

**НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ БІОРЕСУРСІВ І
ПРИРОДОКОРИСТУВАННЯ УКРАЇНИ**

Кафедра генетики, розведення та біотехнології тварин

ЗАТВЕРДЖЕНО

Факультет тваринництва та водних біоресурсів
«19» червня 2025 р.

**РОБОЧА ПРОГРАМА
НАВЧАЛЬНОЇ ДИСЦИПЛІНИ**

МАРКЕР АСОЦІЙОВАНА СЕЛЕКЦІЯ У ТВАРИННИЦТВІ (MAS)

Галузь знань Н «Сільське, лісове, рибне господарство та ветеринарна медицина»

Спеціальність Н2 «Тваринництво»

Освітня програма «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва»

Факультет тваринництва та водних біоресурсів

Розробник: професор кафедри генетики, розведення та біотехнології тварин, доктор біологічних наук, професор Світлана КОСТЕНКО

Київ – 2025 р.

Опис навчальної дисципліни Маркер асоційована селекція
(назва)

Освітній ступінь, спеціальність, освітня програма		
Освітній ступінь	магістр	
Спеціальність	204-«Технологія виробництва та переробки продукції тваринництва»	
Освітня програма	Технологія виробництва та переробки продукції тваринництва	
Характеристика навчальної дисципліни		
Вид	вибіркова	
Загальна кількість годин	120	
Кількість кредитів ECTS	4	
Кількість змістових модулів	2	
Курсовий проєкт (робота) (за наявності)	—	
Форма контролю	екзамен	
Показники навчальної дисципліни для денної та заочної форм здобуття вищої освіти		
	Денна форма здобуття вищої освіти	Заочна форма здобуття вищої освіти
Курс (рік підготовки)	2	
Семестр	3	
Лекційні заняття	20 год.	
Практичні, семінарські заняття	- год.	
Лабораторні заняття	20 год.	
Самостійна робота	80 год.	
Кількість тижневих аудиторних годин для денної форми здобуття вищої освіти	4 год.	

1. Мета, завдання компетентності та програмні результати навчальної дисципліни

Мета: надання теоретичних і практичних знань студентам з питань покращення показників продуктивності стад тварин, генетичного покращення сільськогосподарських тварин за використання сучасних методів геномного аналізу та традиційних методів гібридологічного й цитогенетичного аналізу.

Завдання: навчити студентів:

- 1) розумінню результатів гібридологічного і генеалогічного аналізу;

2) інтерпретації цитогенетичного аналізу тварин з метою виявлення тварин-носіїв цитогенетичних аномалій;

3) проведення молекулярно-генетичного аналізу тварин для визначення їх генотипів за генами кількісних ознак;

4) виявлення тварин-носіїв господарсько-цінних генів та генних ансамблів для одержання нащадків з очікуваними параметрами продуктивності чи з новими якісними ознаками;

5) виявлення тварин-носіїв спадкових аномалій.

Набуття компетентностей:

Інтегральна компетентність. Здатність розв'язувати складні задачі і проблеми професійної діяльності з технології виробництва і переробки продукції тваринництва у процесі навчання, що передбачає проведення досліджень та здійснення інновацій, що характеризуються невизначеністю умов і вимог.

Загальні компетентності (ЗК):

ЗК 1. Здатність до абстрактного мислення, аналізу та синтезу.

ЗК4. Здатність до пошуку, обробки та аналізу інформації, отриманої з різних джерел.

Спеціальна (фахово) компетентність (СК):

СК 10. Здатність зрозуміло і недвозначно доносити власні знання, висновки та аргументацію до фахівців і нефахівців, зокрема до осіб, які навчаються.

Програмні результати навчання (ПРН):

ПРН 1. Оцінювати та забезпечувати якість та безпечність технологій виробництва продукції тваринництва, кормів та кормових засобів, рівнів живлення тварин та продукції тваринного походження.

ПРН 3. Здійснювати дослідження та/або провадити інноваційну діяльність з метою отримання нових знань та створення нових технологій та продуктів в сфері тваринництва та в ширших мультидисциплінарних контекстах.

ПРН 5. Відшуковувати необхідні дані в науковій літературі, базах даних та інших джерелах, аналізувати та оцінювати ці дані.

ПРН 10. Нести відповідальність за розвиток професійних знань і практик, оцінювання стратегічного розвитку команди, формування ефективної кадрової політики.

2. Програма та структура навчальної дисципліни для:
- повного терміну денної (заочної) форми здобуття вищої освіти

Назви змістових модулів і тем	Кількість годин													
	денна форма							Заочна форма						
	ти жні	уся го	у тому числі					уся ого	у тому числі					
			л	п	лаб	інд	с.р.		л	п	ла б	ін д	с. р	
Змістовний модуль 1. Сучасні методи генетичного аналізу.														
Тема 1. Сучасні та класичні методи генетичного аналізу	1	12	2		2		8							
Тема 2. Закономірності успадкування якісних ознак тварин.	2	12	2		2		8							
Тема 3. Якісні ознаки у розведенні та генетиці тварин різних видів. Велика рогата худоба.	3	12	2		2		8							
Тема 4. Якісні ознаки у розведенні та генетиці тварин різних видів.. Свині.	4	12	2		2		8							
Тема 5. Якісні ознаки у розведенні та генетиці тварин різних видів. Коні.	5	12	2		2		8							
Разом за змістовним модулем 1		60	10		10		40							
Змістовий модуль 2. Маркер - асоційована селекція різних видів тварин.														
Тема 1. Закономірності успадкування кількісних ознак тварин.	6	12	2		2		8							
Тема 2. Сучасні бази даних QTL свійських тварин.	7	12	2		2		8							
Тема 8. Методи аналізу мінливості кількісних ознак та їх використання у селекції тварин.	8	12	2		2		8							
Тема 9. Використання методів генетичного аналізу для збереження біологічного різноманіття та збереження генетичних ресурсів сільськогосподарських тварин.	9	12	2		2		8							
Тема 10. Використання методів генетичного аналізу для встановлення селекційної цінності сільськогосподарських тварин.	10	12	2		2		8							
Разом за змістовним модулем 2		60	10		10		40							
Разом годин	-	120	20		20		80							

