

МАРКЕР-АСОЦІЙОВАНА СЕЛЕКЦІЯ УКРАЇНСЬКИХ ЛОКАЛЬНИХ ПОРІД КУРЕЙ. ОГЛЯД РЕЗУЛЬТАТІВ ДОСЛІДЖЕНЬ

М. І Сахацький, Р. О. Кулібаба

Національний університет біоресурсів і природокористування України, 03041, м. Київ, вул. Героїв Оборони, 15, Україна

У статті представлена комплексна система використання різних типів молекулярно-генетичних маркерів у маркер-асоційованій селекції українських локальних порід курей яєчного та комбінованого напрямів продуктивності. Наведено основні етапи селекційної роботи з породами курей української селекції з урахуванням результатів дослідження генетичної мінливості популяцій та аналізу параметрів продуктивності курей з різними генотипами за низкою ДНК-маркерів. За результатами проведених досліджень визначено перспективні маркерні системи за сукупністю локусів кількісних ознак, алельні варіанти котрих пов'язані з показниками продуктивності птиці. Наведено формули перспективних генотипів за комплексом локусів кількісних ознак для курей порід бірківська барвіста лінія А, полтавська глиняста лінія 14 та род-айленд червоний лінія 38. Для порід комбінованого напрямку продуктивності формули бажаних генотипів сформовані з урахуванням яєчного чи м'ясного напрямку.

Ключові слова: генетика, мінливість, поліморфізм, молекулярно-генетичні маркери, популяція, кури, продуктивність.

Сучасна селекція птиці досягла вражаючих успіхів – створено високопродуктивні комерційні кроси яєчних і м'ясних курей, індиків та качок, різноманітні експериментальні групи та популяції з високою стійкістю до несприятливих факторів зовнішнього середовища, до захворювань бактеріальної та вірусної етіології тощо [1-3]. Саме використання досягнень генетики дало змогу вирішити цілий ряд принципових питань, пов'язаних з безперервним процесом створення нових ще більш продуктивних та конкурентоздатних кросів, а також експериментальних популяцій з заздалегідь передбаченим високим рівнем продуктивності чи іншими певними властивостями [4-6].

Що стосується сучасної індустрії виробництва м'яса бройлерів та харчових яєць в Україні та у світі, то вона базується на використанні спеціалізованих 4-лінійних кросів, тобто м'ясних і яєчних. У свою чергу лінії кожного кросу теж належать до спеціалізованих та таких, що добре поєднуються між собою за певною схемою чи послідовністю.

Так, усі найбільш поширені м'ясні кроси курей складаються із 2-х ліній породи плімутрок білий (А і В) та 2-х – корніш (С і D). Основною ознакою відбору за формування щороку нового покоління лінії А є висока плодючість (кількість курчат, отриманих на несучку за племінний сезон), лінії В – висока життєздатність на тлі задовільного рівня плодючості.

Водночас, лінію С селекціонують за високу м'ясну скороспілість (досягнення якомога більшої живої маси в 36- чи в 42-добовому віці), а лінію D – за високу життєздатність на тлі задовільної м'ясної скороспілості. За аналогічним принципом створені й 4-лінійні кроси яєчних курей. Але, вихідні лінії материнської форми (А і В) селекціонуються за високу несучість і високу життєздатність, батьківської форми (С і D) – за високу масу яєць і високу життєздатність, відповідно. Усі 4 лінії в біло-яєчних кросах належать до породи білий леггорн, а в коричнево-яєчних 2 лінії (А і В) – до породи род-айленд білий та 2 (С і D) – до породи род-айленд червоний. Варто зазначити, що в наш

Інформація про авторів:

Сахацький Микола Іванович, доктор біол. наук, професор, академік НААН України, завідувач кафедри біології тварин, e-mail: mik99@ukr.net

Кулібаба Роман Олександрович, доктор с.-г. наук, ст. наук. співробітник, професор кафедри біології тварин, e-mail: romankx37@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1776-7147>

час первинним матеріалом для створення та удосконалення спеціалізованих ліній зазначених комерційних кросів є гетерогенні чи синтетичні популяції, які звичайно формують із залученням курей і півнів певного генетичного походження та напряму продуктивності. Тому генетикам чи селекціонерам дуже важливо мати об'єктивну інформацію про генетичне різноманіття та потенціал ліній, що використовуються в сучасних комерційних кросах, а також резервних ліній, локальних (аборигенних), малочисельних рідкісних та зникаючих порід і угруповань для залучення деяких з них для створення гетерогенних чи будь яких інших експериментальних популяцій. Цю інформацію важливо отримувати регулярно і в процесі збереження генофонду птиці, зокрема для оцінки їх генетичного різноманіття та його динаміки упродовж декількох поколінь розведення «в собі» [7, 8].

