



of increasing the genetic potential of the productivity of domestic small of numbers populations of pigs are suggested. The prospect of using the available genetic potential has been established.

*Key words: pigs, populations, productivity, Ukrainian meat breed of pigs, Welsh breed of pigs.*

УДК 636.52/. 58:575 : 636.592.082

## ДИНАМІКА ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ПОПУЛЯЦІЙ КУРЕЙ ПОРІД РОД-АЙЛЕНД ЧЕРВОНИЙ І ПЛІМУТРОК БІЛИЙ ЗА МУТАЦІЄЮ G2109A ЛОКУСУ MSTN

Шуліка Л. В.,<sup>5</sup> м. н. с.

Інститут тваринництва НААН

*Досліджено динаміку генетичної структури двох генофондних популяцій курей вітчизняної селекції за мутацією G2109A локусу міостатину. Виявлено відхилення від стану генетичної рівноваги ( $\chi^2=8,468$ ) у популяції курей лінії Г2 (Плімутрок білий), що супроводжувалось значним дефіцитом гетерозигот ( $F_{is}=0,41$ ). Впродовж двох поколінь у лінії Г2 відмічено перехід до рівноважного стану за Гарді-Вайнбергом, на фоні статистично достовірного ( $p<0,05$ ) зниження частоти генотипу AA на 75 %. У лінії 38 (Род-айленд червоний) за той же час частота алеля G знизилась від максимальної до 0,915 (відбувся перехід до фактичної поліморфності локусу), при цьому відхилення від стану генетичної рівноваги не спостерігалось. З огляду на характер змін, що спостерігаються у генетичній структурі дослідних популяцій, доцільним є подальший моніторинг її динаміки, що важливо з точки зору збереження особливостей генофонду локальних ліній курей.*

**Ключові слова: генетична структура, частоти алелів та генотипів, кури, міостатин, рестрикційний аналіз, ДНК-маркери, локуси кількісних ознак.**

Вивчення генетико-популяційної структури ліній і порід свійських тварин з використанням різних типів ДНК-маркерів за останні роки стало необхідним елементом досліджень, що покликані вирішувати різноманітні завдання, які постають перед сільським господарством та генетикою сільськогосподарських тварин: збереження генофонду, підвищення продуктивності тварин або їх резистентності до інфекційних хвороб, елімінація носіїв алелів спадкових хвороб із популяції, генетична паспортизація, філогенетичні дослідження тощо [1-3].

Головною перевагою ДНК-маркерів є можливість вести дослідження на рівні носія спадкової інформації – нуклеїнової кислоти [4]. Виходячи з цього, дані щодо динаміки генетичної структури популяцій сільськогосподарських тварин, отримані з допомогою ДНК-маркерів, дозволяють проаналізувати зміни, які зачіпають безпосередньо генофонд популяцій. Маючи відомості про ступінь та напрям змін, що відбуваються в популяції на генному рівні, можна запобігти втраті цінних, а іноді й унікальних алелів внаслідок причин різного характеру [5]. Це

---

<sup>5</sup> Науковий керівник – к. с.-г. н., с. н. с., Кулібаба Р. О.



може бути особливо важливим для локальних популяцій через невелику кількість їх поголів'я, що підвищує можливість такої втрати [6].

Більше того, використання ДНК-маркерів, які дозволяють ідентифікувати локуси кількісних ознак, лежить в основі таких сучасних способів селекції як маркер-асоційована, геномна, селекція за генотипом [6–8]. Використовуючи зазначені підходи, можна забезпечити 100% успадкування бажаного алеля у разі проведення спрямованих схрещувань за генотипом або, навпаки, 100% елімінацію особин із небажаними генотипами з популяції [9]. Для сільськогосподарських тварин найбільш цінними є поліморфні гени, що так чи інакше приймають участь у формуванні продуктивних ознак [5]. Тому особливу увагу слід звертати на збереження алельних варіантів таких генів, що належать до локусів кількісних ознак.

Ген міостатину (*MSTN*) відноситься до локусів кількісних ознак, оскільки його продукт – білок міостатин – є негативним регулятором росту та розвитку м'язової тканини і таким чином приймає участь у формуванні м'ясної продуктивності птиці [10, 11]. Зазначений ген у курей характеризується високим рівнем поліморфізму [12]. Для дослідження нами було обрано мутацію G2109A, що локалізована у першому екзоні гену та представляє собою транзицію гуаніну в аденін. Обраний поліморфізм є перспективним для вивчення, оскільки, за літературними даними, пов'язаний з показниками живої маси, маси грудних м'язів та абдомінального жиру у деяких порід курей [13]. Ще однією перевагою обраної мутації є можливість її ідентифікації з допомогою рестрикційного аналізу цільового фрагменту ДНК.