3. Теми лабораторних занять

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
1	Ознайомлення з основними методами генетичного аналізу.	2
2	Ознайомлення з закономірностями успадкування якісних ознак тварин. Рішення задач.	2
3	Ознайомлення з генетичними базами даних виду велика рогата худоба.	1
4	Ознайомлення з генетичними базами даних вівці та кози.	1
5	Ознайомлення з генетичними базами даних свині свійської	2
6	Ознайомлення з генетичними базами даних коня свійського	1
7	Ознайомлення з генетичними базами даних свійської птиці	1
8	Аналіз спорідненості ділянок ДНК за базою даних BLAST	2
9	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак великої рогатої худоби.	2
10	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак свині свійської	1
11	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак кози свійської	1
12	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак вівці свійської	1
13	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак коня свійського	2
14	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак птиці	1
Всього		20

4. Теми самостійної роботи

№ з/п	Назва теми	Кількість годин
1	Ознайомлення з основними методами генетичного аналізу. Підготовка самостійного завдання за одним із методів за вибором	8
2	Ознайомлення з закономірностями успадкування якісних ознак тварин. Рішення задач за номером згідно списку.	8
3	Ознайомлення з генетичними базами даних виду велика рогата худоба. Виконання роботи за однією з ознак.	6

4	Ознайомлення з генетичними базами даних вівці та кози. Виконання роботи за однією з ознак.	4
5	Ознайомлення з генетичними базами даних свині свійської. Виконання роботи за однією з ознак.	4
6	Ознайомлення з генетичними базами даних коня свійського. Виконання роботи за однією з ознак.	4
7	Ознайомлення з генетичними базами даних свійської птиці. Виконання роботи за однією з ознак.	4
8	Аналіз спорідненості ділянок ДНК за базою даних BLAST одного з видів тварин.	2
9	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак великої рогатої худоби. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором.	2
10	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак свині свійської. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором.	8
11	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак кози свійської. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором.	8
12	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак вівці свійської. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором.	8
13	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак коня свійського. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором.	8
14	Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак птиці. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором.	6
Всього		80

6. Методи та засоби діагностики результатів навчання:

- усне або письмове опитування;
- тестування;
- захист лабораторних робіт;
- пірінгове оцінювання;
- захист розрахункових робіт.

7. Методи навчання:

- проблемне навчання;
- практико-орієнтоване навчання;
- кейс-метод;
- проєктне навчання;
- перевернутий клас;
- навчання через дослідження;
- навчальні дискусії та дебати;

— командна робота;

8. Оцінювання результатів навчання.

Оцінювання знань здобувача вищої освіти відбувається за 100-бальною шкалою і переводиться в національну оцінку згідно чинного «Положення про екзамени та заліки у НУБіП України»

8.1. Розподіл балів за видами навчальної діяльності

Вид навчальної діяльності	Результати навчання	Оцінювання
Змістовий модуль 1. Сучасні методи генетичного аналізу		
Тема 1. Сучасні та класичні методи генетичного аналізу тварин. Лабораторна робота 1. Ознайомлення з основними методами генетичного аналізу..	ПРН 1. Оцінювати та забезпечувати якість та безпечність технологій виробництва продукції тваринництва, кормів та кормових засобів, рівнів живлення тварин та продукції тваринного походження. ПРН 3. Здійснювати дослідження та/або провадити інноваційну діяльність з метою отримання нових знань та створення нових технологій та продуктів в сфері тваринництва та в ширших мультидисциплінарних контекстах. ПРН 5. Відшуковувати необхідні дані в науковій літературі, базах даних та інших джерелах, аналізувати та оцінювати ці дані. ПРН 10. Нести відповідальність за розвиток професійних знань і практик, оцінювання стратегічного розвитку команди, формування ефективної кадрової політики.	5
Самостійна робота 1. Виконання самостійного завдання за одним із методів за вибором студента.		5
Тема 2. Закономірності успадкування якісних ознак тварин. Лабораторна робота 2. Ознайомлення з закономірностями успадкування якісних ознак тварин. Рішення задач.		5
Самостійна робота 2. Ознайомлення з закономірностями успадкування якісних ознак тварин. Рішення задач за номером згідно списку.		5
Тема 3. Якісні ознаки у розведенні та генетиці тварин різних видів. Велика рогата худоба. Лабораторна робота 3. Ознайомлення з генетичними базами даних виду велика рогата худоба.		5
Самостійна робота 3. Ознайомлення з генетичними базами даних виду велика рогата худоба. Виконання роботи за однією з ознак.		5
Тема 4. Якісні ознаки у розведенні та генетиці тварин різних видів. Свині. Лабораторна робота 4. Ознайомлення з генетичними базами даних вівці та кози.		10
Самостійна робота 4. Ознайомлення з генетичними базами даних вівці та кози. Виконання роботи за однією з ознак		10
Тема 5. Якісні ознаки у розведенні та генетиці тварин різних видів. Коні. Лабораторна робота 5. Ознайомлення з генетичними базами даних свині свійської		10

