

Науковий вісник Львівського національного університету
ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького.
Серія: Сільськогосподарські науки

Scientific Messenger of Lviv National University
of Veterinary Medicine and Biotechnologies.
Series: Agricultural sciences

ISSN 2519–2698 print

<https://nvlvet.com.ua/index.php/agriculture>

doi: 10.32718/nvlvet-a9104

UDC 636.4.082.25 / 575.22

Genetic structure of the Southern meat cattle breed based on microsatellite markers

A.S. Kramarenko

Mykolayiv National Agrarian University, Mykolayiv, Ukraine

Article info

Received 04.09.2019

Received in revised form
03.10.2019

Accepted 04.10.2019

Mykolayiv National Agrarian
University, Georgiya
Gongadze Str., 9, Mykolayiv,
54020, Ukraine.
Tel.: +38-095-497-34-19
E-mail: kssnail1990@gmail.com

Kramarenko, A.S. (2019). Genetic structure of the Southern meat cattle breed based on microsatellite markers. Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies. Series: Agricultural sciences, 21(91), 21–28. doi: 10.32718/nvlvet-a9104

The Southern Meat cattle is a composite breed developed by crossing Cuban zebu (*Bos indicus*) with different cattle breeds (*Bos taurus*) – local the Red Steppe, Hereford, Charolais, Santa Gertrudis, Dairy Shorthorn. Genetic structure of the Southern meat cattle breed from the State Enterprise Experimental Farm “Askaniyske” NAAS Ukraine (Kherson region) were investigated based on the microsatellite DNA loci. Analysis included 192 animals. A panel of 12 bovine-specific microsatellite markers (TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH3, ETH225 and BM1824), recommended of the ISAG for cattle genetic diversity studies, was selected for genetic characterization and revealing the extent of genetic diversity in the Southern Meat cattle breed. Genomic DNA was extracted from tissue samples using Nexttec column (Nexttec Biotechnology GmbH, Germany) following the manufacturer's instructions. All laboratory tests were conducted in the laboratory of Molecular Genetics, Animal Center of Biotechnology and Molecular Diagnostics, All-Russian Research Institute for Animal Husbandry named after academy member L.K. Ernst. We report the distribution and the frequency of a taurine and an indicine specific alleles in the Southern Meat cattle breed using literature data about the Zebu and different cattle breeds genetic structure based on microsatellite loci from our list. It can be assumed that the TGLA227⁷⁷, BM2113¹⁴¹⁻¹⁴³, ETH10²⁰⁹⁻²¹¹, TGLA122¹⁴⁹, INRA23¹⁹⁴⁻¹⁹⁸, TGLA126¹²³, ETH225¹⁵⁶⁻¹⁵⁸⁻¹⁶⁰ alleles among the Southern Meat cattle breed examined individuals were inherited from a *B. indicus* ancestor. On the other hand, the TGLA53¹⁵⁶, ETH10²¹⁷⁻²¹⁹, TGLA122¹⁴³, INRA23²⁰², TGLA126¹¹⁵, ETH225¹⁴⁸⁻¹⁵⁰, BM1824¹⁸⁸⁻¹⁹⁰ alleles in the Southern Meat cattle gene pool may be inherited from a *B. taurus* ancestor (i.e., taurine breeds diagnostic alleles).

Key words: *Bos indicus*, *Bos taurus*, the Southern Meat cattle breed, taurine/zebuine diagnostic alleles, microsatellite DNA loci.

Генетична структура південної м'ясної породи худоби за локусами мікросателітів

О.С. Крамаренко

Миколаївський національний аграрний університет, м. Миколаїв, Україна

Південна м'ясна порода виведена в результаті схрещування кубинського зебу (*Bos indicus*) з різними породами великої рогатої худоби (*Bos taurus*), такими як місцева червона степова, герефорд, шароле, санта гертруда та молочний шортгорн. Генетична структура південної м'ясної породи, що утримувалася в умовах ДП ДГ “Асканійське” НААН України Каховського району (Херсонська область) була досліджена з використанням локусів мікросателітів ДНК. В аналіз було включено дані щодо 192 голів. Панель, що містила 12 мікросателітних маркерів (TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH3, ETH225 and BM1824), рекомендовані Міжнародним товариством генетики тварин (ISAG) для дослідження генетичного різноманіття худоби, було використано для генетичного аналізу генетичної мінливості тварин південної м'ясної породи. Виділення ДНК проводили на колонках Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Germany) згідно з рекомендаціями виробника. Всі лабораторні дослідження було проведено на базі лабораторії молекулярної генетики Центру біотехнології та молекулярної діагностики тва-

рин Всеросійського науково-дослідного інституту тваринництва ім. Л.К. Ернста. Нами було встановлено особливості розподілу *B. taurus*- та *B. indicus*-специфічних алелів серед тварин південної м'ясної породи, використовуючи літературні джерела щодо генетичної структури зебу та різних порід худоби за локусами мікросателітів ДНК з нашого списку. Зроблено припущення, що алелі *TGLA227*⁷⁷, *BM2113*¹⁴¹⁻¹⁴³, *ETH10*²⁰⁹⁻²¹¹, *TGLA122*¹⁴⁹, *INRA23*¹⁹⁴⁻¹⁹⁸, *TGLA126*¹²³, *ETH225*¹⁵⁶⁻¹⁵⁸⁻¹⁶⁰ у особин південної м'ясної породи присутні завдяки предкам *B. indicus*. З іншого боку, алелі *TGLA53*¹⁵⁶, *ETH10*²¹⁷⁻²¹⁹, *TGLA122*¹⁴³, *INRA23*²⁰², *TGLA126*¹¹⁵, *ETH225*¹⁴⁸⁻¹⁵⁰, *BM1824*¹⁸⁸⁻¹⁹⁰ в генофонді південної м'ясної породи можуть походити від *B. Taurus* предків (тобто є діагностичними алелями для порід худоби).

