

ДИНАМІКА ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ПОПУЛЯЦІЇ ОВЕЦЬ АСКАНІЙСЬКОЇ М'ЯСО-ВОВНОВОЇ ПОРОДИ В ПРОЦЕСІ МІКРОЕВОЛЮЦІЇ

В. М. Іовенко, доктор сільськогосподарських наук,
професор

ORCID 0000-0002-0829-7844

Г. І. Рукавнікова

ORCID 0000-0001-6009-6583

Інститут тваринництва степових районів імені М. Ф. Іванова
«Асканія-Нова» - Національний науковий селекційно-генетичний
центр з вівчарства

вул. Соборна, 1, смт Асканія-Нова, Чаплінський р-н,
Херсонська обл., 75230, Україна
e-mail: ascitsr_priemnaya@ukr.net

Надійшла 25.03.2020

Мета. Дослідження генетичної структури популяції овець асканійської м'ясо-вовнової породи з кросбредною вовною у тривалому часовому періоді за розподілом типів поліморфних білкових локусів крові. **Методи.** Генетико-біохімічні, популяційно-генетичні, біометричні. **Результати.** За матеріалами довготривалого моніторингу (33 генерації) досліджено особливості генетичної структури популяції кросбредних овець асканійської селекції за параметрами поліморфних білків крові, гемоглобіну та трансферину. При цьому встановлено динамічність генетичної інформації в часовому аспекті розведення цього стада овець. Зокрема встановлено суттєві зміни у частоті окремих алелів та концентрації генотипів поліалельної системи трансферину. В цілому показано, що локус гемоглобіну в цьому генофонді овець контролюється двома алельними генами (A, B), котрі утворюють три генотипи: AA, AB, BB. У їх розповсюдженні абсолютну перевагу отримали алель Hb^B (0,900 – 0,918) та гомозигота BB (81,3 – 84,5%). Синтез трансферину у досліджуваному стаді детермінується п'ятьма кодомінантними алелями (A, B, C, D, E). При цьому, на початку досліджень ці алельні варіанти утворювали всі 15 теоретично можливих генотипів, а на кінець – лише 13. Показано також, що за обома локусами у популяції мало місце надлишок гете-

розиготних генотипів протягом усього періоду моніторингу, а рівень поліморфності цих локусів близький до максимального теоретично можливого. **Висновки.** Не дивлячись на те, що в процесі удосконалення овець асканійської м'ясо-вовнової породи плезмзаводу "Асканія-Нова" селекціонерами не враховується їх генотип за поліморфними білковими системами крові селекційний пресинг все таки впливає на стан генетичної структури стада. Зокрема, за 33-річний період моніторингу виявлено високовірогідне зростання частоти розповсюдження основного алельного гену Tf^B і рух частоти рідкісного алеля Tf^C до межі повної елімінації. Вибули також з популяції тварини з генотипами Tf^{CE} та Tf^{EE} . Встановлені зміни обумовлені генетико-автоматичними процесами. Стосовно системи гемоглобіну, то за час моніторингу суттєвих змін у рівні його поліморфізму не спостерігалось. Крім цього, в останніх генераціях встановлено порушення генної рівноваги популяції за Харді-Вайнбергом.

Ключові слова: вівці, генетична структура, поліморфні білки крові.

DOI: <https://doi.org/10.33694/2415-3958-2020-1-5-180-190>

THE DYNAMICS of the ASCANIAN MEAT-and-WOOL SHEEP BREED POPULATIONS GENETIC STRUCTURE DURING the MICRO-EVOLUTION PROCESSE

V. M. Iovenko, Doctor of Agricultural Sciences,
Professor,

ORCID 0000-0002-0829-7844

H. I. Rukavnikova

ORCID 0000-0001-6009-6583

"Ascania Nova" Institute of Animal Breeding in the Steppe Regions
named after M. F. Ivanov - National Scientific Selection-Genetics

