УДК 636.2:575.111
DOI*:* https://doi.org/10.31073/abg.61.15

ПІДБІР ТА ОЦІНКА ISSR-МАРКЕРІВ ДЛЯ АНАЛІЗУ ОКРЕМИХ ПОПУЛЯЦІЙ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

О. М. МАГЕРОВСЬКА
Інститут розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця НААН (Чубинське, Україна)
https://orcid.org/0000-0001-7445-2147 – О. М. Магеровська
olya.magerovska@gmail.com

В статті висвітлено молекулярно-генетичний аналіз міжмікросателітних послідовностей ДНК великої рогатої худоби молочного напряму продуктивності. Для проведення даного моніторингу використані молекулярні маркери, засновані на поліморфізмі ДНК. Такі маркери дозволяють швидко оцінювати генетичний поліморфізм тварин в стаді. Для проведення дослідження відібрані зразки біологічного матеріалу у представників трьох стад великої рогатої худоби. В результаті аналізу генетичної структури тварин української червоно-рябої молочної, монбельярдської порід та їх помісей за міжмікросателітними ДНК-локусами виявлено особливості їх індивідуального поліморфізму.
Ключові слова: **поліморфізм, ДНК-маркери, молекулярно-генетичний аналіз, праймер, полімеразна ланцюгова реакція, локус**

SELECTION AND ASSESSMENT OF ISSR-MARKERS FOR ANALYSIS OF SEPARATE CATTLE POPULATIONS

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

The molecular-genetic analysis of microsatellite DNA sequences of dairy cattle productivity is covered in the article. Molecular markers based on DNA polymorphism were used for this monitoring. Such markers make it possible to assess quickly the genetic polymorphism of taprin in the herd. For the exploration were taken the samples of biological material from representatives of three herds of cattle. As a result of the analysis of the genetic structure of the animals of the Ukrainian Red-and-White dairy, Montbeliard and their crossbreeds by intermicrosatellite DNA loci the peculiarities of their individual polymorphism were revealed.
Keywords: **polymorphism, DNA markers, molecular-genetic analysis, primer, polymerase chain reaction, locus**

ПОДБОР И ОЦЕНКА ISSR-МАРКЕРОВ ДЛЯ АНАЛИЗА ОТДЕЛЬНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

О. М. Магеровская
Институт разведения и генетики животных имени М.В.Зубца НААН (Чубинское, Украина)

В статье освещен молекулярно-генетический анализ межмикросателлитных последовательностей ДНК крупного рогатого скота молочного направления продуктивности. Для проведения данного мониторинга использованы молекулярные маркеры, основанные на полиморфизме ДНК. Такие маркеры позволяют быстро оценивать генетический полиморфизм животных в стаде. Для проведения исследования отобраны образцы биологического материала у представителей трех стад крупного рогатого скота. В результате анализа генетической структуры животных украинской красно-пестрой молочной, монбельярдської пород и их помесей по межмикросателлитным ДНК-локусам обнаружены особенности их индивидуального полиморфизма.

© О. М. МАГЕРОВСЬКА, 2021

Ключевые слова: **полиморфизм, ДНК-маркеры, молекулярно-генетический анализ, праймер, полимеразная цепная реакция, локус**

Вступ. Однією із загальних властивостей біологічних систем є здатність відновлювати генетичний матеріал та успадковувати його майже незмінним. У тварин одного виду 99,9% нуклеотидних послідовностей у ДНК однакові. І лише від 0,1% послідовностей нуклеотидів залежить від того, настільки індивідуальними є організми одного виду [1, 2]. Нині одним з найкращих інструментів для оцінки генетичної структури популяцій та отримання інформації про різноманітність її генофонду є використання ДНК-маркерів [3, 4]. Існує декілька молекулярно-генетичних методів дослідження генетичного різноманіття. Це мультилокусні (RAPD, AFLP, ISSR) та монолокусні (STMS, SNP, SSCP) ДНК-маркери. Обрані нами для дослідження ISSR-маркери ґрунтуються на мультиклокусному синтезі в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР). Ці маркери дають змогу об'єктивного вивчення породи й міжпородної різноманітності та досить швидко й точно оцінити генетичне різноманіття на наявність генів, асоційованих з господарсько-корисними ознаками [5, 6]. До переваг ISSR-аналізу належить можливість оцінки поліморфізму генетичної структури за низкою локусів з використанням одного праймера. Висока кількість мікросателітних повторів в геномі великої рогатої худоби підвищує ймовірність виявлення поліморфних локусів, роблячи маркери універсальним інструментом для генетичного аналізу.

