

нення методів активної охорони і збереження. Цілью активних охоронних заходів повинно бути приведення територій в відповідність з функціональним призначенням, а саме для використання їх природних цінностей в естетичних, виставкових, наукових, природоохоронних і оздоровчих цілях.

**Ключові слова:** біорізноманітність, місця обитання, часові дерева, ксилософа, збереження видів.

Отримано: 23.10.2019

УДК 636.082(477):575.174.0153  
DOI: 10.32626/2519-8955.2019-4.69-78

**О. І. Любинський**, доктор сільськогосподарських наук,  
професор, завідувач кафедри екології  
e-mail: lubin.alex@gmail.com  
Кам'янець-Подільський національний  
університет імені Івана Огієнка  
вул. Огієнка, 61, м. Кам'янець-Подільський, 32300, Україна

## СУЧАСНІ АСПЕКТИ ГЕНЕТИЧНОГО МОНІТОРИНГУ БІОРИЗНОМАНІТНОСТІ ВІТЧИЗНЯНОГО ГЕНОФОНДУ ТВАРИН

В представленій статті розглянуто сучасні аспекти щодо обґрунтування ефективного генетичного моніторингу, методів збереження та оцінки генофонду тварин у системі розробки цілісної методології збереження біорізноманітності вітчизняного тваринництва. Генетичний моніторинг генофонду тварин розглядається як система фенотипової і генотипової інформації про спадкове різноманіття на популяційному, індивідуальному рівнях, у відповідності до сучасних молекулярно-генетичних методів тестування: феногенетичного, цитогенетичного, генетико-біохімічного, імуногенетичного аналізів і ДНК-діагностики. Генна діагностика основних видів сільськогосподарських тварин включає: ядерні- ПЛР-ПЛРФ (PCR-RFLP), EST-, NotI-STI-маркери, мультилокусні – RAPD-, AFLP- і ISSR-маркери; монолокусні – міні- та мікро-сателітні (STMS, STR, SSR), SNPs-маркери і мітохондріальні – мтДНК-маркери, функціональні – локуси (гени або нуклеотиди) кількісних ознак [QTL, QTG і QTN] та ДНК-маркери (на базі ПЛР або мікросателітного аналізу) спадкових аномалій. Встановлено, що для ефективного управління та аналізу генетичного різноманіття тваринництва України, слід використовувати системні аспекти генетичного моніторингу щодо збереження біорізноманіття вітчизняних генетичних ресурсів.

**Ключові слова:** генна діагностика, генетичний моніторинг, генетична структура, генотип, генофонд, маркер, мінливість, молекулярно-генетичний поліморфізм.

**Постановка проблеми.** Однією із глобальних проблем сучасності є збереження біорізноманіття, у компоненті якого істотно місце посідає тваринництво. У світовому масштабі триває неперервний процес вдосконалення продуктивних і технологічних параметрів сільськогосподарських тварин, широко застосовують промис-

лове схрещування, міжлінійну гібридизацію, біотехнологічні методи відтворення та інтенсифікації селекційного процесу, конструювання нових генотипів. З огляду на це прискореними темпами відбувається заміна або поглинання неконкурентоспроможного племінного матеріалу, яким, у першу чергу, виявляються аборигенні та локальні породи. Інтенсивний породотворний процес призводить до їхнього витіснення та різкого скорочення чисельності. У зв'язку з цим для тваринницької галузі характерне використання досить обмеженої кількості комерційних спеціалізованих порід і типів [19].

Для вивчення популяційної структури будь-якого виду потрібний глибокий і всебічний аналіз, який включає використання генетичних, фізіолого-біохімічних, морфологічних, екологічних та інших підходів і методів дослідження. Популяційні дослідження, що мають за мету вивчення генетичної структури та динаміки природних популяцій, процесів, зв'язок їх із подіями на інших рівнях, за правило розглядаються в якості пріоритетних для сучасних досліджень, дійсно допомагаючи вирішувати багато важливих і актуальних теоретичних і практичних проблем.

