

ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ БІЛКОВИХ ЛОКУСІВ У ПОПУЛЯЦІЯХ ОВЕЦЬ РІЗНОГО ПОХОДЖЕННЯ

В. М. Іовенко, доктор сільськогосподарських наук,
професор

ORCID 0000-0002-0829-7844

К. В. Скрепець, кандидат сільськогосподарських наук

ORCID 0000-0002-8873-3801

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, Каховський р-н,
Херсонська обл., 75230, Україна
e-mail: ascitsr_priemnaya@ukr.net

Надійшла 26.04.2022

Мета. Дослідити генетичну структуру популяцій овець різного походження за молекулярно-генетичними параметрами поліморфних транспортних білків крові. **Методи.** Популяційно-генетичні, популяційно-статистичні. **Результати.** Встановлено рівень поліморфізму білків крові трансферину та гемоглобіну і показано, що в усіх генетичних групах овець як чистопородного, (асканійська м'ясо-вовнова порода) так і помісного (асканійська м'ясо-вовнова х вандей, асканійська м'ясо-вовнова х дорпер, асканійська м'ясо-вовнова х тексель) походження локус трансферину контролюється 5 кодомінантними алелями, а гемоглобіну – двома. В усіх популяціях абсолютну перевагу за розповсюдженням отримали генотипи TfBB, TfBD, TfAB та алелі Tf^B, Tf^D системи трансферину, генотип HbBB і відповідно алель Hb^B за Hb-локусом. Показано, що залежно від походження генетична мінливість помісних популяцій за коефіцієнтом гетерозиготності на відміну від материнського генотипу суттєво варіює в межах окремих поліморфних локусів. За іншим популяційно-генетичним параметром (PIC) групи нових генотипів овець на стадії становлення мають різну ступінь інформаційного поліморфізму, за Tf-локусом в межах 0,514-0,663, за Hb-локусом від 0,098 до 0,215. За індексом Райта (Fis) встановлено різноспрямо-

ваний напрям його розподілу. Якщо за системою гемоглобіну спостерігається лівостороннє відхилення величини цього параметру, то за Tf-локусом, окрім групи овець варіанту АМВхД, в трьох інших – лівостороннє. Хоча в цілому суттєвого домінуючого впливу на структуру популяцій генотипів застосованих у дослідженнях поліморфних систем не встановлено. При аналізі стану генетичної рівноваги популяцій за Харді-Вайнбергом виявлено порушення генетичного балансу в середовищі чистопородного генотипу та помісного варіанту схрещування АМВхД. **Висновки.** У досліджених популяціях овець гени білків крові трансферину і гемоглобіну знаходяться у поліморфному стані. Залежно від походження рівень поліморфності цих локусів має свої особливості, які відображають стан генетичної структури стад на стадії становлення.

Ключові слова: вівці, поліморфізм, генетична структура, популяція, генотип, алель.

DOI: <https://doi.org/10.33694/2617-0787-2022-1-15-72-81>

UDC 636.082.11

POLYMORPHISM of the GENES PROTEIN LOCUSES in the SHEEP POPULATIONS of DIFFERENT ORIGINS

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

ORCID:0000-0002-0829-7844

K. V. Skrepets, Candidate of Agricultural Sciences

ORCID ID: 0000-0002-8873-3801

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, Kakhovka district,
Khersonregion, 75230, Ukraine

e-mail: ascitsr_priemnaya@ukr.net

Aim. To study the sheep populations of different origins genetic structure by polymorphic transport proteins of blood molecular genetic parameters was the aim. **Methods.** Population-Genetic, population-statistical. **Results.** The proteins transferrin and hemoglobin blood

polymorphism level was determined and it was shown that in all sheep genetic groups both purebred (Ascanian Meat-and-Wool breed) and hybrids (Ascanian Meat-and-Wool x Wandey, Ascanian Meat-and-Wool x Dorper, Ascanian Meat-and-Wool x Texel) transferrin locus is controlled by 5 codominant alleles, and hemoglobin - two. In all populations, the TfBB, TfBD, TfAB and Tf^B alleles, the Tf^B allele, the Tf^D transferrin system, the HbBB genotype, and the Hb^B allele at the Hb locus were the absolute predominants. It has been shown that, depending on the origin, the genetic variability of local populations by the coefficient of heterozygosity, in contrast to the maternal gene pool, varies significantly within individual polymorphic loci. According to another population genetic parameter (PIC), groups of new sheep genotypes at the stage of formation have different degrees of information polymorphism, Tf locus in the range of 0.514-0.663, Hb locus from 0.098 to 0.215. According to the Wright Index (Fis), the direction of its distribution is different. The hemoglobin system has a left-hand deviation by this parameter. The Tf locus, except for the group of sheep variant AMW x D, so as and other three - left-handed. Although in general, no significant dominant influence on the genotypes populations structure used in studies of polymorphic systems has been established. The analysis of the state of genetic equilibrium of populations according to Hardy-Weinberg revealed a violation of genetic balance in the environment of purebred gene pool and local variant of crossing AMW x D. **Conclusions.** In the studied populations of sheep, the transferrin genes and hemoglobin blood proteins are in a polymorphic state. Depending on the origin, the polymorphism level of these loci has its own characteristics, which reflect the genetic structure state of herds at the formation stage.