Ключові слова: *Bos indicus*, *Bos taurus*, південна м'ясна порода худоби, *taurine/zebuine* діагностичні алелі, локуси мікросателітів ДНК.

Вступ

Південна м'ясна порода (ПМП) – єдина в Європі порода м'ясної худоби, що була створена внаслідок міжвидової гібридизації між зебу (*Bos indicus* L., 1758) та низкою порід великої рогатої худоби (*Bos taurus* L., 1758). Як “батьківські” було використано такі породи, як червона степова, шортгорн, санта-гертруда, герефорд та шароле (Vdovychenko et al., 2012).

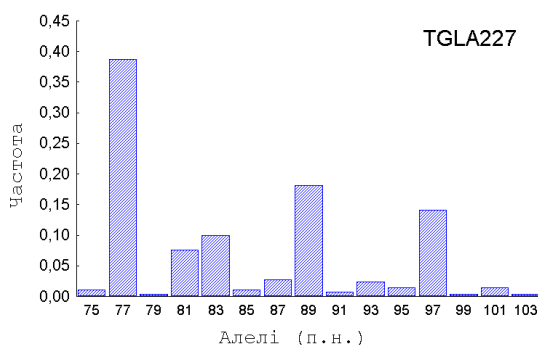
На теперішній час серед тварин ПМП виділяють два підтипи – низькокровний (із “часткою” спадковості за зебу менше ніж 37,5%) та висококровний (із часткою спадковості за зебу вище ніж 37,5%). Вони відрізняються між собою як на підставі екстер'єру, так і за рівнем продуктивності. Крім того, за допомогою таких високополіморфних генетичних маркерів, як мікросателітів ДНК (МС-ДНК), було також доведено, що існують певні суттєві відмінності між тваринами низько- та висококровного підтипів (Kramarenko, 2015a; 2015b; Kramarenko et al., 2015).

Але невирішеним залишається питання, на якому етапі перебуває процес інтеграції різних генофондів (*B. indicus* та *B. taurus*) через 50 років, що сплинули з початком формування цієї породи, та чи можна ідентифікувати алелі, що тварини ПМП отримали або від зебу, або від таурин.

Таким чином, головною метою даної роботи є характеристика генетичної структури тварин ПМП (насамперед характеру розподілу алельних частот локусів МС-ДНК) та визначення генетичних маркерів, що можуть бути використані для *taurus/indicus*-диференціації.

Матеріал і методи досліджень

Дослідження було проведено на поголів'ї корів ПМП (всього 192 голови) ДП ДГ “Асканійське” НААН України Каховського району Херсонської області.



Матеріалом для дослідження були біологічні проби тканини (вушні вищипи).

У дослідженні використовували 12 мікросателітних локусів, що рекомендовані ISAG: *TGLA227*, *BM2113*, *TGLA53*, *ETH10*, *SPS115*, *TGLA122*, *INRA23*, *TGLA126*, *BM1818*, *ETH3*, *ETH225* та *BM1824*.

Всі лабораторні дослідження було проведено в умовах лабораторії молекулярної генетики тварин Центру біотехнології та молекулярної діагностики тварин Всеросійського науково-дослідного інституту (ВНДІ) тваринництва ім. Л.К. Ернста.

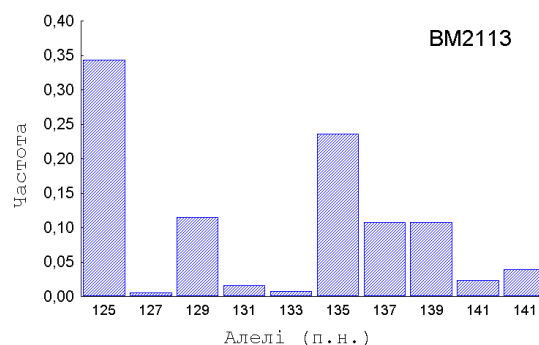
Виділення ДНК проводили на колонках Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Germany) згідно з рекомендаціями виробника та перхлоратним методом за методиками ВНДІ тваринництва ім. Л.К. Ернста. Аналіз ДНК і постановку ПЛР проводили згідно з методичними розробками Центру біотехнології та молекулярної діагностики тварин ВНДІ тваринництва ім. Л.К. Ернста (Zinovieva et al., 1998).

Аналіз ампліфікованих фрагментів здійснювали за допомогою приладу для капілярного електрофорезу ABI 3130xl (Applied Biosystems, США). Для ідентифікації алелів мікросателітних локусів використовували програму GeneMapper ID v. 3.2. Обробку даних капілярного електрофорезу проводили шляхом переведення довжин фрагментів у числовий вираз шляхом порівняння їх рухливості зі стандартом молекулярної маси ДНК.

Для всіх тварин, що було включено до аналізу, розраховано частоти генотипів та алелів за кожним локусом мікросателітів (Weir, 1996). Розрахунки здійснено за допомогою комп'ютерної програми GenAlEx v. 6.5 (Peakall & Smouse, 2012).

Результати та їх обговорення

На рисунках 1 та 2 наведено розподіл алельних частот за 12 локусами мікросателітів ДНК (МС-ДНК), використаних нами для аналізу генетичного поліморфізму тварин ПМП.