Підтримання біорізноманітності видів і порід тварин потребує системного підходу, який передбачає одержання об'єктивної інформації щодо підконтрольних популяцій тварин і створення бази даних для аналізу їх структури, дослідження генетичних процесів і вирішення комплексу питань в системі збереження генетичних ресурсів. Генетичним тестуванням передбачається здійснення контролю походження за генетичними маркерами; аналіз генетичної структури генофондових стад за поліморфними системами крові, молока, ДНК-маркерами; оцінку резистентності, стресостійкості, інших конституційних особливостей за гематологічними, біохімічними, фізіологічними, цитологічними тестами; каріотипування і цитогенетичний контроль плідників; виявлення рецесивних генів на основі ДНК-технологій; аналіз родоводів, виявлення дефектів та їх генетичної зумовленості. Системну інвентаризацію генофонду різних видів тварин в Україні започатковано державною науково-технічною програмою «Збереження генофонду сільськогосподарських тварин», яка передбачає, зокрема, експедиційне обстеження племінних ресурсів [1-4, 6-9, 11, 14, 17].

При обстеженні племінних ресурсів сільськогосподарських тварин і реалізації програм збереження генофонду порід набувають важливого значення методи генетичних досліджень. Їх послідовне застосування в генофондових популяціях створює систему генетичного моніторингу, який покликаний вирішувати широке коло завдань. Основу генетичного моніторингу в конярстві, скотарстві, свинарстві, вівчарстві і птахівництві України створює генетична експертиза походження та аномалій племінних тварин, яка є невід'ємною частиною племінної справи у тваринництві. При аналізі популяцій вирішуються завдання визначення їхнього аелофонду; їх генетичної структури, збалансованості, мінливості, схожості; оцінки ступеня консолідації і диференціації порівнюваних груп тварин [1-2, 5, 7-9, 12,16].

**Аналіз останніх досліджень і публікацій.** Генетичні маркери виявилися незамінним інструментом для виявлення діапазону популяційної і видової мінливості, вивчення філогенезу, ступеню генетичної подібності та мікроеволюції порід тварин. Дані ФАО за оцінку наявності порід сільськогосподарських видів тварин свідчать, що завдання раціонального використання й збереження генетичних ресурсів, проведення систематичного генетичного моніторингу є також актуальним і у рибництві [18, 21].

Порівняльний аналіз генетичної структури споріднених порід дає змогу оцінити ступінь їхньої дивергенції, дійсні відмінності генофондів. Теоретичним обґрунтуванням такого аналізу генофонду порід є положення, що за розподілом алелів поліморфних систем можна скласти уявлення про особливості розподілу інших генів [12].

За результатами імуногенетичного та біохімічного тестування тварин різних порід, перш за все, визначають їх специфіку, враховуючи кількість алелів, їх оригінальність. Генетичний моніторинг, окрім контролю за генетичною ситуацією в генофондових стадах, дає наукову інформацію про розподіл і рух спадкового матеріалу в поколіннях, інші генетичні закономірності [7-9, 12, 14, 16].

Генетичний моніторинг, окрім контролю за генетичною ситуацією в генофондових стадах, дає наукову інформацію про розподіл і рух спадкового матеріалу в поколіннях, інші генетичні закономірності. Таку інформацію доцільно розглядати, як один з видів генофондової продукції, що є однією з підстав для запровадження в генофондових популяціях системи генетичного моніторингу з використанням широкого спектру генетичних тестів. Генетичне маркування генофонду порід дає додаткову інформацію щодо їх реальної генетичної спільності або диференціації. Порівняльна характеристика популяцій за частотами імуногенетичних і біохімічних маркерів дозволяє прогнозувати комбінаційну здатність ліній і порід [12].

**Метою роботи** було обґрунтування сучасних методичних підходів щодо генетичного моніторингу, методів збереження та оцінки генофонду тварин у системі розробки цілісної системи збереження біорізноманітності вітчизняного тваринництва.

**Методика досліджень.** При обґрунтуванні ефективної системи генетичного моніторингу генофонду тварин різних видів використовували як загальні методичні підходи спеціалістів країн-членів ФАО, методичні основи сучасного молекулярно-генетичного аналізу [12, 14].

**Результати досліджень.** На розв'язання проблеми збереження генофонду порід спрямовувалися спільні зусилля урядових і державних організацій, наукових інституцій. Ще в 1946 р. сесією Консультативного комітету з сільського господарства покладено на Міжнародну продовольчу організацію (ФАО) відповідальність з оцінки та консервації генофонду рослин і тварин. За її підтримки проводилися міжнародні та регіональні форуми з цієї проблеми, а за рішенням 13-ї сесії (1966) сформовано робочу групу з оцінки, використання й консервації генетичних ресурсів [19].