Що стосується вітчизняних ліній курей, аналіз динаміки генетичної структури за мутацією G2109A гену міостатину дослідниками раніше не проводився.

**Метою досліджень** є аналіз динаміки генетичної структури за мутацією G2109A локусу міостатину в популяціях курей комбінованого типу продуктивності.

**Матеріали та методи досліджень.** Дослідження проведені на двох популяціях курей вітчизняної селекції, що відносяться до лінії 38 породи Род-айленд червоний та лінії Г2 породи Плімутрок білий, відповідно. Птицю утримували у віварії лабораторії профілактики захворювань птиці та молекулярної діагностики та на експериментальній фермі «Збереження державного генофонду птиці» Державної дослідної станції птахівництва НААН. Визначення генотипів проводили в лабораторії профілактики захворювань птиці та молекулярної діагностики ДДСП НААН у 2014 році та в лабораторії молекулярно-генетичних і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві Інституту тваринництва НААН – у 2016 році. Методом рандомізованого відбору з кожної популяції було вибрано по 50 та 100 особин у 2014 та 2016 роках відповідно. Від кожної особини індивідуально отримано біологічний матеріал (кров) методом «крапля крові на папері», з якого виділено ДНК за допомогою комерційного набору «ДНК-Сорб Б» («АмпліСенс», РФ) згідно прописів виробника.

Для генотипування використовували метод PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction – Restriction Fragment Length Polymorphism): спочатку проводили ампліфікацію фрагменту першого екзону гену міостатину довжиною 298 п.н. зі специфічними олігонуклеотидами, потім – рестрикційний аналіз. Для ампліфікації досліджуваної ділянки гену було використано праймери:

– прямий – 5'-AACCAATCGTCGGTTTTGAC-3';

– зворотний – 5'-CGTTCTCTGTGGGCTGACTA-3' [13].

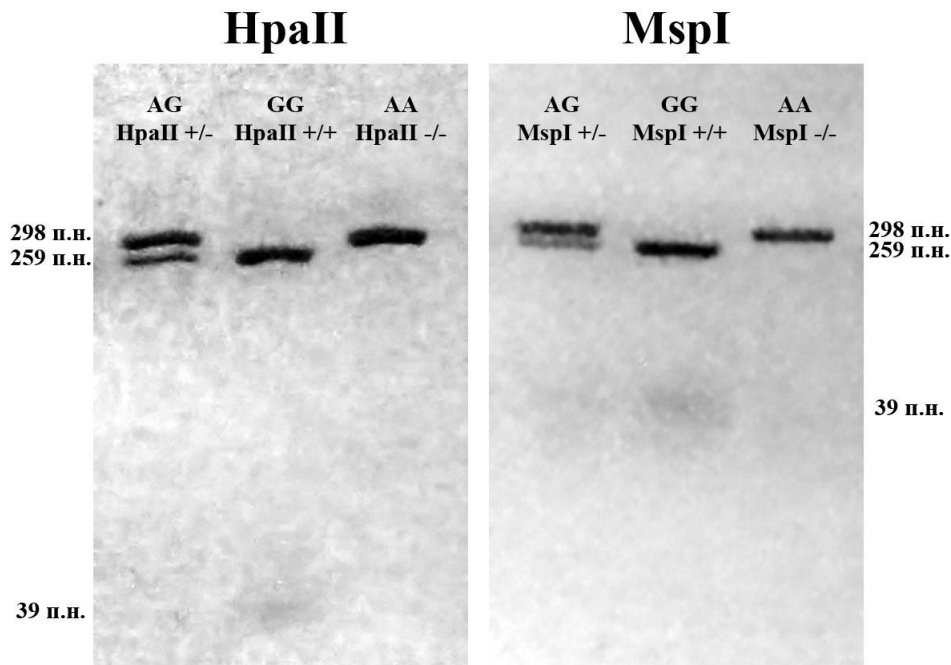
Загальний об'єм реакційної суміші склав 20  $\mu$ l. Концентрація олігонуклеотидів у реакційній суміші становила 0,2  $\mu$ M. Програма ампліфікації виглядала наступним чином: первинна денатурація при 94°C – 5 хв; 35 циклів – денатурація



при 94 °С (30 с), відпал при 61°С (45 с), елонгація при 72°С (60 с); фінальна елонгація при 72°С – 10 хв. Отриманий ампліфікат обробляли ендонуклеазою MspI (“СибЭнзим”, РФ) або HpaII (“ThermoScientific”, США) за рекомендаціями виробника. Після рестрикції проби переносили в агарозний гель з додаванням бромистого етидію та проводили електрофорез при напрузі 200 V впродовж 30 хв. Візуалізацію рестрикційних фрагментів здійснювали з допомогою УФ-транслюмінатора з довжиною хвилі 312 нм.

