні	10,76	5,61	1,886	0,747	0,791	0,764
Собаки	8,60	6,05	1,894	0,755	0,817	0,795
Курка	6,60	3,85	1,420	0,624	0,684	0,644

Згідно одержаних результатів досліджень найбільші значення всіх розрахованих популяційно-генетичних характеристик, а саме кількості ефективних алелів (A_e), очікуваної (H_e), фактичної (H_o) гетерозиготності, індексу Шеннона (I) та індекса поліморфізму (PI_C) серед ссавців зафіксовано у великій рогатій худобі, дещо нижчі відмічено у собак і найнижчі – у свійських коней. Ще нижчі значення перерахованих характеристик було виявлено у свійської курки.

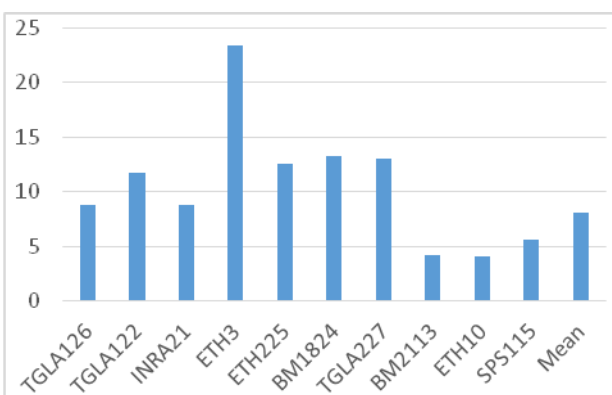
Відповідно до значень індексів Райта (F_{is} та F_{it}) найбільш консолідованим таксоном була свійська курка ($F_{is}=0,131$ та $F_{it}=0,257$). З ссавців найбільший рівень консолідованості виявляли свійські собаки, середній – коні і найменший – велика рогата худоба, що відповідає специфіці племінної роботи з особинами різних видів. Порівняно невисокі значення цих індексів свідчать про незначний рівень гомогенності популяцій у ссавців і значно вищий у курки, що є свідченням практичної відсутності дефіциту гетерозигот у ссавців і наявності певної нестачі у свійської курки, що проявлялося у достовірних оцінках індексу фіксації (табл. 21).

21. Індеси фіксації С. Райта за результатами мікросателітного аналізу

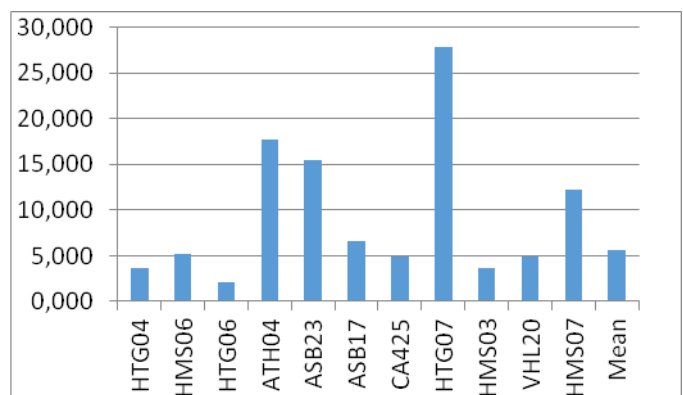
Вид	F_{is}	F_{it}	F_{st}
Велика рогата худоба	0,033	0,092	0,122
Коні	0,062	0,108	0,049
Собаки	0,100	0,142	0,047
Кури	0,131	0,257	0,143

Водночас, всі досліджені таксони характеризувалися незначним, але достовірним рівнем генетичної диференціації, з найвищим її рівнем у курки (0,143) та великої рогатой худоби (0,122) і найнижчим у коней (0,049) та собак (0,047).

Як свідчили діаграми потоку генів (рис. 4) в кожному таксоні наявний один локус за яким значення потоку генів було значно більшим від решти локусів, що свідчило про те, що переважний дрейф генів відбувався у великій рогатой худобі за локусом ETH03 (23,4), у свійських коней – HTG07 (27,786), у собак – FHC2054 (12,261) і у курей – ADL268 (4,164)



А



Б

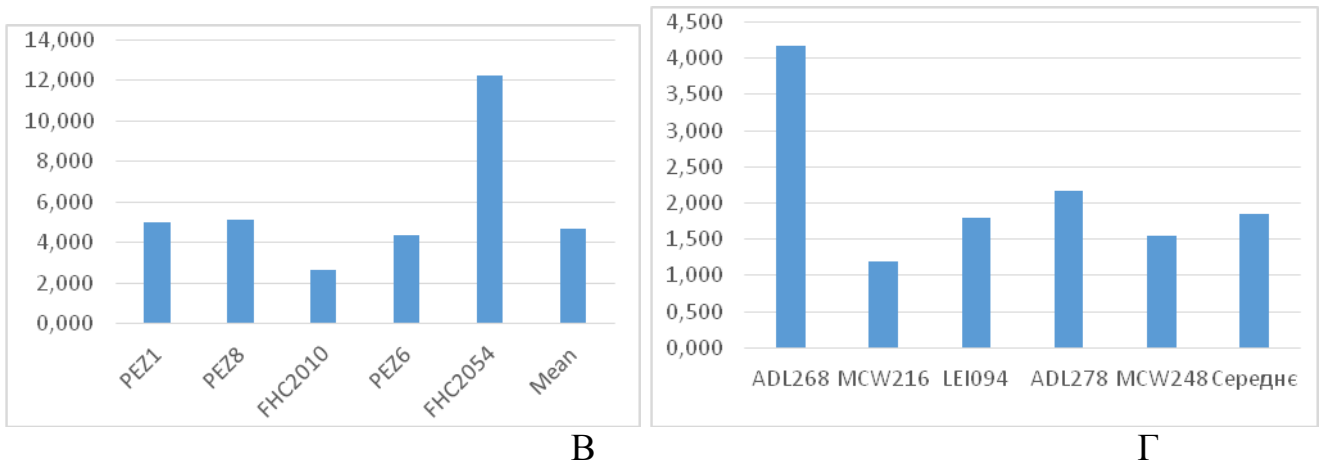


Рис. 4. Потік генів в різних видах свійських тварин: А - велика рогата худоба; Б - коні; В -собаки; Г - курка