У тваринництві оцінку генетичного різноманіття та вивчення диференціації порід великої рогатої худоби за генетичними маркерами проводило багато авторів [7–11]. Дослідники в своїх роботах використовували як динуклеотидні, так і тринуклеотидні мікросателітні повтори.

Метою наших досліджень є підбір і оцінка ISSR-маркерів для аналізу та вивчення генетичного різноманіття українських і імпортних порід великої рогатої худоби молочного напрямку продуктивності.

Матеріали та методи досліджень. Для проведення досліджень були відібрані зразки біологічного матеріалу у представників трьох популяцій великої рогатої худоби (українська червоно-ряба молочна, монбельярдська порода та їх помісі). Для виділення ДНК із цільної крові тварин використовували набір стандартних реагентів «DNA Sorb B». Реакційна пробірка об'ємом 10 мкл готувалася за схемою: дослідна ДНК-1,5, деіонізована вода – 4,6, dNTP (дезоксинуклеозидтрифосфати) – 1 , ПЛР-буфер – 2, Taq-полімераза – 0,1, праймери – 1.

Ампліфікацію сумарної ДНК з ISSR-праймерами проводили на термоциклері «Терцик» («ДНК-технологія» РФ), дотримуючись наступних умов: I цикл – початкова денатурація, 7 хв. при температурі 95ºС; II цикл (повторюваність циклу 30 раз) – 30 сек. при 94ºС, 30 сек. при 62ºС, 2 хв при 72ºС; III цикл – 7 хв. при 72ºС.

Електрофоретичне розділення продуктів ампліфікації проводили в 1,0% агарозному гелі, використовуючи 0,5% трис-боратний буфер при постійній напрузі 100 В впродовж 80 хв. Візуалізацію продуктів ПЛР проводили за допомогою ультрафіолетових променів та фотографували цифровою камерою для подальшого аналізу.

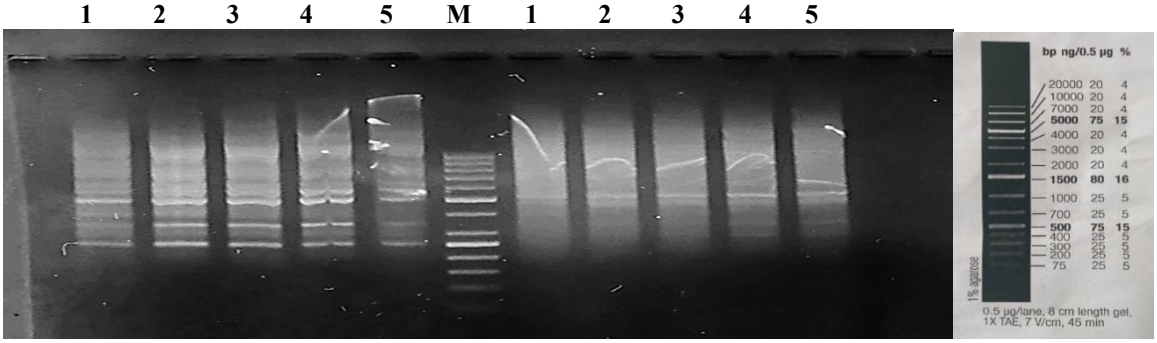
Обрані нами для проведення даного дослідження праймери відповідають вимогам отримання спектрів ампліконів для оцінки міжпородної диференціації та генетичної гетерогенності популяцій [5]: ISSR-1, ISSR-2, ISSR-3, ISSR-4 (табл. 1).