Center for Sheep Breeding

1, Soborna Street, Askania Nova, Chaplynka district,

Kherson region, 75230, Ukraine

e-mail: ascitsr_priemnaya@ukr.net

Aim. To investigate the genetic structure population of Ascanian Meat-and-Wool breed sheep with crossbred wool during a long-time period of distribution the polymorphic protein genotypes of blood loci. **Methods** Genetic and Biochemical, Population-Genetic, Biometric. **Results.**

Based on the materials of long-term monitoring (33 generations), the features of the genetic structure the population of Ascanian selection crossbred sheep by the polymorphic blood proteins parameters, hemoglobin and transferrin were studied. At the same time, the dynamism of genetic information in the time aspect of breeding this sheep herd was established. In particular, significant changes were found in the frequency of occurrence the individual alleles and the genotypes concentration by the polyallelic transferrin system. In general, it was shown that two allelic genes (A, B) control the hemoglobin locus in this sheep gene pool, which form three genotypes: AA, AB, and BB. In their distribution, the Hb^B allele (0.900-0.918) and the HbBB homozygote (81.3-84.5%) received an absolute advantage. Five codominant allelic genes (A, B, C, D, and E) determine transferrin synthesis in the studied herd. Moreover, at the beginning of the study, these alleles formed all 15 theoretically possible genotypes and only 13 at the end. It was also shown that at both loci in the population there was an excess of heterozygous genotypes throughout the monitoring period, and the level of polymorphism these loci was close to the maximum theoretically possible. **Conclusions.** Despite the fact that in the improving process the Askanian Meat-and-Wool sheep of the Askania-Nova breeding farm, the breeders do not take into account their genotype for polymorphic protein blood systems, selection pressure still affects the state of the herd's genetic structure. In particular, a 33-year monitoring revealed a significant increase in the frequency of occurrence the main Tf^B allelic gene and the movement of the frequency of the rare Tf^C allele to the border of complete elimination. Animals with the TfCE and TfEE genotypes also left the herd. The revealed changes are due to genetic-automatic processes in the population. Regarding the hemoglobin system, during the observation period no significant changes in the level of polymorphism this protein were observed. In addition, in the latest generations, a violation of the population genetic balance according to Hardy-Weinberg was revealed.

Keywords: sheep, genetic structure, polymorphic blood proteins.
DOI: <https://doi.org/10.33694/2415-3958-2020-1-5-180-190>

ДИНАМИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИИ ОВЕЦ АСКАНИЙСКОЙ МЯСО- ШЕРСТНОЙ ПОРОДЫ В ПРОЦЕССЕ МИКРОЭВОЛЮЦИИ

В. Н. Иовенко, доктор сельскохозяйственных наук,
профессор

ORCID 0000-0002-0829-7844

Г. И. Рукавникова

ORCID 0000-0001-6009-6583

Институт животноводства степных районов имени М. Ф. Иванова
«Аскания-Нова» - Национальный научный селекционно-
генетический центр по овцеводству
ул. Соборная, 1, пгт. Аскания-Нова, Чаплинский р-н,
Херсонская обл., 75230, Украина
e-mail: ascitsr_priemnaya@ukr.net