Результати аналізу молекулярної мінливості (рис. 5) говорили про те, що у ссавців всіх досліджених видів генотипова мінливість на 91-94% обумовлена індивідуальними відмінностями між тваринами, і на 6-9% породною належністю (тобто, походженням), в той час, як у свійської курки це співвідношення було, відповідно 77% до 23%. Причому, незважаючи на низькі значення, генетична диференціація між оціненими групами тварин була достовірною ($p < 0,001$).

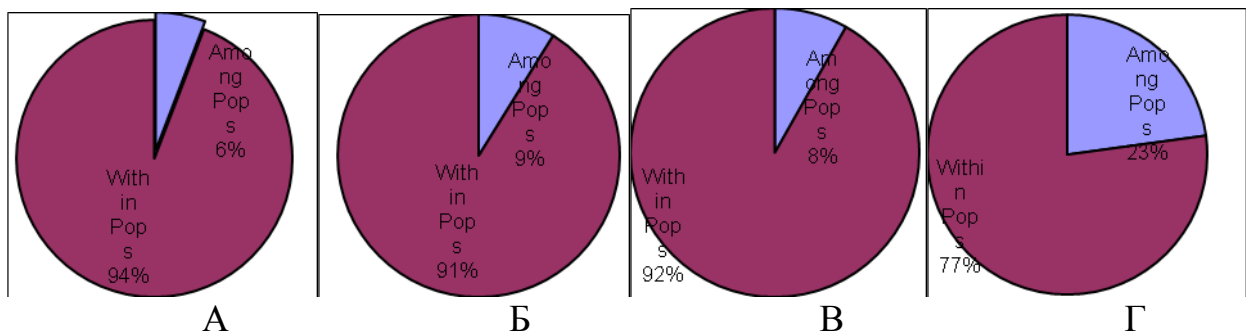


Рис. 5. Молекулярна мінливість різних видів свійських тварин. Її зумовленість: А - велика рогата худоба; Б - коні; В -собаки; Г - курка

Результати *assignment*-тесту, проведеного на підставі емпіричного розподілу мультилокусних генотипів для різних таксонів свідчили про те, що точність прогнозу щодо віднесення певної тварини до певного виду становила близько 77%. Від 58,2% у собак до 88% у коней (табл. 22).

22. Результати assignment-тесту для різних видів свійських тварин

	Велика рогата худоба	Коні	Собаки	Курка
Точність прогнозу	84 (81-89)	88 (83,6-93,6)	58,2 (41-80)	78,4 (60,7-99)

Одержані дані були високодостовірними, свідченням чого є різниця між частотами виявлених алелів та генотипів – $p < 0,001$, за всіма мікросателітними

локусами ДНК для великої рогатої худоби та коней та курки, а для собак тільки за локусами FHC2054 та PEZ06 ($p < 0,05$ та $p < 0,001$, відповідно).

ІНФОРМАТИВНІСТЬ РІЗНИХ МІКРОСАТЕЛІТНИХ МАРКЕРІВ ТА ЇХ ЗАСТОСУВАННЯ У МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИХ ДОСЛІДЖЕННЯХ РІЗНИХ ВИДІВ ТВАРИН

За результатами досліджень з'ясовано, що для великої рогатої худоби найбільш інформативними, як за кількістю одержаних ампліконів (36,32 та 38), виявлених алелів (17, 13 та 16), генотипів (48, 54 та 60), рідкісних (14/13, 21/14 та 31/12) та породоспецифічних (33, 30 та 38) генотипів були мікросателітні локуси TGLA122, INRA023 та TGLA227, відповідно, з динуклеотидною структурою (AC)_n та (TG)_n.

Ця тенденція спостерігалась і для інших представників класу *Ungulata* – свійських коней, де також, мікросателіти ASB17, АНТ04, та НТG06, ASB23 з динуклеотидною структурою (AC)_n та (TG)_n були найбільш поліморфними, як за кількістю одержаних ампліконів (37, 35 та 33, 38), виявлених алелів (16, 15 та 16, 16), генотипів (71, 62 та 64, 67), та породоспецифічних генотипів (42, 33 та 48, 41), відповідно. Найінформативнішим у свійської курки був локус LEI094 з коровим мотивом тандемних динуклеотидних послідовностей (AC)_n з середньою та великою вагою ампліконів (141-283) та великим діапазоном, як алельних (22) та генотипових (55) варіантів так і ампліфікованих фрагментів (51). Але у яєчного кросу Хай-Лайн W-98 фірми Хай-Лайн найвищою інформативністю характеризувались, також, локуси ADL0268 та ADL0278 з (GT)_n та (TG)_n, відповідно, що, вочевидь, є наслідком специфіки селекційної роботи з кросами.

