

## ГЕНЕТИЧНІ ОСОБЛИВОСТІ ВНУТРІПОРОДНИХ ТИПІВ КАРПАТСЬКОЇ ПОРОДИ БДЖІЛ

**В. В. ПАПП<sup>1</sup>, О. І. МЕТЛИЦЬКА<sup>2</sup>, М. Д. ПАЛЬКІНА<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>ННЦ Інститут бджільництва ім. П.І. Прокоповича НААН (Київ, Україна)

<sup>2</sup>Інститут розведення і генетики тварин ім. М.В.Зубця НААН (Чубинське, Україна)  
[medkarpat@gmail.com](mailto:medkarpat@gmail.com)

Проведено визначення ідентифікаційних ДНК-фрагментів за використання технологій полілокусного аналізу геному – RAPD, ISSR з метою побудови генетичних формул кожного з чотирьох типів карпатських бджіл. Оцінено ступінь генетичної гетерогенності типів та їх диференціації для визначення найбільш перспективних поєднань з метою отримання гетерозисного ефекту на чистопородній основі.

**Ключові слова:** карпатська порода бджіл, ДНК-профілі, амплікони, ПЛР, ідентифікаційний маркер

**GENETICS CHARACTERS INTRAPEDIGRYS TYPES OF CARPATHIAN BREED BEES  
V. V. Papp<sup>1</sup>, O. I. Metlytska<sup>2</sup>, M. D. Palkina<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>ERC Institute of beekeeping nd. a. P.I. Prokopovich NAAS (Kyiv, Ukraine)

<sup>2</sup>Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V.Zubets of NAAS (Chubynske, Ukraine)

Conducted DNA-fragments of identity using the genome analysis polygene technologies – RAPD, ISSR for the goal to build genetic formulas each of the four types of Carpathian bees. Increase a score genetic heterogeneity degree of all four investigated types and their differentiation to determine the most promising combinations to obtain heterosis effect on purebred basis.

**Keywords:** Carpathian breed bees, DNA-profiles, amplicons, PCR, identification marker

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ВНУТРИПОРОДНЫХ ТИПОВ КАРПАТСКОЙ ПОРОДЫ ПЧЕЛ**

**В. В. Папп<sup>1</sup>, Е. И. Метлицкая<sup>2</sup>, М. Д. Палькина<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>ННЦ Институт пчеловодства им. П.И. Прокоповича НААН

<sup>2</sup>Институт разведения и генетики животных им. М.В.Зубца НААН

Проведено определение идентификационных ДНК-фрагментов с помощью технологий полилокусного анализа генома – RAPD, ISSR с целью построения генетических формул каждого из четырех типов карпатских пчел. Дана оценка степени генетической гетерогенности типов, их дифференциация с целью определения наиболее перспективных комбинаций для получения гетерозисного эффекта на чистопородной основе.

**Ключевые слова:** карпатская порода пчел, ДНК-профили, ампликоны, ПЦР, идентификационный маркер

**Вступ.** На сьогодні в усьому світі відбувається різке скорочення кількості бджіл та медового взятку у зв'язку із порушенням екологічного балансу переважно внаслідок застосування сучасних сільськогосподарських технологій. Наукою та практикою визначені видові особливості біології бджолиної сім'ї, що дозволило раціонально використовувати генофонд бджіл місцевих підвидів на користь людини. Проте саме бджільництво є єдиною галуззю тваринництва, в якій застосування класичних методів поліпшуючої селекції не призвели до створення бджіл заводських порід. Інтенсифікація бджільництва в умовах України потребує ініціації селекційної програми, відповідно до плану породного районування із залученням сучасних молекулярно-генетичних методів.

**Мета досліджень:** визначення особливостей чотирьох породних типів у карпатській породі за допомогою методів популяційної та молекулярної генетики.

**Матеріал і методи:** Відбір зразків проводили з бджолосімей п'яти провідних ліній: Синевір, Рахівський, Вучківський і Говерла. Для молекулярно-генетичного аналізу використовували по 20 особин від кожного типу бджіл карпатської породи із додержанням принципу репрезентативності (по 4 особини від кожної із 5 ліній всередині типу).

Екстракцію нуклеїнової кислоти проводили з гомогенату тканин із застосуванням стандартного комерційного набору «ДНК-Сорб В» («Амплісенс», НДІ епідеміології, Москва, Росія) проводили за методикою згідно рекомендацій виробника у певній модифікації [1] на етапі прободіготовки.