За результатами генотипування було підраховано частоти генотипів та алелів для кожної з дослідних популяцій, оцінено відповідність розподілу частот генотипів стану генетичної рівноваги згідно рівняння Гарді-Вайнберга методом  $\chi$ -квадрат, розраховано основні генетико-популяційні показники, такі як фактична ( $H_o$ ) та очікувана ( $H_e$ ) гетерозиготність, ефективне число алелів ( $n_e$ ), індекс фіксації Райта ( $F_{is}$ ). Розрахунки проводились згідно рекомендацій Меркур’євої [14] та Кузнєцова [15]. Ступінь різниці у частотах алелів та генотипів між поколіннями оцінювали з використанням t-критерію Стьюдента за Лакінім [16]. Обчислення проводили, використовуючи пакет програмного забезпечення Microsoft Excel 2007.

**Результати досліджень.** Аналіз еталонної послідовності GenBank для гену міостатину курей (AF346599) показав, що в межах ампліфікованого фрагменту знаходиться один сайт рестрикції C↓CGG для фермента HpaII (або його ізошизомера MspI). У разі поліморфності даного сайту передбачається існування двох алельних варіантів нуклеотидної послідовності – з сайтом рестрикції та без нього. У результаті ампліфікації-рестрикції дослідних зразків отримано електрофоретичні картини, що співпали з очікуваними варіантами патернів рестрикції, а саме, на електрофореграмах генотип AA представлений одним фрагментом довжиною 298 п.н., генотип GG – фрагментами 259 і 39 п.н., гетерозиготи AG – комбінацією фрагментів 298, 259 і 39 п.н (рис. 1).

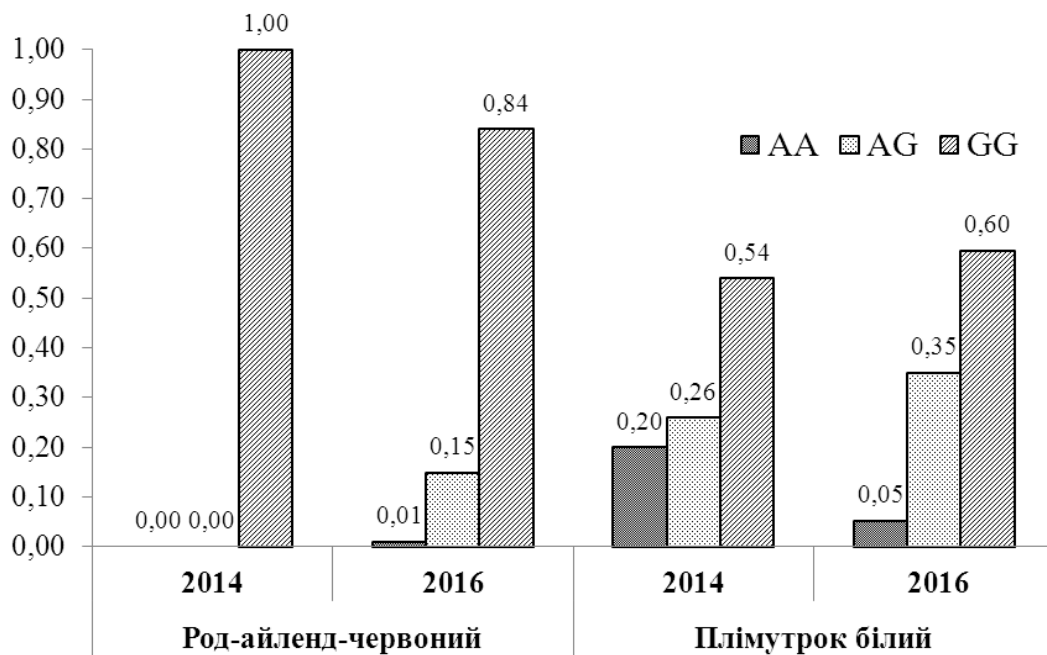


**Рис.1.** Електрофореграми продуктів рестрикції ампліфікованого фрагменту першого екзону гену міостатину за використання рестриктаз HpaII та MspI, що відповідають особинам із різними генотипами за мутацією G2109A (пояснення в тексті).



Окремо була перевірена та підтверджена експериментально відповідність між електрофоретичними картинами обох використаних рестриктаз, шляхом повторного типування одних і тих же зразків ДНК, що відповідають різним генотипам, спочатку одним, а потім іншим ферментом. Як видно з рис. 1, патерни рестрикції та рестрикційна картина на електрофореграмах повністю співпадають. Різниця в положенні смуг з однаковою молекулярною масою на представленій ілюстрації пояснюється використанням 1,5 % агарозного гелю у разі HpaII та 3 % – у випадку MspI, адже відомо, що швидкість міграції фрагментів нуклеїнових кислот у гелі є тим вищою, чим нижчою є концентрація в ньому агарози [17].