1. Характеристики використаних праймерів

№	Праймер	Нуклеотидна послідовність 5→3
ISSR-1	$(GA)_9$ C	(5′ – GAG AGA GAG AGA GAG AGA C 3′),
ISSR-2	$(ACC)_6$ G	(5′ – ACC ACC ACC ACC ACC ACC G C 3′),
ISSR-3	$(GAG)_6$ C	(5′ – GAG GAG GAG GAG GAG GAG C3′),
ISSR-4	$(AG)_9$ C	(5′ – AGA GAG AGA GAG AGA GAG C3′)

Для визначення молекулярної маси отриманих фрагментів був використаний маркер #SM1343.

Результати досліджень. У результаті дослідження міжмікросателітних локусів ДНК помісних тварин продукти ISSR-PCR за використання праймерів **ISSR-1 (GA)$_9$ C та ISSR-4 (AG)$_9$ C** мали наступні характеристики: відсутність ампліконів, дифузні спектри без чітких дискретних полос та спектри з чіткими ПЛР-продуктами. При використанні праймера **ISSR-1 (GA)$_9$ C** отримали більшу кількість локусів (24 шт – 70,59%). Загальна кількість ампліконів – 33 (рис. 1).



ISSR-1 (GA)$_9$ C **ISSR-4 (AG)$_9$ C**

Рис 1. **Спектри продуктів ПЛР помісних тварин (української червоно-рябої молочної та монбельярдської порід) за використання праймерів ISSR-1 (GA)$_9$ C та ISSR-4 (AG)$_9$ C. M – маркер молекулярних мас #SM 1343**

За використання праймерів **ISSR-1 (GA)$_9$ C та ISSR-4 (AG)$_9$ C** спектри продуктів ампліфікації мають фрагменти більше 250 п. н. Діапазон отриманих продуктів ПЛР від 250 до п. н. (табл. 2).

2. Характеристика діапазону ампліконів

Діапазон ампліконів	Кількість ампліконів			
	ISSR-1 (GA)$_9$ C	%	ISSR-4 (AG)$_9$	%
250 п. н.	5	15,15	1	3,03
350 п. н.	5	15,15	2	6,06
500 п. н.	5	15,15	5	15,15
580 п. н.	5	15,15	1	3,03
680 п. н.	4	12,12	–	–

Далі було проведено порівняння продуктів, отриманих при дослідженні ДНК помісних тварин за використання праймерів **ISSR-1, ISSR-2, ISSR-3, ISSR-4** (рис. 2).

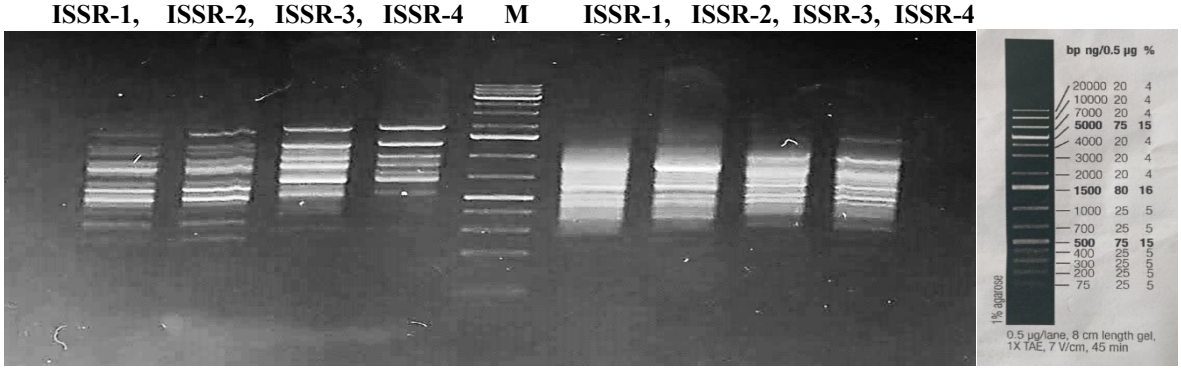


Рис. 2. **Електрофореграма розділення продуктів ампліфікації ПЛР помісних тварин (української червоно-рябої молочної та монбельярдської порід) за використання праймерів ISSR-1, ISSR-2, ISSR-3, ISSR-4. M – маркер молекулярних мас #SM1343**

Найбільша кількість досліджуваних ділянок в даних тварин мають розмір від 350 п. н. до 2000 п. н. У першої групи тварини за 4 праймерами отримано 39 ампліконів, у другої групи тварини чіткої диференціації в локусах не виявлено, загальна кількість локусів – 37 (табл. 3).