У свійських собак найінформативнішими були мікросателітні локуси з коровим мотивом тандемних послідовностей або чисто пуриновим (GAAA)_n – PEZ06 або чисто піримідиновим (CTTT)_n – PEZ08, причому для піримідинової послідовності характерним був великий розмір ампліконів (222-248), а для пуринової дещо менший –174-202 п.н. що, вочевидь, є характерною особливістю мікросателітів з тетрануклеотидною структурою корового мотиву, які у представників даного виду є найінформативнішими з точки зору FAO, ISAG та AKC.

З метою оцінки точності роботи і достовірності одержаних результатів для розроблених мультиплексних систем було розраховано значення вірогідності виключення випадкового збігу алелів (PE) та комбінованої вірогідності виключення випадкового збігу алелів (CPE), які здебільшого використовуються для оцінки достовірності результатів експертизи походження племінних тварин.

Для великої рогатої худоби зафіксовано найвище серед ссавців значення PE (0,559), для коней – найнижче (0,502), а для собак це значення дорівнює 0,542.

ВИСНОВКИ

1. Теоретично обґрунтовано та експериментально доведено доцільність застосування запропонованої комплексної системи використання поліморфізму мікросателітних локусів ДНК в системі оцінювання генетичних ресурсів популяцій різних видів свійських тварин.

2. Вдосконалено та оптимізовано методику мультиплексного генотипування різних видів свійських тварин за високополіморфними мікросателітними локусами ДНК, яка дає змогу прискорити та зменшити витрати на здійснення генотипування тварин.

3. Виявлено, що з досліджених 26 мікросателітних локусів ДНК з динуклеотидною структурою найвищий рівень інформативності для всіх досліджених видів було зафіксовано за локусами з коровими мотивами (AC)_n та (TG)_n. У представників *Ungulata* (*Bos taurus* та *Equus caballus*) найінформативнішими були (AC)_n та (TG)_n локуси. Найбільшою молекулярною масою (201-225 пн. та 144-164 пн., відповідно) характеризувались (AC)_n послідовності, що вказує на специфічні особливості даних видів. У представників *Aves* (*Gallus gallus*) найбільш інформативними були локуси з мотивом (AC)_n (вагою у 141-283 пн.). Лише для кросу Хай-Лайн білий встановлено високу інформативність і (TG)_n (GT)_n структур. Серед 5 досліджених тетрануклеотидних послідовностей які досліджувались у представників *Canis familiaris* найвищий рівень інформативності виявлено за локусами з послідовностями (GAAA)_n та (CTTT)_n, причому піримідинові послідовності мали більший розмір ампліконів (222-248 пн.) ніж пуринові (174-202 пн.). Виявлені відмінності вочевидь, є характерними особливостями мікросателітів з тетрануклеотидною структурою корового мотиву.

4. Встановлено рівень алельного поліморфізму для великої рогатої худоби (Lim_{Na}) – 6-8 алелів на локус, коней – 11-16, собак – 5-13, курки – 3-17 алелів. Визначено межі генотипового поліморфізму (Lim_{Ng}) для великої рогатої худоби 11-32, коней – 8, собак – 7-24 і курки – 4-32 генотипи.

5. Створено «генетичні профілі досліджених порід. З'ясовано структуру алелофондів порід 4-х видів свійських тварин за мікросателітними локусами ДНК та встановлено породоспецифічні особливості генетичної структури порід за частотами мікросателітних локусів ДНК.

6. Визначено, що кількість встановлених породоспецифічних алелів ($p < 0,001$) в досліджених таксонах коливалась від 3 у собак до 46 у коней. Найбільшу кількість породоспецифічних генотипів виявлено у коней породи українська верхова (27,91), а найменшу – у собак породи російський той-тер'єр (1,4) та курей кросів Ломанн білий (1,0) та Хай-Лайн W-98 (1,0).

7. Зафіксовано звуження рівня поліморфізму, як за кількістю виявлених алелів так і за розмахом алельних спектрів, спостерігалось у чистокровної верхової породи коней ($p < 0,001$) та собак породи німецький дог ($p < 0,05$), що може бути наслідком порівняно невеликого розміру світових популяцій даних порід та тривалої спрямованої селекції.

8. Встановлено, що українська червоно-ряба молочна й українська чорно-ряба молочна породи великої рогатої худоби та українська верхова порода коней мали найвищі значення фактичної, очікуваної та індивідуальної гетерозиготностей, індексу поліморфізму досліджених локусів. Найменший рівень поліморфності виявлено у найдавніших порід – сірої української породи

великої рогатої худоби, чистокровної верхової породи коней та собак породи німецький дог.

9. Виявлено значний рівень консолідованості та збалансованості досліджених порід тварин, що підтверджується результатами розрахунків рівноваги за Гарді-Вайнбергом (МСМС). Відхилення від стану генетичної рівноваги було зафіксовано у тварин різних видів та порід: українська червоно-ряба молочна – за локусами BM1824, TGLA122 ($p < 0,001$), TGLA126 ($p < 0,001$) та ETH225 ($p < 0,05$); українська чорно-ряба молочна – за ETH225 та BM2113 ($p < 0,05$); сіра українська – за всіма дослідними локусами крім ETH225; гуцульська порода коней – за АНТ04, НТГ07 ($p < 0,01$), НТГ06 та HMS07 ($p < 0,001$); чистокровна верхова – за 7 локусами крім НТГ06, НТГ07, VHL20 та HMS07; українська верхова – за локусами VHL20 та HMS07; німецька вівчарка – за PEZ08 ($p < 0,001$) та FHC2010 ($p < 0,01$); німецький дог та російський той-тер'єр – за 4 мікросателітними локусами (крім PEZ08). Визначено дефіцит гетерозигот середньому по видам і по породам (для великої рогатої худоби $F_{is}=0,033$, $F_{it}=0,092$; для коней $F_{is}=0,062$, $F_{it}=0,108$; для собак $F_{is}=0,100$, $F_{it}=0,142$).