За результатами генотипування визначено фактичний розподіл генотипів у дослідних популяціях за генераціями 2014 та 2016 років (рис. 2).



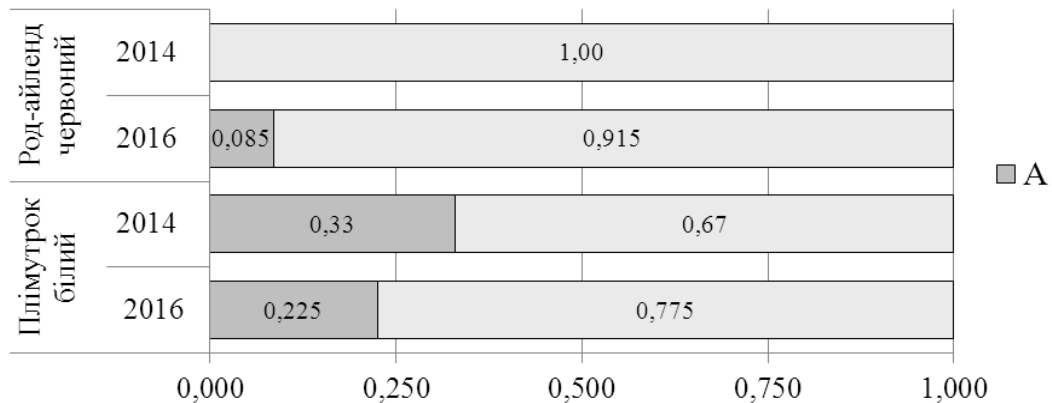
**Рис. 2. Частоти генотипів за мутацією G2109A локусу MSTN у різних генераціях дослідних популяцій.**

У 2014 році в популяції курей породи Род-айленд червоний були виявлені лише особини з генотипом GG, тоді як у 2016 спостерігається поява й особин з гетерозиготним генотипом AG, і гомозигот AA. В той же час у популяції курей породи Плімутрок білий спостерігається збільшення частоти переважаючого генотипу GG приблизно на 11 % (або 0,06) за два покоління. Цікавим фактом також є зниження частоти гомозиготного генотипу AA у 2016 році порівняно з 2014 на 75 % (0,15), причому різниця між частотами даного генотипу за різні роки є статистично достовірною на рівні  $p < 0,05$  ( $t = 2,48$ ).

Згідно з отриманими результатами по частотам генотипів, алель G є переважаючим в обох дослідних популяціях (рис. 3). За два покоління у лінії Г2 частота алеля G зросла на 0,105 (або +15,7 %), хоча різниця між показниками 2014 та 2016 років виявилась недостовірною ( $t = 1,17$ ). За той же час в лінії 38 частота алеля G зменшилась на 0,085 (або -8,5 %) від максимального показника (1,00) та у 2016 становила 0,915. Слід зазначити, що поліморфним локус може вважатися лише у разі, якщо частота найбільш розповсюдженого алеля у дослідній групі не більша, ніж 0,95, або, в деяких випадках, 0,99 [18]. Таким чином, у генерації 2014



року локус є мономорфним, а через два покоління спостерігається перехід до його фактичної поліморфності. При цьому необхідно враховувати, по-перше, що, внаслідок особливостей розведення та утримання птиці, кожного року відбувається повна зміна генерацій, що відрізняє популяції птиці від популяцій (стад) великої рогатої худоби, овець тощо, які мають різновікову популяційну структуру. По-друге, використання штучного осіменіння призводить до зміщення співвідношення самці/самки в бік останніх у статевій структурі популяції. Зазначені фактори можуть підвищувати інтенсивність змін генетичної структури популяцій.



**Рис. 3.** Динаміка частот алелів за мутацією G2109A локусу MSTN в дослідних популяціях.

Результати оцінки відповідності розподілу частот генотипів рівнянню Гарді-Вайнберга наведено у табл. 1. Як видно із розрахованих величин критерію  $\chi^2$ , значуще відхилення від стану генетичної рівноваги спостерігалось лише у випадку популяції курей породи Плімутрок білий ( $\chi^2=8,468$ ), більше того, дана популяція впродовж двох генерацій повернулася до рівноважного стану. Цікаво, що у популяції курей породи Род-айленд червоний відхилення стану генетичної рівноваги не спостерігалось, незважаючи на перехід до фактичної поліморфності локусу.