Цель. Исследование генетической структуры популяции овец асканийской мясо-шерстной породы с кроссбредной шерстью в длительном временном периоде по распространению генотипов полиморфных белковых локусов крови. **Методы.** Генетико-биохимические, популяционно-генетические, биометрические. **Результаты.** По материалам продолжительного мониторинга (33 генерации) исследованы особенности генетической структуры популяции кроссбредных овец асканийской селекции по параметрам полиморфных белков крови, гемоглобина и трансферрина. При этом установлена динамичность генетической информации в часовом аспекте разведения данного стада овец. В частности, выявлены существенные изменения в частоте встречаемости отдельных аллелей и концентрации генотипов полиаллельной системы трансферрина. В целом показано, что locus гемоглобина в этом генофонде овец контролируется двумя аллельными генами (A, B), которые образуют три генотипа: AA, AB, BB. По их распространению абсолютное преимущество получили аллель Hb^B (0,900-0,918) и гомозигота $HbBB$ (81,3-84,5%). Синтез трансферрина в исследованном стаде детерминируется 5 кодоминантными аллельными генами (A, B, C, D, E). При этом вначале исследований эти аллели образовывали все 15 теоретически возможных генотипов, а в конце – только 13. Показано также, что по обоим локусам в популяции имел место излишек гетерозиготных генотипов на протяжении всего периода мониторинга, а уровень полиморфности этих локусов близок к максимально теоретически возможному. **Выводы.** Несмотря на то, что в процессе усовершенствования овец асканийской мясо-шерстной породы племзавода «Аскания-Нова» селекционерами не учитывается их генотип по полиморфным белковым системам крови селекционный прессинг все таки влияет на состояние генетической структуры стада. В частности, за 33-летний мониторинг выявлен достоверный рост частоты встречаемости ос-

нового аллельного гена Tf^B и движение частоты редкого аллеля Tf^C к границе полной элиминации. Выбыли также из стада животные с генотипами $TfCE$ и $TfEE$. Выявленные изменения обусловлены генетико-автоматическими процессами в популяции. Относительно системы гемоглобина, то за время наблюдений существенных изменений в уровне полиморфизма этого белка не наблюдалось. Кроме того, в последних генерациях выявлено нарушение генетического равновесия популяции по Харди-Вайнбергу.

Ключевые слова: овцы, генетическая структура, полиморфные белки крови.

DOI: <https://doi.org/10.33694/2415-3958-2020-1-5-180-190>

Постановка проблеми. Кожна популяція тварин характеризується певною генетичною структурою за окремими чи комплексними маркерами та параметрами. Зміни такої структури стад сільськогосподарських тварин відбуваються в основному від впливу специфіки селекційного пресингу, тобто при застосуванні певних методів відбору та добору особин. При цьому встановлення рівня такого впливу можливе лише із використанням різних генетичних методів, як то, імуногенетичних, генетико-біохімічних, молекулярно-генетичних (ДНК-технології) тощо. Одні з найбільш доступних та відносно дешевих на сьогодні, це генетико-біохімічні методи – визначення поліморфізму білкових локусів крові тварин. Застосування цього методу вирішує проблему встановлення динаміки генетичної структури стада овець, рівня впливу методів селекції, зв'язку між окремими алелями і генотипами поліморфних білків та рівнем розвитку конкретної кількісної ознаки тварин, що на сьогодні особливо важливо у контексті удосконалення існуючих порід, типів і ліній овець вітчизняної селекції та створення нових високопродуктивних генотипів.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Асканійська м'ясововнова порода овець з кросбредною вовною – єдина такого прямого порода в Україні, затверджена у 2007 році. Асканійські кросбреди – це скоростиглі, з міцною конституцією тварини, високою вовною, м'ясною і молочною продуктивністю, які добре реагують на високий рівень годівлі та високоприспосовані до умов півдня нашої держави [1].

За час існування породи відбулися певні фенотипові зміни у тварин дослідженого стада [2]. При цьому, поряд з позитивною динамікою продуктивних ознак в межах популяції повинні були відбуватися і зміни її генетичної структури за молекулярно-генетичними марке-

рами, не дивлячись на те, що в процесі селекції ці маркери цілеспрямовано не враховувалися при відборі і підборі особин різних генотипів.

Які ж генетичні зміни відбулися в популяції кросбредних овець асканійської селекції впродовж зазначеного періоду мікроеволюції ми й намагалися в'ясувати за результатами тривалого моніторингу з використанням особливостей поліморфізму транспортних білків крові цих тварин.