10. Встановлено, що тварини різних порід всередині таксонів характеризувались достовірним рівнем генетичної диференціації (F_{st}) (велика рогата худоба – 0,122, коні – 0,049, собаки – 0,047), а відносно низькі значення диференціації (F_{st}) (AMOVA) (велика рогата худоба – 0,058, коні – 0,089, собаки – 0,082) демонструють високий рівень значущості ($p \leq 0,001$), за високого рівня достовірності одержаних даних, свідченням чого є достовірність різниці між частотами виявлених алельних ($p < 0,001$) та генотипових ($p < 0,001$) варіантів.

11. Випадки зчепленого успадкування різних мікросателітних локусів відмічено у сірої української породи великої рогатої худоби ($HWD=0,328$; $N_{LD}=39$; $p < 0,001$) та собак породи німецька вівчарка ($HWD=0,2405$; $N_{LD}=1$; $p < 0,05$).

12. Визначено високу точність прогнозу щодо віднесення певної тварини до однієї з порід (assignment-тест) від 41% (німецька вівчарка) до 93,6% (гуцульські коні) та 92,2% (чистокровні верхові коні) та виду від 58,2% (собаки) до 84% (велика рогата худоба) та 88% (коні).

13. Встановлено, що за ефективною чисельністю популяцій в сприятливому стані перебувають тільки тварини української червоно-рябої молочної породи великої рогатої худоби (554,6), у загрозовому стані знаходились популяція української чорно-рябої молочної породи великої рогатої худоби (5397,1), української верхової (103,9) та чистокровної верхової (96,2) порід коней, собак порід німецька вівчарка та російський той-тер'єр (88,2 та 124,0, відповідно), на межі зникнення – гуцульська порода коней (55,1), а за цією межею сіра українська порода великої рогатої худоби (25,1) та собаки породи німецький дог (28,9).

14. Для популяції тварин української червоно-рябої молочної й української чорно-рябої молочної порід великої рогатої худоби, української верхової породи коней та собак породи німецька вівчарка встановлено підвищений рівень генетичного поліморфізму (середня кількість виявлених генотипів (24,0 й 22,9, 43,8 та 18,4, відповідно), рідкісних генотипів ($N_{g1}=13,8$ й 13,1; 21,3 та 8,6; $N_{g2}=5,0$ й 5,3; 9,0 та 4,8, відповідно), кількість породоспецифічних генотипів ($N_{g_{unik}}=9$ й 8,1; 27,9 та 5,8), кількість ефективних алелів (6,757 й 6,023; 7,627 та 6,451), індекс Шеннона,

(2,021 й 1,924; 2,250 та 1,958). Українська червоно-ряба молочна й українська чорно-ряба молочна породи великої рогатої худоби та українська верхова порода коней мали найвищі значення фактичної (0,784 й 0,821 та 0,812), очікуваної (0,844 й 0,819 та 0,865) й індивідуальної (0,784 й 0,821 та 0,784) гетерозиготності, індексу поліморфізму досліджених локусів (0,826; 0,807 та 0,842).

15. Для сірої української породи виявлено найбільшу кількість локусів за якими зафіксовано найбільшу кількість виявлених алелів (4), за якими зафіксовано найбільшу кількість породоспецифічних алелів (6), а також, власне породоспецифічних алелів ($N_{a_{unic}}=11$ (0,022), що вказує на прояв ефекту «пляшкового горлечка», оскільки нульову гіпотезу можна відкинути за рівнем значущості $p=0,014$ (тест знаків). Вірогідно це пов'язано з високим ступенем інбредності даної популяції (невипадковість об'єднання гамет ($HWD=0,328$, N_{LD} для СУ (39 випадків з 45), а сама порода перебуває на межі зникнення, адже ефективна чисельність (N_e) її становить 25,1 голів, з довірчим 95% інтервалом 15,7-44,2 особин.

16. З'ясовано, що для гуцульської породи коней був характерним більший розмір алелів, середній рівень поліморфізму ($N_a=10$; $N_g=26$; $N_{g_1}=11,64$; $N_{a_1}=7$; $N_{g_2}=5,09$; $N_{a_{unik}}=3$; $N_{g_{unik}}=70$; $A_e=5,253$; $H_o=0,775$; $H_e=0,802$; $H_i=0,673$; $I=1,869$; $PI_C=0,779$) та широкий розмахом спектрів генотипової мінливості (Lim_{N_g}), за 6 мікросателітними локусами ДНК з 11 досліджених.

17. Визначено, що для собак породи німецький дог характерними були найбільші значення фактичної ($H_o=0,754$), очікуваної ($H_e=0,833$), індивідуальної ($H_i=0,820$) гетерозиготностей та індексу поліморфізму ($PI_C=0,812$), найменша кількість виявлених ($N_g=10,4$) та рідкісних ($N_{g_1}=5$, $N_{g_2}=3$) генотипів.

18. Зафіксовано, що тварини породи російський той-тер'єр характеризувались досить широкими спектрами алельної та генотипової мінливості, високою консолідованістю за певними алелями, найбільшою кількістю породоспецифічних алелів ($N_{a_{unic}}=2$ (0,025), найменшою середньою кількістю виявлених ($N_a=8,2$) та ефективних ($A_e=5,46$) алельних варіантів та найнижчими значеннями фактичної ($H_o=0,690$), очікуваної ($H_e=0,788$), індивідуальної ($H_i=0,690$) гетерозиготностей, індексів Шеннона ($I=1,804$) та поліморфізму ($PI_C=0,766$).