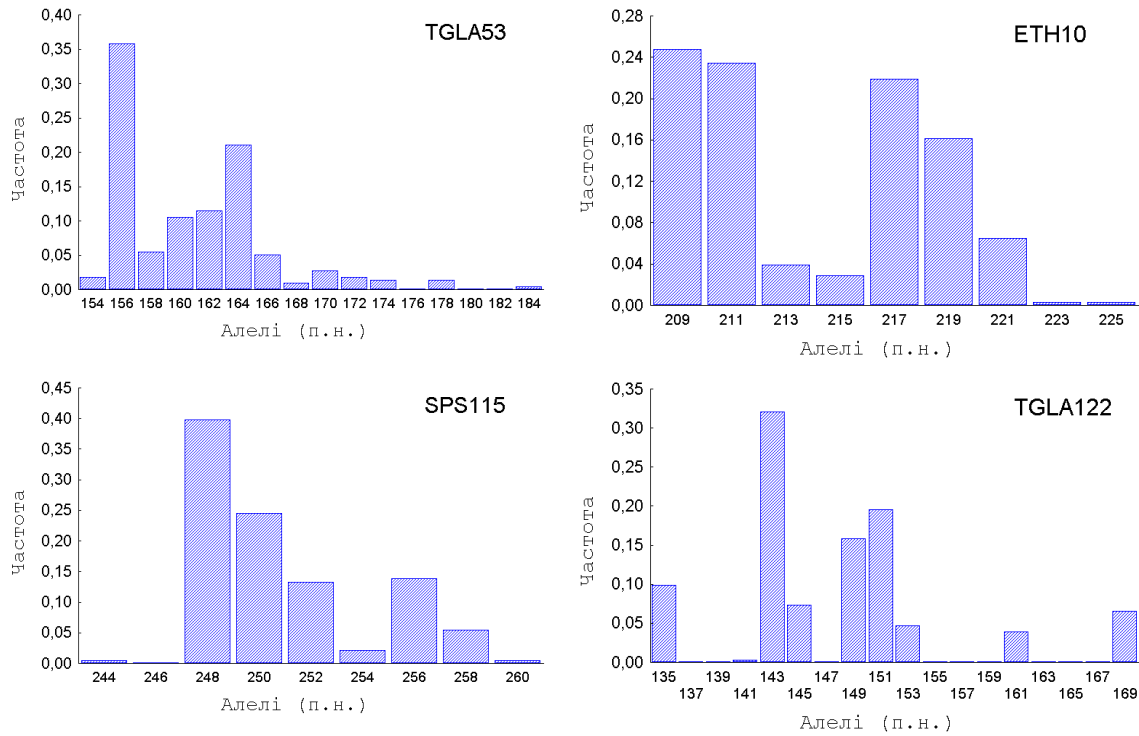
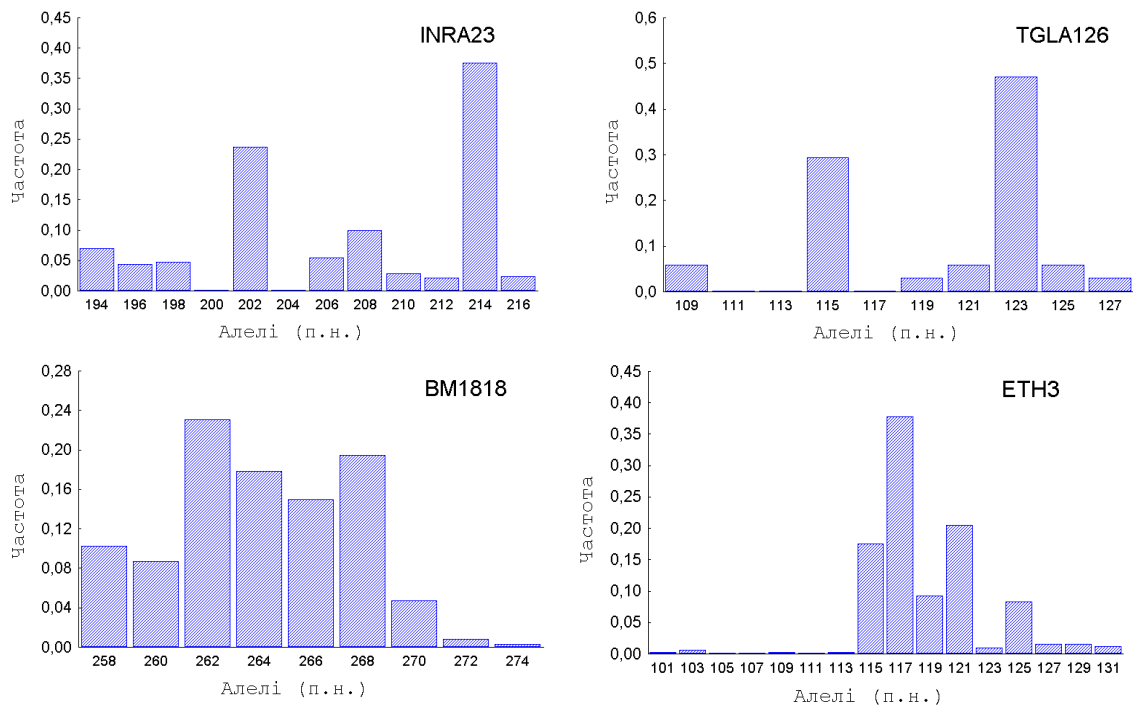


Рис. 1. Розподіл алельних частот за локусами МС-ДНК *TGLA227*, *BM2113*, *TGLA53*, *ETH10*, *SPS115* та *TGLA122* тварин ПМП

Найбільш характерною особливістю, що була встановлена при аналізі отриманих розподілів для більшості локусів МС-ДНК, є їх бімодальний характер. Можливим поясненням отриманих даних може бути те, що ПМП створювалася в результаті схрещу-

вання не лише порід худоби різного напрямку продуктивності (молочного – червона степова порода, м'ясного – шароле, герефорд, санта-гертуда та шортгорн), а й з додаванням генетичного матеріалу, що належить до *B. indicus* (Vdovychenko et al., 2012).