У тваринництві будь-якої країни генетичні ресурси є одним із найдорожчих і стратегічно найважливіших багатств. Потреба подальшого збереження аборигенних порід зумовлена тим, що вони мають унікальний комплекс господарсько корисних ознак, які можна використовувати у селекційно-племінній роботі як для створення нових, так і для поліпшення наявних порід та породних груп. Конференція ООН з навколишнього середовища і розвитку (Ріо-де-Жанейро, 1992) визначила забезпечення сталого використання генетичних ресурсів як загальнопланетарну проблему. Відповідну міжнародну конвенцію про охорону біологічного різноманіття, підписану 167-ма державами із присутніх 179-ти, ратифіковано Україною (Закон України №257-94-ВР від 29.11.1994 р.). Подальшим етапом розвитку цього напрямку була перша Міжнародна технічна конференція з питань генетичних ресурсів тварин, організована FAO (Інтерлакен, Швейцарія, 3-7 вересня, 2007). Перший Глобальний план дій із сприяння консервації та раціональному правлінню глобальними генетичними ресурсами тварин для виробництва продовольства і ведення сільськогосподарства, ухвалений делегаціями 109 країн з 169, що взяли участь, та Інтерлакенська Декларація про генетичні ресурси тварин підтвердили спільну та індивідуальну відповідальність за збереження, стабільне використання і вдосконалення генетичних ресурсів тварин. На потреби управління генетичним різноманіттям тварин у черговий раз було наголошено комісією FAO з генетичних ресурсів у сфері продовольства і сільськогосподарства (Рим, 2010). Нині під контролем глобального банку FAO з генетичних ресурсів – 7616 порід різних видів сільськогосподарських тварин, з яких 20% класифікуються як такі, що перебувають у зоні ризику зникнення. Усього ж за останні 6 років зникли 62 породи свійських тварин [13].

Раціональне використання і збереження генофонду сільськогосподарських тварин характеризується застосуванням широкого спектру генетичних методів для оцінки генетичних ресурсів на індивідуальному і популяційному рівнях. Генетичні методи покликані вирішувати головне завдання – розшифрувати зміст генетичної інформації в генотипі тварин і визначити її місце в структурі популяції, що зберігається або селекціонується. При обстеженні племінних ресурсів сільськогосподарських тварин і реалізації програм збереження генофонду порід набувають важливого значення методи генетичних досліджень. Їх послідовне застосування в генофондових популяціях створює систему генетичного моніторингу, який покликаний вирішувати широке коло завдань [12, 14].

Імуногенетичні дослідження переважно полягають у тестуванні тварин за групами крові, в результаті якого встановлюють наявність або відсутність еритроцитарних антигенів, спектр яких визначається наявністю відповідних реагентів в лабораторії, що здійснює тестування. За результатами аналізу імуногенетичної інформації визначають алелі і встановлюють генотипи окремих тварин. Дослідження хромосомного апарату тварин, проведення цитогенетичного контролю через каріотипування і відповідний аналіз соматичних і мейотичних клітин. ДНК – технології стають одним з ключових факторів, що забезпечують не тільки генетичну експертизу походження, а й реалізацію комплексу завдань

в системі збереження генетичного різноманіття тварин щодо аналізу структури порід, виявлення їх генетичного потенціалу, визначення специфіки різних генотипових об'єктів та генотипового статусу суб'єктів племінної справи у тваринництві [12, 14].

Тестуванням тварин за високополіморфними локусами ДНК визначають їх генотипи за окремими генами з метою виявлення тварин із спадковими вадами розвитку, бажаними генотипами за окремими локусами якісних і кількісних ознак та контролю походження [20].

Використання в якості маркерних систем поліморфних ділянок ДНК дозволяє тестувати генетичний поліморфізм на рівні генів, тобто генотипу. Такі ДНК-маркери дозволяють вирішити проблему насичення геному маркерами і маркувати практично будь-який фрагмент ДНК, в тому числі і некодуючий [15, 17], що необхідно для складання генетичних карт і для вирішення завдань селекції за допомогою маркерів (MAS) [17, 18].