ПРОПОЗИЦІЇ ВИРОБНИЦТВУ

1. В рамках проведення постійного генетичного моніторингу відповідно до міжнародної програми «Глобального плану дій щодо збереження, підтримання та розвитку генетичних ресурсів тварин» під егідою FAO та «Конвенції про охорону біологічного різноманіття» з метою оцінювання та прогнозування мікроеволюційних процесів у популяціях свійських тварин доцільно проведення аналізу поліморфізму за мікросателітними локусами ДНК на різних рівнях організації геному та застосування запропонованих комплексних математичних методів для моделювання генетичних процесів у популяціях.

2. У практичній роботі лабораторій з генетики та молекулярної діагностики для підвищення ефективності генотипування за мікросателітними локусами рекомендовано використання мультиплексних реакцій, що дозволяє суттєво зменшити час та собівартість досліджень.

3. Для прогнозування і моделювання генетичних процесів в популяціях тварин використовувати покрокову мутаційну модель (SMM).

4. Для підтвердження належності тварин до тієї чи іншої породи, мікропопуляції використовувати assignment-тест на основі створеної бази даних генетичних профілів порід тварин.

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

Монографії

1. Копилов К. В., Жукорський О. М., Копилова К. В., Метлицька О. І., Вдовиченко Ю. В., Балацький В. М., Порхун М. Г., **Шельов А. В.**, Шевченко Є. А., Писаренко Н. Б. Методологія оцінки генотипу тварин за молекулярно-генетичними маркерами в тваринництві України : монографія / за наук. ред. М. В. Гладія. Київ : Аграр. наука, 2014. 208 с. *(Здобувачем здійснено проведення частини експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

Публікації у наукових фахових виданнях України

2. Спиридонов В. Г., **Шельов А. В.**, Мельничук С. Д., Бородай В. П., Пономаренко Н. П. Молекулярно-генетичний аналіз популяцій курей кросу Ломанн коричневий. *Сучасне птахівництво*. 2009. № 9-10. С. 16-19. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

3. Спиридонов В. Г., **Шельов А. В.**, Мельничук С. Д., Ільницька Т. Є. Визначення достовірності походження коней української верхової породи та мікросателітний аналіз ДНК. *Біологія тварин*. 2009. Т. 11, № 1-2. С. 265-270. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

4. Резникова-Галашевич І. С., Спиридонов В. Г., **Шельов А. В.**, Мельничук С. Д. Генетический анализ популяции белого толстолоба (*Hypophthalmichthys molitrix*, Val) с использованием микросателлитных ДНК-маркеров. *Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України*. Київ, 2011. Т. 160, ч. 2. С. 306–309. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

5. **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Пономаренко Н. П., Бородай В. П., Мельник В. В., Мельничук С. Д. Молекулярно-генетичний аналіз популяцій курей кросу «Хайсекс білий». *Наукові доповіді НУБіП*. 2011. № 4 (26). http://www.nbu.gov.ua/e%2Djournals/Nd/2011_4/11sav.pdf *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

6. Спиридонов В. Г., **Шельов А. В.**, Кухтіна К. В., Стефурак Ю. П. Генетичний аналіз гуцульських коней за мікросателітними локусами. *Тваринництво України*. 2011. № 4. С. 15-18. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

7. **Шельов А.В.**, Спиридонов В.Г., Сонько Р.В., Глушаков Ю.І. Назаренко В.В., Омельченко Л.П. Генетичний аналіз популяції сірої української породи великої рогатої худоби. *Тваринництво України*. 2011. № 6. С.10-12. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

8. Мельник О. В., Дзіцюк В. В., Спиридонов В. Г., **Шельов А. В.**, Використання мікросателітів ДНК у конярстві. *Біологія тварин*. 2012. Т. 14. № 1-2. С. 678–681. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

9. **Шельов А. В.**, Копилова К. В., Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Оцінка генофонду молочних порід великої рогатої худоби за мікросателітними локусами ДНК. *Розведення і генетика тварин*. Київ : Аграр. наука, 2012. Вип. 46. С. 254-257. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

10. **Шельов А. В.**, Пономаренко Н. П., Бородай В. П., Мельник В. В., Палькіна М. Д., Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Аналіз генетичної структури популяцій курей кросів, створених на основі породи білий леггорн. *Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України*. Серія : Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва. Київ, 2012. Вип. 179. С. 121–128. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

11. Мельник О. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Генетичний поліморфізм коней української верхової породи за мікросателітними ДНК-маркерами. *Вісник Житомирського національного аграрного університету*. 2013. № 1, т. 2 (35). С. 75–78. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

12. **Шельов А. В.**, Пономаренко Н. П., Бородай В. П., Мельник В. В., Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Використання мікросателітних маркерів ДНК для контролю походження та однорідності популяцій сільськогосподарської птиці. *Сучасне птахівництво*. 2013. № 2 (123). С. 2-5. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