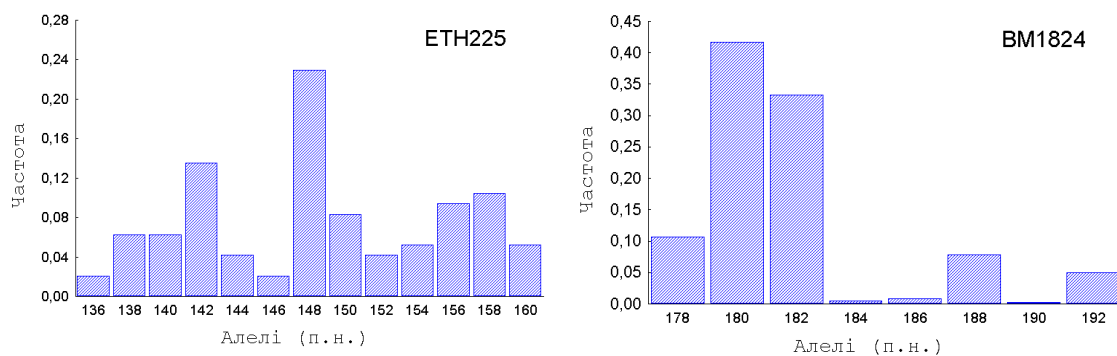


Рис. 2. Розподіл алельних частот за локусами МС-ДНК *INRA23*, *TGLA126*, *BM1818*, *ETH3*, *ETH225* та *BM1824* тварин ПМП

Тому для детальнішого аналізу механізмів формування генетичного різноманіття у тварин ПМП були зібрані та опрацьовані літературні дані щодо найбільш поширених (з частотою > 0,2) алелів у тварин як різних порід ВРХ, так і різних популяцій зебу (табл. 1–4). Крім комерційних м'ясних порід, нами також до аналізу було включено дані для деяких автохтонних порід, генофонд яких міг збіднити.

Локус *TGLA227*. У тварин ПМП можна виділити чотири алеля (чи інтервалу алелів), які мають підвищені частоти – *TGLA227*⁷⁷, *TGLA227*⁸¹⁻⁸³, *TGLA227*⁸⁹ та *TGLA227*⁹⁷ (рис. 1). Перший з них (*TGLA227*⁷⁷) траплявся лише серед зебу і, таким чином, його можна розглядати як *indicus*-специфічний (табл. 1). Решта алелів виявляли у різних порід ВРХ (табл. 2–4), причому як комерційних, так і автохтонних. Відповідно їх можна розглядати як *taurus*-специфічні алелі.

Таблиця 1

Найбільш поширені алелі МС-ДНК у популяціях зебу та тварин ПМП, п. н.

Локус	Популяція (літературні дані ¹)					Власні дані ²
	Zebu-1	Zebu-2	Zebu-3	Zebu-4	Zebu-5	
<i>TGLA227</i>	79	77	77	77	77	77, 89
<i>BM2113</i>	131, 143	129, 135, 141	123, 131	141	129, 139, 141	125, 135
<i>TGLA53</i>	159	na ³	158	160	160, 168	156, 164
<i>ETH10</i>	210, 212	209, 213	209	209, 213	209, 211, 213	209, 211, 217, 219
<i>SPS115</i>	247	248	239, 241, 243	246, 248, 250	246, 248	248, 250
<i>TGLA126</i>	124	123	123, 125	123, 125	123, 125	115, 123
<i>TGLA122</i>	137, 149	153	141, 143	145, 149, 151	137, 151, 153	143, 149, 151
<i>INRA23</i>	215	214	208	214	214	202, 214
<i>BM1818</i>	na	na	na	na	na	262-268
<i>ETH3</i>	113	na	111	115, 117	115, 117	115, 117, 121
<i>ETH225</i>	158	158	136, 144	160	160	148
<i>BM1824</i>	183	180, 182	180	180, 182	180, 182	180, 182

Примітки: ¹ Zebu-1 – Kesvulu et al., 2009; Zebu-2 – Bicalho et al., 2006; Zebu-3 – Escobar et al., 2009; Zebu-4 – Novoa & Usaquen, 2010; Zebu-5 – Gomez et al., 2013. ²Напівжирним шрифтом позначені алелі, що трапляються як у літературних джерелах, так і у власних результатах. ³na – дані відсутні (тут і далі)

Локус *BM2113*. Найбільшу частоту мали алель *BM2113*¹²⁵ та інтервал алелів *BM2113*¹³⁵⁻¹³⁷⁻¹³⁹ (рис. 1). Однозначного висновку щодо джерела походження цих алелів серед тварин ПМП на підставі аналізу їх поширення у худоби різних порід (та видів) дійти неможливо. Підвищену частоту алеля *BM2113*¹²⁵ було зареєстровано лише у ісландської худоби (Asbjarnardottir et al., 2010) та словенської худоби Сіка (Simčić, et al., 2008).

Алелі *BM2113*¹³⁵⁻¹³⁷⁻¹³⁹ були більш поширені серед зебу (Bicalho et al., 2006), а також худоби порід шароле (Kundrat & Urban, 2007), герефорд (Janik et al.,

2002; Kundrat & Urban, 2007), червоної степової (Kramarenko et al., 2018), а також автохтонних порід Rhodope Shorthorn (Teneva et al., 2007) та Сіка (Simčić et al., 2008).

Такий характер поширення цих алелів локусу *BM2113* свідчить про те, що за їх допомогою неможливо однозначно провести диференціювання між видами роду *Bos* та навіть окремими породами таурін. З іншого боку, для зебу було характерно підвищення частоти “найдовших” алелів – *BM2113*¹⁴¹⁻¹⁴³ (табл. 1). Таким чином, можна розглядати ці алелі як *indicus*-специфічні.

Таблиця 2

Найбільш поширені алелі МС-ДНК у популяціях худоби породи шароле та тварин ПМП, п. н.