До першого типу ядерних ДНК-маркерів відносяться всі ті, які базуються на ПАР – полімеразній ланцюговій реакції, а саме: ПДРФ (поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів) – генетичні маркери для аналізу поліморфізму індивідуальних локусів (генів); маркери до експресуючих послідовностей геному (EST-маркери) та ті, які мають послідовності, що межують із сайтами пізнання рестриктази NotI (5'GCGGCCGC3') (NotI-STS-маркери); а також окремий клас мультилокусних ДНК-маркерів, котрі базуються на застосуванні праймерів із множинною локалізацією в геномі, таких як: із довільною випадковою послідовністю – RAPD-маркери, разом із схожими технологіями аналізу – фінгерпринтингу ампліфікованої ДНК (DAF), ПАР з універсальними праймерами (AP-PCR) і довільною ПАР (RPCR); домінантні діалельні AFLP-маркери (поліморфізм довжин ампліфікованих фрагментів – за ПАР-технологією фінгерпринтингу) та за використання праймерів, комплементарних мікросателітним повторам (4-12 одиниць повтору) і які несуть на одному 5' чи 3'-кінці (1-4) якірних нуклеотиди – ISSR-маркери (міжмікросателітний поліморфізм) [12, 14].

На міжнародному рівні щодо генетичного моніторингу, Глобальна програма захисту навколишнього середовища (Global Environment Facility – GEF) підтримує проект, що розпочався у 2005 році, зі збереження трипанотолерантних порід великої рогатої худоби, овець і кіз у чотирьох країнах Західної Африки. Міжнародного агентства за атомної енергії, МАГАТЕ (International Atomic Energy Agency, IAEA) складає карти генетичної різноманітності порід овець і кіз в Азії. Потім дані з генетичного різноманіття будуть об'єднані з фенотиповими характеристиками для ідентифікації порід, у яких сформувались різні механізми резистентності до однієї і тієї ж хвороби. Після цього будуть схрещувати ці породи і використовувати молекулярні маркери для картування генів, контролюючих резистентність, використання в майбутніх програмах генетичного покращення [10, 11].

Розміщення молекулярно-генетичної інформації в Географічній інформаційній системі (GIS) дозволяє виконувати просторовий аналіз генетичної інформації. GIS може бути використана

для вивчення просторових структур, розподілу і віддаленості генетичних даних, для моделювання міграцій популяцій тварин у ландшафтах; для візуалізації і аналізу географічної структури популяцій; для визначення зон різноманіття; для визначення областей генетичної диференціації і для досліджень взаємодії між середовищем і генетичними варіантами [18].

Розробленою і здійснюваною під егідою ФАО Міжнародною програмою 2010 року із збереження біорізноманіття генетичних ресурсів тварин і рослин, передбачалось для досліджень за генетичними маркерами на рівні окремих видів відбирати зразки, виходячи з кількості порід. За наявності у виді більше 200 порід пропонувалось дослідити не менше 50 з них, а дослідженням 20 порід можна було обмежитись, якщо їхня кількість не перевищувала 80. У межах кожної породи рекомендувалось дослідити щонайменше 50 неспоріднених особин, а для виявлення мінливості породи за мікросателітами не менше 25 [12]. Молекулярно-генетичні маркери можуть бути використані для оцінки ефективного розміру популяції ( $N_e$ ) не тільки в даний час, але і для більш ранніх поколінь [12].

**Висновки.** 1. Генетичний моніторинг генофонду тварин передбачає системну оцінку фенотипової, генотипової інформації про спадкове різноманіття на популяційному, індивідуальному рівнях, у відповідності до сучасних молекулярно-генетичних методів тестування: феногенетичного, цитогенетичного, генетико-біохімічного, імуногенетичного аналізів і ДНК-діагностики.

2. Генетична оцінка основних видів сільськогосподарських тварин включає: ядерні – ПАР-ПДРФ (PCR-RFLP), EST-, NotI-STС-маркери, мультилокусні – RAPD-, AFLP- і ISSR-маркери; монолокусні – міні- та мікро-сателітні (STMS, STR, SSR), SNPs-маркери і мітохондріальні – мтДНК-маркери, функціональні – локуси (гени або нуклеотиди) кількісних ознак [QTL, QTG і QTN] та ДНК-маркери (на базі ПАР або мікросателітного аналізу) спадкових аномалій.

3. Ефективне управління та аналіз генетичного різноманіття тваринництва України потребує впровадження сучасних аспектів генетичного моніторингу щодо збереження біорізноманіття вітчизняних генетичних ресурсів.