3. Кількість досліджуваних ділянок за різними маркерами тварин помісей української червоно-рябої молочної та монбельярдської порід

Розміри ДНК-фрагментів (п. н.)	I група тварин				II група тварин			
	ISSR-1	ISSR-2	ISSR-3	ISSR-4	ISSR-1	ISSR-2	ISSR-3	ISSR-4
2000		1	1	1				
1450				1				
1400		1	1		1	1	1	1
1300	1					1	1	1
1000	1	1	1	1	1	1	1	1
850	1	1	1	1			1	1
800	1	1	1	1	1	1	1	
700	1	1		1	1	1	1	1
680	1	1	1	1				
600	1	1	1			1	1	1
550	1	1						
500	1	1	1		1	1	1	1
450	1	1					1	1
400	1				1	1	1	1
370						1	1	1
350	1	1			1			
Всього	12	12	8	7	7	9	11	10

На основі проведеного аналізу генетичного матеріалу тварин червоно-рябої молочної породи, найбільша кількість мультилокусних спектрів отримано за використання праймерів **ISSR-1 та ISSR-2** (відповідно 41 та 23 локуси). Отримані ж амплікони за використання праймерів **ISSR-3 та ISSR-4** мали середній розмір (300–1500 п. н.), а їх кількість – відповідно 19 та 22 локуси (рис. 3).

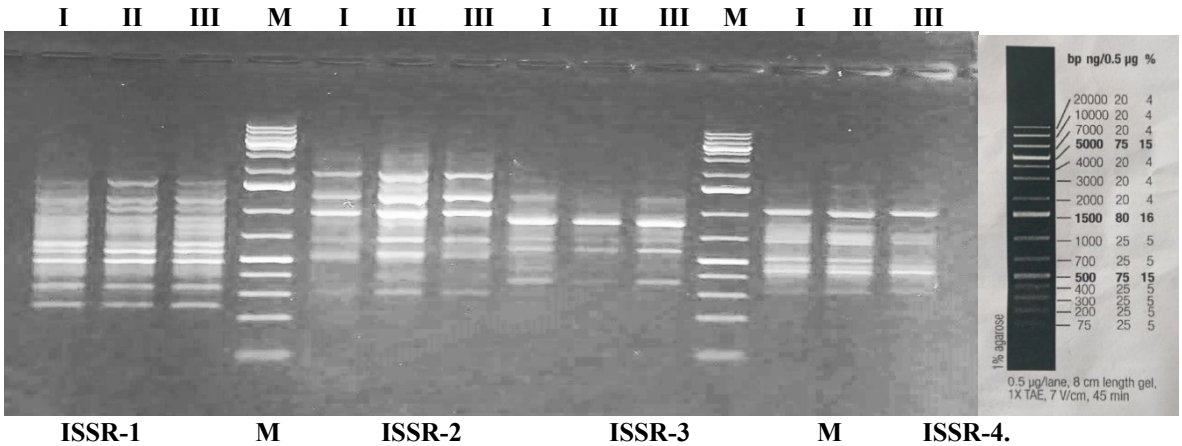


Рис. 3. **Електрофореграма розділення продуктів ампліфікації ПЛР тварин української червоно-рябої молочної породи за використання праймерів ISSR-1, ISSR-2, ISSR-3, ISSR-4. М – маркер молекулярних мас #SM1343**

Згідно результатів дослідження тварин української червоно-рябої молочної породи діапазон розмірів продуктів ампліфікації коливається від 250 до 3000 п. н. (табл. 4).

При проведенні скринінгу генетичного матеріалу тварин монбельярдської породи за використання праймеру **ISSR-1 (GA)$_9$ C** отримані продукти ПЛР розміром від 250 до 1500 п. н., їх загальна кількість – 106 ампліконів (рис. 4).

