

ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ

О. Кириєнко, С. Костенко
akyruenko67@gmail.com

Національний університет біоресурсів і природокористування, м. Київ, Україна

Сучасні види домашніх тварин є результатом селективного розведення за багатьма ознаками, які були важливими з точки зору рентабельності їх використання та пристосування до умов утримання (Zeder M. A. et al., 2006). За використання сучасних методів молекулярної геноміки та біоінформатики триває активна робота з аналізу результатів повногеномного секвенування різних видів свійських тварин (Hill W. G., 2014). Мета цієї роботи — дослідження геному великої рогатої худоби.

Історія генетичних змін геному великої рогатої худоби з точки зору адаптації до нових умов утримання сягає приблизно 10000 років тому. Одомашнення, яке супроводжується просторовою дисперсією внаслідок міграції людей, призвело до розповсюдження та створення багатьох нових порід ВРХ по всьому світу. За впливу нових умов середовища, тиску відбору та розведення тварин відбувалися зміни у геномі худоби. Це стосувалося ознак адаптаційного характеру. Породи набули унікальних морфологічних ознак (наприклад, масть, наявність рогів, тип конституції тощо), які залишили свій вибірково запис у геномі у вигляді змін послідовностей нуклеотидів.

Сучасні породи великої рогатої худоби — найбільш поширені одомашнені жуйні тварини. Їх вирощують для виробництва молочних і м'ясних, продуктів, сировини легкої та фармацевтичної промисловості, як робочих тварин (MacEachern S. et al., 2009). Молоко було одним з факторів, які підтримали культурну революцію людини як важливе джерело харчування (Сарусо А. V., Акерс Р. М., 2009), поряд із впливом на геном людини для селективної адаптації до перенесення лактози у відповідь на одомашнення жуйних (Tellam R. L. et al., 2009). За останні 50 років світове поголів'я великої рогатої худоби зросло приблизно на 50 %, тоді як виробництво молока, м'яса та шкури цієї популяції зросло до 100 %. Це означає значне поліпшення як генетичної цінності, так і практики ведення господарства. Геном великої рогатої худоби зазнав інтенсивного впливу селекції для розвитку комерційно важливих ознак у багатьох порід.

У різні часи в різних цивілізаціях люди контролювали розведення великої рогатої худоби у всьому світі, що призвело до появи багатьох сучасних порід (Zeder M. A. et al., 2006). Вважається, що пращури сучасної великої рогатої худоби (aurochs: *Bos primigenius*) спочатку були одомашнені в долині Євфрату в епоху неоліту, а потім протягом наступних 2000 років поширилися у родючому півмісяці і далі розійшлися в басейні Середземномор'я (Zeder M. A. et al., 2008). Передбачається, що підвид аврох розвинувся у різні види великої рогатої худоби і що просторовий розподіл численних незалежних подій одомашнення охоплював різні регіони родючого півмісяця та долини Інду і, можливо, Африки (Ajmone-Marsan P. et al., 2006). Отже, є три чіткі лінії домашньої худоби, тобто європейський *Bos taurus*, африканський *Bos taurus* та *Bos indicus* (зебу), які представляють усі сучасні породи великої рогатої худоби.

Недавні дослідження показали, що *Bos taurus* та *Bos indicus* розходилися задовго до одомашнення, а раннє розмежування в родині європейських, східноазіатських та африканських порід великої рогатої худоби призвело до широкого географічного поширення порід *Bos taurus* (Gibbs R. A. et al., 2009). Більше того, зафіксовані також давні та нещодавні поміси *Bos taurus* та *Bos indicus* (Gautier M. et al., 2009). Вважається, що сучасні породи великої рогатої худоби є залишками значно більшої когорти давніх популяцій, які колись існували ізольовано в різних частинах світу. Вузькі місця їх одомашнення — формування породи та недавній відбір — призвели до зменшення ефективної чисельності популяції різних географічно ізольованих популяцій (Gibbs R. A. et al., 2009).

Були сформовані генні ансамблі, які сприяли формуванню складних ознак: молочна продуктивність, фертильність, формування м'язів, розподіл енергії та стійкість до хвороб (QTL). Дослідження та картування (GWAS) призвели до точного відображення і локалізації функціональних мутацій багатьох генів, які сприяють фенотиповому розмаїттю великої рогатої худоби (Andersson L., Georges M., 2004).

Ключові слова: ВЕЛИКА РОГАТА ХУДОБА, ПОРОДА, РОЗВЕДЕННЯ, ОЗНАКИ