Раніше такі дослідження нами були проведені на вівцях асканійської тонкорунної та асканійської каракульської порід встановлено певні зміни в генетичній структурі відповідних популяцій, які, на наш погляд, обумовлені генетико-автоматичними процесами, що відбуваються в цих генофондах овець під впливом селекційного тиску [5, 6].

Подібних публікацій вітчизняних та зарубіжних дослідників нами не виявлено.

Мета статті. Дослідження генетичної структури популяції овець асканійської м'ясо-вовнової породи з кросбредною вовною у тривалому часовому періоді за розподілом типів поліморфних білкових локусів крові.

Матеріал та методика досліджень. Дослідження проведено на вівцях асканійської м'ясо-вовнової породи з кросбредною вовною племзаводу «Асканія-Нова» ($n=1215$) за результатами моніторингу генетичної структури популяції впродовж останніх 33 років. Порівняльний аналіз генетичної структури стада здійснювався за параметрами поліморфних білків крові трансферину (Tf) і гемоглобіну (Hb) між двома групами тварин. Перша група – початок моніторингу, 1985 рік ($n = 692$); друга група – кінець моніторингу, 2018 рік ($n=523$). Поліморфізм білків визначався методом горизонтального електрофорезу на крохмальному гелі. За отриманими результатами тестування тварин розраховувалися частоти алелів і концентрація генотипів, фактичний і теоретичний розподіли генотипів, співвідношення фактичного і теоретичного стану генотипів (K), ступінь гетерозиготності (H), рівень поліморфності локусу (n_e), генетична збалансованість популяції за Харді-Вайнбергом (χ^2) за алгоритмами, викладеними у працях Животовського [3] та Меркур'євої [4].

Результати досліджень. Розведення та удосконалення овець асканійської м'ясо-вовнової породи здійснюється в умовах закритої популяції. Тому, певний індекс викликає питання, як такі умови впливають на генетичну структуру стада за розподілом параметрів поліморфних білкових локусів. В результаті відповідних досліджень встановлено, що як на початку, так і на кінець спостережень полі-

морфізм використаних поліморфних білків гемоглобіну та трансферину контролювався однаковою кількістю алельних генів. Зокрема, система гемоглобіну включає два кододомінантних алеля (Hb^A , Hb^B), котрі утворюють три різні генотипи: A/A, A/B, B/B. Стосовно частоти алельних варіантів цього локусу, то впродовж усього періоду моніторингу абсолютну перевагу у розповсюдженні мав алель Hb^B (0,900-0,918), табл. 1.

Таблиця 1. Частота алелів поліморфних локусів у популяції овець асканійської м'ясо-вовнової породи

Група	Локус/Алель						
	Hb		Tf				
	A	B	A	B	C	D	E
I	0,082	0,918	0,204	0,322	0,209	0,222	0,043
II	0,100	0,900	0,255	0,455	0,034	0,230	0,025

Відповідно найвищу концентрацію отримав гомозиготний генотип B/B (84,5-81,3%), табл. 2.

Таблиця 2. Генетична структура популяції овець асканійської м'ясо-вовнової породи в різні періоди типування