4. Кількість досліджених ділянок за різними маркерами у тварин української червоно-рябої молочної породи

Розміри ДНК-фрагментів (п. н.)	ISSR-1			ISSR-2			ISSR-3			ISSR-4		
	група № 1	група № 2	група № 3	група № 1	група № 2	група № 3	група № 1	група № 2	група № 3	група № 1	група № 2	група № 3
250	1	1	1									
300					1	1				1	1	1
350	1	1	1									
400	1	1	1	1	1		1	1	1	1	1	1
450	1	1	1				1	1	1	1	1	1
500	1	1	1		1	1				1	1	1
550							1	1	1			
600	1	1	1	1	1	1						
700	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
800	1	1	1		1		1		1	1	1	
900	1	1	1				1	1	1	1	1	
1000	1	1	1	1	1	1				1	1	1
1100	1	1	1									
1300	1	1	1	1	1	1	1		1			
1500	1	1	1									
2000		1	1	1	1	1						
3000					1							
Всього	13	14	14	6	10	7	7	5	7	8	8	6

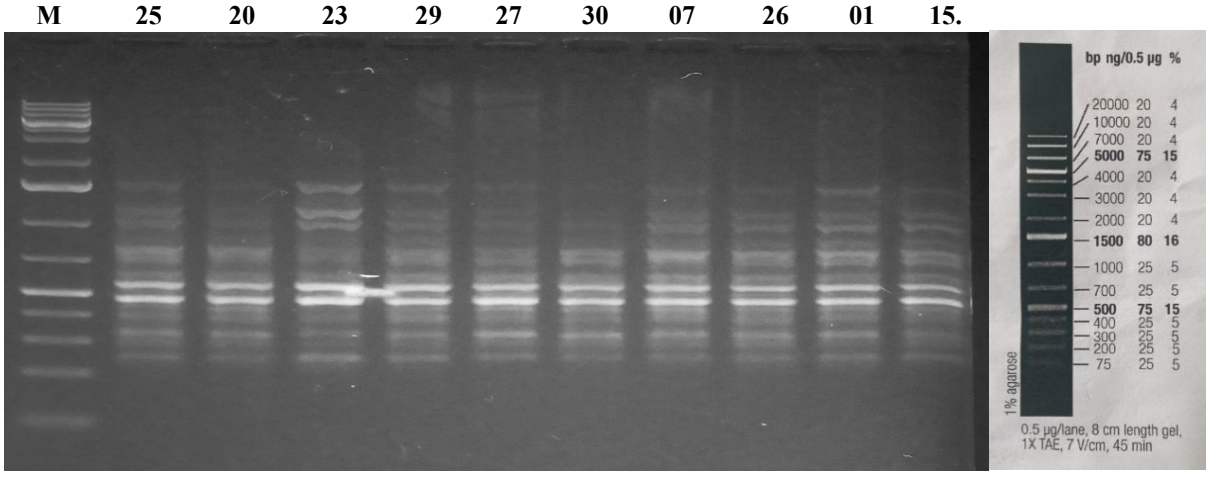


Рис. 4. **Спектри продуктів ПЛР тварин монбельярдської породи за використання праймеру ISSR-1 (GA)$_9$ C. M – маркер молекулярних мас #SM1343**

Аналіз досліджуваних ділянок генетичного матеріалу тварин монбельярдської породи за праймеру ISSR-1 (GA)$_9$ C представлені у таблиці 5.

При подальшому дослідження цих же тварин, але з праймером **ISSR-2 (ACC)$_6$ G,** ми отримали наступні результати. Діапазон розмірів отриманих ампліконів становив від 300 до 1500 п. н. і їх загальна кількість – 45. Найбільша кількість локусів – 31 (68,8%) мали розмір 500–1500 п. н., а також 14 локусів мали розмір 300–500 п. н. (31,2%) (рис. 5).