З метою запобігання потрапляння інгібіторів у реакційну суміш проводили видалення воску із проб додаванням 1000 мкл октану з наступною інкубацією 90<sup>0</sup>С, 5 хв. та центрифугуванням при 8000 об/хв., 5 хв. Супернатант видаляли, осад підсушували при кімнатній температурі й використовували для виділення ДНК.

Ампліфікацію ДНК з праймером ISSR проводили з використанням комерційного набору «Тапотілі» (НДІ Генетики РАН, Москва, Росія) [2]. Склад реакційної суміші: реакційний буфер (16,6ммоль/мл (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>; 67,0ммоль/мл Тріс-НСІ (рН – 8,8 одиниць за температури 25±0,3<sup>0</sup>С); 0,01% Tween-20; 2,0ммоль/мл хлориду магнію; 2ммоль/мл кожної dNTP) – 2,5 мкл; 100 пМ праймера – (0,5-1,0) мкл; від 2 до 4 одиниць активності Tag-полімерази – (0,1-0,2) мкл; (1-2нг) ДНК-зразка – (1-3) мкл; вода деіонізована (для доведення об'єму суміші до 25 мкл). Реакційна суміш для проведення дослідження у техніці RAPD-ПЛР аналогічного складу. На реакцію використовували не більше 0,5-1 нг зразка ДНК (стоковий розчин ДНК у співвідношенні 1:20).

Структура праймерів, використаних для генотипування бджіл, та їх кодові позначення наведені в таблиці 1. Праймери ОРА-1, ОРА-4, В15 використовувалися в технології RAPD («Fermentas» (Вільнюс, Латвія)), останній – ISSR, S1 («НВО Літех» (Москва, Росія)).

#### 1. Нуклеотидна структура і температурний режим праймерів, використаних в роботі.

Назва праймерів	Структура праймерів	% GC	Температура випалювання
ОРА-1	3'- CAG GCC CTT C -5'	70	36
ОРА-4	3'- AAT CGG GCT G -5'	60	36
В15	3'- GGA GGG TGT T -5'	60	36
S1	3'-AGC AGC AGC AGC AGC AGC C-5'	68,42	57

Ампліфікацію проводили на термоциклері «Терцик» («ДНК-технологія», Москва, Росія). Програма ампліфікації з RAPD-праймерами: 1 цикл: 94<sup>0</sup> – 3 хв.; 2-35 цикл: 94<sup>0</sup> – 1 хв., 36<sup>0</sup> – 30 с., 72<sup>0</sup> – 1 хв., 36 цикл (заклучна елонгація): 72<sup>0</sup> – 10 хв. Програма ампліфікації з праймером S1: 1 цикл: 94<sup>0</sup>С – 4 хв; 2 – 31 цикл: 57<sup>0</sup>С – 2 хв; 72<sup>0</sup>С – 4 хв; 94<sup>0</sup>С – 1 хв; 32 цикл: 57<sup>0</sup>С – 3 хв; 72<sup>0</sup>С – 7 хв.

Електрофоретичне розділення ампліфікованих ділянок ДНК в техніці RAPD та ISSR проводили у 2% агарозному гелі при однократному тріс-боратному електрофорезному буфері, згідно методичних рекомендацій [3]. Фарбування гелів проводили 0,5% розчином бромистого етидію протягом 10 хв. Візуалізацію електрофореграм здійснювали на транслюмінаторі в ультрафіолетовому спектрі при довжини хвилі 340 нм. Гель фотографували за використанням помаранчевого світлофільтру, фотокамерою «Canon». Контроль розмірів продуктів ампліфікації на гель-електрофореграмах здійснювали за допомогою маркера молекулярної маси 1 kb-Ladder plus («Fermentas», Вільнюс, Латвія). До аналізу залучали лише ПЛР продукти, що чітко відтворювалися на гелях в діапазоні молекулярних мас, відносно маркера: від 200 п.н. до 3000 п.н. при проведенні 3 повторних реакцій ампліфікації.

Обробку отриманих профілів проводили у стандартній комп'ютерній програмі GELSTAT [4]. Генетичні дистанції розраховували за показниками індексів генетичної подібності, отриманих в програмі GELSTAT за формулою:

$$D_{xy} = - \ln I$$

Побудову кладограмм здійснювали за величинами генетичних дистанцій в програмі TREE та MEGA 4 [5, 6]. Статистичний аналіз частоти ампліконів, гетерозиготність, внутрігрупова схожість та інше проводили за алгоритмом Фішера [7].