Локус	Популяція (літературні дані ¹)					Власні дані ²
	Char-1	Char-2	Char-31	Char-32	Char-33	
<i>TGLA227</i>	89	83, 89, 91	na	na	na	77, 89
<i>BM2113</i>	131	131, 135	131	131	133	125, 135
<i>TGLA53</i>	na	na	151, 153, 157	157	157	156 , 164
<i>ETH10</i>	217	217	215	209, 211	211	209, 211, 217 , 219
<i>SPS115</i>	248	248	na	na	na	248 , 250
<i>TGLA126</i>	115	115	na	na	na	115 , 123
<i>TGLA122</i>	151	143, 151	na	na	na	143, 149, 151
<i>INRA23</i>	206	202, 206	203, 207, 207	205, 207, 209	199, 203	202 , 214
<i>BM1818</i>	262	na	na	na	na	262-268
<i>ETH3</i>	117	117, 125	na	na	na	115, 117 , 121
<i>ETH225</i>	148	148, 150	na	na	na	148
<i>BM1824</i>	182	180, 182, 188	178, 182	178, 180	180, 182, 184	180, 182

Примітки: ¹Char-1 – Putnova et al., 2011; Char-2 – Kundrat & Urban, 2007; Char-31, Char-32, Char-33 – Sifuentes-Rincon et al., 2007 (три популяції). ²Напівжирним шрифтом позначені алелі, що зустрічається як у літературних джерелах, так і у власних результатах

Локус *TGLA53*. У розподілі частот алелів за даним локусом було два піки – для алеля *TGLA53*¹⁵⁶ та інтервалу алелів *TGLA53*¹⁶²⁻¹⁶⁴⁻¹⁶⁶ (рис. 1). Причому, перший мав дуже високу частоту в особин трьох популяцій породи шароле (Sifuentes-Rincón et al., 2007).

Таким чином, можна припустити, що цей алель є специфічним для худоби цієї породи.

Інші алелі бувають серед тварин порід герефорд (Janik et al., 2002), симентал (Stevanović et al., 2009), червона степова (Kramarenko et al., 2018) та сицилійської худоби (Cosenza et al., 2015).

Таблиця 3

Найбільш поширені алелі МС-ДНК у популяціях худоби герефордської, симентальської порід та тварин ПМП, п. н.

Локус	Популяція (літературні дані ¹)					Власні дані ²
	Heref-1	Heref-2	Heref-3	Simm-1	Simm-2	
<i>TGLA227</i>	91, 93, 95	89, 91	94	80	81	77, 89
<i>BM2113</i>	133, 139	135, 139	na	128	131	125, 135
<i>TGLA53</i>	160, 162	na	na	164	na	156, 164
<i>ETH10</i>	219, 221, 223	217, 219	218, 220, 222	214	217	209, 211, 217, 219
<i>SPS115</i>	248	248, 260	na	242	248	248 , 250
<i>TGLA126</i>	117	115, 117	115, 117	114, 116	115	115 , 123
<i>TGLA122</i>	143, 153	143	na	150	151	143 , 149, 151
<i>INRA23</i>	206, 216	214	na	208, 212, 214	214	202, 214
<i>BM1818</i>	na	na	na	na	268	262-268
<i>ETH3</i>	117, 119	117, 119	na	112, 114, 124	117	115, 117 , 121
<i>ETH225</i>	146, 148	148, 150	na	144	150	148
<i>BM1824</i>	180, 182, 184	182	na	182, 188	188	180, 182

Примітки: ¹Heref-1 – Janik et al., 2002; Heref-2 – Kundrat & Urban, 2007; Heref-3 – Yoon et al., 2005; Simm-1 – Stevanović et al., 2009; Simm-2 – Putnova et al., 2011. ²Напівжирним шрифтом позначені алелі, що зустрічаються як у літературних джерелах, так і у власних результатах

Локус *ETH10*. Розподіл частот алелів за цим локусом має чітко виражену U-подібну форму із двома піками, що припадають на алелі *ETH10*²⁰⁹⁻²¹¹ та *ETH10*²¹⁷⁻²¹⁹ (рис. 1). Порівняння наших результатів із літературними даними вказує на те, що перша група алелів притаманна зебу (табл. 1), тимчасом як друга зустрічається в усіх досліджених породах ВРХ (табл. 2–4).

Таким чином, алелі *ETH10*²⁰⁹⁻²¹¹ можна розглядати як зебу-специфічні, тимчасом як *ETH10*²¹⁷⁻²¹⁹ – як спільні для усіх таурін.

Локус *SPS115*. Нами було встановлено чіткий одно-модальний тип розподілу частот алелів даного локусу із піком, що припадає на алелі з довжиною у 248–250 п. н. (рис. 1). Як свідчать результати аналізу літературних джерел, практично всі досліджені популяції зебу та ВРХ мали підвищену частоту саме за цими алелями (табл. 1–4). Таким чином, їх варто розглядати як специфічні для роду *Bos*.

Таблиця 4

Найбільш поширені алелі MC-ДНК в популяціях худоби червоної степової породи, локальних порід Європи та тварин ПМП, п. н.

Локус	Популяція (літературні дані ¹)					Власні дані ²
	Red Steppe	Sicilian cattle	Icelandic cattle	Rhodope Shorthorn	Cika cattle	
<i>TGLA227</i>	81, 83, 89, 91	82, 90	89, 97	84, 88, 96	82	77, 89
<i>BM2113</i>	135, 137	128, 130, 132	125	135	124, 128, 134	125, 135
<i>TGLA53</i>	166	159, 167	176	160	na	156, 164
<i>ETH10</i>	217, 219	214, 216	219	218	215, 217, 221	209, 211, 217, 219
<i>SPS115</i>	248	243	248	248	244	248, 250
<i>TGLA126</i>	115	116	115, 117	119	116, 118	115, 123
<i>TGLA122</i>	141, 143	142, 152	143, 147, 149	142, 144	151	143, 149, 151
<i>INRA23</i>	212	205, 207, 213	214	207, 215	212	202, 214
<i>BM1818</i>	262, 266	na	na	na	na	262-268
<i>ETH3</i>	117, 119	114, 122	119, 125, 127	117, 125	na	115, 117, 121
<i>ETH225</i>	140, 156	144, 146	140, 148	140, 144, 148	144, 146	148
<i>BM1824</i>	182, 188	182, 184, 190	180, 188	182, 184, 190	183, 189	180, 182

Примітки: ¹Red Steppe – Kramarenko et al., 2018; Sicilian cattle – Cosenza et al., 2015; Icelandic cattle – Asbjarnardottir, 2010; Rhodope Shorthorn – Teneva et al., 2007; Cika cattle – Simčić et al., 2008. ²Напівжирним шрифтом позначені алелі, що зустрічаються як у літературних джерелах, так і у власних результатах

Локус *TGLA122*. За частотою алелів цього локусу встановлено два чітких піки. Перший відповідає алелю *TGLA122*¹⁴³, а другий – інтервалу алелів *TGLA122*¹⁴⁹⁻¹⁵¹ (рис. 1).