13. Копилов К. В., **Шельов А. В.**, Копилова К. В., Березовський О. В. Генетична структура популяцій української чорно-рябої та української червоно-рябої молочних порід за поліморфізмом QTL та STR маркерів. *Вісник Сумського національного аграрного університету*. 2014. Вип. 7 (26). С. 31–37. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).
14. Копилова К. В., **Шельов А. В.**, Березовський О. В., Копилов К. В. Генетична структура різних порід великої рогатої худоби за молекулярно-генетичними маркерами. *Науково-технічний бюлетень / Ін-т тваринництва НААН*. Харків, 2014. № 110. С. 76–83. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).
15. **Шельов А. В.** Поліморфізм мікросателітних локусів ДНК у різних видів сільськогосподарських тварин. *Розведення і генетика тварин*. Київ, 2015. Вип. 50. С. 183–189.
16. **Шельов А. В.**, Копилов К. В., Крамаренко С. С., Крамаренко О. С., Хмельничий Л. М. Специфіка генотипової структури різних порід свійських собак за мікросателітами ДНК. *Вісник Сумського національного аграрного університету*. Серія : Тваринництво. 2020. Вип. 4 (43). С. 128–132. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).
17. **Шельов А. В.**, Копилов К. В., Прокопенко Н. П., Крамаренко С. С., Крамаренко О. С. Алельний поліморфізм мікросателітних локусів ДНК яєчних курей. *Сучасне птахівництво*. 2020. № 7-8 (214-215). С. 22–27. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).
18. **Шельов А. В.**, Копилов К. В., Прокопенко Н. П., Крамаренко С. С., Крамаренко О. С. Генотипова структура яєчних кросів курей за мікросателітами ДНК. *Сучасне птахівництво*. 2020. № 11-12 (218-219). С. 16-21. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).
19. **Shelyov A. V.**, Kopylov K. V., Kramarenko S. S., Kramarenko A. S. Genetic structure of different equine breeds by microsatellite DNA loci. *Agricultural Science and Practice*. (WoS). 2020. № 2. P. 3–13. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).
20. **Шельов А.**, Копилов К., Крамаренко С., Крамаренко О. Алельний поліморфізм мікросателітних локусів ДНК трьох порід виду *Canis familiaris*. *Аграрний вісник Причорномор'я*. 2021. Вип. 98. С. 18-25. doi: 10.37000/abbsl.2021.98.04. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

Публікації у виданнях іноземних держав або у виданнях України, які включені до міжнародних наукометричних баз

21. Shelyov A. V., Melnyk O. V., Suprun I. O., Spurydonov V. G., Melnychuk S. D., Dzitsiuk V. V., Gopka B. M. The Comparative Analyzis of Allele Pool of Thoroughbred Horses in Different Countries. *Iranian Journal of Applied Animal Science*. 2014. Vol. 4 (3). P. 637–641. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

22. **Shelyov A. V.**, Kopylov K. V., Kramarenko S. S. Analysis of population-genetic processes in different cattle breeds by microsatellite loci of DNA. *Agricultural Science and Practice*. (WoS). 2017. № 1. P. 74-78. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

23. **Shelyov A. V.**, Kopylov K. V., Kramarenko A., Kramarenko S. Genetic variation determination and interbreed differentiation of two Ukrainian dairy cattle breeds using microsatellite loci of dna. *Agricultural Science and Practice*. (WoS). 2018. № 1. P. 51–58. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

Наукові праці апробаційного характеру

24. Кухтіна К. В., **Шельов А. В.** Використання STR-маркерів для експертизи достовірності походження коней. *Методологія наукових досліджень з питань селекції, генетики та біотехнології у тваринництві : матеріали наук.-теорет. конф. присвяч. пам. акад. УААН Валерія Петровича Бурката*. Київ : Аграр. наука, 2010. С. 76–77. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

25. Мельник О. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Зуєва Н. В. Генетичний аналіз жеребців чистокровної верхової породи за мікросателітами ДНК. *Зоотехнічна наука: історія, проблеми, перспективи : матеріали III міжнар. наук.-практ. конф., Кам'янець-Подільський, 2013*. С. 198-199. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

26. Мельник О. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г. Генотипування коней української верхової породи за мікросателітними локусами ДНК. *Сучасні проблеми розведення і селекції сільськогосподарських тварин : матеріали Міжнар. наук.-практ. конф., присвяч. 20-річ. створення кафедри розведення, генетики тварин та біотехнології Житомирського нац. агрокол. ун-ту і 75-річ. з дня народж. д-ра с.-г. наук, проф. Пелехатого Миколи Сергійовича*. Житомир, 2013. С. 8–10. (Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).

27. **Shelyov A.**, Melnyk O., Ignatenko A., Spyrydonov V., Melnychuk S., Kopylov K. Genetic Structure of Hucul horses using microsatellite loci of DNA. *Journal of Animal Science*. 2013. Vol. L. 4-5. P. 92-95 : Animal Science – Challenges and Innovations : scient. conf. with intern. part., 30 Oct.-1 Nov., 2013. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

28. Шельов А. В. Різноманіття мікросателітної структури популяцій сільськогосподарських тварин. Актуальні дослідження з проблем розведення та генетики у тваринництві : матеріали XIII Всеукр. наук. конф. молодих вчених та аспірантів, присвяч. пам'яті акад. НААН Михайла Васильовича Зубця (28 трав. 2015 р.) / НААН, Ін-т розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця. – Чубинське, 2015. – С. 56-57.

