

УДК 636.082 : 575.113

СТАН ТА ПЕРСПЕКТИВИ ВИКОРИСТАННЯ ГЕНОТИПНОГО МАРКУВАННЯ В СЕЛЕКЦІЇ ТВАРИН

К.В. КОПИЛОВ

Інститут розведення і генетики тварин НААН України

Україна, 08321, Київська обл., Бориспільський р-н, с. Чубинське, вул. Погребняка, 1

e-mail: kopylki@ukr.net

Висвітлено основні питання сучасного стану та доцільності використання сучасних молекулярно-генетичних методів у тваринництві України. Розглянуто найважливіші аспекти ефективного типування тварин за молекулярно-генетичними маркерами, що дає можливість доповнити традиційні методи добору та підбору результатами генотипування тварин за ДНК-маркерами.

Ключові слова: ДНК-технології, QTL, селекція з допомогою маркерів (Marker Assisted Selection – MAS), ДНК – маркери.

Досягнення молекулярної генетики відкривають реальні перспективи формування теоретичної і методологічної бази сучасної селекційно-племінної роботи у тваринництві сільськогосподарських тварин. Стратегія генетичних досліджень у тваринництві спрямовується на всебічну оцінку племінних якостей тварин на підставі отримання генетичної інформації, що пов'язана з певними генами або генними комплексами. Безпосередня ідентифікація певного генетичного матеріалу, можливість простежити за ним протягом багатьох поколінь пов'язані з застосуванням генетичних маркерів.

Послідовне впровадження в систему племінної роботи дослідження генетичного поліморфізму сільськогосподарських тварин в Україні було розпочато в 70-х роках минулого сторіччя. Результати науково-дослідних робіт дозволили визначити теоретичні засади і напрями використання спадкового поліморфізму в практиці розведення сільськогосподарських тварин і селекційно-генетичних дослідженнях, розробити методологію дослідження зв'язку між господарсько-корисними ознаками і поліморфними системами, вивчення генофонду і аналіз генетичної структури популяцій [1]. Широке застосування в практичній селекції одержав імуногенетичний контроль походження племінних тварин. Поряд з цим імуногенетичну інформацію було запропоновано враховувати при аналізі генетичної структури і оцінці генетичної ситуації в популяціях тварин [2].

У реальному селекційному процесі застосування генетичних маркерів переважно розглядається в контексті формування внутріпородної структури новостворених порід з використанням імуногенетичної інформації при доборі продовжувачів ліній, плануванні “замовних” паруваль з метою одержання ремонтних бугайців бажаних генотипів [3, 4].

Накопичення імуногенетичної інформації по плідниках і заводських стадах створило ефективну основу для послідовного застосування генетичних мар-

керів у поглибленій селекційній роботі, дозволяючи всебічно оцінювати генетичні особливості племінних тварин. Завдяки цьому генетичні маркери увійшли до арсеналу селекціонерів при створенні нових порід у молочному і м'ясному скотарстві, свинарстві та вівчарстві [5]. Їх привабливість для селекціонера полягає в тому, що алельні варіанти поліморфних систем є нормальною складовою загального фенотипу, але порівняно з іншими ознаками мають ряд переваг щодо виявлення генотипної компоненти загальної мінливості.

На рівні порід, стад, споріднених груп генетичні маркери дають можливість розширити і поглибити уявлення селекціонера про особливості племінного матеріалу, з яким він проводить роботу. Тут поліморфні системи є тими молекулярними маркерами, які дозволяють оцінити різноманітність генофонду популяцій, що селекціонуються, проаналізувати зміни, пов'язані з селекційними факторами. Селекціонера найбільше цікавить оцінка генотипних особливостей окремих тварин, можливість виявлення видатних генотипів у ранньому віці, прогнозування результатів добору і здійснення спрямованого підбору [6–8]. У цьому плані ефективне застосування генетичних маркерів можливе лише при комплексному підході до оцінки конституційних особливостей тварин, який ґрунтується на вивченні їхньої генеалогії, продуктивних, екстер'єрних та інших селекційно-генетичних характеристик.