Отже, проведення генетико-популяційних досліджень дає змогу оцінити алельне різноманіття за кожним із цільових локусів, виявити поліморфні та мономорфні варіанти різних генів. У свою чергу, використання іншого типу молекулярно-генетичних маркерів (SSR) забезпечило проведення результативної роботи з питань паспортизації та ідентифікації різних порід і популяцій птиці [9, 10]. Використання ДНК-технології для вирішення практичних завдань, вірогідно, й забезпечило зазначений вище успіх провідних компаній світу у створенні нових кросів птиці. Аналогічну роботу розпочато і в нашій країні [11, 12]. Вона полягала в проведенні генотипування вітчизняних порід, деяких селекційних ліній та популяцій резервного генофонду курей. Її продовження для виявлення особливостей генетичної структури зазначених угруповань птиці за сукупністю перспективних генів-кандидатів створює передумови для застосування у подальшому маркер-асоційованої селекції (MAS). Це й зумовило загальну ідею та методологічну концепцію виконання даної роботи.

Матеріали та методи досліджень. У роботі наведено та узагальнено результати комплексної багаторічної роботи з розробки теоретичного обґрунтування та практичної реалізації маркер-асоційованої селекції українських локальних порід курей. Окремі етапи

роботи представлено більш детально у відповідних публікаціях [13-16].

В якості об'єкту досліджень використовували курей української селекції яєчного і м'ясо-яєчного напрямів продуктивності – бірківська барвіста (лінія А), полтавська глиняста (лінія 14), плімутрок білий (лінія Г-2) та род-айленд червоний (лінія 38).

На першому етапі роботи проводили аналіз генетичної мінливості дослідних популяцій курей за використання різних типів молекулярно-генетичних маркерів. Для визначення поліморфізму локусів кількісних ознак обрано наступні гени: ген пролактину (*PRL*) (24 Indel; C-2402T), ген рецептору пролактину (*PRLR*) (BamHI-поліморфізм у п'ятому екзоні), ген гормону росту (*GH*) (MspI-поліморфізм у першому інтроні; MspI-SacI- та AluI-поліморфізм у четвертому інтроні), ген рецептору гормону росту (*GHR*) (HindIII-поліморфізм у другому інтроні; NspI-поліморфізм у п'ятому інтроні), ген трансформуючого ростового фактору *v1* (*TGF- α 1*) (трансверсія цитозину в аденін у положенні 632), ген трансформуючого ростового фактору *v2* (*TGF- α 2*) (транзиція тиміну в цитозин у положенні -640), ген трансформуючого ростового фактору *v3* (*TGF- α 3*) (трансверсія цитозину в аденін у положенні 2833 у четвертому інтроні), ген гіпофізарного фактору транскрипції 1 (*PIT-1*) (інсерція розміром 57 п.н. у другому інтроні), ген інсуліноподібного ростового фактору I (*IGF-I*) (PstI-поліморфізм в 5'UTR; HinfI-поліморфізм у промоторному фрагменті гену), *Mx*-ген (*Mx*) (транзиція гуаніну в аденін у положенні 2032).

Для виявлення особливостей генетичної структури дослідних популяцій курей з метою подальшої паспортизації ліній птиці використовували низку мікросателітних маркерів: MCW00815, MCW00342, LEI01926, MCW010413, ADL02681, LEI01663, ADL02788, LEI00944, MCW033017, MCW012314, MCW0257, MCW0288, MCW0245 та MCW0282.

Слід зазначити, що відповідно до особливостей використаного молекулярно-генетичного інструментарію, різні блоки мають суттєві відмінності у своїх ролях у контексті загальної мети. Мікросателітні маркери використані нами, в першу чергу, для генетико-популяційного аналізу та вирі-

шення питання стосовно створення теоретичного підґрунтя для подальшої паспортизації ліній та порід курей вітчизняної селекції. У свою чергу, маркери, які характеризують поліморфізм локусів кількісних ознак, використані з метою як охарактеризувати генетико-популяційні параметри дослідних груп птиці, так і проаналізувати продуктивні якості особин різних ліній та порід залежно від генотипу за кожним з виявлених поліморфних локусів.