Порівняння із доступними літературними даними свідчить про те, що алель *TGLA122*¹⁴³ виявляли із високою частотою у зебу лише в одному випадку (Escobar et al., 2009). Водночас у тварин різних порід ВРХ його висока частота фіксувалася досить часто (табл. 2–4). Алелі *TGLA122*¹⁴⁹⁻¹⁵¹ були зафіксовані як у представників виду *B. indicus*, так і в різних таурін. Можна припустити, що перший з них характерніший для різних порід ВРХ, тимчасом як другий – більш притаманний для зебу.

Локус *INRA23*. Характер розподілу за частотою алелів за цим локусом у досліджених тварин ПМП також має чітко виражений бімодальний тип (рис. 2). Перший пік припадає на алель довжиною 202 п. н., а другий – на алель *INRA23*²¹⁴.

Із усіх проаналізованих нами популяцій, алель *INRA23*²⁰² був широко розповсюджений лише у худоби породи шароле (Kundrat & Urban, 2007; Sifuentes-Rincon et al., 2007). З іншого боку, алель *INRA23*²¹⁴, навпаки, досить часто виявляли як у популяціях ВРХ, так і зебу (табл. 1, 3, 4). Таким чином, як і у випадку із локусом *TGLA53*, можна припустити, що алель *INRA23*²⁰² є специфічним для худоби породи шароле.

Локус *TGLA126*. Для цього локусу для досліджених тварин ПМП зареєстровано два піки. Перший відповідає алелю *TGLA126*¹¹⁵, а другий – алелю *TGLA126*¹²³ (рис. 2).

Порівняння цих результатів із літературними даними свідчить про те, що перший алель притаманний лише ВРХ (табл. 2–4), а другий – лише зебу (табл. 1). Тож однозначно можна стверджувати, що алель *TGLA126*¹¹⁵ є *taurus*-специфічним, тимчасом як алель *TGLA126*¹²³ – *indicus*-специфічним.

Локус *BM1818* характеризується відносно рівномірним розподілом за частотою алелів із розмірами 262–268 п. н. (рис. 2). Крім того, відсутність літерату-

рних даних щодо цього локусу унеможливило порівняльний аналіз. Лише можна зазначити, що алелі *BM1818*²⁶²⁻²⁶⁸ з високою частотою виявляли у різних порід ВРХ – шароле, симентальська (Putnova et al., 2011) та червона степова (Kramarenko et al., 2018).

Локус *ETH3* також характеризується одномодальним типом розподілу за частотами алелів у тварин дослідженої популяції ПМП (рис. 2). Крім того, аналіз літературних даних свідчить про те, що найбільш поширені у тварин ПМП алелі (довжиною 115–121 п. н.) є також широко притаманні як тваринам різних порід ВРХ (табл. 2–4), так і зебу (табл. 1). Таким чином, алелі локусу *ETH3* не можуть бути використані для *indicus/taurus*-диференціації.

Локус *ETH225*. Для цього локусу у тварин дослідженої популяції ПМП можна виділити три піки; перший припадає на алелі *ETH225*¹⁴⁰⁻¹⁴², другий – на алель *ETH225*¹⁴⁸, третій – на інтервал алелів *ETH225*¹⁵⁶⁻¹⁵⁸ (рис. 2).

Порівняння із літературними даними свідчить про те, що найбільш “довгі” алелі зустрічалися лише у зебу (табл. 1), тимчасом як алелі із довжиною в 148–150 п. н. мали підвищену частоту у тварин різних порід ВРХ (табл. 2–4).

Таким чином, алелі *ETH225*¹⁵⁶⁻¹⁵⁸⁻¹⁶⁰ можна розглядати як зебу-специфічні, тимчасом як *ETH225*¹⁴⁸⁻¹⁵⁰ – як специфічні для таурін.

Локус *BM1824*. Тип розподілу частот алелей цього локусу у тварин ПМП мав одномодальний, але асиметричний характер. Найбільш поширеними в популяції ПМП були алелі *BM1824*¹⁸⁰ та *BM1824*¹⁸². Водночас із відносно низькою частотою зустрічалися декілька найбільш “довгих” алелів (рис. 2).

Аналіз літературних даних свідчить про те, що алелі *BM1824*¹⁸⁰ та *BM1824*¹⁸² поширені як в популяціях зебу, так і різних порід ВРХ (рис. 1–4). Таким чином, ці алелі також не можуть бути використані як діагностичні для *indicus/taurus*-диференціації.

Водночас характерною особливістю для різних популяцій великої рогатої худоби є висока частота

найбільш “довгих” алелів (*BM1824*¹⁸⁸⁻¹⁹⁰). Можливо, ці алелі є більш специфічними для ВРХ.

Таким чином, характер розподілу алелів 12 мікросателітних локусів ДНК, який нами було використано для аналізу тварин ПМП, може бути пояснений процесами інтеграції генофонду як зебу, так і різних порід ВРХ. Незважаючи на майже 50-річний генезис цієї породи, її алелофонд характеризується підвищеними частотами алелів, притаманних як зебу, так і *B. taurus* (табл. 5).