**Результати й обговорення.** Молекулярно-генетичні дослідження за чотирма праймерами дали змогу проаналізувати 95 ДНК-фрагментів різної довжини, що відповідали такій же кількості анонімних генетичних локусів геному бджіл. Застосування RAPD праймеру B-15 дало змогу виявити 18 продуктів ампліфікації в діапазоні молекулярних розмірів від 410 до 1000 п.н. (рис. 1). Слід зауважити, що ДНК-фрагмент розміром 410 п. н. зустрічався стовідсотково у всіх представників карпатської породи бджіл і характеризував один мономорфний генетичний локус. ДНК смуга розміром 445 п. н. на електрофореграмах була виявлена лише у 20% бджіл Вучківського типу за її відсутності у особин інших популяцій. Проведення статистичних порівнянь (критерій Фішера) частотного розподілу ДНК фрагментів, отриманих з праймером B-15, дозволило виявити суттєву кількість ідентифікаційних маркерів внутріпородних типів карпатських бджіл. Найбільшу кількість ДНК-фрагментів встановлено для Вучківського типу, розмір яких сягав у таких межах: 1000, 630, 580 та 485 п. н. ДНК-фрагмент ДНК розміром 1000 п. н. взагалі був відсутнім у бджіл Рахівського типу та Синевір, а його частота у представників популяції Говерла склала 0,600 ( $p < 0,001$ ). В особин – представників типу Синевір, спостерігали відсутність амплікону розміром 630 п. н. Фрагмент з молекулярною масою 710 п. н. спостерігався з частотою 0,600 проти 0,400 у бджіл типу Рахівський і Говерла та 0,100 у особин типу Вучківський ( $p < 0,05$ ;  $p < 0,01$  відповідно). Особливістю генетичної структури бджіл типу Рахівський і Говерла є наявність вірогідно вищої частоти продуктів ампліфікації розміром 655, 515 п. н та 830, 530 п. н. відповідно (табл. 2).

**2. Маркерні ДНК-фрагменти (в парах нуклеотидів) бджіл внутріпородних типів карпатської породи бджіл, отримані за використання 4 праймерів**

Внутрі-породні типи	Маркерні системи			
	RAPD B15	RAPD OPA1	RAPD OPA4	ISSR S1
Синевір	630; 710	1200; 900	1055; 380	900;600;380;240
Рахівський	655; 515	–	–	900; 445; 425; 260
Вучківський	1000; 980; 630; 580; 485	–	525; 380	320; 285
Говерла	830; 530	–	570	1500

Застосування праймера OPA-1 для генетичної характеристики внутріпородних типів карпатської бджоли виявилось малоінформативним, оскільки лише для особин популяції Синевір були зафіксовані два ідентифікаційні високомолекулярні ДНК-фрагменти: 1200 п. н. та нуль-алель, що в інших популяціях бджіл мав розмір 900 п. н. (табл. 2).