На наступному етапі проводили дослідження з вивчення асоціативного зв'язку виявлених поліморфних локусів з показниками господарсько-корисних ознак курей.

Для аналізу загальних генетико-популяційних параметрів дослідних популяцій курей, а також показників продуктивності використовували загальноприйнятий методологічний апарат та відповідне програмне забезпечення [17-19]. Для статистичної обробки результатів досліджень використовували програми Popgen32, Statistica 8.0 та Excel 2010.

Результати досліджень та їх обговорення. Результати досліджень генетичної структури дослідних популяцій курей за використання різних типів молекулярно-генетичних маркерів, а також аналіз зв'язку виявлених поліморфних локусів з господарсько-корисними ознаками курей яєчного та комбінованого напрямів продуктивності дали змогу розробити й апробувати загальну схему комплексної системи використання MAS (маркер-асоційована селекція) у сучасному селекційному процесі на локальних породах курей української селекції. Обґрунтовано загальні принципи, послідовне використання яких дає змогу проводити генетичний моніторинг у процесі створення нових ліній птиці, здійснювати контроль динаміки генетичної структури популяцій, визначати чистоту лінійного розведення птиці, оцінювати особин для підбору пар для схрещування з метою отримання мікроліній із заданими комплексами генотипів на основі поліморфізму локусів кількісних ознак для яєчного, м'ясного чи комбінованого напрямків продуктивності птиці. На рисунку представлено загальну схему комплексної системи використання різних типів молекулярно-генетичних

маркерів (PCR-RFLP, Indel, SSR) у маркер-асоційованій селекції курей локальних порід української селекції.

У цілому цю систему можна функціонально розподілити на декілька послідовних етапів. На першому етапі проводиться оцінка генетико-популяційних параметрів дослідних ліній курей за використання різних типів молекулярно-генетичних маркерів. У цьому контексті проводиться аналіз як загального поліморфізму різних функціональних генів, що пов'язані з проявом господарсько-корисних ознак за використання PCR-RFLP та Indel маркерів (конкретні гени наведено на схемі), так і визначення рівня мікросателітної мінливості в дослідних популяціях (за використання вищенаведеної панелі SSR-маркерів). У залежності від породи, в першу чергу проводиться дослідження поліморфізму генів, алельні варіанти яких безпосередньо пов'язані з проявом господарсько-корисних ознак за заданими напрямками продуктивності. За результатами проведених досліджень у напрямі аналізу зв'язку виявлених поліморфних локусів з господарсько-корисними ознаками курей визначені перспективні комплексні генотипи залежно від напрямку продуктивності птиці.

Як свідчать результати проведених досліджень, для курей породи бірківська барвиста лінії А у напрямі яєчної продуктивності доцільно визначати поліморфізм наступних маркерних систем – локуси пролактину (24 Indel та C-2402T), гормону росту (MspI-поліморфізм у першому та четвертому інтроні), трансформуючих ростових факторів бета 1 й бета 3, гену Mx.

Для курей породи полтавська глиняста лінії 14 у напрямі яєчної продуктивності – локуси пролактину (C-2402T), гормону росту (SacI-поліморфізм у четвертому інтроні), рецептору гормону росту (HindIII-поліморфізм у другому інтроні), інсуліноподібного ростового фактору I (HinfI-поліморфізм у промоторній ділянці гену), родини трансформуючих ростових факторів бета.

У напрямі м'ясної продуктивності – локуси гормону росту (SacI-поліморфізм у четвертому інтроні), рецептору гормону росту (HindIII-поліморфізм у другому інтроні), гіпофізарного фактору транскрипції 1 (інсе-

рція в 57 п.н. у другому інтроні), трансформуючого ростового фактору бета 1.