Самостійна робота 5. Ознайомлення з генетичними базами даних свині свійської. Виконання роботи за однією з ознак.		10
Модульна контрольна робота 1		30
Всього за модулем 1		100
Змістовий модуль 2. Маркер-асоційована селекція різних видів тварин.		
Тема 6. Закономірності успадкування кількісних ознак тварин. Лабораторна робота 6. Ознайомлення з генетичними базами даних коня свійського	ПРН 1. Оцінювати та забезпечувати якість та безпечність технологій виробництва продукції тваринництва, кормів та кормових засобів, рівнів живлення тварин та продукції тваринного походження. ПРН 3. Здійснювати дослідження та/або провадити інноваційну діяльність з метою отримання нових знань та створення нових технологій та продуктів в сфері тваринництва та в ширших мультидисциплінарних контекстах. ПРН 5. Відшукувати необхідні дані в науковій літературі, базах даних та інших джерелах, аналізувати та оцінювати ці дані. ПРН 10. Нести відповідальність за розвиток професійних знань і практик, оцінювання стратегічного розвитку команди, формування ефективної кадрової політики.	5
Самостійна робота 6. Ознайомлення з генетичними базами даних коня свійського. Виконання роботи за однією з ознак.		5
Тема 7. Сучасні бази даних QTL свійських тварин. Лабораторна робота 7. Ознайомлення з генетичними базами даних свійської птиці		5
Самостійна робота 7. Ознайомлення з генетичними базами даних свійської птиці. Виконання роботи за однією з ознак.		5
Тема 8. Методи аналізу мінливості кількісних ознак та їх використання у селекції тварин. Лабораторна робота 8. Аналіз спорідненості ділянок ДНК за базою даних BLAST.		5
Самостійна робота 8. Аналіз спорідненості ділянок ДНК за базою даних BLAST.		5
Тема 9. Використання методів генетичного аналізу для збереження біологічного різноманіття та збереження генетичних ресурсів сільськогосподарських тварин. Лабораторна робота 9. Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак великої рогатої худоби.		10
Самостійна робота 9. Робота в базі даних QTL з аналізом кількісних ознак великої рогатої худоби. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором.		10
Тема 10. Використання методів генетичного аналізу для встановлення селекційної цінності сільськогосподарських тварин. Лабораторна робота 10. Робота в базах даних QTL з аналізом кількісних ознак різних видів тварин.		10
Самостійна робота 10. Робота в базах даних QTL з аналізом кількісних ознак різних видів тварин. Аналіз однієї з продуктивних ознак за вибором		10
Модульна контрольна робота 2.	$(M1 + M2)/2 \cdot 0,7 \leq 70$ (Навчальна робота + екзамен) ≤ 100	30
Всього за модулем 2		100
Навчальна робота		70
Екзамен		30
Всього за курс		100

8.2 Шкала оцінювання знань здобувача вищої освіти

Рейтинг здобувача вищої освіти, бали	Оцінка за національною системою (екзамени/заліки)
90-100	відмінно
74-89	добре
60-73	задовільно
0-59	незадовільно

8.2. Політика оцінювання

Політика щодо дедлайнів та перескладання	Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання модулів відбувається із дозволу лектора за наявності поважних причин (наприклад, лікарняний).
Політика щодо академічної доброчесності	Списування під час контрольних робіт та екзаменів заборонені (в т.ч. із використанням мобільних девайсів). Курсові роботи, реферати повинні мати коректні текстові посилання на використану літературу
Політика щодо відвідування	Відвідування занять є обов'язковим. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, міжнародне стажування) навчання може відбуватись індивідуально (в он-лайн формі за погодженням із деканом факультету)

Рекомендовані джерела інформації

1. Костенко С.О., Стародуб Л.Ф. Генетика кількісних та якісних ознак тварин. Том 1.- Навчальний посібник для студентів ОС Магістр зі спеціальності 204 - «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» 2023.- Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 220 с.
2. Костенко С.О., Супрун І.О., Свириденко Н.П. Генетика тварин.- Навчальний посібник для студентів ОС Бакалавр зі спеціальності 204 – «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» 2023.- Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 225 с.
3. Костенко С.О., Джус П.П., Коновал О.М., Сидоренко О.В., Стародуб Л.Ф., Драгулян М.В. Видові особливості поліморфізму та геномної нестабільності свині свійської (*Sus scrofa*) і великої рогатої худоби (*Bos taurus*) за цито- та ДНК маркерами // К. Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 2017.- 240 с.
4. Костенко С.О., Супрун І.О., Сидоренко О.В. Збірник задач з генетики-навчальний посібник до виконання лабораторних робіт з дисципліни генетика тварин з основами біометрії.- К.-2014.-Видавничий центр НУБіП.- 174 с.
5. Костенко С. О. Особливості поліморфізму генів *ESR*, *NCOA1*, *PRLR*, *FSHR* у свиней різних порід / С. О. Костенко, М. В. Драгулян, О. В. Сидоренко // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва. – 2013. – Вип. 9, Біла Церква.- Ч. 103. – С. 23 – 29.