Keywords: sheep, polymorphism, genetic structure, population, genotype, allele.

DOI: <https://doi.org/10.33694/2617-0787-2022-1-15-72-81>

Постановка проблеми. Сучасний розвиток галузі тваринництва, зокрема вівчарства, потребує серйозного прискорення генетичного удосконалення популяцій тварин різного походження та напряму продуктивності. Це неможливо без розробки принципово нових систем селекційно-племінної роботи та моніторингу генетичної інформації в племінних стадах сільськогосподарських тварин, що формується під впливом селекційного пресингу. Особливої актуальності набуває завдання пошуку певних підходів удосконалення існуючих та створення нових порід овець, які б в

умовах інтенсифікації тваринництва володіли би рядом необхідних ознак та властивостей, поєднували би високий потенціал продуктивності із пристосованістю до умов середовища та промислових технологій. Тому в сучасній історії ведення сільського господарства відбувається впровадження програм схрещування, як одного з найперспективніших методів підвищення генетичного потенціалу продуктивності тварин. Причому наголос робиться на отримання багатопородних помісей, так як вони за комерційними показниками переважають чистопородних тварин та двохпороднихгібридів.

В контексті наведеного, науковцями Інституту тваринництва степових районів «Асканія-Нова» в останні роки здійснюється науково-практична діяльність стосовно створення нового генофонду овець м'ясного напрямку продуктивності для розведення в умовах півдня України. При цьому в якості материнських використовуються асканійська м'ясо-вовнова та асканійська тонкорунна породи, в якості батьківських породи (генотипи) імпортової селекції: тексель, дорпер, меріноландшаф [1]. Уже отримано помісне поголів'я різних варіантів схрещування та різної кровності за батьківськими породами. При цьому з'являється інтерес щодо відмінностей у рівні поліморфізму генів алельних білкових локусів та генетичної диференціації різних новостворюваних популяцій у порівнянні з чистопорідними материнськими. Цим і пояснюється мета нашої роботи.

Мета статті. Висвітлити результати досліджень стосовно встановлення особливостей генетичної структури новостворюваних популяцій овець у порівнянні з материнським генофондом за параметрами поліморфних білкових систем крові трансферину та гемоглобіну.

Матеріал і методи досліджень. Селекційно-племінна робота зі створення нового генофонду овець здійснюється на базі дослідного господарства Інституту тваринництва «Асканія-Нова», де і проведено відповідно поставленої мети дослідження генетичних структур різних популяцій овець за рівнем поліморфізму білків крові трансферину (Tf) та гемоглобіну (Hb). В аналізі задіяні групи овець асканійської м'ясо-вовнової породи (AMB – n=369 гол.) та порід тексель (Т – n= 145), вандей (В – n=63), дорпер (Д – n=61). Рівень поліморфізму зазначених білкових локусів визначався методом горизонтального електрофорезу на крохмальному гелі. З використанням отриманих результатів типування тварин розраховувалася частота алелів та концентрація генотипів за кожним локусом, фактична (H_0) та теоретично очікувана ступінь

гетерозиготності (H_e), рівень поліморфності локусу (n_e), індекс фіксації Райта (F_{is}), коефіцієнт інформаційного змісту (PIC), величина генетичної рівноваги популяції за Харді-Вайнбергом (χ^2) з використанням комп'ютерної програми GenAILEx 6,5 [2].

Результати досліджень. При створенні нового генофонду овець м'ясного напрямку продуктивності методом складного ввідного схрещування основною материнською визначено асканійську м'ясововнову породу. В експериментальних дослідженнях для встановлення найбільш оптимального варіанту схрещування в якості батьківської форми використано плідники порід тексель, вандей та дорпер. На сьогодні уже є матеріали таких схрещувань і проводиться селекційно-генетичний аналіз отриманих результатів. При цьому особливий інтерес викликає питання наскільки нові генотипи овець відрізняються між собою та у порівнянні з материнською породою за рівнем поліморфізму білкових локусів, трансферину та гемоглобіну.