Локус	Генотип	I група				II група			
		N_{Φ}	%	N_T	χ^2	N_{Φ}	%	N_T	χ^2
Hb	AA	7	1,0	4,6	1,25	7	1,3	5,2	0,62
	AB	100	14,5	104,2	0,17	91	17,4	94,2	0,11
	BB	585	84,5	583,2	0,01	425	81,3	423,6	0,01
Σ		692	100	692	1,43	523	100	523	0,74
Tf	AA	22	3,2	28,8	1,61	41	7,8	34,0	1,44
	AB	103	14,9	90,9	1,61	130	24,9	121,4	0,61
	AC	57	8,2	59,2	0,08	12	2,3	9,1	0,92
	AD	70	10,1	62,7	0,85	39	7,5	61,3	8,11
	AE	9	1,3	12,1	0,79	4	0,8	6,1	0,72
	BB	67	9,7	71,7	0,31	112	21,4	108,3	0,13
	BC	80	11,6	93,1	1,84	7	1,3	16,2	5,22
	BD	104	15,0	98,9	0,26	103	19,7	109,5	0,38
	BE	24	3,5	19,2	1,20	12	2,3	11,9	0,00
	CC	39	5,6	30,2	2,56	3	0,6	0,6	6,02
	CD	60	8,7	64,2	0,27	11	2,1	8,2	0,96
	CE	14	2,0	12,4	0,21	-	-	0,9	-
	DD	32	4,6	34,1	0,13	39	7,5	28,7	3,99
DE	9	1,3	13,2	1,34	10	1,8	6,5	1,88	
EE	2	0,3	1,3	0,38	-	-	0,3	-	
Σ		692	100	692	13,44	523	100	523	30,38

Локус трансферину контролюється п'ятьма альтернативними кодомінантними алелями (A, B, C, D, E). Стосовно варіантів їх поєднання, то на першому етапі досліджень в популяції були присутні усі теоретично можливі генотипи ($n=15$). На сьогодні виявлено на два генотипи менше, вибули гетерозигота CE та гомозигота EE. Щодо частоти алелів та концентрації генотипів, то спочатку основу стада (61,8%) складала п'ять генотипів: AB, AD, BB, BC, BD. Потім, в процесі мікроеволюції відбувся перерозподіл різних алельних сполучень і станом на 2018 рік абсолютна більшість овець (66,0%) була з трьома генотипами: AB, BB, BD. За весь період моніторингу суттєво зменшилося число особин з генотипами BC (з 11,6 до 1,3%), CC (5,6-0,6%), CD (8,7-2,1%) і збільшилося з AA (3,2-7,8%), AB (14,9-24,9%), BB (9,7-21,4%). Відповідно відбувся і певний перерозподіл частот окремих алельних генів. Так, частота основного алеля Tf^B зросла із 0,322 до 0,455% ($p<0,01$), а Tf^C , навпаки, знизилася із 0,209 до 0,034 ($p<0,001$). Тобто останній алель знаходиться на межі елімінації. Зміни за іншими алельними варіантами менш суттєві.

Таким чином, під впливом специфіки селекційно-плеємінного пресингу відбувається постійне накопичення в популяції овець асканійської м'ясо-вовнової породи основного алельного гена Tf^B і поступова елімінація тварин з рідкісним алелем Tf^C . Стосовно останнього, то аналогічну ситуацію нами було встановлено і в середовищі іншого генофонду – асканійської тонкорунної породи [5].

Відносно рівня генетичної мінливості дослідженої популяції овець за поліморфними білковими системами крові, то за Tf -локусом величина коефіцієнту гетерозиготності, котрий і визначає рівень мінливості, за період моніторингу знизилася із 0,790 до 0,693, а за Hb -локусом зросла із 0,150 до 0,180 (табл. 3). Але в обох випадках різниця виявилася невірною.

Тобто через генетико-автоматичні процеси відбувається стабілізація дослідженого генофонду овець за рівнем цього генетичного параметру.

Щодо співвідношення кількості гетерозиготних генотипів до кількості гомозиготних (K), то за обома поліморфними системами постійно спостерігається надлишок гетерозиготних сполучень ($K = 0,169 - 3,272$).

Також, в процесі дослідження обраховані за фактичними даними фактичні концентрації генотипів білкових локусів співставили з їх теоретичними величинами з використанням формули Харді-Вайнберга. В результаті встановлено, що за Hb -локусом популяція знаходилася і знаходиться в стані генетичної рівноваги ($\chi^2 = 1,43; 0,74$), а за трансфериним в останні роки виявлено порушення гене-

тичного балансу ($\chi^2 = 30,38$) – $p < 0,01$. Останнє свідчить про те, що в певні періоди мікроеволюції штучний відбір у поєднанні із природним (вплив зовнішнього середовища) спричиняє суттєвий вплив на генетичну структуру стада.