#### **Список використаних джерел:**

1. Буркат В.П. Генофонд тварин / В.П. Буркат, Б.Є. Подоба, І.В. Гузев // Енциклопедія сучасної України. – Київ, 2006. – Т. 5. (Вод-Гн). – С. 467-470.
2. Буркат В.П. Розведення тварин і збереження їхнього генофонду / В.П. Буркат // Вісник аграрної науки. – 2006. – №3/4. – С. 100-105.
3. Вепринцев Б.Н. Стратегия сохранения животного и растительного мира земли / Б.Н. Вепринцев, Н.Н. Ротт // Консервация генетических ресурсов. Методы. Проблемы. Перспективы. – Пушино, 1991. – С. 5-18.
4. Вепринцев Б.Н. Проблема сохранения генофонда / Б.Н. Вепринцев, Н.Н. Ротт. – Москва : Знание, 1985. – 63 с.
5. Генетика, селекция и биотехнология в скотоводстве / М.В. Зубец, В.П. Буркат, Ю.Ф. Мельник [и др.]; под ред. М.В. Зубца, В.П. Бурката. – Киев : БМТ, 1997. – 722 с.
6. Генетико-популяційні процеси при розведенні тварин / І.П. Петренко, М.В. Зубець, Д.Т. Вінничук, А.П. Петренко ; за ред. І.П. Петренка. – Київ : Аграрна наука, 1997. – 478 с.

7. Генетико-селекційний моніторинг у молочному скотарстві / М.В. Зубець, В.П. Буркат, М.Я. Єфіменко [та ін.] ; за ред. В.П. Бурката. – К. : Аграрна наука, 1999. – 88 с.
8. Генетико-селекційний моніторинг у м'ясному скотарстві / М.В. Зубець, В.П. Буркат, Ю.Ф. Мельник [та ін.] ; наук. ред. М.В. Зубець. – Київ : Аграрна наука, 2000. – 186 с.
9. Генетическая компонента биоразнообразия крупного рогатого скота / Т.Т. Глазко, М.В. Зубец, А.В. Кушнир [и др.] ; под ред. В.К. Шумного, В.Ф. Патыки. – Киев, 2005. – 223 с.
10. Глик В. Молекулярная биотехнология: Принципы и применение / В. Глик, Дж. Пастернак. – Москва : Мир, 2002. – 589 с.
11. Гузев І.В. Методологія збереження біорізноманіття генетичних ресурсів тваринництва України : автореф. дис. ... д-ра с.-г. наук : спец. 06.02.11 «Розведення та селекція тварин» / І.В. Гузев. – Чубинське, 2012. – 40 с.
12. Гузев І.В. Нова методика встановлення поточного статусу (категорії) ризику для породної популяції різних видів племінних ресурсів тваринництва України / І.В. Гузев // Вісник аграрної науки. – 2012. – №3. – С. 42-48.
13. Гуменний В.Д. Організаційні та генетико-популяційні аспекти збереження автохтонних локальних порід в Україні / В.Д. Гуменний, О.І. Костенко, А.О. Тимченко // Вісник аграрної науки. – 2015. – №6. – С. 37-42.
14. ДНК-діагностика великої рогатої худоби в системі геномної селекції : метод. рек. / В.П. Буркат, І.В. Гузев, К.В. Копилов [та ін.]. – Чубинське, 2009. – 112 с.
15. Зиновьева Н.А. Перспективы использования молекулярной генной диагностики сельскохозяйственных животных / Н.А. Зиновьева, Е.А. Гладырь // ДНК-технологии в клеточной инженерии и маркировании признаков сельскохозяйственных животных. ВИЖ. – Дубровицы, 2001. – С. 44-50.
16. Методологічні аспекти збереження генофонду сільськогосподарських тварин / М.В. Зубець, В.П. Буркат, Ю.Ф. Мельник [та ін.] ; за наук. ред. І.В. Гузева. – Київ : Аграрна наука, 2007. – 120 с.
17. Сулимова Г.Е. ДНК-маркеры в изучении генофонда пород крупного рогатого скота / Г.Е. Сулимова // Генофонды сельскохозяйственных животных. Генетические ресурсы животноводства России. – М. : Наука, 2006. – С. 138-167.
18. Тарасюк С.І. Молекулярно-генетичні дослідження в риборицтві : монографія / С.І. Тарасюк, І.І. Грициняк. – Київ : Аграрна наука, 2013. – 312 с.
19. Теоретико-методологічні та науково-організаційні засади становлення Банку генетичних ресурсів сільськогосподарських тварин ІРГТ імені М.В. Зубця НААН / М.І. Башенко, М.В. Гладій, Ю.П. Полупан, С.І. Ковтун [та ін.] // Розведення і генетика тварин. – 2017. – Вип. 53. – С. 7-14.
20. Эрнст Л.К. Биологические проблемы животноводства в XXI веке / Л.К. Эрнст, Н.А. Зиновьева. – Москва : Изд-во РАСХН, 2008. – 508 с.
21. FAO, Food and Agricultural Organisation [Electronic resource]. – Mode of access: <http://www.fao.org/nr/cgrfa/cthemes/aqua>.