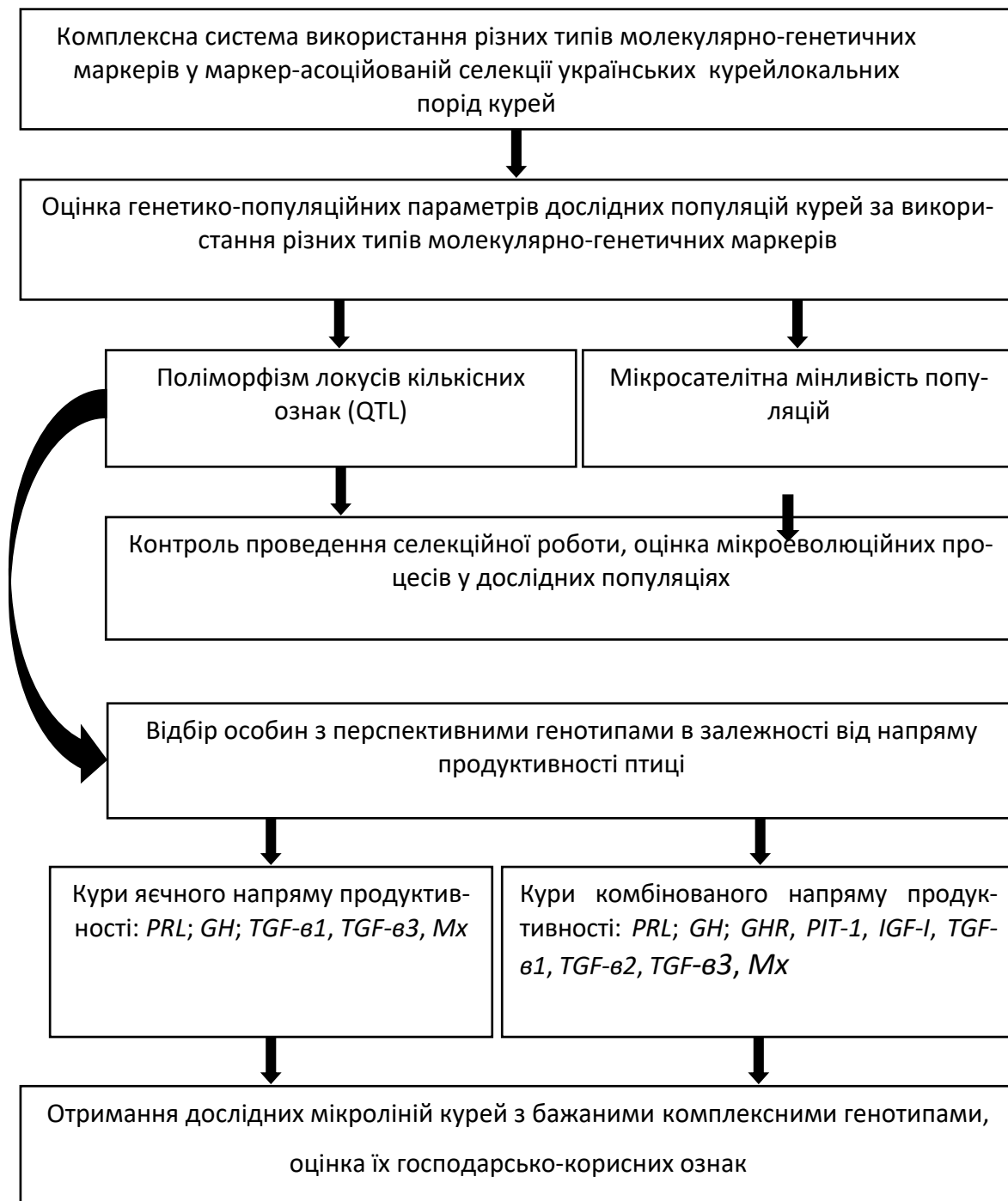


Рис. 1. Загальна схема основних етапів комплексної системи використання різних типів молекулярно-генетичних маркерів у маркер-асоційованій селекції українських локальних порід курей.

У свою чергу, для курей породи род-айленд червоний лінії 38 у напрямі яєчної продуктивності – локуси пролактину (24 Indel та C-2402T), інсуліноподібного ростового фактору I (PstI-поліморфізм у 5'UTR), трансформуючих ростових факторів бета 2 і бета 3, гену Mx.

У напрямі м'ясної продуктивності – локуси гормону росту (MspI-поліморфізм у

першому та четвертому інтроні, AluI-поліморфізм у четвертому інтроні), трансформуючого ростового фактору бета 2 і бета 3.