Таблиця 3. Рівень популяційно-генетичних параметрів у популяції овець асканійської м'ясо-вовнової породи

Локус	n	Розподіл генотипів	Популяційно-генетичні параметри						
			гетерозигот n	гомозигот n	K	H	частка гомозигот, %	n_e	χ^2
I група, 1985 р.									
Hb	692	факт.	100	592	0,169	0,150	85,5	1,18	1,43
		теор.	94	598					
Tf	692	факт.	530	162	3,272	0,760	23,4	4,17	13,44
		теор.	526	166					
II група, 2018 р.									
Hb	523	факт.	91	432	0,211	0,180	82,6	1,22	0,74
		теор.	94	429					
Tf	523	факт.	328	195	1,682	0,673	32,3	3,06	30,38
		теор.	351	172					

Наступним популяційно-генетичним параметром, який було використано у нашому аналізі, є рівень поліморфності гена (n_e), котрий показує число ефективних алелей локуса. Згідно розрахунків цей показник за геном гемоглобіну при максимальній величині $n_e = 2$ в різні періоди варював в діапазоні 1,18 - 1,22, а за геном трансферину в межах 3,07- 4,17 (максимум = 5,0). Тобто в першому випадку величина зазначеного параметру впродовж останніх 33 років знаходиться майже на однаковому рівні. На відміну поліморфність трансферину суттєво зменшилася, що є додатковим свідчення впливу специфіки селекційно-плеємної роботи в стаді на дискретність цієї ознаки організму м'ясо-вовнової вівці з кросбредною вовною.

Удосконалення досліджуваної породи овець до сьогодні здійснювалося методами класичної селекції, основаними на відборі тварин за фенотипом. Наші дослідження показують, що такого селекційного підходу достатньо для змін в генетичній структурі стада за певними поліморфними локусами, особливо такими, що володіють вираженим ефектом впливу на певну ознаку. Виходячи з цього, можливість "маскування" небажаного алеля у гетерозиготному стані при відсутності використання оцінки особин за генотипом призводить до збереження у конкретній популяції різних алельних варіан-

тів локусу. Разом з цим, зміна співвідношення частот алелей може виникати і в результаті генетичного хічхайкінгу – зміни частоти нейтрального алеля в ряду генерацій, зчепленого з асоційованим, бажаним алелем внаслідок впливу штучного відбору [6]. Можливо саме ці фактори пояснюють наявність певних відмінностей у генетичній структурі популяції в різні часи мікроеволюції.

Висновки. Не дивлячись на те, що в процесі удосконалення овець асканійської м'ясо-вовнової породи племзаводу "Асканія-Нова" селекціонерами не враховується їх генотип за поліморфними білковими системами крові селекційний пресинг все ж таки впливає на стан генетичної структури стада. Зокрема, за 33-річний період моніторингу виявлено високовірогідне зростання частоти розповсюдження основного алельного гена Tf-локусу Tf^B і рух частоти рідкісного алеля Tf^C до межі повної елімінації. Вибули також з популяції тварини з генотипами Tf^{CE} та Tf^{EE} . Встановлені зміни обумовлені генетико-автоматичними процесами. Стосовно системи гемоглобіну, то за час моніторингу суттєвих змін у рівні його поліморфізму не спостерігалось.

Крім цього, в останніх генераціях встановлено порушення генної рівноваги популяції за Харді-Вайнбергом.

Таким чином, судячи з отриманих даних у дослідженому генотипі кросбредних овець продовжуються породотворні процеси на рівні їх генотипу за поліморфними білками крові.