### References:

1. Burkat V.P. Henofond tvaryn / V.P. Burkat, B.Ye. Podoba, I.V. Huziev // Entsyklopediia suchasnoi Ukrainy. – K., 2006. – T. 5. (Vod-Hn). – S. 467-470.
2. Burkat V.P. Rozvedennia tvaryn i zberezhennia yikhnoho henofondu / V.P. Burkat // Visnyk ahrarnoi nauky. – 2006. – №3/4. – S. 100-105.
3. Vepryntsev B.N. Stratehiya sokhraneniya zhyvotnoho u rastytelnoho myra zemly / B.N. Vepryntsev, N.N. Rott // Konservatsiya henetycheskykh resursov. Metod. Perspektiv. Pushchyno. – 1991. – S. 5-18.
4. Vepryntsev B.N. Problema sokhraneniya henofonda / B.N. Vepryntsev, N.N. Rott. – Moskva : Znanye, 1985. – 63 s.
5. Henetyka, selektsiya u byotekhnolohiya v skotovodstve / M.V. Zubets, V.P. Burkat [y dr.] ; pod red. M.V. Zubtsa, V.P. Burkata. – K. : BMT, 1997. – 722 s.

6. Henetyko-populiatsiini protsesy pry rozvedenni tvaryn / I.P. Petrenko, M.V. Zubets, D.T. Vinnychuk, A.P. Petrenko ; za red. I.P. Petrenka. – Kyiv : Ahrarna nauka, 1997. – 478 s.
7. Henetyko-selektsiinyi monitorynh u molochnomu skotarstvi / M.V. Zubets, V.P. Burkat, M.Ya. Yefimenko [ta in.] ; za red. V.P. Burkata. – Kyiv : Ahrarna nauka, 1999. – 88 s.
8. Henetyko-selektsiinyi monitorynh u miasnomu skotarstvi / M.V. Zubets, V.P. Burkat, Yu.F. Melnyk [ta in.] ; nauk. red. M.V. Zubets. – Kyiv: Ahrarna nauka, 2000. – 186 s.
9. Henetycheskaia komponenta byoraznoobrazia krupnoho rohatoho skota / T.T. Hlazko, M.V. Zubets, A.V. Kushnyr [y dr.] ; pod red. V.K. Shumnoho, V.F. Patyky. – Kyiv, 2005. – 223 s.
10. Hlyk V. Molekuliarnaia byotekhnolohyia: Pryntsypy y prymenenye / V. Hlyk, Dzh. Pasternak. – Moskva : Myr, 2002. – 589 s.
11. Huziev I.V. Metodolohiia zberezhennia bioriznomanittia henetychnykh resursiv tvarynnytstva Ukrainy : avtoref. dys. ... d-ra s.-h. nauk : spets. 06.02.11 «Rozvedennia ta selektsiia tvaryn» / I.V. Huziev. – Chubynske, 2012. – 40 s.
12. Huziev I.V. Nova metodyka vstanovlennia potochnoho statusu (katehoriï) ryzkyu dla porodnoi populiatsii riznykh vydiv plemynnykh resursiv tvarynnytstva Ukrainy / I.V. Huziev // Visnyk ahrarnoi nauky. – 2012. – №3. – S. 42-48.
13. Humennyi V.D. Orhanizatsiini ta henetyko-populiatsiini aspekty zberezhennia avtokhtonnykh lokalnykh porid v Ukraini / V.D. Humennyi, O.I. Kostenko, L.O. Tymchenko // Visnyk ahrarnoi nauky. – 2015. – №6. – S. 37-42.
14. DNK-diahnostyka velykoi rohatoi khudoby v systemi henomnoi selektsii : metod. rek. / V.P. Burkat, I.V. Huziev, K.V. Kopylov [ta in.]. – Chubynske, 2009. – 112 s.
15. Zynoveva N.A. Perspektyvy uspolzovanyia molekuliarnoi hennoi dyahnostyky sel'skokhoziaistvenkh zhyvotnykh / N.A. Zynoveva, E.A. Hladyr // DNK-tekhnologiy v kletochnoi ynzheneryi y markyrovanyy pryznakov sel'skokhoziaistvenkh zhyvotnykh. VYZh. – Dubrovyts, 2001. – S. 44-50.
16. Metodolohichni aspekty zberezhennia henofondu sil'skohospodarskykh tvaryn / M.V. Zubets, V.P. Burkat, Yu.F. Melnyk [ta in.] ; za nauk. red. I.V. Huzieva. – Kyiv : Ahrarna nauka, 2007. 120 s.
17. Sulymova H.E. DNK-marker v yzucheny henofonda porod krupnoho rohatoho skota / H.E. Sulymova // Henofond sel'skokhoziaistvenkh zhyvotnykh. Henetycheske resurs zhyvotnovodstva Rossyy. – Moskva : Nauka, 2006. S. 138-167.
18. Tarasiuk S.I. Molekuliarno-henetychni doslidzhennia v rybnnytstvi: monohrafiia / S.I. Tarasiuk, I.I. Hrytsyniak. – K. : Ahrarna nauka, 2013. – 312 s.
19. Teoretyko-metodolohichni ta naukovo-orhanizatsiini zasady stanovlennia Banku henetychnykh resursiv sil'skohospodarskykh tvaryn IRHT imeni M.V. Zubtsia NAAN / M.I. Bashchenko, M.V. Hladii, Yu.P. Polupan, S.I. Kovtun, [ta in.] // Rozvedennia i henetyka tvaryn. – 2017. – Vyp. 53. – S. 7-14.
20. Ernst L.K., Zynoveva N.A. Byolohycheske voprosy zhyvotnovodstva v XX v. / L.K. Ernst, N.A. Zynoveva. – Moskva : Yzd-vo RASKhN, 2008. – 508 s.
21. FAO, Food and Agricultural Organisation [Electronic resource]. – Modeofaccess: <http://www.fao.org/nr/cgrfa/cthem/aqua>.