У таблиці 1 підсумовано надану інформацію та наведено формули бажаних генотипів за сукупністю виявлених поліморфних локусів кількісних ознак для кожної дослідної лінії курей. За результатами типування для кожної з дослідних ліній розробляється

генетичний паспорт із зазначеними комплексними генотипами.

Одночасно з вивченням поліморфізму цільових генів проводять аналіз мікросателітної

Таблиця 1. Формули бажаних комплексних генотипів для кожної з дослідних ліній курей

Напрямок продуктивності	Бажані комплексні генотипи
Бірківська барвиста, лінія А	
Яєчна продуктивність	$PRL^{II} PRL^{CC} GH1 (MspI)^{BB} GH4 (MspI)^{CC} TGF-\beta I^{FF} TGF-\beta 3^{LL}$ Mx^{GG}
Полтавська глиняста, лінія 14	
Яєчна продуктивність	$PRL^{CC} GHR (HindIII)^{B0} GH (SacI)^{AB} IGF-I (HinfI)^{CC} TGF-\beta I^{FF}$ $TGF-\beta 2^{LL} TGF-\beta 3^{BB}$
М'ясна продуктивність	$GH4 (SacI)^{AB} GHR (HindIII)^{B0} IGF-I (HinfI)^{CC} PIT-I^{DD} TGF-\beta I^{FF}$
Род-айленд червоний, лінія 38	
Яєчна продуктивність	$PRL^{ID} PRL^{CT} IGF-I (PstI)^{C1C2} TGF-\beta 2^{BL} TGF-\beta 3^{LL} Mx^{AG}$
М'ясна продуктивність	$GH1 (MspI)^{AA} GH4 (MspI)^{CC} GH4 (AluI)^{TT} TGF-\beta 2^{BB} TGF-\beta 3^{BB}$

мінливості в дослідних популяціях курей. Використання мікросателітних маркерів надає значних можливостей при вирішенні питань контролю походження, лінійної належності птиці, а також для визначення загальних генетико-популяційних параметрів дослідних ліній, що визначаються високим рівнем поліморфності мікросателітів взагалі. Використання наявного інструментарію (комплексу різних ДНК-маркерів) дає змогу успішно виконувати як генетичний моніторинг за проведенням селекційної роботи, так і оцінку мікроеволюційних процесів у дослідних популяціях. У цьому контексті має значення виявлення породоспецифічних алелів мікросателітних локусів, що, у свою чергу, забезпечує ефективну ідентифікацію порід курей, а також дає змогу проводити їх паспортизацію. Використання цих генетичних паспортів різних популяцій сприяє ефективному, з мінімальними відхиленнями, проведенню контролю чистоти лінійного розведення у племінному птахівництві. За результатами аналізу мікросателітної мінливості для кожної з атестованих популяцій надається відповідний генетичний паспорт, який містить дані стосовно частот кожного з виявлених поліморфних маркерів, характеристику унікальних/рідкісних алелів.

На наступному етапі, на основі виявлених комплексних генотипів за сукупністю молекулярно-генетичних маркерів, проводиться відбір особин з перспективними генотипами залежно від напрямку продуктивності птиці. Як основу доцільно використовувати розроблені формули комплексних генотипів, що вищеописані. Отже, з урахуванням результа-

тів аналізу мікросателітної мінливості визначається група особин, яка характеризується специфічним для конкретної породи курей алельним профілем. Також проводиться підбір за комплексом бажаних генотипів за низкою цільових генів, алельні варіанти яких пов'язані з проявом господарсько-корисних ознак.

Відбір відповідних дослідних груп дає змогу перейти до третього, завершального етапу, у ході реалізації якого отримують експериментальні мікролінії курей з бажаними комплексними генотипами та проводять оцінку їх господарсько-корисних ознак за використання класичних селекційних методів. Таким чином, результат використання запропонованої моделі полягає в отриманні ліній курей, які мають специфічний спектр алелів за сукупністю поліморфних локусів (як цільових генів, так і мікросателітів) й характеризуються відповідним рівнем прояву господарсько-корисних ознак за обраним напрямом продуктивності птиці (яєчний чи комбінований).