Список використаної літератури

1. Вдовиченко Ю. В., Вороненко В. І., Іовенко В. М. та ін. Довідник з вівчарства. Нова Каховка : ПІЄЛ, 2017. С. 10.
2. Польська П. І., Калашук Г. П., Чічаєва О. П., Калашук В. В. Відтворювальна здатність і продуктивність інтенсивних типів овець асканійської м'ясо-вовнової породи з кросбредною вовною за різних кормових умов. *Вівчарство та козівництво*. Нова Каховка, 2019. Вип. 4. С. 63–82.
3. Животовский Л. А. Популяционная биометрия. Москва : Наука, 1991. 271 с.
4. Меркурьева Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве. Москва : Колос. 1977. 240 с.
5. Іовенко В. М., Скрепець К. В., Рукавнікова Г. І., Яковчук Г. О. Особливості динаміки генетичної інформації в популяції овець асканійського мериносу. *Вівчарство та козівництво*. Нова Каховка, 2017. Вип. 2. С. 206–214.
6. Іовенко В. М., Рукавнікова Г. І. Результати моніторингу генетичної структури популяції овець асканійського типу багатоплідного каракулю. *Вівчарство та козівництво*. Нова Каховка : ПІЄЛ, 2019. Вип. 4. С. 125–135.
7. Hedrick P.W. *Genetika populjatsiy (Genetics of populations)*. Moscow. Technosphaera, 2003. 592 p.

References

1. Vdovychenko, Yu. V., Voronenko, V. I., & Iovenko, V. M. "et al." (2017). *Dovidnyk z vivcharstva [Handbook of Sheep Breeding]*. Nova Kakhovka: PileL [in Ukrainian].
2. Polska, P. I., Kalashchuk, H. P., Chichaieva, O. P., & Kalashchuk, V. V. (2019). Vidtvoriuvalna zdatsnist i produktyvnist intensyvnnykh typiv ovets askaniiskoi m'iaso-vovnovoi porody z krosbrednoiu vovnoiu za riznykh kormovykh umov [Reproductive capacity and productivity of intensive types the Ascanian Meat-and-Wool sheep with crossbred wool under the different forage conditions]. Yu.V. Vdovychenko (Eds.), *Vivcharstvo ta kozivnytstvo – Sheep Breeding and Goat Breeding*. (Issue 4), (pp. 63-82). Nova Kakhovka: "PYEL" [in Ukrainian].
3. Zhivotovskiy, L. A. (1991). *Populyatsionnaya biometriya [Population Biometry]*. Moscow: Nauka [in Russian].
4. Merkur'eva, E. K. (1977). *Geneticheskie osnovy selektsii v skotovodstve [Genetic basis of selection in the cattle breeding.]*. Moscow: Kolos [in Russian].
5. Iovenko, V. M., Skrepets', K. V., Rukavnikova, H. I. & Yakovchuk, H. O. (2017). Osoblivosti dinamiki genetichnoi informatsii v populyatsii ovets' askaniys'kogo merinosu [Special characteristics of genetic information in the sheep Merino population]. Yu.V. Vdovychenko (Eds.), *Vivcharstvo ta kozivnytstvo – Sheep Breeding and Goat Breeding*. (Issue 2), (pp. 206-214). Nova Kakhovka: "PYEL" [in Ukrainian].
6. Iovenko, V. M., & Rukavnikova, H. I. (2019). Rezultaty monitorynhu henetychnoi struktury populiatsii ovets askaniiskoho typu bahatoplidnoho karakuliu [The monitoring results of the Ascanian Type the Fecundity Karakul sheep population genetic structure.]. Yu.V. Vdovychenko (Eds.), *Vivcharstvo ta kozivnytstvo – Sheep Breeding and Goat Breeding*. (Issue 4), (pp. 125-135). Nova Kakhovka: "PYEL" [in Ukrainian].
7. Hedrick P.W. *Genetika populyatsiy (Genetics of populations)*. Moscow. Technosphaera, 2003. 592 p.