Із самого початку досліджень із спадкового поліморфізму у сільськогосподарських тварин багатообіцяючим напрямком його застосування став пошук зв'язків із ознаками продуктивності. Теоретичною основою цього напрямку є уявлення щодо можливих генетичних асоціацій між алелями поліморфних систем та іншими ознаками, які обумовлюються такими механізмами як плейотропія, зчеплення або гетерозис.

У даний час, насиченість продовольчого ринку якісними продуктами вітчизняного виробництва в достатньому обсязі неможлива без інтенсифікації тваринництва, де однією із складових є ефективна селекція. Генетичний потенціал сільськогосподарських тварин прийнято розглядати з точки зору можливості формування генних комплексів, здатних у певних умовах середовища детермінувати розвиток бажаного фенотипу. Завдяки розвитку генетики кількісних ознак було сформульовано припущення про те, що наявність детальної інформації про тісно зчеплені гени могла б дозволити маркувати молекулярно-генетичними маркерами "основні" гени кількісних ознак і, таким чином, прогнозувати і отримувати генотипи новонароджених тварин за бажаними фенотипними ознаками.

Прогрес у дослідженні геному сільськогосподарських видів тварин, застосування сучасних методів молекулярно-генетичного аналізу безпосередньо на рівні ДНК, порівняно з класичними методами тестування тварин за групами крові, дає можливість у більш короткий термін і на рівні носія спадкової інформації отримувати інформацію щодо особливостей генетичної структури, а також виявляти генетичні аномалії без застосування складного і дорогого методу генетичної експертизи за нащадками.

Підвищення ефективності селекційної роботи значною мірою пов'язане з картуванням геному, інтегральною оцінкою генотипу в системі генетичного моніторингу, який покликаний об'єднати в збалансовану систему комплекс генетичних тестів із метою всебічної оцінки селекційного матеріалу. Таку оцінку дає генетична інформація, що безпосередньо пов'язана з певними генами або генними комплексами. У вирішенні цих завдань вагому роль відіграють генетичні маркери, особливе місце серед яких займають ДНК-маркери [9].

Використання в селекційній роботі методів аналізу на рівні генів, що відповідають за прояв бажаних кількісних ознак (QTL) або зчеплених із ними генів, має ряд переваг перед традиційними методами селекції, оскільки базується безпосередньо на аналізі генотипу, не залежить від впливу зовнішнього середовища, надає можливість проводити відбір генетично кращих тварин на ранніх етапах їхнього онтогенетичного розвитку. Як складова селекційно-плеємної роботи, селекція біологічних об'єктів, що базується безпосередньо на аналізі поліморфізму та експресії окремих генів, точкових мутацій (SNPs), локусів кількісних ознак та зчеплених із ними генів отримала назву – селекція з допомогою маркерів (Marker Assisted Selection – MAS), де одним із важливих елементів є ДНК – діагностика [10]. Саме такий підхід створив підґрунтя для впровадження і практичної реалізації системи геномної селекції в країнах із розвинутим тваринництвом. В країнах Європи та США розроблено і впроваджується багаторівнева обов'язкова система молекулярно-генетичної сертифікації тварин. Міжнародним товариством генетиків (ISAG) впроваджено обов'язкову систему молекулярно-генетичного контролю походження тварин. У рамках контролю продовольчої біобезпеки при фінансуванні ЄС розробляються технології, які дають можливість відстежувати переміщення тварин і отримуваної від них продукції на всіх етапах технологічного ланцюга (відтворення – переробка – ринок).

Використання ДНК – маркерів важливий елемент у системі інтеграції геномної селекції в тваринництво України. Технології ДНК – аналізу мають ряд незаперечних переваг перед іншими діагностичними методами досліджень, а саме простота, швидкість і висока достовірність отриманих результатів дозволяє збільшити ефек-

тивність тваринництва за рахунок окупності витрат на генотипування поголів'я за найважливішими продуктивними ознаками і легкості інтеграції MAS – селекції в виробництво. Відбір тварин, гомозиготних чи гетерозиготних за бажаними алелями досліджуваного гена, дозволяє значно зменшити кількість можливих недоцільних схрещувань у популяціях. Це стає все важливішим, у зв'язку з тим, що кількість тестів і бажаних комбінацій QTL збільшується.