Слід зазначити, що запропонована комплексна система MAS дає змогу «зрушити з мертвої точки» селекційну роботу з породами курей саме вітчизняної селекції, однак ефективність її використання у подальшому цілком залежить від низки факторів, як об'єктивних (наявність фінансування молекулярно-генетичних досліджень) так, на жаль, і суб'єктивних (здатністю до сприйняття нових парадигм селекційної науки, до яких повною мірою належить й MAS). До безпосереднього успіху можна залучити сам факт продовження роботи з визначення перспективних алельних варіантів генів міоста-

тину та інсуліну в популяціях курей комбінованого напрямку продуктивності (полтавська глиняста), що дало змогу доповнити формулу бажаних генотипів саме для цієї роботи [20].

Висновки. Теоретичне обґрунтування та практична реалізація маркер-асоційованої селекції українських локальних порід курей

створює необхідний базис для проведення подальшої роботи, заснованої на використанні специфічних особливостей організації спадкового матеріалу птиці вітчизняного генофонду для створення високопродуктивних та конкурентоспроможних експериментальних популяцій.

Використана література

1. Jie H., Liu Y. P. Breeding for disease resistance in poultry: opportunities with challenges. *World's Poultry Science Journal*. 2011. Vol. 67(04). P. 687–696. doi:10.1017/s0043933911000766
2. Sodhi S. S., Jeong D. K., Sharma N., Lee J. H., Kim J. H., Kim S. H. Marker assisted selection-applications and evaluation for commercial poultry breeding. *Korean J. Poult. Sci.* 2013. Vol. 40. P. 223–234. doi:10.5536/KJPS.2013.40. 3.223
3. Wolc A. Understanding genomic selection in poultry breeding. *World's Poultry Sci. J.* 2014. Vol. 70. P. 309–314.
4. Simrinder S. S., Jeong D. K., Sharma N., Lee J. H., Kim J. H., Kim S. H., Kim S. W., Oh S. J. Marker assisted selection-applications and evaluation for commercial poultry breeding. *Korean J. Poult. Sci.* 2013. Vol. 40, № 3. P. 223–234.
5. Wakchaure R., Ganguly S., Praveen P. K., Kumar A., Sharma S., Mahajan T. Marker Assisted Selection (MAS) in Animal Breeding: A Review. *J. Drug. Metab. Toxicol.* 2015. Vol. 6. e127.
6. Wolc A., Kranis A., Settar P., Fulton J. E., O'Sullivan N. P., Watson K. A., Hickey J., de los Campos G., Fernando R. L., Garrick D. J., Dekkers J. C. M. Implementation of genomic selection in the poultry industry. *Animal Frontiers*. 2016. Vol 6, № 1. P. 23–31.
7. Yeo J. S., Kim J. W., Chang T. K., Park Y. A., Nam D. H., Utilization of DNA Marker-Assisted Selection in Korean Native Animals. *Biotechnol. Bioprocess Eng.* 2000. Vol. 5. P. 71–78.
8. Bahmanimehr A. Inheritance of Important Economic Traits in Chickens Under Short Term Selection. *International Journal of Animal and Veterinary Advances*. 2012. Vol. 4, No. 2. P. 109–112.
9. Mittal N., Dubey A. K. Microsatellite markers – a new practice of DNA based markers in molecular genetics. *Phcog. Rev.* 2009. Vol. 3 (6). P. 235–246.
10. Samaraweera A. M., Liyanage R., Ibrahim M. N., Okeyo A. M., Han J., Silva P. High Genetic Diversity but Absence of Population Structure in Local Chickens of Sri Lanka Inferred by Microsatellite Markers. *Front. Genet.* 2021. 12:723706. doi: 10.3389/fgene.2021.723706
11. Romanov M. N., Weigend S. Analysis of genetic relationships between various populations of domestic and jungle fowl using microsatellite markers. *Poultry science*. 2001. Vol. 80. P. 1057–1063.
12. Hillel J., Groenen M. A. M., Tixier-Boichard M., Korol B. A., David L., Kirzhner V. M., Burke T., Barre-Dirie A., Crooijmans R. P. M. A., Elo K., Feldman M. W., Freidlin P. J., Maki-Tanila A., Oortwijn M., Thomson P., Vignal A., Wimmers K., Weigend S. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet. Sel. Evol.* 2003. Vol. 35. P. 533–557.
13. Kulibaba R. A., Tereshchenko A. V. Transforming growth factor $\beta 1$, pituitary-specific transcriptional factor 1 and insulin-like growth factor I gene polymorphisms in the population of the Poltava clay chicken breed: association with productive traits. *Agricultural Science and Practice*. 2015. Vol. 2 (1). P. 67–72.
14. Kulibaba R.A. Polymorphism of growth hormone, growth hormone receptor, prolactin and prolactin receptor genes in connection with egg production in Poltava clay chicken. *Agricultural Biology*. 2015. Vol. 50, № 2. P. 198–207. doi:10.15389/agrobiology.2015.2.198eng
15. Kulibaba R. A., Liashenko Y. V., Yurko P. S. Genetic differentiation of Ukrainian chicken breeds using various types of molecular genetic markers. *Agricultural Biology*. 2018. Vol. 53, № 2. P. 282–292. doi:10.15389/agrobiology.2018.2.282eng
16. Кулібаба Р. О., Ляшенко Ю. В. Мікросателітна мінливість у популяціях курей українських локальних порід. *Науковий вісник ЛНУВМБ імені С.З. Гжицького*. 2018. Т. 20, № 84. С. 70–76.
17. Wright S. Evolution and the genetics of populations. 4. Variability within and among natural populations. Chicago: University of Chicago Press, 1978. 590 p.
18. Меркурьева Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве. Москва: Колос, 1977. 240 с.
19. Царенко П. П. Повышение качества продукции птицеводства: пищевые и инкубационные яйца. Л.: Агропромиздат, 1988. 240 с.
20. Шуліка Л. В. Поліморфізм генів міостатину та інсуліну і його зв'язок з продуктивними ознаками курей ліній української селекції порід род-айленд червоний і плімутрок білий : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук : 03.00.15. Чубинське, 2020. 21 с.