5. Кількість досліджуваних ділянок за праймеру ISSR-1 (GA)$_9$ C у тварин монбельярдської породи

Розміри ДНК-фрагментів (п. н.)	Індивідуальний № тварини									
	6922 (25)	8272 (20)	8699 (23)	1712 (29)	7045 (27)	8405 (30)	5273 (07)	3483 (26)	7052 (01)	62150 (15)
250	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
330	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
480	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
550	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
700	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
750	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1000	1		1	1	1		1	1	1	1
1300				1						1
1500	1		1	1	1		1		1	
Всього	11	9	11	12	11	9	11	10	11	11

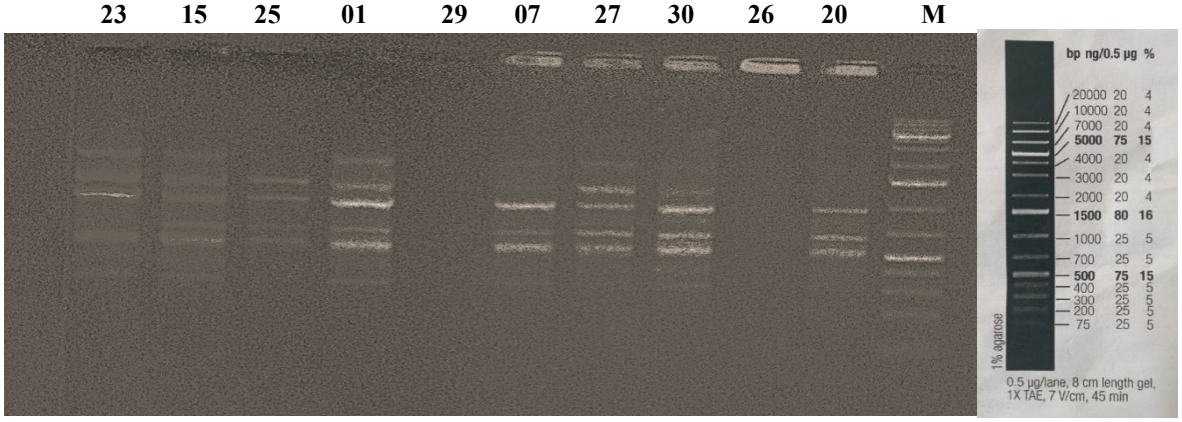


Рис. 5. **Спектр продуктів ПЛР тварин монбельярдської породи з праймером ISSR-2 (ACC)$_6$ G. M – маркер молекулярних мас #SM1343**

Результати розподілу продуктів ампліфікації тварин монбельярдської породи за праймером **ISSR-2 (ACC)6** представлені у таблиці 6.

6. Кількість досліджуваних ділянок за праймером ISSR-2 (ACC)$_6$ G у тварин монбельярдської породи

Розміри ДНК-фрагментів (п. н.)	Індивідуальний № тварини									
	8699 (23)	62150 (15)	6922 (25)	7052 (01)	1712 (29)	5273 (07)	7045 (27)	8405 (30)	3483 (26)	8272 (20)
300	1	1		1		1	1	1		1
400	1	1		1		1	1	1		1
500	1	1	1	1		1	1	1		1
700	1	1	1	1		1	1	1		1
1000	1	1	1	1		1	1	1		1
1500	1	1	1	1		1	1	1		
Всього	6	6	4	6		6	6	6		5

Проаналізувавши отримані дані, можна встановити розподіл кількості та довжини ДНК-фрагментів за використання 4-х ISSR-маркерів та оцінити гетерогенність популяцій великої рогатої худоби (табл. 7).

7. Розподіл кількості і довжин ДНК-фрагментів за використання 4-х ISSR-маркерів

Розміри ДНК-фрагментів (п. н.)	Маркери											
	ISSR-1			ISSR-2			ISSR-3			ISSR-4		
	УЧеРМ	М	помісі УЧеРМ × М	УЧеРМ	М	помісі УЧеРМ × М	УЧеРМ	М	помісі УЧеРМ × М	УЧеРМ	М	помісі УЧеРМ × М
250	3	10	5									1
300	3	10		2	7					3		
330		10										
350			7									2
370						1			1			1
400	3	10	2	2	7	1	3		1	3		1
450	3		1			1	3		1	3		1
480		10										
500	3	10	7	2	8	2			2	3		6
550		10	1			1	3					
580			5			2						1
600	3		1	3		2			2			1
680			5			1			1			1
700	3	10	2	3	8	2	3		1	3		2
750		10										
800	3		2	1		2	2		2	2		1
850			1			1			2			2
900	3						3			2		1
1000	3	8	2	3	8	2			2	3		2
1100	3											
1300	3	2	1	3		1	2		1			1
1400			1			2			2			1
1450												1
1500	3	6			7							
2000	2			3					1			1
3000				1								
Всього	41	106	43	23	45	21	19		19	22		26