6. Драгулян М. В. Зв'язок стабільності геному з різними генотипами генів відтворення свиноматок / М. В. Драгулян, С. О. Костенко, О. В. Сидоренко // Фактори експериментальної еволюції організмів. – 2013. – Т. 13. – С. 166 – 170.
7. Костенко С. О. Поліморфізм цитогенетичних показників соматичного мутагенезу *Bos taurus* / С. О. Костенко // Наукові доповіді НУБіП України [електронний ресурс] – 2014 – № 1 (43) – 13 с. – режим доступу до журн. <http://elibrary.ru/item.asp?id=21522492>
8. Костенко С.О. М. М. Колесник – засновник школи генетики в Українській сільськогосподарській академії.- Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Випуск 202.- 2014.- С. 355-367.
9. Костенко С.О. Вплив порушень каріотипу на репродуктивні функції коней.- Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Випуск 202.- 2014.- С. 35-42.
10. Костенко С. О. Поліморфізм цитогенетичних показників соматичного мутагенезу *Bos taurus* / С. О. Костенко // Наукові доповіді НУБіП України [електронний ресурс] – 2014 – № 1 (43) – 13 с. – режим доступу до журн.:http://www.irbis-nbuv.gov.ua/cgi-bin/irbis_nbuv/cgiirbis_64.exe?Z21ID=&I21DBN=UJRN&P21DBN=UJRN&S21STN=1&S21REF=10&S21FMT=njuu_all&C21COM=S&S21CNR=20&S21P01=0&S21P02=0&S21P03=I&S21COLORTERMS=0&S21STR=EJ000072%2F2014%2F1
11. Костенко С. О. Мікропопуляційні процеси в родинах різних порід *Sus scrofa* за геном *ESR* / С. О. Костенко // Вісник проблем біології і медицини. – 2014. – Вип. 1 (106). – С. 57–60.
12. Костенко С. О. Спадково зумовлені порушення репродуктивної системи у коней (*Equus caballus*) //Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Випуск 207.- 2015.- С. 145-151.
13. Оцінка спермопродуктивності кнурів великої білої породи різних генотипів за генами *ESR1* та *NCOA1* / М. В. Драгулян, С. О. Костенко, О. В. Сидоренко, П. П. Джус // Аграрна наука та харчові технології. - 2015. - Вип. 1. - С. 96-103. - Режим доступу: http://nbuv.gov.ua/UJRN/anxt_2015_1_12.
14. Сидоренко О.В. Лінійна належність кнурів великої білої породи як критерій оцінки відтворної здатності свиноматок / О.В. Сидоренко, С.О. Костенко // Генетика, розведення та селекція тварин: актуальні проблеми та перспективи розвитку : матеріали міжнародної науково-практичної конференції, присвяченої 80-річчю від дня народження видатного вченого-селекціонера, докт. с.-г. наук, проф. член.-кор. НААН Басовського М.З. (10-11 червня 2015 р., м. Біла Церква). – Біла Церква, 2015. – С. 16.
15. Костенко С. О. Поєднуваність батьківських пар у свинарстві з урахуванням генотипу тварин за геном рецептора естрогену-1 / С. О. Костенко, О. В. Сидоренко, П. П. Джус // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Науковий журнал. – Миколаїв, 2015. – Вип. 2 (84), т. 2. – С. 170–174.
16. Поліморфізм качок породи Shaoxing за мікросателітними локусами /А.М. Чепіга, С.О. Костенко, М.С. Дорошенко, П.В. Король, О.М. Коновал, Лу Ліжи, Хуанг Цзюяньцяо, Лі Ліуменг // Науковий вісник ЛНУВМБ імені С.З. Гжицького, 2018, т 20, № 84.- С. 148-153. ISSN 2519–2698 print doi: 10.15421/nvlvet8427; ISSN 2518–1327 online <http://nvlvet.com.ua/>
17. Костенко С.О. Особливості геному великої рогатої худоби / С.О. Костенко // Науковий вісник ЛНУВМБ імені С.З. Гжицького, 2018, т 20, № 84.- С. 121-126.
18. Вплив поліморфізму гену бета лактоглобуліну (β -Lactoglobulin) на молочну продуктивність кіз /Чепіга А.М./ Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Серія ТВППТ. –Випуск 250.- 2016.- С. 145-151.
19. Коновал О., Король П., Табака П., Костенко С., Лу Л., Чепіга А., Дорошенко М., Драгулян М., Бу Х., Хуанг Ц., Лі Л. Створення трансгенних качок шляхом CRISPR / CAS9-опосередкованої вставки генів в поєднанні з сперматозоїд-опосередкованим перенесення генів (SMGT) *Biopolym. Cell.* 2019; 35(6): 427-436.

<https://www.biopolymers.org.ua/pdf/35/6/427/biopolym.cell-2019-35-6-427-en.pdf>
<http://dx.doi.org/10.7124/bc.000A16>

20. Костенко С.О. Історія, створення та використання трансгенних риб «Водні біоресурси та аквакультура» № 2(8) 2020 С. 149-170. <http://wra-journal.ksauniv.ks.ua/archives/2020/2/16.pdf>
21. Костенко С.О. Інноваційні технології генетики дрібних домашніх тварин. Том 1. // К. Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 2021.-для ОС «Магістр» зі спеціальності 211 – «Ветеринарна медицина» 320 с.
22. Костенко С.О. Інноваційні технології генетики дрібних домашніх тварин. Том 2. // К. Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 2022.-для ОС «Магістр» зі спеціальності 211 – «Ветеринарна медицина» 320 с.

Інформаційні ресурси

1. База даних локусів кількісних ознак <https://www.animalgenome.org/QTLdb/faq/>
2. База даних фенів не лабораторних тварин <https://omia.org/home/>
3. База даних National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information

Bos taurus	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=bos+taurus
Canis lupus familiaris	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9615&build=3.1
Equus caballus	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Equus+caballus
Felis catus	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome?term=felis%20catus
Oryctolagus cuniculus	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9986&build=1.1
Ovis aries	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9940&build=100.0
Sus scrofa	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Sus+scrofa

Бази даних по генетиці великої рогатої худоби:

- [AgBase](#)
- [ArkDB - cow](#)
- [BAC Fingerprint Map - Genome Sciences Center](#)
- [Bovine Genome Project - Baylor](#)
- [Bovine HapMap Project](#)
- [Bovine QTL Viewer - University of Adelaide](#)
- [Bovine SNPs - Baylor](#)
- [Breeds of Livestock - Cattle](#)
- [CSIRO Livestock Genomics - Bovine](#)
- [Cattle Genome Sequencing Consortium](#)
- [CattleQTLdb](#)
- [DFCI Cattle Gene Index](#)

- [GOLD](#)
- [IBISS SNP and mRNA database](#)
- [INRA Bovmap database](#)
- [ISAS Catalog of Bovine Genes](#)
- [Interactive Bovine In Silico SNP Database \(IBISS\)](#)
- [Livestock Genomics, CSIRO](#)
- [NAGRP Cattle Genome Coordination Program](#)
- [Online Mendelian Inheritance in Animals \(OMIA\)](#)
- [QTL Map - University of Sydney](#)
- [Rare Breeds Survival Trust](#)
- [The Bovine Genome Database](#)
- [The Bovine SNP Retriever](#)
- [University of Illinois at Urbana-Champaign Cattle Comparative Genomics](#)