Додатково відображають наукові результати дисертації

29. **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Парій М. Ф., Мельничук С. Д. Генотипування коней української верхової породи з використанням панелі SSR-маркерів. *Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів*. 2009. Т. 7, № 2. С. 257–261. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

30. Спиридонов В. Г., **Шельов А. В.**, Кухтіна К. В., Мельничук С. Д., Григорюк І. П. Генетична ідентифікація та експертиза походження свійських коней (*Equus caballus*) мікросателітними фрагментами дезоксирибонуклеїнової кислоти : метод. рек. Київ, 2010. 22 с. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

31. **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Кухтіна К. В. Застосування молекулярно-генетичних методів діагностики у тваринництві. *Геномна селекція у тваринництві: стан та перспективи розвитку* : матеріали творч. дискусії. Київ : Аграр. наука, 2011. С. 68–72. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

32. Резникова-Галашевич І. С., Степура В. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Табака П. П., Мельничук С. Д., Алимов С. І. Генетична ідентифікація промислових видів риб : метод. рек. Київ : ВЦ НУБіП України, 2011. 33 с. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

33. Мельник О. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г. Впровадження генетичної експертизи походження коней за ДНК-маркерами. *Сучасна ветеринарна медицина*. 2012. № 4. С. 46-49. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

34. Бородай В. П., Пономаренко Н. П., Мельник В. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г. Інформаційна база даних (каталог) показників генетичної

структури популяцій курей спеціалізованих яєчних кросів, які використовують в Україні. Київ : ТОВ «Аграр Медіа Груп», 2012. 20 с. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

35. Бородай В. П., Пономаренко Н. П., Мельник В. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Рекомендації щодо проведення генетичної оцінки популяцій курей спеціалізованих яєчних кросів із застосуванням ДНК-маркерів. Київ : ТОВ «Аграр Медіа Груп», 2012. 41 с. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

36. Дзіцюк В. В., Яценко В. М., Круглик С. Г., Мельник О. В., **Шельов А. В.**, Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Генетична ідентифікація собак : метод. рек. Київ : ВЦ НУБіП України, 2012. 33 с. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

37. **Шельов А. В.**, Мельник О. В., Спиридонов В. Г., Мельничук С. Д. Зуєва Н. В. Оцінка української популяції чистокровної верхової породи коней за мікросателітними ДНК-маркерами. *Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів*. 2013. Т. 11, № 1. С. 153–158. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

38. Kopylov K. V., Kopylova K. V., **Shelov A. V.**, Berezovsky O. V. Use of the Molecular-genetic Markers in the Selection Process of the Ukrainian Animal Husbandry. *Agricultural Science and Practice*. 2014. № 2. P. 24-32. *(Здобувачем здійснено проведення експериментів, збирання інформації, біометричну обробку, викладення частини основного змісту, аналіз результатів, формування висновків).*

39. Копилов К. В., Бірюкова О. Д., **Шельов А. В.**, Добрянська М. Л., Мохначова Н. Б., Маковська Н. М., Стародуб Л. Ф. Визначення адаптаційної здатності племінних ресурсів молочної худоби та молекулярно-генетичні методи у системі збереження біологічного різноманіття тварин : метод. рек. Чубинське, 2020. 36 с.

АНОТАЦІЯ

Шельов А.В. Поліморфізм генетичних ресурсів тварин за мікросателітними локусами ДНК. – На правах рукопису.

Дисертація на здобуття наукового ступеня доктора сільськогосподарських наук за спеціальністю 03.00.15 – генетика. – Інститут розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН, с. Чубинське Київської обл., 2021.

У дисертаційній роботі викладено результати теоретичного обґрунтування, розробки та апробації комплексної системи оцінювання генетичного різноманіття у представників різних таксономічних груп на різних рівнях організації геному (алельному, генотиповому та популяційному) за мікросателітними локусами ДНК, із використанням сучасних методів математико-статистичного аналізу.

В результаті проведеної роботи вдосконалено та оптимізовано методику мультиплексного генотипування різних видів свійських тварин за високополіморфними мікросателітними локусами ДНК.

Визначено структуру алелофондів, параметри генотипової мінливості, популяційно-генетичні характеристики, а також здійснено оцінювання та прогнозування мікроеволюційних процесів в популяціях 9 порід 4-х видів свійських тварин за мікросателітними локусами ДНК. Встановлено породоспецифічні особливості генетичної структури кожної з порід. Створено «генетичні профілі» кожної з порід за частотами мікросателітних локусів ДНК. Для кожної породи крім собак породи німецький дог виявлено породоспецифічні алелі ($p < 0,001$).

Розроблено та рекомендовано до впровадження методичні підходи щодо системи комплексного оцінювання генетичного різноманіття різних видів свійських тварин на різних рівнях організації геному за мікросателітними локусами ДНК, за використання сучасних методів математико-статистичного аналізу.

Ключові слова: поліморфізм, велика рогата худоба, коні, собаки, кури, ген, алель, генотип, мікросателіти, популяція, мінливість, мікроеволюція ампліфікація, біорізноманіття.

АННОТАЦІЯ

Шелёв А.В. Полиморфизм генетических ресурсов животных по микросателлитным локусам ДНК. – На правах рукописи.

Диссертация на соискание ученой степени доктора сельскохозяйственных наук по специальности 03.00.15 – генетика. – Институт разведения и генетики животных имени М.В. Зубца НААН, с. Чубинское Киевской обл., 2021.

В диссертационной работе изложены результаты теоретического обоснования, разработки и апробации комплексной системы оценивания генетического разнообразия у представителей различных таксономических групп на разных уровнях организации генома (аллельном, генотипическом и популяционном) по микросателлитным локусам ДНК. Установлены особенности микроэволюционных процессов в исследованных популяциях. Продемонстрировано, что использование комплекса математических методов популяционно-генетического анализа результатов генотипирования животных только по микросателлитам ДНК даёт возможность получить большое количество достоверной информации о генетической структуре и генетических процессах в популяциях.

В результате проведенной работы усовершенствована и оптимизирована методика мультиплексного генотипирования различных видов домашних животных по высокополіморфным микросателітним локусам ДНК.