Таблиця 1

**Відповідність розподілу частот генотипів стану генетичної рівноваги в генераціях дослідних популяцій**

Рік	Гено-тип	Род-айленд червоний				Плімутрок білий			
		О	Е	$(O-E)^2/E$	$\chi^2$	О	Е	$(O-E)^2/E$	$\chi^2$
2014	AA	0	-	-	-	10	5,45	3,799	8,468
	AG	0	-	-		13	22,10	3,747	
	GG	50	-	-		27	22,45	0,922	
2016	AA	1	0,72	0,109	0,130	5	5,06	0,001	0,001
	AG	15	15,56	0,020		35	34,88	0,000	
	GG	84	83,72	0,001		60	60,06	0,000	

Примітка. О – фактична та Е – теоретично очікувана кількість особин із зазначеними генотипами.

Дані щодо генетичної рівноваги популяції доцільно розглядати у зв'язці з показниками ступеня гетерозиготності та індексу фіксації Райта (табл. 2). Щодо популяції курей породи Род-айленд червоний, в першій дослідженій нами генера-



ції гетерозиготи відсутні, в другій – рівень фактичної гетерозиготності невисокий та в цілому відповідає рівню очікуваної, значення індексу  $F_{is}$  вказує на відсутність інбридингу, що узгоджується з наведеними вище даними по генетичній рівновазі.

Таблиця 2

### Основні популяційно-генетичні показники дослідних популяцій за роками

Рік	Род-айленд червоний				Плімутрок білий			
	$H_o$	$H_e$	$F_{is}$	$n_e$	$H_o$	$H_e$	$F_{is}$	$n_e$
2014	-	-	-	-	0,26	0,44	0,41	1,79
2016	0,15	0,16	0,06	1,18	0,35	0,35	0,00	1,54

Що стосується популяції курей породи Плімутрок білий, тут спостерігається наступна картина. По-перше, за два покоління відбулось підвищення фактичної частоти гетерозигот на 0,09 (або 34,6 %) від показника 2014 року, проте різниця між фактичними частотами гетерозигот у різних поколіннях не мала статистичної достовірності ( $t=0,94$ ). По-друге, в тому ж 2014 році відмічено доволі значну різницю між фактичною та теоретичною гетерозиготністю (яка становила  $-0,18$ ) та, відповідно, високе значення індексу фіксації Райта (0,41), які супроводжували відхилення від стану генетичної рівноваги. В даному випадку  $F_{is}$  вказує на дефіцит гетерозигот та можливий інбридинг. Проте через два покоління дефіцит гетерозигот ( $F_{is}=0,00$ ) вже не спостерігається, що знову ж таки корелює зі згаданим вище переходом популяції до стану рівноваги, який відбувся на фоні істотного зниження частоти гомозигот AA та деякого підвищення частоти гетерозигот.

Показник ефективного числа алелів (табл. 2) виявився вищим для лінії Г2 завдяки особливості розподілу частот алелів. Також в популяції курей породи Плімутрок білий відмічено зниження значення показника ефективного числа алелів впродовж двох генерацій, що є не дивним на фоні зниження рівня очікуваної гетерозиготності.

Дослідники, що вивчають генетико-популяційні параметри ліній та порід курей за ДНК-маркерами, локалізованими у межах локусів кількісних ознак, відмічають, що висока частота алелів та генотипів, які пов'язують з підвищеною м'ясною чи яєчною продуктивністю, часто корелює з відповідним напрямом продуктивності. Наприклад, алель С за мутацією С-2402Т локусу пролактину вважається бажаним для підвищеної яєчної продуктивності, при цьому в комерційних лініях яєчних курей породи білий леггорн його частота досягає максимального значення – одиниці [20]. При порівнянні яєчних та м'ясо-яєчних ліній української селекції також було відмічено значно вищу частоту алеля С у лінії яєчного напрямку [21].

Слід зазначити, що, за літературними даними, для підвищення м'ясної продуктивності курей бажаним алелем за мутацією G2109A локусу MSTN вважається алель G [13]. Те, що даний алель превалює в обох популяціях впродовж зміни поколінь, корелює з комбінованим типом продуктивності дослідних ліній. Таким чином, збереження особливостей генетичної структури ліній курей у перспективі можна пов'язати не лише зі збереженням їх генофонду, але й особливостей продуктивного потенціалу.

Проведені нами дослідження вказують на можливість істотних змін генетичної структури локальних популяцій курей за короткий час та показують необхідність подальшого вивчення особливостей динаміки дослідних ліній із залученням ДНК-маркерів локусів кількісних ознак з метою збереження генофонду даних ліній та задля контролю під час проведення селекційних та зоотехнічних заходів.