Бази даних по генетики свині свійської:

- [Breeds of Livestock - Swine](#)
- [DFCI Pig Gene Index](#)
- [National Swine Registry](#)
- [National Swine Resource and Research Center \(NSRRC\)](#)
- [Online Mendelian Inheritance in Animals \(OMIA\)](#)
- [Porcine Immunology and Nutrition \(PIN\) Database](#)
- [Rare Breeds Survival Trust](#)
- [The Swine Genome Sequencing Consortium](#)
- [Porcine Genome Sequencing and Mapping - Sanger Institute](#)
- [The Sino-Danish Pig Genome Project](#)
- [NAGRP Pig Genome Coordination Program](#)
- [Pigbase](#)
- [ArkDB - Pig](#)
- [Pig Genome Mapping, Roslin Institute](#)
- [Porcine Sequencing White Paper](#)
- [NISC Comparative Vertebrate Sequencing](#)
- [PigEST - University of Copenhagen](#)
- [Pig Expression Data Explorer \(PEDE\)](#)
- [PigQTLdb](#)
- [USDA/MARC Linkage Map](#)
- [INRA Cytogenetic Map](#)
- [INRA/UM Radiation Hybrid Map](#)

Бази даних по генетиці коня свійського :

- [Horse Genome Project - University of Kentucky](#)
- [Horse Genome Project - Broad Institute](#)
- [ArkDB](#)
- [Equinegenome.org](#)
- [Horsemap](#)
- [NISC](#)
- [NRSP-8 Bioinformatics Coordination Program](#)
- [OMIA](#)
- [Breeds of Livestock - Horse](#)
- [Horse Immunogenetics](#)
- [CHORI BAC Library](#)

- [Texas A&M BAC Library](#)
- [INRA BAC-YAC Resource Center](#)
- [HyperCLDB - horse cell lines](#)



Лектор курсу
Контактна інформація
лектора (e-mail)
Сторінка курсу veLearn

СИЛАБУС ДИСЦИПЛІНИ

«Маркер-асоційована селекція»

Рівень вищої освіти – Магістр

Спеціальність 204 Технологія виробництва та переробки продукції тваринництва

Освітня програма Технологія виробництва та переробки продукції тваринництва

Рік навчання 2, семестр 3

Форма навчання денна, вечірня, заочна

Кількість кредитів ЄКТС 4

Мова викладання українська

д-р біол. наук, професор Костенко Світлана Олексіївна

0633383787

svitlanakasijan@ukr.net

<https://elearn.nubip.edu.ua/course/view.php?id=524§ion=1>

ОПИС ДИСЦИПЛІНИ

Предметом дисципліни «Маркер-асоційована селекція» – галузь знань з використання сучасних методів геноміки та біоінформатики у практичній селекції, коли відбір особин здійснюється на основі оцінок племінної цінності, розрахований на основі ефектів генетичних маркерів, які покривають весь геном.

Мета: надання теоретичних і практичних знань студентам з питань покращення показників продуктивності стад тварин, генетичного покращення сільськогосподарських тварин за використання сучасних методів геномного аналізу, формування у здобувачів професійних знань та розуміння методології відбору тварин за комплексом генів кількісних ознак а також організації для цього робіт в умовах референтної популяції.

Завдання: навчити студентів

- 1) розумінню суті генетичних маркерів в історичному аспекті їх використання;
- 2) встановлення генотипів сільськогосподарських тварин за використання різних методів аналізу;
- 3) проведенню молекулярно-генетичного аналізу тварин для визначення їх генотипів за генами кількісних ознак;
- 4) виявленню тварин-носіїв господарсько-цінних генів та генних ансамблів для одержання нащадків з очікуваними параметрами продуктивності чи з новими якісними ознаками;
- 5) виявленню тварин-носіїв шкочинних мутацій;
- 6) використанню генотипів тварин у розробці селекційних програм (маркер-асоційованій селекції).

Набуття компетентностей:

Інтегральна компетентність. Здатність розв'язувати складні задачі і проблеми професійної діяльності з технології виробництва і переробки продукції тваринництва у процесі навчання, що передбачає проведення досліджень та здійснення інновацій, що характеризуються невизначеністю умов і вимог.

Загальні компетентності (ЗК)

ЗК 1. Здатність до абстрактного мислення, аналізу та синтезу.

ЗК4. Здатність до пошуку, обробки та аналізу інформації, отриманої з різних джерел

Спеціальні компетентності (СК)

СК 10. Здатність зрозуміло і недвозначно доносити власні знання, висновки та аргументацію до фахівців і нефахівців, зокрема до осіб, які навчаються.

Програмні результати навчання:

ПРН 3. Здійснювати дослідження та/або провадити інноваційну діяльність з метою отримання нових знань та створення нових технологій та продуктів в сфері тваринництва та в ширших мультидисциплінарних контекстах.

ПРН 5. Відшукувати необхідні дані в науковій літературі, базах даних та інших джерелах, аналізувати та оцінювати ці дані.

ПРН 10. Нести відповідальність за розвиток професійних знань і практик, оцінювання стратегічного розвитку команди, формування ефективної кадрової політики.