References

1. Jie H., Liu Y. P. Breeding for disease resistance in poultry: opportunities with challenges. *World's Poultry Science Journal*. 2011. Vol. 67(04). P. 687–696. doi:10.1017/s0043933911000766
2. Sodhi S. S., Jeong D. K., Sharma N., Lee J. H., Kim J. H., Kim S. H. Marker assisted selection-applications and evaluation for commercial poultry breeding. *Korean J. Poult. Sci.* 2013. Vol. 40. P. 223–234. doi:10.5536/KJPS.2013.40. 3.223

3. Wolc A. Understanding genomic selection in poultry breeding. *World's Poultry Sci. J.* 2014. Vol. 70. P. 309–314.
4. Simrinder S. S., Jeong D. K., Sharma N., Lee J. H., Kim J. H., Kim S. H., Kim S. W., Oh S. J. Marker assisted selection-applications and evaluation for commercial poultry breeding. *Korean J. Poult. Sci.* 2013. Vol. 40, № 3. P. 223–234.
5. Wakchaure R., Ganguly S., Praveen P. K., Kumar A., Sharma S., Mahajan T. Marker Assisted Selection (MAS) in Animal Breeding: A Review. *J. Drug. Metab. Toxicol.* 2015. Vol. 6. e127.
6. Wolc A., Kranis A., Settar P., Fulton J. E., O'Sullivan N. P., Watson K. A., Hickey J., de los Campos G., Fernando R. L., Garrick D. J., Dekkers J. C. M. Implementation of genomic selection in the poultry industry. *Animal Frontiers.* 2016. Vol 6, № 1. P. 23–31.
7. Yeo J. S., Kim J. W., Chang T. K., Park Y. A., Nam D. H., Utilization of DNA Marker-Assisted Selection in Korean Native Animals. *Biotechnol. Bioprocess Eng.* 2000. Vol. 5. P. 71–78.
8. Bahmanimehr A. Inheritance of Important Economic Traits in Chickens Under Short Term Selection. *International Journal of Animal and Veterinary Advances.* 2012. Vol. 4, No. 2. P. 109–112.
9. Mittal N., Dubey A. K. Microsatellite markers – a new practice of DNA based markers in molecular genetics. *Phcog. Rev.* 2009. Vol. 3 (6). P. 235–246.
10. Samaraweera A. M., Liyanage R., Ibrahim M. N., Okeyo A. M., Han J., Silva P. High Genetic Diversity but Absence of Population Structure in Local Chickens of Sri Lanka Inferred by Microsatellite Markers. *Front. Genet.* 2021. 12:723706. doi: 10.3389/fgene.2021.723706
11. Romanov M. N., Weigend S. Analysis of genetic relationships between various populations of domestic and jungle fowl using microsatellite markers. *Poultry science.* 2001. Vol. 80. P. 1057–1063.
12. Hillel J., Groenen M. A. M., Tixier-Boichard M., Korol B. A., David L., Kirzhner V. M., Burke T., Barre-Dirie A., Crooijmans R. P. M. A., Elo K., Feldman M. W., Freidlin P. J., Maki-Tanila A., Oortwijn M., Thomson P., Vignal A., Wimmers K., Weigend S. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet. Sel. Evol.* 2003. Vol. 35. P. 533–557.
13. Kulibaba R. A., Tereshchenko A. V. Transforming growth factor $\beta 1$, pituitary-specific transcriptional factor 1 and insulin-like growth factor I gene polymorphisms in the population of the Poltava clay chicken breed: association with productive traits. *Agricultural Science and Practice.* 2015. Vol. 2 (1). P. 67–72.