В таблиці 1 наведено концентрацію різних гомо- та гетерозиготних сполучень зазначених систем крові і показано, що найбільшим різноманіттям за системою трансферину відрізняється група тварин материнської породи. Із 15 теоретично можливих в цьому середовищі виявлено 14 генотипів, а серед помісей з текселем та вандеєм – 12. Найменшою мінливістю за цим показником відрізняється група помісних тварин варіанту AMBxD – $n=8$. Стосовно концентрації окремих генотипів, то серед чистопородного генофонду абсолютну перевагу отримали гетерозиготи TfAB (21,14%) та TfBD (20,05%) і гомозигота TfBB (31,71%). Сумарна їх кількість склала 72,9%. Ці ж генотипи найбільш часто зустрічалися і в групах AMBxB ($\Sigma=52,13\%$), AMBxT (75,84%).

За системою гемоглобіну в асканійській м'ясововновій породі та групі AMBxB ідентифіковано по три генотипи, а у двох інших помісних групах по два, відсутній гомозиготний генотип HbAA. За концентрацією в усіх генофондах привалює гомозигота HbBB, від 70,62% до 88,97%. Гомозиготний генотип HbAA зустрічається досить рідко, з частотою 1,59; 1,62%.

Щодо міжгрупових відмінностей за концентрацією генотипів, то найбільш яскрава різниця спостерігається за гомозиготами TfBB та TfDD і гетерозиготами TfAB, TfCD. Наприклад, концентрація гетероаріанта TfBD серед помісей AMBxD склала 40,9%, а серед інших 20,05 – 28,97% ($p<0,001$); гомоаріанта TfBB серед груп AMB, AMBxT – 31,71%; 37,2%, а серед двох інших – 11,48%; 14,29% ($p<0,001$).

Певний рівень міжпопуляційної диференціації має місце і за частотою прояву алелів поліморфних локусів (табл. 2). Так, відносно системи трансферину для всіх генотипів однаковою рисою є перевага у розповсюдженні алельного гена Tf^B, від 0,398 серед тварин групи АМВхВ до 0,583 – АМВхТ, а суттєва відмінність спостерігається за частотою другого за кількісною характеристикою алеля Tf^D.

Таблиця 1. Концентрація генотипів білкових систем в популяціях овець різного походження

Система	Генотип	Популяція							
		АМВ		АМВхВ		АМВхД		АМВхТ	
		n	%	n	%	n	%	n	%
Tf	AA	15	4,06	1	1,59	1	1,64	1	0,69
	AB	78	21,14	10	15,87	10	16,39	14	9,65
	AC	6	1,63					1	0,69
	AD	32	8,67			6	9,84	15	10,34
	AE	1	0,27	1	1,59			1	0,69
	BB	117	31,71	9	14,29	7	11,48	54	37,24
	BC	5	1,36	1	1,59			2	1,38
	BD	74	20,05	17	26,98	25	40,98	42	28,97
	BE	7	1,90	4	6,35	1	1,64	3	2,07
	CC	3	0,81	2	3,17				
	CD	7	1,90	6	9,52			2	1,38
	CE	1	0,27						
	DD	21	5,69	8	12,70	10	16,39	9	6,21
DE	2	0,54	2	3,17	1	1,64	1	0,69	
EE	1	0,27	2	3,17					
Hb	AA	6	1,62	1	1,59				
	AB	103	27,76	16	25,40	14	22,95	16	11,03
	BB	262	70,62	46	73,01	47	77,05	129	88,97

Таблиця 2. Частота алелів білкових локусів в групах чистокровних та помісних тварин

Система	Алель	Популяція			
		АМВ	АМВхВ	АМВхД	АМВхТ
Tf	A	0,199	0,103	0,148	0,114
	B	0,539	0,398	0,410	0,583
	C	0,033	0,087	-	0,017
	D	0,213	0,325	0,426	0,269
	E	0,016	0,087	0,016	0,017
Hb	A	0,155	0,143	0,115	0,055
	B	0,845	0,857	0,885	0,945

Якщо серед чистопородного генофонду його частота складає 0,213, то серед помісей варіанту схрещування АМВхВ – 0,325, а серед АМВхД – 0,426 ($p < 0,01-0,001$). Тобто, в процесі схрещування ці тварини у своєму генотипі при успадкуванні надали перевагу саме цьому алельному гену. За іншими алелями цього локусу вірогідні міжгрупові відмінності відсутні.