СТРУКТУРА КУРСУ

Тема	Години (лекції/ лабораторні, практичні , семінарські)	Результати навчання	Завдання	Оцінювання
1 семестр				
Тема 1. Сучасні та класичні підходи до селекції тварин.	2/2	Знання основних етапів розвитку сучасних методів генетичного аналізу. Уміння: оперувати поняттями з основних генетичних категорій, системи біологічних знань, розрізняти та пояснювати предмет і завдання галузей генетики. Знати сутність поняття «формування» та «розвиток» ознак тварин. Вміти виявляти QTL на основі біохімічних маркерів.	Написання конспектів, доповідей, есе, тестів, підготовка презентацій, виконання самостійної роботи, підготовка до практичного заняття.	7
Тема 2. Поняття про генетичний маркер.	2/2	Знання з: сутності методів молекулярно-генетичного аналізу. Уміння: оперувати поняттями у межах методів молекулярного аналізу. Знати зміст понять: генетичний локус, ПЛР, рестрикційний аналіз, ампліфікація, одонуклеотидний поліморфізм, СНП, мікросателітний аналіз. Знати етапи, етапи, види молекулярного аналізу.	Написання конспектів, доповідей, есе, тестів, підготовка презентацій, виконання самостійної роботи, підготовка до практичного заняття.	7
Тема 3. Класифікація генетичних маркерів. Типи сучасних генетичних маркерів та методології генотипування.	2/2	Генетична оцінка на основі ознак: Змішана модель. Використовували наступні методи: зоотехнічні (оцінка показників відтворювальної; відгодівельної; м'ясної; молочної продуктивності; аналітичний (аналіз джерел наукової літератури, баз даних, модифікація та розробка методів, а також моделей, аналіз, узагальнення результатів дослідження; біометричні та статистичні (збір та обробка масивів інформації селекційних баз даних, встановлення популяційно-статистичних параметрів стад, розрахунки параметрів в межах моделей; економічні (розрахунок економічної ефективності) розроблення моделей аналізу племінної цінності тварин.	Написання конспектів, доповідей, есе, тестів, підготовка презентацій, виконання самостійної роботи, підготовка до практичного заняття.	7

Тема 4. Генетична оцінка на основі ознак: Змішана модель	2/2	Розуміти теорію і методику застосування молекулярно-генетичного аналізу у селекції тварин. Розуміти суть поняття геномної селекції. Знати закономірності та особливості генетичного аналізу у підвищенні резистентності тварин до захворювань за видами. Вміти зробити оптимальний вибір і застосувати методи молекулярного аналізу. Вміти встановлювати максимальну ймовірність та байєсову оцінку параметрів QTL.	Написання конспектів, доповідей, есе, тестів, підготовка презентацій, виконання самостійної роботи, підготовка до практичного заняття.	7
Тема 5. Сучасні бази даних QTL свійських тварин.	2/2	Знати основні підходи до застосування молекулярно-генетичного аналізу у селекції тварин для підвищення продуктивності тварин. Вміти застосовувати методи генетичного аналізу при плануванні селекційного процесу. Знати роль відбору тварин за молекулярно-генетичними маркерами для покращення продуктивних якостей тварин. Вміти визначати максимальну ймовірність, обмежену максимальну ймовірність та байєсову оцінку для змішаних моделей.	Написання конспектів, доповідей, есе, тестів, підготовка презентацій, виконання самостійної роботи, підготовка до практичного заняття.	7
Всього за модуль	10/10			35
Тема 6. Маркер-асоційована селекція у розведенні та генетиці тварин різних видів. Велика рогата худоба.	2/2	Знати сучасні генетичні бази тварин. Вміти аналізувати послідовності нуклеотидів, встановлювати тварин-носіїв цінних господарсько корисних алельних варіантів локусів кількісних ознак (за видами). Вміти виявляти тварин-носіїв шкочинних мутацій (за видами). Знання з: сучасних статистичних методів генетичного аналізу. Уміння: оперувати методами статистичного аналізу у встановленні локусів кількісних ознак.	Розробка селекційної програми великої рогатої худоби на основі молекулярно-генетичних маркерів	7
Тема 7. Маркер-асоційована селекція у розведенні та генетиці тварин різних видів. Свині.	2/2	Знати основні методи картування геному (секвенування ДНК, зчеплене успадкування, гібридизація <i>in situ</i>) та типи карт (цитогенетичні, фізичні, рестрикційні). Вміти будувати генетичні карти свійських тварин.	Розробка селекційної програми свиней на основі молекулярно-генетичних маркерів	7
Тема 8. Маркер-асоційована селекція у розведенні та генетиці тварин різних видів. Вівці.	2/2	Знати основні підходи до застосування молекулярно-генетичного аналізу у селекції кіз та овець для підвищення продуктивності тварин. Вміти застосовувати методи генетичного аналізу при плануванні селекційного процесу.	Розробка селекційної програми кіз та овець на основі молекулярно-генетичних маркерів	7

Кози.		Знати роль відбору тварин за молекулярно-генетичними маркерами для покращення продуктивних якостей вівців та кіз.		
Тема 9. Маркер-асоційована селекція у розведенні та генетиці тварин різних видів. Свійська птиця.	2/2	Знати основні підходи до застосування молекулярно-генетичного аналізу у селекції птиці для підвищення її продуктивності. Вміти застосовувати методи генетичного аналізу при плануванні селекційного процесу. Знати роль відбору тварин за молекулярно-генетичними маркерами для покращення продуктивних якостей птиці.	Розробка селекційної програми птиці на основі молекулярно-генетичних маркерів	7
Тема 10. Маркер-асоційована селекція у розведенні та генетиці тварин різних видів. Коні.	2/2	Знати основні підходи до застосування молекулярно-генетичного аналізу у селекції коней для підвищення їх продуктивності. Вміти застосовувати методи генетичного аналізу при плануванні селекційного процесу. Знати роль відбору тварин за молекулярно-генетичними маркерами для покращення продуктивних якостей коней.	Розробка селекційної програми коней на основі молекулярно-генетичних маркерів	7
Всього за модуль	10/10			35
Всього за семестр				70
Екзамен				30
Всього за курс				100

ПОЛІТИКА ОЦІНЮВАННЯ

Політика щодо дедлайнів та перескладання:	Роботи, які здаються із порушенням термінів без поважних причин, оцінюються на нижчу оцінку. Перескладання завдань практичних занять відбувається із дозволу лектора за наявності поважних причин (наприклад, лікарняний).
Політика щодо академічної доброчесності:	Списування під час заліку заборонені (в т.ч. із використанням мобільних девайсів). Реферати, есе повинні мати коректні текстові посилання на використану літературу.
Політика щодо відвідування:	Відвідування занять є обов'язковим. За об'єктивних причин (наприклад, хвороба, міжнародне стажування) навчання може відбуватись індивідуально (в он-лайн формі за погодженням із деканом факультету).