У зв'язку з цим, розвиток тваринництва України на даний час потребує впровадження нових методів та підходів, які базуються безпосередньо на аналізі спадкової інформації, на рівні генів чи груп зчеплення генів, в основі яких лежить використання поліморфізму ДНК для виявлення специфічних послідовностей. ДНК – діагностика (генна діагностика) дає можливість, з одного боку керувати генетичною структурою популяції, підтримуючи її алелофонд, з іншого аналізувати генотип тварин на рівні генів (локусів) асоційованих в тому числі і з господарсько корисними ознаками. Такі локуси отримали назву локуси кількісних ознак, QTL (Quantitative Trait Loci's) [11–16].

Ідентифікація генів та їхніх мутацій, які визначають той або інший розвиток кількісних ознак (QTL), в європейських країнах та США дає можливість отримання великих прибутків за рахунок скорочення часу генераційного інтервалу, раннього введення маточного поголів'я в процес відтворення та застосування селекції з допомогою маркерів MAS, тобто проводити відбір батьківських пар і добір певних генотипів та отримувати нащадків з відповідним генетичним потенціалом щодо основних показників продуктивності [17–23].

Щодо використання заходів маркер-асоційованої селекції в нашій країні безперечно необхідно створення методологічних основ запровадження цих заходів,

починаючи із підведення чіткої законодавчої бази щодо необхідності впровадження новітніх досягнень молекулярної генетики і біотехнології у виробництво з відповідним рівнем фінансування, розробки зручних стандартизованих лабораторних методик встановлення генотипу тварин за бажаними комерційними ознаками, модернізація системи зоотехнічного обліку, створення пакетів програм щодо визначення перспективних об'єктів добору на основі даних бонітування та генетичної характеристики. Рациональне використання племінних ресурсів сільськогосподарських видів тварин України безпосередньо пов'язано з розробкою і впровадженням комплексної системи молекулярно-генетичної оцінки тварин, проведенням широкомасштабного генетико-селекційного моніторингу провідних масивів чистопородних тварин з метою визначення їх особливостей, основу якого повинна складати ДНК – діагностика.

Варто зазначити, що дотепер в Україні в умовах постійного недофінансування і відсутності підтримки з боку держави ці дослідження не мають широкомасштабного характеру, як у більшості європейських країн і країн СНГ, в яких ці напрямки досліджень є пріоритетними і фінансуються за рахунок держави.

В Україні питаннями досліджень генетичної структури тварин на рівні ДНК – маркерів займаються лише декілька лабораторій, наприклад, питаннями застосування різних типів молекулярно-генетичних маркерів (ISSR-маркерів, QTL, мікросателіти) у свинарстві займаються фахівці лабораторії генетики Інституту свинарства імені О.В. Квасницького НААН України, у рибництві Інститут рибного господарства НААН України, розпочато роботу в деяких інших установах.

В Інституті розведення і генетики тварин НААН України на базі відділу генетики

не один рік проводяться дослідження щодо вивчення особливостей формування генетичної структури різних видів, порід сільськогосподарських тварин за різними молекулярно-генетичними маркерами.

З метою оцінки особливостей поліморфізму генів, асоційованих із господарсько корисними ознаками (QTL), проводяться дослідження щодо аналізу генетичної структури тварин за розподілом алельних варіантів цих генів у різних порід великої рогатої худоби. Так, за геном капа – казеїну (CSN3), частота алельного варіанта В, асоційованого з вмістом білка в молоці виявилася найвищою у тварин української червоно-рябої молочної породи – 0,184, найнижчою у тварин голштинської породи – 0,103, а для тварин української чорно-рябої частота В варіанта становила – 0,157. Гомозиготні тварини з генотипом ВВ були відсутні в групах тварин голштинської і української червоно-рябої порід, а в української чорно-рябої молочної породи їх частота становила – 0,022. За геном бета-лактоглобуліну (βLG) у досліджених порід було виявлено переважну кількість тварин із генотипом АВ. Так, частота цього генотипу у тварин голштинської породи складала – 0,551, української чорно-рябої молочної породи – 0,603, української червоно-рябої молочної – 0,600. Частота алельного варіанта В, асоційованого з вмістом казеїнових білків у молоці за геном βLG виявилася найнижчою у представників української чорно-рябої молочної породи – 0,399. До найважливіших технологічних властивостей бета-лактоглобуліну відноситься його реакція з капа-казеїном на поверхні міцел при повільному згущуванні молока (підвищена температурна дія) і утворення гелю при нагріві протейнів сироватки. У результаті порівняльного аналізу параметрів молочної продуктивності корів різних порід великої рогатої худоби залежно від генотипу за геном βLG