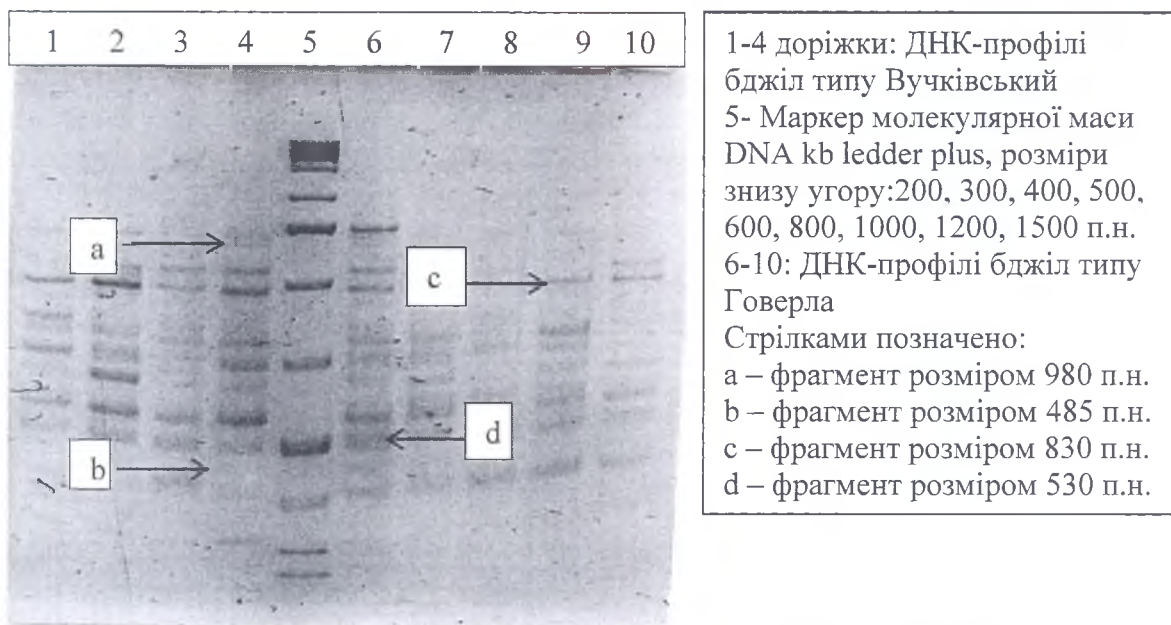
Частоти розподілу решти виявлених ДНК фрагментів з використанням RAPD-праймера OPA-1 в досліджуваних популяціях не мали вірогідних відмінностей. Зазначимо, що при 80% рівні поліморфізму 25 виявлених генетичних локусів, розміри отриманих ДНК-фрагментів геному бджіл варіювали у значних межах: від 270 до 1200п.н.

Слід зауважити наявність у вибірці бджіл Вучківського типу ДНК - фрагментів, що рідко зустрічаються і наявні саме в особин даного типу, розміром 1055, 300 і 270 п. н. частота яких не перевищувала 20%.

RAPD - аналіз геному бджіл карпатської породи з праймером OPA-4 дозволив виявити сумарно 25 ДНК фрагментів з довжиною від 265 до 1110 п. н. з певними відмінностями у час-



татах їх розповсюдження в популяціях різних типів. Для бджіл Рахівського типу за використання означеного праймера ідентифікаційні маркери не були встановлені. Для типів Синевір та Вучківський виявлені по 2 характерних амплікони, що зустрічалися із достовірно високою частотою: 1055 та (– 380) п. н. (відсутність фрагмента зазначеного розміру) для особин типу Синевір та 525, 380 п. н. для бджіл Вучківського, відповідно. Тип Говерла відрізнявся з поміж інших стовідсотковою наявністю одного ДНК-фрагмента розміром 570 п. н. (табл. 2).



1-4 доріжки: ДНК-профілі бджіл типу Вучківський  
 5- Маркер молекулярної маси DNA kb ladder plus, розміри знизу угору: 200, 300, 400, 500, 600, 800, 1000, 1200, 1500 п.н.  
 6-10: ДНК-профілі бджіл типу Говерла  
 Стрілками позначено:  
 a – фрагмент розміром 980 п.н.  
 b – фрагмент розміром 485 п.н.  
 c – фрагмент розміром 830 п.н.  
 d – фрагмент розміром 530 п.н.

Рис. 1. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК бджіл карпатської породи з праймером RAPD-B-15

В техніці міжмікросателітного аналізу з праймером S1 було зафіксовано найбільшу кількість ідентифікаційних маркерів для побудови генетичних формул внутріпородних типів карпатської породи. Серед загальної кількості отриманих продуктів ампліфікації – 27 з широким спектром розмірів від 240 до 1500 п. н. було встановлено за 4 характерними ДНК-маркерами для бджіл типів Синевір та Рахівський (табл. 2). Для особин типів Вучківський і Говерла шляхом статистичного аналізу визначено лише 2 і 1 частотні маркери з розмірами 320, 285 п. н. та 1500 п. н., відповідно. Хоча ДНК-фрагмент розміром 285 п. н. в популяції бджіл Вучківського типу зустрічався з невеликою частотою – близько 30%, повна відсутність такого амплікону у представників інших популяцій ( $p < 0,05$ ) надає підстави для визначення його як ідентифікаційного маркера бджіл цієї внутріпородної структури.