ШКАЛА ОЦІНЮВАННЯ СТУДЕНТІВ

Рейтинг здобувача вищої освіти, бали	Оцінка національна за результати складання екзаменів заліків	
	екзаменів	заліків
90-100	відмінно	зараховано
74-89	добре	
60-73	задовільно	
0-59	незадовільно	не зараховано

РЕКОМЕНДОВАНІ ДЖЕРЕЛА ІНФОРМАЦІЇ

1. Костенко С.О., Стародуб Л.Ф. Генетика кількісних та якісних ознак тварин. Том 1.- Навчальний посібник для студентів ОС Магістр зі спеціальності 204 - «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» 2023.- Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 220 с.
2. Костенко С.О., Супрун І.О., Свириденко Н.П. Генетика тварин.- Навчальний посібник для студентів ОС Бакалавр зі спеціальності 204 – «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» 2023.- Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 225 с.
3. Костенко С.О., Джус П.П., Коновал О.М., Сидоренко О.В., Стародуб Л.Ф., Драгулян М.В. Видові особливості поліморфізму та геномної нестабільності свині свійської (*Sus scrofa*) і великої рогатої худоби (*Bos taurus*) за цито- та ДНК маркерами // К. Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 2017.- 240 с.
4. Костенко С.О., Супрун І.О., Сидоренко О.В. Збірник задач з генетики-навчальний посібник до виконання лабораторних робіт з дисципліни генетика тварин з основами біометрії.- К.-2014.-Видавничий центр НУБіП.- 174 с.
5. Костенко С. О. Особливості поліморфізму генів *ESR*, *NCOA1*, *PRLR*, *FSHR* у свиней різних порід / С. О. Костенко, М. В. Драгулян, О. В. Сидоренко // Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва. – 2013. – Вип. 9, Біла Церква.- Ч. 103. – С. 23 – 29.
6. Драгулян М. В. Зв'язок стабільності геному з різними генотипами генів відтворення свинюматок / М. В. Драгулян, С. О. Костенко, О. В. Сидоренко // Фактори експериментальної еволюції організмів. – 2013. – Т. 13. – С. 166 – 170.
7. Костенко С. О. Поліморфізм цитогенетичних показників соматичного мутагенезу *Bos taurus* / С. О. Костенко // Наукові доповіді НУБіП України [електронний ресурс] – 2014 –№ 1 (43) – 13 с. – режим доступу до журн. <http://elibrary.ru/item.asp?id=21522492>
8. Костенко С.О. М. М. Колесник – засновник школи генетики в Українській сільськогосподарській академії.- Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Випуск 202.- 2014.- С. 355-367.
9. Костенко С.О. Вплив порушень каріотипу на репродуктивні функції коней.- Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Випуск 202.- 2014.- С. 35-42.
10. Костенко С. О. Поліморфізм цитогенетичних показників соматичного мутагенезу *Bos taurus* / С. О. Костенко // Наукові доповіді НУБіП України [електронний ресурс] – 2014 –№ 1 (43) – 13 с. – режим доступу до журн.:http://www.irbis-nbuv.gov.ua/cgi-bin/irbis_nbuv/cgiirbis_64.exe?Z21ID=&I21DBN=UJRN&P21DBN=UJRN&S21STN=1&S21REF=10&S21FMT=njuu_all&C21COM=S&S21CNR=20&S21P01=0&S21P02=0&S21P03=I&S21COLORTERMS=0&S21STR=EJ000072%2F2014%2F1
11. Костенко С. О. Мікропопуляційні процеси в родинах різних порід *Sus scrofa* за геном *ESR* / С. О. Костенко // Вісник проблем біології і медицини. – 2014. – Вип. 1 (106). – С. 57–60.
12. Костенко С. О. Спадково зумовлені порушення репродуктивної системи у коней (*Equus caballus*) //Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Випуск 207.- 2015.- С. 145-151.
13. Оцінка спермопродуктивності кнурів великої білої породи різних генотипів за генами *ESR1* та *NCOA1* / М. В. Драгулян, С. О. Костенко, О. В. Сидоренко, П. П. Джус // [Аграрна наука та харчові технології](#). - 2015. - Вип. 1. - С. 96-103. - Режим доступу: http://nbuv.gov.ua/UJRN/anxt_2015_1_12.
14. Сидоренко О.В. Лінійна належність кнурів великої білої породи як критерій оцінки відтворної здатності свинюматок / О.В. Сидоренко, С.О. Костенко // Генетика, розведення та селекція тварин: актуальні проблеми та перспективи розвитку :

матеріали міжнародної науково-практичної конференції, присвяченої 80-річчю від дня народження видатного вченого-селекціонера, докт. с.-г. наук, проф. член.-кор. НААН Басовського М.З. (10-11 червня 2015 р., м. Біла Церква). – Біла Церква, 2015. – С. 16.