**A. I. Lubinsky**, *Doctor of Agricultural Sciences, Professor*  
*e-mail: [lubin.alex@gmail.com](mailto:lubin.alex@gmail.com)*  
*Kamianets-Podilskyi Ivan Ohiienko National University*  
*Ohiienko str., 61, Kamianets-Podilskyi, 32301, Ukraine*

### **MODERN ASPECTS OF GENETIC BIODIVERSITY MONITORING OF DOMESTIC ANIMAL GENOFUND**

**Purpose.** *The aim of the work was to substantiate modern methodological approaches to genetic monitoring, conservation methods and evalu-*



ation of the gene pool of animals in the development of a comprehensive system for the conservation of biodiversity of domestic animal husbandry. **Methodology.** In substantiating the effective system of genetic monitoring of the gene pool of animals of different species, the methodological foundations of modern molecular genetic analysis have been used as general methodological approaches by specialists of IFO member countries. **Results.** Joint efforts of governmental and state organizations and scientific institutions were directed to solving the problem of conservation of the gene pool of rocks. As early as 1946, the session of the Advisory Committee on Agriculture assigned to the International Food Organization (IFO) the responsibility for the evaluation and conservation of the gene pool of plants and animals. With its support, international and regional fora were held on this issue, and by the end of the 13th session (1966), a working group on the assessment, use and conservation of genetic resources was formed. **Originality and practical value.** When examining breeding resources of farm animals and implementing programs to conserve the gene pool of breeds, genetic research methods are important. Their consistent application in gene pools creates a genetic monitoring system that aims to solve a wide range of tasks. The genetic monitoring of breeding, stockbreeding, pig breeding, sheep breeding and poultry farming in Ukraine is based on genetic expertise on the origin and anomalies of breeding animals, which is an integral part of breeding business in animal husbandry. In analyzing populations, the tasks of determining their allele pool are solved; their genetic structure, balance, variability, similarity; estimates of the degree of consolidation and differentiation of the compared groups of animals. **Conclusions.** 1. Genetic monitoring of the gene pool of animals involves the systematic evaluation of phenotypic, genotypic information on hereditary diversity at the population, individual levels, in accordance with modern molecular genetic testing methods: phenogenetic, cytogenetic, genetic and biochemistry. DNA biochemistry. 2. Genetic evaluation of the main species of farm animals includes: nuclear – PCR-RFLP, EST-, NotI-STS markers, multilocus – RAPD-, AFLP- and ISSR markers; monolocus – mini and micro-satellite (STMS, STR, SSR), SNPs markers and mitochondrial – mtDNA markers, functional loci (genes or nucleotides) of quantitative traits [QTL, QTG and QTN] and DNA markers (based on PCR or microsatellite analysis) of hereditary anomalies. 3. Effective management and analysis of the genetic diversity of animal husbandry in Ukraine requires the introduction of modern aspects of genetic monitoring to conserve biodiversity of domestic genetic resources.