Статистичний аналіз частотного розподілу продуктів ампліфікації бджіл чотирьох типів, отриманих внаслідок молекулярно-генетичного аналізу з чотирма праймерами в ПЛР, проводився для виявлення найбільш характерних ідентифікаційних ДНК-фрагментів бджіл кожного типу [8]. На основі цих характеристик були побудовані генетичні формули внутріпородних типів карпатської породи (табл. 3).

**3. Генетична формула внутріпородних типів карпатської породи, на основі даних молекулярно-генетичного аналізу за використання 3 праймерів RAPD та 1 ISSR**

Внутріпородні типи	Генетична формула типів
Синевір	A <sub>630</sub> B <sub>1200</sub> B <sub>-900</sub> C <sub>1055</sub> C <sub>-380</sub> D <sub>900</sub> D <sub>600</sub> D <sub>380</sub> D <sub>240</sub>
Рахівський	A <sub>655</sub> A <sub>515</sub> D <sub>900</sub> D <sub>445</sub> D <sub>425</sub> D <sub>260</sub>
Вучківський	A <sub>1000</sub> A <sub>980</sub> A <sub>710</sub> A <sub>630</sub> A <sub>580</sub> A <sub>485</sub> C <sub>525</sub> C <sub>380</sub> D <sub>320</sub> D <sub>285</sub>
Говерла	A <sub>830</sub> A <sub>530</sub> C <sub>570</sub> D <sub>1500</sub>

**Примітка:** заголовними буквами позначено праймери: А-ОРА-1; В-ОРА-4; С-В15; D-ISSR-S1, Знак «мінус» перед позначенням молекулярної маси означає відсутність ДНК-фрагментів зазначеного розміру в даній популяції.

Згідно генетичних формул (табл. 3), найбільшою кількістю характерних ДНК-фрагментів характеризуються бджоли типу Синевір і Вучківський. Переважна кількість маркерів типу Синевір була виявлена за системою ISSR-S1 (чотири амплікони), а для типу Вучківський інформативною системою виявився метод RAPD з праймером В-15 (шість ДНК-фрагментів). Тип Рахівський відрізнявся від інших наявністю шести ДНК-маркерів, а бджоли типу Говерла характеризувалися лише чотирма специфічними генетичними локусами.

За основними параметрами популяційних показників найвищими значеннями 0,362 і 0,354 (відповідно  $p < 0,01$ ;  $p < 0,001$ ) рівнем генетичної різноманітності характеризувалися типи Говерла і Рахівський, оскільки саме за показником сумарної гетерозиготності вірогідно відрізнялися від бджіл типу Синевір і Вучківський із. У бджіл типу Говерла спостерігалася найбільша кількість поліморфних локусів – 54,9% при мінімальному значенні даної ознаки в популяції особин типу Синевір. Найменше значення рівня внутрігрупової схожості (кількості ДНК-фрагментів, що співпадають всередині досліджуваної групи) було зафіксовано для вибірки бджіл типу Рахівський (0,665,  $p < 0,001$ ).

#### 4. Генетико-популяційний аналіз типів бджіл карпатської породи сумарно за чотирма полілокусними системами (3 RAPD + 1 ISSR)

Внутріпородні типи	Генетико-популяційні показники				
	середня кількість смуг	рівень внутрігрупової схожості	гетерозиготність	кількість локусів	частка поліморфних локусів
Синевір	40,300*** ±1,550	0,699***	0,314 <sup>a</sup>	30,661	0,446
Рахівський	35,300 <sup>a</sup> ±1,399	0,665 <sup>a</sup>	0,354 <sup>a**</sup>	26,069	0,501
Вучківський	53,500*** ±1,448	0,705***	0,342	39,872	0,524
Говерла	48,300*** ±2,191	0,692***	0,362 <sup>a***</sup>	35,461	0,549

Примітка: різниця вірогідна за критерієм Фішера: \*\*\* –  $p < 0,001$ .

Цей показник може бути використаний для визначення ступеня генетичної консолідованості популяції і у зазначеному аспекті представники типу Рахівський потребують подальшого селекційного вдосконалення для зменшення розмаху мінливості окремої генеалогічної групи карпатської породи. Характерною особливістю бджіл цієї групи можна вважати також невелику кількість генетичних локусів, доступних для дослідження. Використані методи молекулярно-генетичного аналізу з чотирма праймерами в різних технологіях дозволили охарактеризувати лише 26 генетичних локусів у середньому при загальній кількості виявлених ампліконів на праймер – 35,3 (різниця порівняно із зазначеними параметрами інших досліджуваних генеалогічних груп бджіл вірогідна, ( $p < 0,001$ )).