Кількість ампліфікованих фрагментів ДНК варіює в залежності від праймеру від 21 до 106, а їх розмір – від 250 п. н. до 3000 п. н. На основі проведеного аналізу поліморфізму ДНК виконана оцінка параметрів генетичної різноманітності досліджуваних популяцій великої рогатої худоби (табл. 8).

8. Сумарна кількість ампліфікованих фрагментів ДНК, одержаних за використання 4-х типів **ISSR-маркерів**

Маркер	Групи тварин		
	УЧеРМ	М	помісі УЧеРМ × М
ISSR-1	41	106	46
ISSR-2	23	45	21
ISSR-3	19	-	19
ISSR-4	22	-	26
Всього	105	151	112

Висновок. Таким чином, в результаті аналізу генетичної структури тварин двох порід молочної худоби і їх помісей за міжмікросателітними ДНК-локусами виявлено їх індивідуальний поліморфізм. Продукти ампліфікації мають значні варіації в залежності від використаного праймера. Праймери ISSR-1 та ISSR-2 є найбільш інформативними для аналізу поліморфізму ДНК великої рогатої худоби.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Baldi P., Baisnee P. F. Sequence analysis by additive scales: DNA structure for sequences and repeats lengths. *Bioinformatics*. 2000. Vol. 16. P. 865–889.
2. Muralidhar M., Kanginakudru S., Gudiseva N., Nagaraju J. Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (Bos indicus), using microsatellite markers – a preliminary study. *Genetics*. 2004. Vol. 5. P. 16–23.
3. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by seguence repeat (SSR) – anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*. 1994. Vol. 20. P. 176–183.
4. Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S. MEGA 4 : Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*. 2007. Vol. 24. P. 1596–1599.
5. Шемедюк Н. П. Мікросателітна нестабільність. *Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнології імені С. З. Ґжицького*, 2015. Т. 17, № 1 (61), ч. 3. С. 277–281.
6. Россоха В. І., Шкавро Н. М. Пошук породоспецифічних генетичних ДНК-маркерів для типування біологічних зразків великої рогатої худоби. *Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнології імені С. З. Ґжицького.* 2010. Т. 12. № 2 (44), ч. 3. С. 211–217.
7. Копилов К. В., Копилова К. В., Арнаут К. О. Комплексний аналіз тварин великої рогатої худоби білоголової української та української чорно-рябої молочної порід за різними ДНК-маркерами. *Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва.* Біла Церква, 2010. Вип. 2 (70). С. 71–73.
8. Столповский Ю. А., Ахани Азари М., Евсюков А. Н. Дифференциация пород крупного рогатого скота с использованием мультилокусного межмикросателлитного анализа (ISSR-PCR). *Сельскохозяйственная биология.* 2011. № 4. С. 36–44.
9. Столповский Ю. А., Ахани Азари М., Евсюков А. Н. Сравнительный анализ полиморфизма issr-маркеров у пород крупного рогатого скота. *Генетика животных,* 2011. Т. 47, № 2. С. 213–226.
10. Буркат В. П., Ковтун С. І., Копилова К. В., Копилов К. В. Деякі біотехнологічні та генетичні методи при створенні тварин майбутнього. *Розведення і генетика тварин.* Київ : Аграрна наука, 2008. Вип. 42. С. 3–10.
11. Добрянська М. Л., Подоба Ю. В. Застосування різних типів ДНК-маркерів у генетичних дослідженнях великої рогатої худоби. *Геномна селекція у тваринництві: стан та перспективи розвитку* : Матеріали творчої дискусії. Київ : Аграрна наука, 2011. С. 19–22.