були отримані дані щодо того, що варіант В бета-лактоглобуліну асоційований з високим вмістом у молоці казеїнових білків, високим відсотком жиру і параметрами казеїнового коагуляту, а варіант А характеризується підвищеним вмістом сироваткових білків і загальним вмістом білків молока.

Частота алельного варіанта за геном лептину (*LEP*) становила у тварин української чорно-рябої молочної породи 0,873. Тварини з рідкісним варіантом генотипом АС не були виявлені. При аналізі різних генотипів тварин за геном лептину був виявлений взаємозв'язок між алельними варіантами гена *LEP*, споживанням корму і збільшенням жирових відкладень у великої рогатої худоби. Для тварин з генотипом АА характерне високе споживання кормів, але низька жива маса, а для тварин з генотипом АВ – високий приріст живої маси. Крім цього, тварини з генотипом АА мають вищий показник за надоєм ніж тварини з іншими генотипами.

Виявлені алельні варіанти гена гормону росту *GH*, асоційовані з високим надоєм і жирністю молока та приростом живої ваги; тварини з генотипом *LV* перевищують тварин із генотипом *LL* і *VV*. При дослідженні впливу поліморфізму гена *GH* у голштинської, голштино-фризької, чорно-рябої порід великої рогатої худоби виявлено, що тварини з гомозиготним генотипом *LL* – *GH* і гетерозиготні тварини *LV-GH* мали вищі показники молочної продуктивності ніж тварини з генотипом *VV-GH*. Виявлена асоціація поліморфізму гена з надоєм і вмістом жиру в молоці, за цими показниками тварини з генотипом *LL* перевершували тварин з іншими генотипами. Для тварин української чорно-рябої молочної породи характерною була наявність тварин із генотипом *VV*, частота якого складала 0,136. У тварин голштинської породи гомозиготні тварини з цим генотипом виявлені не були.

Найбільший рівень продуктивності за показниками загального надою спостерігали у тварин з генотипом АА, при порівнянні з тваринами, що мають генотипи ВВ. За аналізом гена *PIT-1* частота алельних варіантів А і В для тварин чорно-рябої молочної породи була однаковою і становила – 0,500. Гіпофізарно-специфічний фактор транскрипції *PIT-1* є регуляторним геном який контролює транскрипцію генів пролактину, тиротропіну і гормону росту, а також відіграє важливу роль у проліферації та диференціації клітин гіпофізу, що секретують ці гормони. За геном *MSTN* не були виявлені тварини з генотипом АВ (196 та 185 пн) – *nt821 (del11)*, що спричиняє м'язову гіпертрофію.

З метою вивчення продуктивних якостей корів різних генотипів за *QTL*, були проведені дослідження на поголів'ї симентальських корів німецької селекції. В цілому, первістки симентальської породи мають високу молочну продуктивність (пересічно, 5845 ± 196 кг молока), високий вміст жиру та білка в молоці ($4,05 \pm 0,04$ % та $3,28 \pm 0,02$ %, відповідно). Проведений популяційно-генетичний аналіз дозволив виявити частоти алельних варіантів за маркерними генами. За геном *CSN3* частота алельного варіанта А, асоційованого з підвищеним надоєм у тварин симентальської породи була – 0,705, а частота В-варіанта – 0,295. Алельний варіант В гена *CSN3* асоційований з високим вмістом білка в молоці, кращими його коагуляційними властивостями. Для виробництва твердих сирів високої якості використовується молоко від корів з наявністю В-алельного варіанта гена капа-казеїну. Дані свідчать, що частота бажаного алелю В у дослідженій популяції знаходиться на рівні 29,5 %. Тварини гомозиготні за цим алелем, мають підвищений вміст білка в молоці (пересічно, 3,38 %) Більшість корів, що мають бажаний В-алель гена *CSN3*, відно-