14. Kulibaba R.A. Polymorphism of growth hormone, growth hormone receptor, prolactin and prolactin receptor genes in connection with egg production in Poltava clay chicken. *Agricultural Biology.* 2015. Vol. 50, № 2. P. 198–207. doi:10.15389/agrobiology.2015.2.198eng
15. Kulibaba R. A., Liashenko Y. V., Yurko P. S. Genetic differentiation of Ukrainian chicken breeds using various types of molecular genetic markers. *Agricultural Biology.* 2018. Vol. 53, № 2. P. 282–292. doi:10.15389/agrobiology.2018.2.282eng.
16. Kulibaba, R. O., Lyashenko, Yu. V. (2018). Mikrosatelitna minlyvist' u populyatsiyakh kurey ukrayins'kykh lokal'nykh porid [Microsatellite variability in populations of chickens of Ukrainian local breeds]. *Naukovyy visnyk LNUVMB imeni S. Z. Gzhyts'koho.* 20, ' 84. 70–76. [in Ukrainian].
17. Wright S. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populations. Chicago: University of Chicago Press, 1978. 590 p.
18. Merkur'yeva, Ye. K. (1977). Geneticheskiye osnovy selektsii v skotovodstve [Genetic bases of breeding in cattle breeding]. Moskva: Kolos [in Russian].
19. Tsarenko, P. P. (1988). Povysheniye kachestva produktii ptilitsevodstva: pishchevyie i inkubatsionnyie yaytsa [Improving the quality of poultry products: food and hatching eggs] L.: Agropromizdat [in Russian].
20. Shulika, L. V. (2020). Polimorfizm heniv miostatynu ta insulinu i yoho zv'yazok z produktyvnymy oznakamy kurey liniy ukrayins'koyi selektsiyi porid rod-aylend chervonny i plimutrok bilyy [Polymorphism of myostatin and insulin genes and its connection with productive traits of chickens of Ukrainian breeding lines of Rhode Island red and Plymouth white breeds] (Extended abstract of candidate's thesis). Chubyn's'ke [in Ukrainian].

Sakhatskyi M. I., Kulibaba R. O. Marker-assisted selection of ukrainian local chicken breeds. overview of research results

Animal Husbandry of the Steppe of Ukraine. 2022. 1. (2). 150-156

National University of Bioresources and Nature Management of Ukraine, 03041, Kyiv, st. Heroes of Defense, 15, Ukraine

The article presents a complex system of using of different types of molecular genetic markers in marker-assisted selection of Ukrainian local chicken breeds of egg and combined productivity. The main stages of selection work with different chicken breeds of Ukrainian selection are given considering the results of genetic variability research and analysis of productivity parameters of chicken with different genotypes by a number of DNA-markers. According to the results of the research, prospective marker systems identified by the set of quantitative trait loci, allelic variants of which are associated with productivity indicators. The formulas of perspective genotypes according to the complex of quantitative trait loci for chickens of Birkivska Barvista line A, Poltava clay line 14 and Rhode Island Red line 38 are given. For chicken breeds of combined productivity, the formulas of the desired genotypes formed on the egg or meat direction.

Key words: genetics, variability, polymorphism, molecular-genetic markers, population, chicken, productivity.