Щодо системи гемоглобіну то увагу привертає лише популяція помісних тварин варіанту АМВхТ, у якому на відміну від інших певна відмінність спостерігається за алелями саме цього локусу. Якщо у трьох інших групах, наприклад, частота Hb^A варіює в межах 0,115-0,155, то у виділеній групі лише 0,055, тобто майже у два рази нижче. Це також напевно пов'язано з особливостями успадкування новими генотипами певних ознак росту та розвитку організму.

Стосовно комплексних популяційно-генетичних параметрів (табл. 3) досліджених популяцій овець та за коефіцієнтом фактичного рівня гетерозиготності високополіморфного Tf локусу вищою генетичною мінливістю відрізняється новостворений генофонд помісних тварин варіанту АМВхД ($H_0=0,705$). На відміну помісна група овець АМВхТ має суттєво нижчий рівень цього показнику, особливо за системою гемоглобіну ($H_0=0,110$). Тобто, залежно від походження генетична мінливість помісних популяцій на відміну від контрольного материнського генофонду суттєво варіює як за Tf-, так і за Hb-локусом.

Таблиця 3. Рівень популяційно-генетичних параметрів у популяціях овець різного походження

Популяція	Популяційно-генетичний параметр					
	H_0	H_e	РІС	n_e	Fis	χ^2
Трансферин						
АМВ	0,572	0,623	0,569	2,65	0,08	36,13
АМВхВ	0,635	0,710	0,663	3,45	0,10	26,11
АМВхД	0,705	0,628	0,552	2,69	-0,12	3,53
АМВхТ	0,552	0,574	0,514	2,35	0,04	8,53
Гемоглобін						
АМВ	0,277	0,262	0,227	1,35	-0,06	1,33
АМВхВ	0,254	0,245	0,215	1,32	-0,04	0,09
АМВхД	0,229	0,203	0,183	1,25	-0,13	1,02
АМВхТ	0,110	0,103	0,098	1,11	-0,07	0,50

Наступним популяційно-генетичним параметром, використаним у нашому дослідженні, є рівень поліморфності локусу (n_e), котрий показує число ефективних алелей локусу. За п'ятиалельного стану трансферину максимальна величина цього показника рівняється п'яти. У нашому прикладі ближче до максимального рівня знаходиться група генотипів АМВхВ (3,45), а найбільш віддалено – АМВхТ (2,35). За двухалельного стану системи гемоглобіну, як і за рівнем гетерозиготності найменшою мінливістю відрізняється помісна група АМВхТ ($n_e=1,11$). Тобто і цей популяційно-генетичний параметр засвідчує про наявність певної генетичної дивергенції новостворених генофондів різного походження.

Цікавою у сучасних генетичних дослідженнях є величина інформаційного поліморфізму (polymorphism information content – PIC), котрий визначає здатність маркера встановлювати поліморфізм в популяції залежно від виявлених алелей та розподілу їх частот [3]. Цим самим ця величина еквівалентна генному різноманіттю. Нами встановлено, що групи нових генотипів овець на стадії становлення та розвитку залежно від походження мають різну ступінь інформаційного поліморфізму, за Tf-локусом від 0,514 до 0,663, за Hb – локусом від 0,098 до 0,215. При цьому в середовищі материнського генофонду величина цього параметру за Tf-локусом займає середнє положення (0,569), а за Hb-локусом максимальне (0,227). Таким чином, виходячи з отриманих даних для оцінки генетичного різноманіття новостворених генотипів овець краще підходять високополіморфні гени, зокрема білка трансферина, оскільки володіють більшою інформативністю порівняно з низькополіморфними.

Індекс фіксації Райта (Fis) кількісно вказує на нестачу або надлишок фактичної гетерозиготності порівняно з теоретично очікуваною. Стосовно величини цього параметру за окремими білковими локусами встановлено різноспрямований напрям його розподілу. Якщо за системою гемоглобіну в усіх без виключення популяціях спостерігається лівостороннє відхилення коефіцієнту Fis, то за Tf-локусом, окрім групи овець варіанту АМВхД, в трьох інших має місце правостороннє відхилення. Хоча в усіх випадках величина цього параметру має досить низькі значення з коливанням від -0,04 до +0,12. Тобто, судячи з отриманих даних, суттєвого домінуючого впливу на структуру популяцій генотипів одного чи іншого поліморфного локусу крові не встановлено.

Порівняння фактичної і теоретичної гетерозиготності використовують також для встановлення стану генетичної рівноваги популяції за Харді-Вайнбергом. В цьому контексті показано

порушення генетичного балансу в групі чистопородного генофонду АМВ та помісного АМВхД за параметрами лише системи трансферину ($\chi^2=36,1; 26,1$). Тобто система селекційного відбору та підбору в цьому випадку спричиняє певний тиск на структуру цих популяцій.