сяться до лінії Хоррора. Крім того, всі тварини цієї лінії в дослідженій виборці є гомозиготними за геном *LEP* (CC). Частота алельного варіанта А за геном *BLG* складала 0,311, а В-алельного варіанта – 0,689. Відомо, що перший асоційований з високими надоями молока, а другий – з високим вмістом казеїнових білків та підвищеним вмістом жиру в молоці корів. Тварини, що мають в генотипі В-алельний варіант гена *BLG*, мають кращі показники жирності молока (4,0-4,1 %), порівняно до тварин-гомозигот за алелем А (3,8 %). Проте останні значно переважають інші генотипи за надоем (+433 – +671 кг). Відносно висока частота В-алелю гена *BLG* свідчить про спрямованість симентальської худоби на високу жирномолочність. Для порівняння, чорно-ряба порода характеризувалася середнім показником частоти генотипу ВВ, що дорівнював 20 %. За геном гормону росту значну перевагу за надоем мали гетерозиготні тварини (генотип LV), тоді як гомозиготні VV відрізняються підвищеним вмістом білка в молоці. Оскільки частота алелів L та V в популяції подібна (0,550 та 0,450, відповідно), можна зробити припущення про збалансованість продуктивних якостей тварин.

На основі розподілу ДНК-фрагментів у спектрах, отриманих при використанні двох ISSR-маркерів ($(GAG)_6C$ і $(ACC)_6G$ у тварин білоголової української і української чорно-рябої молочної порід, виявлено амплікони різної довжини. Так, у білоголової української спостерігали фрагменти, які не зустрічались в іншій досліджуваній популяції, а саме: за $(GAG)_6C$ праймером – 1000, 700, 500, 320, 280 пн. За $(ACC)_6G$ праймером тварини порід білоголова українська і українська чорно-ряба молочна мають амплікони однакової довжини, за винятком фрагментів розміром 600 пн у білоголової української і 200 пн в української чорно-рябої молочної худоби.

З розвитком сучасних методів молекулярної генетики стає можливим ідентифікація генів, які безпосередньо пов'язані з показниками продуктивності тварин. Виявлення бажаних з точки зору селекції варіантів таких генів дозволяє додатково до традиційного відбору тварин проводити селекцію за генотипом.

Тому, саме нині, в зв'язку з вступом України до СОТ відповідно міжнародних вимог та рекомендацій ISAG/FAO, ICAR інших нормативних документів з метою забезпечення контролю генетичної якості племінних (генетичних) ресурсів при відтворенні, експорті, імпорті, підвищенні економічної ефективності та конкурентоспроможності галузі в Україні існує нагальна необхідність розробки та впровадження системи молекулярно-генетичної ідентифікації, яка б давала можливість здійснювати контроль переміщення тварин і отримання на їхній основі якісної продукції на усіх етапах технологічного ланцюга; обов'язкову оцінку всього племінного матеріалу на визначення / підтвердження походження, відсутність спадкових захворювань та на наявність бажаних алельних варіантів генів QTL, асоційованих з показниками продуктивності, що забезпечить не тільки впровадження в тваринництво системи геномної селекції, а й реалізацію комплексу завдань в системі збереження генетичного різноманіття тварин щодо аналізу структури порід, виявлення їхнього генетичного потенціалу, визначення генофондового статусу суб'єктів племінної справи у тваринництві.

Впровадження в тваринництво селекції за допомогою маркерів відкриває можливість подальшого підвищення ефективності селекції, в першу чергу за рахунок підвищення точності оцінки генетичного потенціалу тварини. Це набуває особливого значення в скотарстві при формуванні масивів тварин, які створюються шляхом

використання невеликої кількості бугаїв-плідників [24–26].