### Висновки:

1. Вивчено динаміку генетичної структури популяцій курей порід род-айленд червоний (лінія 38) та плімутрок білий (лінія Г2) за мутацією G2109A у локусі міостатину.
2. Встановлено, що впродовж двох генерацій у популяції курей лінії Г2 породи Плімутрок білий відбувся перехід з нерівноважного стану з істотним дефіцитом гетерозигот ( $F_{is}=0,41$ ) до стану генетичної рівноваги, який супроводжувався статистично достовірним зниженням частоти генотипу AA на 75 % ( $p<0,05$ ).
3. З'ясовано, що в популяції курей лінії 38 породи Род-айленд червоний за два покоління частота алеля G достовірно знизилась від максимального значення до 0,915 (що означає перехід до фактичної поліморфності локусу), при цьому відхилення від стану генетичної рівноваги не спостерігалось.
4. Показано доцільність подальшого вивчення та аналізу динаміки генетичної структури дослідних популяцій за локусом міостатину з метою збереження генофонду та, у перспективі, особливостей продуктивного потенціалу локальних ліній, з огляду на характер змін, що спостерігаються у їх генетичній структурі.

### Бібліографічний список

1. Dodgson J. B. DNA marker technology: a revolution in animal genetics / J. B. Dodgson, H. H. Cheng, R. Okimoto // *Poultry Sci.* – 1997. – Vol. 76. – P. 1108–1114.
2. Fulton J. E. Molecular genetics in a modern poultry breeding organization / J. E. Fulton // *World's Poultry Science Journal.* – 2008. – Vol. 64. – P. 171–176.
3. Хлесткина Е. К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е. К. Хлесткина // *Вавиловский журнал генетики и селекции.* – 2013. – Т. 17, № 4/2. – С. 1044–1054.
4. Сулимова Г. Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения / Г. Е. Сулимова // *Успехи современной биологии.* – 2004. – Т. 124, № 3. – С. 260–271.
5. Методологічні аспекти збереження генофонду сільськогосподарських тварин / М. В. Зубець, В. П. Буркат, Ю. Ф. Мельник та ін.; наук. ред. І. В. Гузев. – К.: Аграрна наука, 2007. – 120 с.
6. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства [пер. с англ.] / РАСХН, ВИЖ. – Москва: ФАО, 2010. – 512 с.
7. De Koning D. J. Marker-assisted selection in poultry / D. J. De Koning, P. M. Hocking // *Marker Assisted Selection – Current Status and Future Perspectives in Crops, Livestock, Forestry and Fish, Food and Agriculture Organization of the United Nations.* – Rome, Italy. – 2007. – P. 185–198.
8. Fulton J. E. Genomic selection for poultry breeding / J. E. Fulton // *Animal Frontiers.* – 2012. – Vol. 2, № 1. – P. 30–36.
9. Robinson J. Marker-assisted selection as a potential tool for genetic improvement in developing countries: debating the issues / J. Robinson, J. Ruane // *Marker-Assisted Selection – Current Status and Future Perspectives in Crops, Livestock, Forestry and Fish, Food and Agriculture Organization of the United Nations.* – Rome, Italy. – 2007. – P. 427–440.
10. Williams J. L. Genetic Control of Meat Quality Traits / J. L. Williams // *Meat biotechnology.* – Springer, 2008. – P. 21–60.
11. Zhu Z. SNPs of myostatin gene and its genetic effects on carcass traits in chicken / Z. Zhu, D.-J. Wu, N. Y. Xu // *Hereditas (Beijing).* – 2007. – Vol. 29, № 5. – P. 593–598.



12. High level of polymorphism in the myostatin chicken gene / E. E. Baron, A. A. Wenceslau, L. E. Alvares [et al] // Proceedings of the 7<sup>th</sup> World Congress on genetic applied to livestock production (Montpellier, France, Section 4). – 2002. – P. 13-15.
13. Associations of myostatin gene polymorphisms with performance and mortality traits in broiler chickens / X. Ye, S. R. Brown, K. Nones [et al] // Genet. Sel. Evol. – 2007. – Vol. 39. – P. 73–89.
14. Меркурьева Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве / Меркурьева Е. К. – Москва: Колос, 1977. – 240 с.
15. Кузнецов В. М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация / В. М. Кузнецов // Проблемы биологии продуктивных животных / РАСХН, ГНУ ВНИИФБиП с.-х. животных. – Боровск, 2014. – № 4. – С. 80–104.
16. Лакин Г. Ф. Биометрия: Учеб. пособ. для биол. спец. вузов. – 4-е изд, перераб. и доп / Г. Ф. Лакин. – Москва: Высш. шк., 1990. – 352 с.
17. Гааль Э. Электрофорез в разделении биологических макромолекул [пер. с англ.] / Э. Гааль, Г. Медьши, Л. Верецкеи. – Москва: Мир, 1982. – 448 с.
18. Животовский Л. А. Популяционная биометрия / Животовский Л. А. – Москва: Наука, 1991. – 271 с.
19. Гаевский Н. А. Знакомство с эволюционной генетикой: учеб.-метод. пособ. / Гаевский Н.А.; Красноярский ГАУ. – Красноярск, 2002. – 54 с.
20. Association of Polymorphisms in the Promoter Region of Chicken Prolactin with Egg Production / J. X. Cui, H.L. Du, Y. Liang [et al] // Poultry Sci. – 2006. – Vol. 85. – P. 26–31.
21. Kulibaba R. A. Prolactin and growth hormone gene polymorphisms in chicken lines of Ukrainian selection / R. A. Kulibaba, A. P. Podstreshnyi // Cytology and Genetics. – 2012. – Vol. 46, № 6. – P. 390–395.