Результати популяційно-генетичного аналізу бджіл чотирьох типів карпатської породи наведені в табл. 4. Унікальні генетичні характеристики за результатами проведених популяційно-генетичних досліджень були властиві бджолам Вучківського типу – при найбільшому показникові внутрігрупової схожості (0,705), тобто генетичної консолідованості, ця мікропопуляція має достатній резерв генетичної мінливості для подальшого відбору. Гетерозиготність обстеженої вибірки складала 0,342, а значення цього параметра займало проміжне положення між розрахованою гетерозиготністю для бджіл інших внутріпородних типів карпатської породи (різниця не вірогідна). Середня кількість виявлених ДНК-ампліконів (53,5) та сумарна кількість досліджуваних генетичних локусів була найвищою і суттєво відрізняло дану мікропопуляцію від інших типів карпатської породи за цими популяційними показниками ( $p < 0,01$ ;  $p < 0,001$  порівняно із значеннями цих величин для бджіл типу Рахівський і Синевір, відповідно).

	1	2	3	4
✓ Synevir				
✓ Rakhiv	0.435			
✓ Vuchkyv	0.426	0.423		
✓ Goverla	0.407	0.395	0.335	

Рис. 2. Генетичні дистанції між типами карпатської породи за алгоритмом М. Нея на основі RAPD, ISSR-типування

Визначення генетичних дистанцій між генеалогічними структурами всередині породи може бути використано в якості методичного підходу прогнозування ефективності поєднання ліній і типів для отримання гетерозисного ефекту нащадків на чистопородній основі. Метод розрахунку генетичних дистанцій використовується не лише для визначення рівня генетичної диференціації представників різних видів, видової систематизації, але і встановлення рівня дивергенції порід тварин та сортів рослин [9].

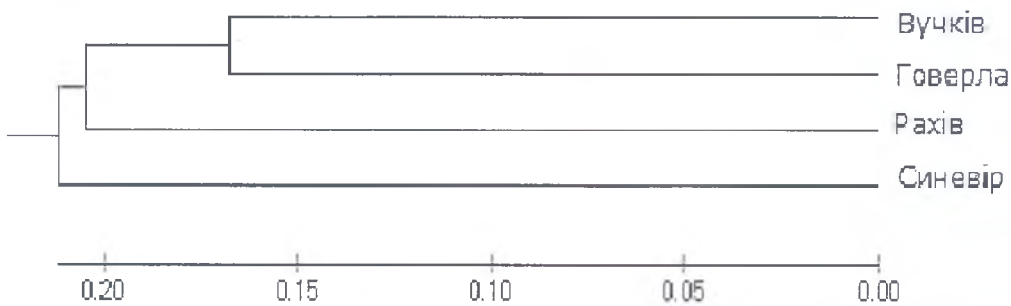


Рис. 3. Дендрограма генетичних співвідносин бджіл внутріпородних типів, побудована за даними ДНК-тестування методом незваженої парно-групової кластеризації UPGMA

Максимальне значення генетичної дистанції, за алгоритмом М. Нея (рис. 2), було встановлене між представниками типів Синевір і Рахівський (0,435), дещо менше значення цього показника характерно для поєднання Вучків – Синевір (0,426) та Вучків – Рахівський (0,423). Найменша генетична відстань розрахована між особинами типів Говерла і Вучківський, що свідчить про їх високу генетичну спорідненість і небажаність проведення схрещування представників цих типів між собою.

Застосування методу незваженої парно-групової кластеризації за розрахованими дистанціями дало змогу провести аналіз характеру генетичних взаємин між представниками внутріпородних типів карпатської породи у графічному виразі (рис. 3).

Відповідно дендрограми, представників типів Синевір і Рахівський представлено окремими гілками, що свідчить про їх генетичну своєрідність. Бджоли типу Вучківський і Говерла об'єднані в спільний підкласер, що пояснюється не тільки розрахованим мінімальним показником генетичної дистанції між даними типами, але і підтверджується історичною складовою створення породної групи Говерла, в основу якої входять лінії маток саме типу Вучківський, а також втраченої генеалогічної групи бджіл Колочавського типу.