Раніше алелі *BM2113*¹⁴² та *ETH10*²⁰⁹⁻²¹¹ вже характеризувалися як специфічні для зебу, а алелі

*BM1824*¹⁸⁹ та *ETH10*²¹⁹ – як специфічні для таурін (*Ibeagha-Awemu et al., 2004*). З іншого боку, Х.П. Лірон зі співавторами (*Lirón et al., 2006*) також розглядали алелі *ETH225*¹⁵⁷⁻¹⁵⁹ як діагностичні для *indicus/taurus*-диференціації. В роботі Р.Т. Лофтус з співавторами (*Loftus et al., 1999*) вказано на значну інтрогресію генів зебу серед порід Близького Сходу, а алелі *ETH10*²⁰⁷⁻²⁰⁹⁻²¹¹ та *ETH225*¹⁵³⁻¹⁵⁹ використовувалися цими авторами для оцінки ступеня цієї інтрогресії.

Таблиця 5

Алелі мікросателітних локусів, що можуть розглядатися як специфічні для зебу та ВРХ

<i>indicus</i> -специфічні алелі	<i>taurus</i> -специфічні алелі
<i>TGLA227</i> ⁷⁷ ,	<i>TGLA53</i> ¹⁵⁶ (лише для породи шароле),
<i>BM2113</i> ¹⁴¹⁻¹⁴³ ,	<i>ETH10</i> ²¹⁷⁻²¹⁹ ,
<i>ETH10</i> ²⁰⁹⁻²¹¹ ,	<i>TGLA122</i> ¹⁴³ ,
<i>TGLA122</i> ¹⁴⁹ ,	<i>INRA23</i> ²⁰² (лише для породи шароле),
<i>INRA23</i> ¹⁹⁴⁻¹⁹⁸ , <i>TGLA126</i> ¹²³ ,	<i>TGLA126</i> ¹¹⁵ ,
<i>ETH225</i> ¹⁵⁶⁻¹⁵⁸⁻¹⁶⁰	<i>ETH225</i> ¹⁴⁸⁻¹⁵⁰ ,
	<i>BM1824</i> ¹⁸⁸⁻¹⁹⁰

Примітка: підкреслено алелі (чи інтервали алелів), специфічність яких ще потребує підтвердження

Висновки

1. Особливості аельного розподілу за використаними локусами МС-ДНК серед тварин ПМП тісно пов'язані з процесами інтеграції генофонду зебу і вихідних порід ВРХ. На теперішній момент генезису ПМП, її алелофонд характеризується підвищеними частотами алелів, притаманних як зебу (*TGLA227*⁷⁷, *BM2113*¹⁴¹⁻¹⁴³, *ETH10*²⁰⁹⁻²¹¹, *TGLA122*¹⁴⁹, *INRA23*¹⁹⁴⁻¹⁹⁸, *TGLA126*¹²³, *ETH225*¹⁵⁶⁻¹⁵⁸⁻¹⁶⁰), так і ВРХ (*TGLA53*¹⁵⁶, *ETH10*²¹⁷⁻²¹⁹, *TGLA122*¹⁴³, *INRA23*²⁰², *TGLA126*¹¹⁵, *ETH225*¹⁴⁸⁻¹⁵⁰, *BM1824*¹⁸⁸⁻¹⁹⁰).

2. Встановлені ідентифікаційні *taurus/indicus*-алелі для тварин ПМП та його вихідних порід можуть бути використані у практичній селекції з подальшого удосконалення та підвищення консолідації новоствореної вітчизняної породи зі збереженням оптимального рівня її генетичної гетерогенності.

Перспективи подальших досліджень можуть бути спрямовані на пошук можливих асоціацій між локусами МС-ДНК та продуктивними ознаками тварин ПМП, наприклад ростовими ознаками, що характеризують її м'ясу продуктивність.

Подяки. Публікація містить результати досліджень, проведених за грантом Президента України для підтримки наукових досліджень молодих учених (Ф82/2019).

References

Asbjarnardottir, M.G., Kristjansson, T., Jonsson, M.B., & Hallsson, J.H. (2010). Analysis of genetic diversity and population structure within the Icelandic cattle breed using molecular markers. *Acta Agriculturae Scand Section A*, 60(4), 203–210. doi: 10.1080/09064702.2010.538714.

Bicalho, H.M.S., Pimenta, C.G., Mendes, I.K.P., Pena, H.B., Queiroz, E.M., & Pena, S.D.J. (2006). Determination of ancestral proportions in synthetic bovine breeds using commonly employed microsatellite markers. *Genetics and Molecular Research*, 5(3), 432–437. PMID: 17117357.

Cosenza, M., Reale, S., Lupo, T., Vitale, F., & Caracappa, S. (2015). Allele frequencies of microsatellite loci for genetic characterization of a Sicilian bovine population. *Genetics and Molecular Research*, 14(1), 691–699. doi: 10.4238/2015.January.30.12.

Escobar, C.H., Ángel, M.O., Alfonso, H.O., & Guerra, M.T. (2009). Genetic variability of the zebu cattle breed (*Bos indicus*) in the department of Huila, Colombia using microsatellite molecular markers. *Acta Biológica Colombiana*, 14(3), 173–180. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-548X2009000300013.

Gómez, Y.M., Fernández, M., Rivera, D., Gómez, G., & Bernal, J.E. (2013). Genetic characterization of colombian Brahman cattle using microsatellites markers. *Russian Journal of Genetics*, 49(7), 737–745. doi: 10.1134/S1022795413070041.

Ibeagha-Awemu, E. M., Jann, O. C., Weimann, C., & Erhardt, G. (2004). Genetic diversity, introgression and relationships among West/Central African cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 36(6), 673–690. doi: 10.1051/gse:2004024.

Janik, A., Zabek, T., & Radko, A. (2002). Identyfikacja polimorfizmu 11 loci mikrosatelitow u bydla rasy hereford. *Medycyna Weterynaryjna*, 58(11), 867–870. <http://www.medycynawet.edu.pl/images/stories/pdf/digital/2002/200211867871.pdf> (in Polish).