15. Костенко С. О. Поєднуваність батьківських пар у свинарстві з урахуванням генотипу тварин за геном рецептора естрогену-1 / С. О. Костенко, О. В. Сидоренко, П. П. Джус // Вісник аграрної науки Причорномор'я. Науковий журнал. – Миколаїв, 2015. – Вип. 2 (84), т. 2. – С. 170–174.
16. Поліморфізм качок породи Shaoxing за мікросателітними локусами /А.М. Чепіга, С.О. Костенко, М.С. Дорошенко, П.В. Король, О.М. Коновал, Лу Ліжи, Хуанг Цзюяньцяо, Лі Ліуменг // Науковий вісник ЛНУВМБ імені С.З. Гжицького, 2018, т 20, № 84.- С. 148-153. ISSN 2519–2698 print doi: 10.15421/nvlvet8427; ISSN 2518–1327 online <http://nvlvet.com.ua/>
17. Костенко С.О. Особливості геному великої рогатої худоби / С.О. Костенко // Науковий вісник ЛНУВМБ імені С.З. Гжицького, 2018, т 20, № 84.- С. 121-126.
18. Вплив поліморфізму гену бета лактоглобуліну (*β-Lactoglobulin*) на молочну продуктивність кіз /Чепіга А.М./ Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України.- Серія ТВППТ. –Випуск 250.- 2016.- С. 145-151.
19. Коновал О., Король П., Табака П., Костенко С., Лу Л., Чепіга А., Дорошенко М., Драгулян М., Бу Х., Хуанг Ц., Лі Л. Створення трансгенних качок шляхом CRISPR / CAS9-опосередкованої вставки генів в поєднанні з сперматозоїд-опосередкованим перенесення генів (SMGT) Biopolym. Cell. 2019; 35(6): 427-436. <https://www.biopolymers.org.ua/pdf/35/6/427/biopolym.cell-2019-35-6-427-en.pdf>
<http://dx.doi.org/10.7124/bc.000A16>
20. Костенко С.О. Історія, створення та використання трансгенних риб «Водні біоресурси та аквакультура» № 2(8) 2020 С. 149-170. <http://wra-journal.ksauniv.ks.ua/archives/2020/2/16.pdf>
21. Костенко С.О. Інноваційні технології генетики дрібних домашніх тварин. Том 1. // К. Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 2021.-для ОС «Магістр» зі спеціальності 211 – «Ветеринарна медицина» 320 с.
22. Костенко С.О. Інноваційні технології генетики дрібних домашніх тварин. Том 2. // К. Редакційно-видавничий відділ НУБіП України.- 2022.-для ОС «Магістр» зі спеціальності 211 – «Ветеринарна медицина» 320 с.

Інформаційні ресурси

4. База даних локусів кількісних ознак <https://www.animalgenome.org/QTLdb/faq/>
5. База даних фенів не лабораторних тварин <https://omia.org/home/>
6. База даних National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information

Bos taurus	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=bos+taurus
Canis lupus familiaris	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9615&build=3.1
Equus caballus	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Equus+caballus

Felis catus	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome?term=felis%20catus
Oryctolagus cuniculus	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9986&build=1.1
Ovis aries	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9940&build=100.0
Sus scrofa	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Sus+scrofa

Бази даних по генетиці великої рогатої худоби:

- [AgBase](#)
- [ArkDB - cow](#)
- [BAC Fingerprint Map - Genome Sciences Center](#)
- [Bovine Genome Project - Baylor](#)
- [Bovine HapMap Project](#)
- [Bovine QTL Viewer - University of Adelaide](#)
- [Bovine SNPs - Baylor](#)
- [Breeds of Livestock - Cattle](#)
- [CSIRO Livestock Genomics - Bovine](#)
- [Cattle Genome Sequencing Consortium](#)
- [CattleQTLdb](#)
- [DFCI Cattle Gene Index](#)
- [GOLD](#)
- [IBISS SNP and mRNA database](#)
- [INRA Bovmap database](#)
- [ISAS Catalog of Bovine Genes](#)
- [Interactive Bovine In Silico SNP Database \(IBISS\)](#)
- [Livestock Genomics, CSIRO](#)
- [NAGRP Cattle Genome Coordination Program](#)
- [Online Mendelian Inheritance in Animals \(OMIA\)](#)
- [QTL Map - University of Sydney](#)
- [Rare Breeds Survival Trust](#)
- [The Bovine Genome Database](#)
- [The Bovine SNP Retriever](#)
- [University of Illinois at Urbana-Champaign Cattle Comparative Genomics](#)

Бази даних по генетики свині свійської:

- [Breeds of Livestock - Swine](#)
- [DFCI Pig Gene Index](#)
- [National Swine Registry](#)
- [National Swine Resource and Research Center \(NSRRC\)](#)
- [Online Mendelian Inheritance in Animals \(OMIA\)](#)
- [Porcine Immunology and Nutrition \(PIN\) Database](#)
- [Rare Breeds Survival Trust](#)
- [The Swine Genome Sequencing Consortium](#)
- [Porcine Genome Sequencing and Mapping - Sanger Institute](#)
- [The Sino-Danish Pig Genome Project](#)
- [NAGRP Pig Genome Coordination Program](#)
- [Pigbase](#)
- [ArkDB - Pig](#)
- [Pig Genome Mapping, Roslin Institute](#)

- [Porcine Sequencing White Paper](#)
- [NISC Comparative Vertebrate Sequencing](#)
- [PigEST - University of Copenhagen](#)
- [Pig Expression Data Explorer \(PEDE\)](#)
- [PigQTLdb](#)
- [USDA/MARC Linkage Map](#)
- [INRA Cytogenetic Map](#)
- [INRA/UM Radiation Hybrid Map](#)

Бази даних по генетиці коня свійського :

- [Horse Genome Project - University of Kentucky](#)
- [Horse Genome Project - Broad Institute](#)
- [ArkDB](#)
- [Equinegenome.org](#)
- [Horsemap](#)
- [NISC](#)
- [NRSP-8 Bioinformatics Coordination Program](#)
- [OMIA](#)
- [Breeds of Livestock - Horse](#)
- [Horse Immunogenetics](#)
- [CHORI BAC Library](#)
- [Texas A&M BAC Library](#)
- [INRA BAC-YAC Resource Center](#)
- [HyperCLDB - horse cell lines](#)