Перелік літератури

1. *Методические рекомендации по использованию наследственного полиморфизма в племенной работе и селекционно-генетических исследованиях с крупным рогатым скотом и свиньями на Украине* / Ф.П. Ворон, Г.Е. Маринчук, В.Я. Мещеряков и др.; Под ред. Ф.Ф.Эйснера. – Х., 1975. – 86 с.
2. *Генетические аспекты селекции* / Респ. произв.-науч. асоц. по внедрению науч.-техн. прогресса в животноводстве “Україна”; Сост.: С.П. Безенко, В.П. Буркат, В.А. Голец и др.; Под ред. В.П. Бурката. – К., 1992. – 117 с.
3. *Буркат В.П., Подоба Б.Е., Хаврук А.Ф.* Иммуногенетический анализ породообразовательного процесса в украинской красно-пестрой молочной породе / Молекулярно-генетические маркеры животных: тез. докл. II междунар. конф., УААН, Ин-т агроэкологии и биотехнологии. – К.: Аграр. наука, 1996. – С. 49.
4. *Буркат В.П., Кругляк А.П., Мельник Ю.Ф.* та ін. Імуногенетичний моніторинг при формуванні структури української червоно-рябкої молочної породи // Аграрна наука – виробництво: Наук.-інформ. бюл. завершених наук. розробок. – 2003. – № 5. – С. 8–10.
5. *Буркат В.П., Мельник Ю.Ф., Ефименко М.Я.* и др. Иммуногенетическая экспертиза в селекционном процессе / Научное наследие П.Н. Кулешова и современное развитие зоотехнической науки и практики животноводства: сб. материалов междунар. науч.-практ. конф., посвящ. 150-летию со дня рожд. проф. П.Н. Кулешова. 26–29 окт. 2004 г., М-во сел. хоз-ва. РФ, Рос. гос. аграр. ун-т., МСХА им. К.А. Тимирязева. – М., 2006. – С. 85–90.
6. *Буркат В.П.* Великомасштабна селекція: проблеми і принципи організації // Тваринництво України. – 1985. – № 3. – С. 24–27.
7. *Зубець М.В., Буркат В.П.* Наукові основи породотворчого процесу в молочному і м'ясному скотарстві на сучасному етапі // Тваринництво України. – 1996. – № 1. – С. 3–4.
8. *Буркат В.П., Ефименко М.Я., Хаврук А.Ф., Подоба Б.Е.* Принципы использования генетических маркеров в породообразовательном процессе / Проблемы производства молока и говядины: Материалы междунар. конф., 19–20 июня 1996 г. Акад. аграр. наук Респ. Беларусь, Бел. НИИ животноводства. – Жодино, 1996. – С. 67.
9. *Зубець М.В.* Перспектива розвитку біотехнологій в УААН / Використання сучасних молекулярно-генетичних і біотехнологічних розробок у генетико-селекційних дослідженнях: Зб. матеріалів 2-ої міжнар. конф. – К.: Аграр. наука, 1998. – С. 3–6.
10. *Заид А., Хьюз Х.Г., Порчедду Э., Николас Ф.* Словарь терминов по биотехнологии для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства / Продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединенных Наций. – Рим, 2008. – С. 395.
11. *Daetwyler H.D., Schenkel F.S., Sargolzaei M.* A genome scan to detect quantitative trait loci for economically important traits in Holstein cattle using two methods and a dense single nucleotide polymorphism map // J. Dairy Sci. – 2008. – Vol. 91, № 8. – P. 3225–3236.
12. *Ashwell M.S., Heyen D.W., Sonstegard T.S. et al.* Detection of quantitative trait loci affecting milk production, health, and reproductive traits in Holstein cattle // J. Dairy Sci. – 2004. – Vol. 87, № 2. – P. 468–475.
13. *Lipkin E., Tal-Stein R., Friedmann A.* Effect of quantitative trait loci for milk protein percentage on milk protein yield and milk yield in Israeli Holstein dairy cattle // J. Dairy Sci. – 2008. – Vol. 91, № 4. – P. 1614–1627.
14. *Lipkin E., Bagnato A., Soller M.* Expected effects on protein yield of marker-assisted selection at quantitative trait loci affecting milk yield and milk protein percentage // J. Dairy Sci. – 2008. – Vol. 91, № 7. – P. 2857–2863.
15. *Viitala S.M., Schulman N.F., de Koning D.J.* Quantitative trait loci affecting milk production traits in Finnish Ayrshire dairy cattle // J. Dairy Sci. – 2003. – Vol. 86, № 5. – P. 1828–1836.
16. *Bagnato A., Schiavini F., Rossoni A.* Quantitative trait loci affecting milk yield and protein percentage in a three-country brown swiss population // J. Dairy Sci. – 2008. – Vol. 91, № 2. – P. 767–783.
17. *Heyen D.W., Weller J.I., Ron M.* A genome scan for QTL influencing milk production and health traits in dairy cattle // J. Physiol. Genomics. – 1999. – Vol. 1, № 3. – P. 165–175.
18. *Mosig M.O., Lipkin E., Khutoreskaya G.* A whole genome scan for quantitative trait loci affecting milk protein percentage in Israeli-Holstein cattle, by means of selective milk DNA pooling in a daughter design, using an adjusted false discovery rate criterion // Genetics. – 2001. – Vol. 157, № 4. – P. 1683–1698.
19. *Weller I., Golik M., Reikhav S.* Detection and analysis of quantitative trait loci affecting production and secondary traits on chromosome 7 in Israeli Holsteins // J. Dairy Sci. – 2008. – Vol. 91, № 2. – P. 802–813.