**Висновки** Визначення генетичної специфіки внутріпородних типів карпатської породи бджіл дало змогу отримати такі результати: 1) обрані для дослідження молекулярно-генетичні маркери є достатньо інформативними для визначення унікальних, специфічних рис кожної породної групи і проведення ідентифікації будь-якої вибірки карпатської бджоли з можливістю віднесення її до певного внутріпородного типу; 2) одержані генетичні формули внутріпородних типів карпатських бджіл є доказом результативності селекційних заходів і можуть скласти



основу захисту прав інтелектуальної власності їх авторів; 3) застосовані молекулярно-генетичні маркери можуть слугувати інструментом прогнозування оптимальної сполучуваності внутріпородних типів з метою отримання гетерозисного ефекту у їх нащадків.

Перспектива проведення досліджень даного напрямку полягає у виборі в якості методичного інструменту дослідження генетичного поліморфізму карпатської породи більш точних, відтворюваних і уніфікованих маркерів: локус-специфічний мікросателітний аналіз, STR, дослідження одонуклеотидного поліморфізму структурних генів, SNP для аналізу, накопичення і формування загальноєвропейських баз даних з метою оцінки стану, розвитку, раціонального використання і збереження унікального генофонду карпатської бджоли.

## БІБЛІОГРАФІЯ

1. Метлицька, О. І. Методологія ДНК-паспортизації генофондів сільськогосподарських тварин за гіперваріабельними локусами геному // дис.. на здобуття наук. ступеня доктора с.-г. наук 03.00.15 – генетика, Чубинське. – 2012. – 376 с.
2. Метлицька, О. І. Оптимізація методу ДНК-фінгерпринтингу геному бджіл / О. І. Метлицька // Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. – К.: Аграрна наука, 2009. – Вип. 138. – С. 282–287.
3. Маниатис, Т. Молекулярное клонирование / Т. Маниатис, Э. Фрич., Д. Сэмбрук // пер. с англ. под ред. А. А. Баева. – Москва: Мир, 1984. – 479 с.] [Медицинские лабораторные технологии. Справочник под ред. А. И. Карпищенко. – Санкт-Петербург. Интермедика. – 2002. – Т. 2. – 600 с.
4. Rogstad, S. GELSTATS: a computer program for population genetics analyses using VNTR multilocus probe data / S. Rogstad, S. Pelican // Bio Techniques. – 1996. – V. 21. – № 6. – P. 187–196.
5. Календарь, Р. Н. Компьютерная программа для построения эволюционных деревьев на основе электрофореграмм ДНК и белков // Материалы конференции «Молекулярно-генетические маркеры и селекция растений». – Киев, 1994. – С. 25–26.
6. Tamura, K. MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0 / K. Tamura, J. Dudley, M. Nei, S. Kumar // Molecular Biology and Evolution. – 2004. – V. 24. – P. 1596–1599.
7. Плохинский, Н. А. Биометрия / Н. А. Плохинский. – М. : «Колос», 1969. – 368 с.
8. Генетичні особливості внутрішньотипової структуризації бджолиних сімей української породи / О. І. Метлицька, Ю. В. Субота, С. І. Таран, К. В. Копилова // Збірник наукових праць ПДАТУ. – 2012. – Вип. 20. – С. 180–182.
9. Кожухова, Н. Э. Прогнозирующий потенциал ДНК-маркеров в гетерозисной селекции кукурузы / Кожухова, Н. Э., Вареник Б. Ф., Сиволап Ю. М. // Цитология и генетика. – 2005. – 39, № 1. – С. 14–20.

## REFERENCES

1. Metlytska, O.I. 2012. *Metodolohiya DNK - pasportyzatsiyi henofondiv sil'skohospodars'kykh tvaryn za hipervariabelnymy lokusamy henomu*. Dys. na zdobuttya nauk. stupenya doktora s.-h. nauk 03.00.15 – henetyka, Chubynske (in Ukraine).
2. Metlytska O.I. 2009. *Optymizatsiya metodu DNK-finherpryntynhu henomu bdzhil*. Naukovyy visnyk Natsionalnoho universytetu bioresursiv i pryrodokorystuvannya Ukrayiny. *Kiev: Ahrarna nauka*. 138:282–287 (in Ukraine).
3. Manyatys, T., E. Frych., and D. Sembruk. 2002. *Molekulyarnoe klonirovanye*. Sankt-Peterburh. *Yntermedyka*. 2:600.(in Russian).
4. Rogstad S., and Pelican S. 1996. *GELSTATS: a computer program for population genetics analyses using VNTR multilocus probe data*. *Bio Techniques*. 21, 6:187–196.
5. Kalendar' R.N. 1994. *Komp'yuternaya prohramma dlya postroenyaya evolyutsyonnykh derevev na osnove elektroforehramm DNK y belkov*. *Materyaly konferentsyy «Molekulyarno-henetycheskye markery v selektsii rastenyu»*. Kyev. 25–26, 187–196.