Kesvulu, P.C., Rao, G.N., Niyazahmed, A.S., & Gupta, B.R. (2009). Molecular genetic characterization of Punganur cattle. *Tamilnadu Journal of Veterinary and*

- Animal Sciences, 5(5), 179–185. <https://pdfs.semanticscholar.org/2e53/0ae8d8c2f744022dd5cb0e71db428a0c2a30.pdf>.
- Kramarenko, A.S., Gladyr, E.A., Kramarenko, S.S., Pidpala, T.V., Strikha, L.A., & Zinovieva, N.A. (2018). Genetic diversity and bottleneck analysis of the Red Steppe cattle based on microsatellite markers. *Ukrainian Journal of Ecology*, 8(2), 12–17. doi: 10.15421/2018_303.
- Kramarenko, O.S. (2015a). Analiz henetychnoyi dyferentsiatsiyi za lokusamy mikrosatelitiv khudoby pivdennoyi m'yasnoyi porody. Zbirnyk naukovykh prats' "Tekhnolohiya vyrobnytstva i pererobky produktsiyi tvarynnystv", 1(116), 31–35 (in Ukrainian).
- Kramarenko, O.S. (2015b). Analiz henetyko-demografichnykh protsesiv v populyatsiyi khudoby pivdennoyi m'yasnoyi porody. *Visnyk ahrarynoyi nauky Prychornomor'ya*, 1(82), 203–209 (in Ukrainian).
- Kramarenko, O., Gladyr, O., Zinov'eva, N., Naydyonova, V., Dubinskiy, O., & Gill, M. (2015). Analiz henetychnoho polimorfizmu za lokusamy mikrosatelitiv khudoby pivdennoyi m'yasnoyi porody. Zbirnyk naukovykh prats' Podil's'koho derzhavnogo ahraryno-tekhnichnoho universytetu 23, 382–390 (in Ukrainian).
- Kundrat, R., & Urban, T. (2007). Analýza variability mikrosatelitů u populací masných plemen skotu v České Republice. In: VII-th International Conference of PhD. and MSc. Students "Genetics and Animal Breeding", May, 17–18, Brno, 22–29 (in Czech).
- Lirón, J.P., Peral-García, P., & Giovambattista, G. (2006). Genetic characterization of Argentine and Bolivian Creole cattle breeds assessed through microsatellites. *Journal of Heredity*, 97(4), 331–339. doi: 10.1093/jhered/esl003.
- Loftus, R.T., Ertugrul, O., Harba, A.H., El-Barody, M.A.A., MacHugh, D.E., Park, S.D.E., & Bradley, D.G. (1999). A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Molecular Ecology*, 8(12), 2015–2022. doi: 10.1046/j.1365-294x.1999.00805.x.
- Novoa, M.A., & Usaquén, W. (2010). Population genetic analysis of the Brahman cattle (*Bos indicus*) in Colombia with microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 127(2), 161–168. doi: 10.1111/j.1439-0388.2009.00811.x.
- Peakall, R., & Smouse, P.E. (2012). GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460.
- Putnova, L., Vrtkova, I., Srubarova, P., & Stehlik, L. (2011). Utilization of a 17 microsatellites set for bovine traceability in Czech cattle populations. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 1(1), 31–37. http://ijas.iaurasht.ac.ir/article_513439.html.
- Sifuentes-Rincón, A.M., Puentes-Montiel, H., & Parra-Bracamonte, G.M. (2007). Assessment of genetic structure in Mexican Charolais herds using microsatellite markers. *Electronic Journal of Biotechnology*, 10(4), 492–499. doi: 10.4067/S0717-34582007000400002.
- Simčić, M., Čepon, M., Horvat, S., Jovanović, S., Gantner, V., Dovč, P., & Kompan, D. (2008). Genetic characterization of autochthonous cattle breeds Cika and Busha, using microsatellites. *Acta agriculturae Slovenica*, 2, 71–77.
- Stevanović, J., Stanimirović, Z., Dimitrijević, V., Stojić, V., Fratrić, N., & Lazarević, M. (2009). Microsatellite DNA polymorphism and its usefulness for pedigree verification in Simmental cattle from Serbia. *Acta Veterinaria*, 59(5–6), 621–631. doi: 10.2298/AVB0906621S.
- Teneva, A., Todorovska, E., Tyufekchiev, N., Stella, A., Boettcher, P., & Dimitrova, I. (2007). Molecular characterization of bulgarian livestock genetic resources. II: Microsatellite variation within and among Bulgarian cattle breeds. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 23(5–6–1), 227–242. doi: 10.2298/BAH0701227T.
- Vdovychenko, Yu.V., Voronenko V.I., Nayd'onova V.O., Omel'chenko L.O. (2012). M'yasne skotarstvo v stepoviyi zoni Ukrainy. Nova Kakhovka, PYEL (in Ukrainian).
- Weir, B. (1996). Genetic data analysis II: Methods for discrete population genetic data. Sinauer Associates, Inc. Publishers Sunderland, Massachusetts.
- Yoon, D.H., Kong, H.S., Oh, J.D., Lee, J.H., Cho, B.W., Kim, J.D., Jeon, K.J., Jo, C.Y., Jeon, G.J., & Lee, H.K. (2005). Establishment of an individual identification system based on microsatellite polymorphisms in Korean cattle (Hanwoo). *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 18(6), 762–766. doi: 10.5713/ajas.2005.762.
- Zinovieva, N.A., Popov, A.N., Ernst, L.K., Marzanov, N.S., Bochkarev, V.V., Strekozov, N.I., & Brem, G. (1998). Metodicheskie rekomendatsii po ispol'zovaniyu metoda polimeraznoy tsepnoy reaktsii v zhivotnovodstve. Dubrovitsy, VIZh (in Russian).