20. *Weller J.L., Golik M., Seroussi E.* Detection of quantitative trait loci affecting twinning rate in Israeli Holsteins by the daughter design // *J. Dairy Sci.* – 2008. – Vol. 91, № 6. – P. 2469–2474.
21. *Welter I., Golik M., Seroussi E.* Population-wide analysis of a QTL affecting milk-fat production in the Israeli Holstein population // *J. Dairy Sci.* – 2003. – Vol. 86, № 6. – P. 2219–2227.
22. *Mosig M.O., Darvasf A. Ezra E.* Quantitative trait locus mapping in dairy cattle by means of selective milk DNA pooling using dinucleotide microsatellite markers: analysis of milk protein percentage // *Genetics.* – 1998. – Vol. 149, № 3. – P. 1557–1567.
23. *Wetter I.* Power of daughter and granddaughter designs for determining linkage between marker loci and quantitative trait loci in dairy cattle // *J. Dairy Sci.* – 1990. – Vol. 73, № 9. – P. 2525–2537.
24. *Alison V.E.* Marker – assisted selection in beef cattle // *UC Davis.* – 2007. – P. 1–2.
25. *Dekkers C.M.* Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons // *J. Anim. Sci.* – 2004. – Vol. 82, suppl. 13. – P. 313–328.
26. *Gomez-Raya L., Gro Olsen H., Lingaas F., et al.* The use of genetic markers to measure genomic response to selection in livestock // *Genetics.* – 2002. – Vol. 162, № 3. – P. 1381–1388.

*Представлено В.С. Коноваловим.
Надійшла 22.02.2010.*

СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНОТИПИЧЕСКОГО МАРКИРОВАНИЯ В СЕЛЕКЦИИ ЖИВОТНЫХ

К.В. Копилов

Институт разведения и генетики животных НААН
Украины
Украина, 08321, Киевская обл., Бориспольский
р-н, с. Чубинское, ул. Погребняка, 1
e-mail: kopylkir@ukr.net

Представлены основные аспекты современного состояния и целесообразности применения современных молекулярно-генетических методов в животноводстве Украины. Рассмотрены важнейшие аспекты эффективного типирования животных по молекулярно-генетическим маркерам, что дает возможность дополнить традиционные методы подбора и отбора результатами генотипирования животных по ДНК-маркерам.

Ключевые слова: ДНК-технологии, QTL, маркервспомогательная селекция (Marker Assisted Selection – MAS), ДНК-маркеры.

CONDITION AND PERSPECTIVE USE OF GENOTYPIC LABELING IN ANIMALS BREEDING

K.V. Kopylov

Institute of animal breeding and genetics of NAAS
of Ukraine
Ukraine, 08321, Kyiv Region, Boryspil District, v.
Chubinsky, Pogrebnyaka, 1
e-mail: kopylkir@ukr.net

The main aspects of the state-of-the-art and expediency of the modern molecular and genetic methods application for stockbreeding in Ukraine were highlighted. The most important methodical aspects of effective animal typing by molecular and genetic markers were considered thus enabling to supplement the traditional methods of selection and assortment with the results of animal genotyping via DNA markers.

Key words: DNA-technology, QTL, Marker Assisted Selection – MAS, DNA markers.