6. Tamura, K. J. Dudley, M. Nei, and S. Kumar. 2004. MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0 / Molecular Biology and Evolution. 24:1596-1599.
7. Plokhynskyy N.A. 1969. *Byometryya – Biometrics*. М. : Kolos, 368 (in Russian).
8. Metlyts'ka, O. I., Yu.V.Subota, S.I. Taran, and K.V.Kopylova. 2012. Henetychni osoblyvosti vnutrishnotypovoyi strukturyzatsiyi bdzholynykh simey ukrayins'koyi porody – Genetic peculiarities of internal stratigraphic structure of bjoletic animals of Ukrainian breed. Zbirnyk naukovykh prats PDATU – Collection of scientific papers PDATU. 20:180-182 (in Ukraine).
9. Kozhukhova, N.E., Varenyk B. F., and Syvolap Yu. M. 2005. Prohnozyruyushchyy potentsyal DNK-markerov v heterozyznoy selektsyy kukuruzy – The predictive potential of DNA markers in heterotic maize breeding. *Tsytolohyya y henetyka – Cytology and genetics*. 39:14-20 (in Russian).

УДК 636.27.034.084.4:576.316.7 (477)

### КАРІОТИПОВА МІНЛИВІСТЬ КОРІВ УКРАЇНСЬКОЇ ЧЕРВОНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ПОРОДИ З РІЗНОЮ ВІДТВОРНОЮ ЗДАТНІСТЮ

М. М. ПЕРЕДРІЙ<sup>1</sup>, В. В. ДЗІЦЮК<sup>2</sup>

<sup>1</sup>ДП ДГ “Христинівське” Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН (Христинівка, Україна)

<sup>2</sup>Інститут розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН (Чубинське, Україна)  
[dzitsiuk@yandex.ua](mailto:dzitsiuk@yandex.ua)

В статті наведені результати цитогенетичного дослідження корів української червоно-рябої молочної породи з різною відтворною здатністю. Культивування лімфоцитів, приготування цитогенетичних препаратів, класифікація та облік аберацій хромосом здійснювали за загальноприйнятими методиками. У каріотипах тварин із порушеною відтворною здатністю виявлено достовірно більшу частоту клітин з анеуплоїдним і поліплоїдним наборами хромосом, а також клітин із хромосомними абераціями, ніж у корів з нормальними репродуктивними функціями. Встановлено, що у всіх досліджених тварин існує позитивний кореляційний зв'язок між сервіс-періодом і основними цитогенетичними показниками. Отримані результати досліджень дають підставу використовувати показники каріотипової мінливості в якості критерію оцінки репродуктивних характеристик корів молочного стада.

**Ключові слова:** цитогенетичне дослідження, хромосоми, аберації, відтворна здатність корів, сервіс-період

### KARYOTYPE VARIABILITY OF THE COWS OF UKRAINIAN RED-AND-WHITE DAIRY CATTLE BREED WITH VARIED REPRODUCTIVE ABILITY

М. М. Peredry<sup>1</sup>, V. V. Dzitsiuk<sup>2</sup>

<sup>1</sup> State Enterprise Research Farm «Khrystynivka» (Khrystynivka, Ukraine)

<sup>2</sup> Institute of Animal Breeding and Genetics n.d.a. M.V. Zubets of NAAS (Chubynske, Ukraine)

The article describes the results of cytogenetic research on the cows of Ukrainian Red-and-White dairy cattle breed with varied reproductive ability. The cultivation of lymphocytes, preparing the cytogenetic samples, classification and registration of chromosome aberrations were held using conventional methods. The karyotypes of the animals with impaired reproductive ability revealed significantly greater frequency of cells with aneuploid and polyploid sets of chromosomes, as well as the cells having chromosome aberrations, compared to the cows with normal reproductive functions.