REFERENCES

1. Baldi, P., and P. F. Baisnee. 2000. Sequence analysis by additive scales: DNA structure for sequences and repeats lengths. *Bioinformatics.* 16:865–889 (in English).
2. Muralidhar, M., S. Kanginakudru, N. Gudiseva, and J. Nagaraju. 2004. Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (Bos indicus), using microsatellite markers – a preliminary study. *Genetics.* 5:16–23 (in English).
3. Zietkiewicz, E., A. Rafalski , and D. Labuda. 1994. Genome fingerprinting by seguence repeat (SSR) – anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics.* 20:176–183 (in English).
4. Tamura, K., J. Dudley, M. Nei, and S. Kumar. 2007. MEGA 4 : Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution.* 24:1596–1599 (in English).

5. Shemediuk, N. P. 2015. Mikrosatelitna nestabil′nist′ – Microsatellite instability. *Naukovyy visnyk L'vivs'koho natsional'noho universytetu veterynarnoyi medytsyny ta biotekhno-lohiyi imeni S. Z. Gzhyts'koho – Scientific bulletin of S. Z. Gzhytsky Lviv national university of veterinary medicine and biotechnology.* 17, 3, 1(61):277–281 (in Ukrainian).

6. Rossokha, V. I., and N. M. Shkavro. 2010. Poshuk porodospetsyfichnykh henetychnykh DNK-markeriv dlia typuvannia biolohichnykh zrazkiv velykoi rohatoi khudoby – Search for breed-specific genetic DNA markers for typing biological samples of cattle. *Naukovyy visnyk L'vivs'koho natsional'noho universytetu veterynarnoyi medytsyny ta biotekhno-lohiyi imeni S. Z. Gzhyts'koho – Scientific bulletin of S. Z. Gzhytsky Lviv national university of veterinary medicine and biotechnology.* 12, 2(44), 3:211–217 (in Ukrainian).

7. Kopylov, K. V., K. V. Kopylova, and K. O. Arnaut. 2010. Kompleksnyi analiz tvaryn velykoi rohatoi khudoby biloholovoi ukrainskoi ta ukrainskoi chorno-riaboi molochnoi porid za riznymy DNKmarkeramy – Comprehensive analysis of bovine animals of Ukrainian and Ukrainian black-spotted dairy breeds by different DNA markers. *Tekhnolohiia vyrobnytstva i pererobky produktsii tvarynnytstva – Technology of production and processing of livestock products.* Bila Tserkva*,* 2(70):71–73 (in Ukrainian).

8. Stolpovskiy, Yu. A., M. Akhany Azary, and A. N. Evsyukov. 2011. Differentsiatsiya porod krupnogo rogatogo skota s ispol'zovaniem mul'tilokusnogo mezhmikrosatellitnogo analiza (ISSR-PCR) – Differentiation of cattle breeds using multilocus inter-microsatellite analysis (ISSR-PCR). *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya –Agricultural biology.* 4:36–44 (in Russian).

9. Stolpovskiy, Yu. A., M. Akhani Azari, A. N. Evsyukov. 2011. Sravnitel'nyy analiz polimorfizma issr-markerov u porod krupnogo rogatogo skota – Comparative analysis of issr markers polymorphism in cattle breeds. *Genetika zhivotnykh – Animal genetics.* 47(2):213–226 (in Russian).

10. Burkat, V. P., S. I. Kovtun, K. V. Kopylova, and K. V. Kopylov. 2008. Deyaki biotekhnolohichni ta henetychni metody pry stvorenni tvaryn maybutn'oho – Some biotechnological and genetic methods in creating the animals of the future. *Rozvedennya i henetyka tvaryn – Animal breeding and genetics.* Kyyiv : Ahrarna nauka*.* 42:3–10 (in Ukrainian).

11. Dobrianska, M. L., and Yu. V. Podoba. 2011. Zastosuvannia riznykh typiv DNK-markeriv u henetychnykh doslidzhenniakh velykoi rohatoi khudoby – Use of different types of DNA markers in genetic research of cattle. *Materialy tvorchoi dyskusii «Henomna selektsiia u tvarynnytstvi: stan ta perspektyvy rozvytku» – Materials of the creative discussion "Henom selection in animal husbandry: state and prospects of development".* Kyyiv : Ahrarna nauka. 19–22 (in Ukrainian).

Одержано редколегією 31.03.2021 р.
Прийнято до друку 26.04.2021 р.