**Key words:** genetic diagnostics, genetic monitoring, genetic structure, genotype, gene pool, marker, variability, molecular genetic polymorphism.

**А. И. Любинский**, д.с.-х.н., профессор  
e-mail: lubin.alex@gmail.com

Каменец-Подольский национальный университет имени Ивана Огиенко  
ул. Огиенко, 61, г. Каменец-Подольский, 32301, Украина

## **СОВРЕМЕННЫЕ АСПЕКТЫ ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА БИОРАЗНООБРАЗИЯ ОТЕЧЕСТВЕННОГО ГЕНОФОНДА ЖИВОНЫХ**

В представленной статье рассмотрены современные аспекты по обоснованию эффективного генетического мониторинга, методов сохранения и оценки генофонда животных в системе разработки целостной методологии сохранения биоразнообразия отечественного животноводства. Генетический мониторинг генофонда животных рассматривается как система фенотипической и генотипической информации о наследственном разнообразии на популя-

ціонном, індивідуальному рівнях, в відповідності з сучасними молекулярно-генетичними методами тестування: фенотипично-го, цитогенетичного, генетико-біохімічного, імунотипичного аналізів і ДНК-діагностики. Генна діагностика основних видів сільськогосподарських тварин включає: ядерні- ПЦР-ПДРФ (PCR-RFLP), EST-, NotI-STS-маркери, мультилокусні – RAPD-, AFLP- і ISSR-маркери; монолокусні – міни- і мікро-сателітні (STMS, STR, SSR), SNPs-маркери і мітохондріальні – мтДНК-маркери, функціональні – локуси (гени або нуклеотиди) кількісних ознак [QTL, QTG і QTN] і ДНК-маркери (на базі ПЦР або мікро-сателітний аналіз) успадкованих аномалій.

Установлено, що для ефективного управління і аналізу генетичного різноманіття тваринництва України, важливо використовувати системні аспекти генетичного моніторингу збереження біорізноманіття вітчизняних генетичних ресурсів.

**Ключові слова:** генна діагностика, генетичний моніторинг, генетична структура, генотип, генофонд, маркер, різноманітність, молекулярно-генетичний поліморфізм

Отримано: 25.10.2019

УДК 502.7.(477.43)

DOI: 10.32626/2519-8955.2019-4.78-85

**Л. Г. Любінська**, д.б.н., доцент

e-mail: kvitkolub@gmail.com

Кам'янець-Подільський національний  
університет імені Івана Огієнка

вул. Огієнка, 61, м. Кам'янець-Подільський, 32300, Україна

**Л. С. Юглічек**, к.б.н., доцент

e-mail: yuglichek@ukr.net

Товариство Подільських природодослідників та природолюбів

## РІДКІСНІ ВИДИ РОСЛИН ХМЕЛЬНИЧЧИНИ

Регіональні созологічні списки потребують постійної ревізії у зв'язку з новими результатами досліджень. Такі дані дозволяють розробляти необхідні природоохоронні заходи. Використано флористичні, фітосоологічні, екологічні, біогеографічні методи. Опрацьовано матеріали восьми гербаріїв та власні збори. Встановлено, що з 1649 видів судинних рослин Хмельниччини 288 (17,5%) – рідкісні. До Червоної книги України внесено 116 видів рослин, які ростуть в області, але у результаті багаторічних досліджень підтверджено необхідність включити ще шість видів: *Caldesia patnassifolia* (L.) Parl., *Coeloglossum viride* (L.) C. Hartm., *Dactylorhiza sambucina* (L.) Soó, *Liparis loeselii* (L.) Rich., *Senecio besserianus* Minder., *Salix lapponum* L. та виключити *Astrantia major* L., яка введена до регіонального списку. “Перелік рідкісних видів рослин, які не внесені до Червоної книги і потребують охорони на території Хмельницької області”, налічує 150 видів рослин. Пропонується включити в регіональний список ще 19 видів і один виключити. 168 видів Хмельниччини є регіонально рідкісними і представляють 5 відділів 51 родину і 123 роди. Виявлено, що в созологіч-