Оценена информативность отдельных микросателлитных локусов для разных таксономических единиц. Определена перспективность предложенной системы использования полиморфизма микросателлитов ДНК с применением комплекса математических методов анализа генетической ситуации в популяциях

домашних животных на разных уровнях организации генома с целью сохранения биоразнообразия и оценки генетических ресурсов.

Изучена генетическая структура популяций животных украинской красно-пёстрой молочной, украинской чёрно-пёстрой молочной и серой украинской пород крупного рогатого скота, лошадей пород гуцульская, чистокровная верховая и украинская верховая, собак пород немецкая овчарка, немецкий дог, русский той-терьер, кур промышленных яичных кроссов Ломанн ЛСЛ, Ломанн коричневый, Хайсекс белый, Хайсекс коричневый и Хай-Лайн W-98 по микросателлитным локусам ДНК.

Определены структура аллелофондов, параметры генотипической изменчивости, популяционно-генетические характеристики, а также проведено оценивание и прогнозирование микроэволюционных процессов в популяциях 9 пород 4-х видов домашних животных по микросателлитным локусам ДНК. Установлены породоспецифические особенности генетической структуры каждой из пород. Для каждой породы, кроме собак породы немецкий дог, определены породоспецифические аллели ($p < 0,001$). Выявлены особенности размаха аллельного полиморфизма, который составлял у крупного рогатого скота (Lim_{Na}) 6-8 аллелей на locus, лошадей – 11-16, собак – 5-13, курицы – 3-17 аллелей. Выявлены особенности генотипического полиморфизма (Lim_{Ng}), который составлял у крупного рогатого скота 11-32, лошадей – 8, собак – 7-24 и курицы – 4-32 генотипов. Для всех пород всех таксонов характерной была наполненность определёнными мажорными аллелями и генотипами отдельных микросателлитных локусов ДНК.

Наименьшие уровни полиморфизма, как по количеству выявленных аллелей так и по размаху аллельных спектров зафиксированы, у чистокровной верховой породы лошадей ($p < 0,001$) и собак породы немецкий дог ($p < 0,05$), что может быть следствием сравнительно небольшой численности мировых популяций данных пород и длительной направленной селекции.

Установлено, что украинская красно-пёстрая молочная и украинская чёрно-пёстрая молочная породы крупного рогатого скота, а также украинская верховая порода лошадей характеризовались наивысшими значениями фактической, ожидаемой, индивидуальной гетерозиготностей и индекса полиморфизма исследуемых локусов. Наименьший уровень полиморфности был выявлен у древних пород – серой украинской породы скота, чистокровной верховой породы лошадей и собак породы немецкий дог.

Выявлен значительный уровень консолидированности и збалансированности исследуемых пород, что подтверждается результатами расчётов равновесия по Харди-Вайнбергу (MCMC). Отклонения от состояния генетического равновесия были зафиксированы у животных разных видов и пород: украинская красно-пёстрая молочная – по локусам BM1824, TGLA122 ($p < 0,001$), TGLA126 ($p < 0,001$) и ETH225 ($p < 0,05$); украинская чёрно-пёстрая молочная – по ETH225 и BM2113 ($p < 0,05$); серая украинская – по всем исследованным локусам кроме ETH225; гуцульская порода лошадей – по ANT04, NTG07 ($p < 0,01$), NTG06 и HMS07 ($p < 0,001$); чистокровная верховая – по 7 локусами кроме NTG06, NTG07, VHL20 и HMS07; украинская

верховая – по локусам VHL20 и HMS07; собаки пород немецкая овчарка – по PEZ08 ($p < 0,001$) и FHC2010 ($p < 0,01$); немецкий дог и российский той-терьер – по 4 микросателлитным локусам (кроме PEZ08). Выявленный дефицит гетерозигот составлял для крупного рогатого скота $F_{is}=0,033$, $F_{it}=0,092$; для лошадей – $F_{is}=0,062$, $F_{it}=0,108$; для собак – $F_{is}=0,100$, $F_{it}=0,142$).

Ключевые слова: полиморфизм, крупный рогатый скот, лошади, собаки, куры, ген, аллель, генотип, микросателлиты, популяция, изменчивость, микроэволюция, амплификация, биоразнообразие.

ABSTRACT

Shelyov A.V. Polymorphism of genetic resources of animals at microsatellite loci of DNA. – Manuscript copyright.

Thesis for the Doctor's of Agricultural degree by specialty 03.00.15 "Genetics". – Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V.Zubets of National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, Chubynske village, Kyiv Region, 2021.

The dissertation presents the results of the theoretical substantiation, development and testing of a complex system of genetic diversity assessment in representatives of different taxonomic groups at different levels of genome organization (allelic, genotypic and population) by microsatellite loci of the DNA. The peculiarities of microevolutionary processes in the studied populations are established. It has been shown that the use of a set of mathematical methods of population genetic analysis of genotyping results of animal populations only at microsatellite DNA loci allows to obtain a large amount of reliable information on genetic structure and genetic processes in animal populations at different levels of genome organization. As a result of this work, the method of multiplex genotyping of different species of domestic animals by highly polymorphic microsatellite DNA loci was improved and optimized.

The structure of allelofunds, parameters of genotypic variability, population-genetic characteristics are determined, and microevolutionary processes in populations of 9 breeds of 4 species of domestic animals by microsatellite DNA loci are evaluated and predicted. The breed-specific features of the genetic structure of each breed have been established. For each breed except dogs of the Great Dane breed, breed-specific alleles were detected ($p < 0.001$).

Key words: polymorphism, cattle, horses, dogs, chickens, gene, allele, genotype, microsatellites, population, variability, microevolution amplification, biodiversity.