### References

1. Dodgson, J. B., Cheng, H. H., Okimoto R. (1997). DNA marker technology: a revolution in animal genetics. *Poultry Sci.*, 76, 1108–1114.
2. Fulton, J. E. (2008). Molecular genetics in a modern poultry breeding organization. *World's Poultry Sci. J.*, 64, 171-176.
3. Hlestkina, E. K. (2013). Molekuljarnye markery v geneticheskikh issledovanijah i v selekcii [Molecular markers in genetic studies and in selection]. *Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii – Vavilov Journal of Genetics and Selection*, 17 (4/2), 1044–1054 [in Russian].
4. Sulimova, G. E. (2004). DNK-markery v geneticheskikh issledovanijah: tipy markerov, ih svojstva i oblasti primenenija [DNA markers in genetic studies: types of markers, their properties and applications]. *Uspehi sovremennoj biologii – Advances in modern biology*, 124 (3), 260–271 [in Russian].
5. Zubets, M. V., Burkat, V. P., Melnyk, Yu. F., Guziev, I. V., Yefimenko, M. Ya., Podoba, B. Ye. et al (2007). *Metodologichni aspekty zberezhenia genofondu silskogospodarskyh tvaryn [Methodological aspects of preservation of the gene pool of farm animals]*. I. V. Guziev (Ed.). Kyiv: Agrarna nauka [in Ukrainian].
6. FAO (2007). *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. B. Rischkowsky, D. Pilling (Eds.). Rome, Italy: FAO.
7. De Koning, D. J., Hocking, P. M. (2007). Marker-assisted selection in poultry. *Marker Assisted Selection – Current Status and Future Perspectives in Crops, Livestock, Forestry and Fish*, (pp. 185–198). Rome, Italy: FAO.
8. Fulton, J. E. (2012). Genomic selection for poultry breeding. *Animal Frontiers*, 2 (1), 30-36.





9. Robinson, J., Ruane J. (2007). Marker-assisted selection as a potential tool for genetic improvement in developing countries: debating the issues. *Marker Assisted Selection – Current Status and Future Perspectives in Crops, Livestock, Forestry and Fish*, (pp. 427-440). Rome, Italy: FAO.
10. Williams, J. L. (2008). Genetic Control of Meat Quality Traits. *Meat biotechnology*, (pp. 21–60). Italy: Springer Sci.
11. Zhu, Z., Wu, D.-J., Xu, N. Y. (2007). SNPs of myostatin gene and its genetic effects on carcass traits in chicken. *Hereditas (Beijing)*, 29 (5), 593-598.
12. Baron, E. E., Wenceslau, A. A., Alvares L. E., Nones, K., Ruy, D. C., Schmidt, G. S. et al (2002). High level of polymorphism in the myostatin chicken gene. *Proceedings of the 7th World Congress on genetic applied to livestock production*, (pp. 13-15). Montpellier, France.
13. Ye, X., Brown, S. R., Nones, K., Coutinho, L. L., Dekkers, J. C. M., Lamont S. J. (2007). Associations of myostatin gene polymorphisms with performance and mortality traits in broiler chickens. *Genetics Selection Evolution*, 39, 73-89.
14. Merkur'eva, E. K. (1977.) *Geneticheskie osnovy selekcii v skotovodstve [Genetic basis of selection in cattle breeding]*. Moscow: Kolos [in Russian].
15. Kuznecov, V. M. (2014). F-statistiki Rajta: ocenka i interpretacija [Wright's F-statistics: evaluation and interpretation]. *Problemy biologii produktivnyh zhivotnyh – The problems of the biology of productive animals*, 4, 80-104 [in Russian].
16. Lakin, G. F. (1990). *Biometrija [Biometrics]* (4th ed, rev.). Moscow: Vysshaja shkola [in Russian].
17. Gaal, E., Medgyesi, G., Vereczkey, L. (1982). *Jelektroforez v razdelenii biologicheskikh makromolekul [Electrophoresis in the separation of biological macromolecules]*. Moscow: Mir [in Russian].
18. Zhivotovskij, L. A. (1991). *Populjacionnaja biometrija [Population Biometrics]*. Moscow: Nauka. [in Russian].
19. Gaevskij, N. A. (2002). *Znakomstvo s jevoljucionnoj genetikoj [Acquaintance with evolutionary genetics]*. Krasnojarsk: KrasGAU [in Russian].
20. Cui, J.-X., Du, H.-L., Liang, Y., Deng, X.-M., Li, N., Zhang, X.-Q. (2006). Association of Polymorphisms in the Promoter Region of Chicken Prolactin with Egg Production. *Poultry Science*, 85, 26–31.
21. Kulibaba, R. A., Podstreshnyi, A. P. (2012). Prolactin and growth hormone gene polymorphisms in chicken lines of Ukrainian selection. *Cytology and Genetics*, 46 (6), 390–395.

*ДИНАМИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ КУР ПОРОД РОД-АЙЛЕНД КРАСНЫЙ И ПЛИМУТРОК БЕЛЫЙ ПО МУТАЦИИ G2109A ЛОКУСА MSTN*

*Шулика Л. В., Институт животноводства НААН*

*Исследовано динамику генетической структуры двух генофондных популяций кур отечественной селекции по мутации G2109A локуса миостатина. Выявлено отклонение от состояния генетического равновесия ( $\chi^2=8,468$ ) в популяции кур линии Г2 (Плимутрок белый), которое сопровождалось значительным дефицитом гетерозигот ( $F_{is}=0,41$ ). В течение двух поколений в линии Г2 отмечен переход к равновесному состоянию по Харди-Вайнбергу на фоне статистически достоверного ( $p<0,05$ ) снижения частоты генотипа AA на 75 %. В линии 38 (Род-айленд красный) за то же время частота алеля G снизилась от максимальной к 0,915 (произошел переход к фактической полиморфности локуса), при этом отклонение от состояния генетического равновесия не наблюдалось. Учитывая*



характер изменений, которые наблюдаются в генетической структуре исследуемых популяций, целесообразным является дальнейший мониторинг её динамики, что важно с точки зрения особенностей генофонда локальных линий кур.

*Ключевые слова:* генетическая структура, частоты аллелей и генотипов, куры, миостатин, рестрикционный анализ, ДНК-маркеры, локусы количественных признаков.

**THE GENETIC STRUCTURE DYNAMICS OF RHODE ISLAND RED AND WHITE PLYMOUTH ROCK CHICKEN BREEDS POPULATIONS FOR G2109A MUTATION OF MYOSTATIN LOCUS**

*Shulika L.V., Institute of Animal Science of NAAS*

*The genetic structure dynamics of two gene-pool chicken populations of Ukrainian selection for G2109A mutation of myostatin locus was investigated. It was revealed the deviation from the genetic equilibrium ( $\chi^2=8,468$ ) in the chicken population of the line G2 (White Plymouth Rock), which was accompanied by the significant deficiency of heterozygotes ( $F_{is}=0,41$ ). During two generations the transition to the Hardy-Weinberg equilibrium condition was noted in the line G2 on the background of the statistically reliable ( $p<0,05$ ) AA genotype frequency decrease on 75%. At the same time in the line 38 (Rhode Island Red) the transition from monomorphic to the factual polymorphic status of locus occurred (G allele frequency decreased from the maximum to 0,915), wherein deviation from the genetic equilibrium condition was not observed. The received data point to the possibility of significant changes of the investigated populations' genetic structure within short time. The using of DNA-markers of the quantitative trait genes permits to evaluate the degree and direction of the genetic structure's changes for these genes, what is important in terms of the conservation of the genotypes' and alleles' distribution features (gene pool features), which are specific for local chicken lines.*

*Keywords:* genetic structure, alleles and genotypes frequencies, chicken, myostatin, restriction analysis, DNA-markers, quantitative trait loci.

УДК 636.15.034.082.25

**ДИНАМІКА МОЛОЧНОЇ ПРОДУКТИВНОСТІ КОБИЛ  
НОВООЛЕКСАНДРІВСЬКОЇ ВАГОВОЗНОЇ ПОРОДИ ЗА  
СЕЗОННОГО ОТРИМАННЯ МОЛОКА**

**Юсюк Т. А., асп.<sup>6</sup>**

Національний університет біоресурсів і природокористування України

*У статті наведено динаміку з молочної продуктивності кобил новоолександрівської вагОВОЗНОЇ породи за 2015-2017 роки при сезонному доїнні. За період проведення досліджень кожного року спостерігається підвищення молочної продуктивності кобил від травня до червня місяця ( $F_{(1,83)}=9,64$   $p<0,05$ ), в червні і липні вона суттєво не відрізняється ( $F_{(1,87)}=0,0034$   $p>0,05$ ) і утримується на високому рівні. З серпня місяця спостерігається вірогідне зниження молочної продуктивності ( $F_{(1,88)}=11,71$   $p<0,001$ ). Вік і номер лактації по групах в межах років*

<sup>6</sup>Науковий керівник – к. с.-г. н., професор, Гонка Б. М.