Окрім наведених вище результатів, виходячи з особливостей генетичної структури досліджених популяцій овець розраховано індекси генетичних дистанцій між ними (табл. 4).

Таблиця 4. Індеси генетичних дистанцій між дослідженими популяціями

Порода	АМВ	АМВхВ	АМВхД
АМВхВ	0,0847		
АМВхД	0,1106	0,0698	
АМВхТ	0,0896	0,1208	0,1137

Встановлено, що більш генетично схожими між собою є помісні вівці АМВхВ та АМВхД ($d=0,0698$). Популяція чистопородної асканійської м'ясо-вовнової породи характеризується середнім значенням індексу генетичних дистанцій з помісним поголів'ям АМВхВ та АМВхТ ($d=0,0847 - d=0,0896$). А найбільш генетично відмінними між собою виявилися: помісі АМВхТ та АМВхВ ($d=0,1208$), АМВхТ та АМВхД ($d=0,1137$) та чистопородні вівці асканійської м'ясо-вовнової породи з помісями АМВхД ($d=0,1106$).

Більш наочно генетичні взаємовідносини поміж дослідженими породами відображає кластерний аналіз з побудовою дендрограми. На рисунку 1 показано, що чотири різних генетичних груп овець утворюють два кластери першого порядку, кожен з яких представлений певними генофондами. Зокрема, кластер А утворюють породи асканійської м'ясо-вовнової х вандей та асканійської м'ясо-вовнової х дорпер ($d=0,0698$), кластер Б – асканійська м'ясо-вовнова та помісі асканійська м'ясо-вовнова х тексель ($d=0,089$). Породи кластеру А разом з породами кластеру Б утворюють кластер В ($d=0,107$). Все це підтверджує відносну генетичну диференціацію різних за походженням генофондів овець.

Висновки. Встановлено, що у досліджених популяціях овець гени білків крові трансферину і гемоглобіну знаходяться у поліморфному стані. Залежно від походження рівень поліморфності цих локусів має свої особливості, які відображають стан генетичної структури стад на стадії становлення.

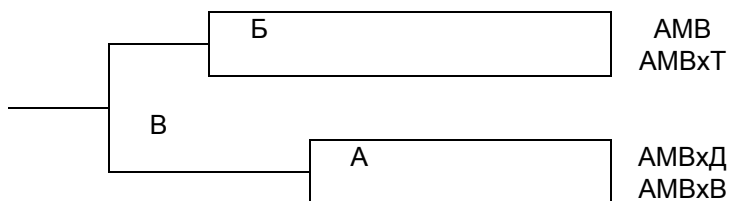


Рисунок 1. Дендрограма генетичних взаємин між різними групами овець за поліморфними білковими локусами крові

На певних етапах селекційно-племінної роботи при виведенні нових генотипів генофонду овець м'ясного напрямку продуктивності відбуваються генетико-автоматичні процеси, результатами яких є певна міжпопуляційна диференціація за окремими параметрами поліморфних локусів білків крові тварин, особливо системи трансферину. Зокрема показано, що за індексами генетичної дистанції більш схожими з материнською породою виявилися генофонди помісей AMBxB та AMBxT.

Список використаної літератури

1. Вороненко В. І., Польська П. І., Кудрик Н. А. та ін. Генофонди тварин асканійської селекції. ОЛДІ ПЛЮС, 2021, С. 120–138.
2. Reekall R., Stouse P. 2012. Gen ALEx G. 5: genetic analysis in Exsel. Population genetics soytware for teaching and research-an up date. *Bioinformatics*/ 28 (19). 1: 2537-9. doi: 10:1093/bioinformatics/ bts 460.
3. Чесноков Ю.В., Артемьев А.М. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия. *Сельскохозяйственная биология*. 2015. №5. С. 571-578. doi: 10. 1538/agrobiologiy. 2015. 5.571 rus.

References

1. *Henofondy tvaryn askaniiskoi selektsii [The Animals' Gene Pools of the Ascanian selection]*. (2021). Voronenko, V.I., Polska, P.I., & Kudryk, N.A. "et al." (Eds.). (pp. 120–138). Kherson: OLDI PLUS [in Ukrainian].
2. Reekall R., Stouse P. 2012. Gen ALEx G. 5: genetic analysis in Exsel. Population genetics soytware for teaching and research-an up date. *Bioinformatics*/ 28 (19). 1: 2537-9. doi: 10:1093/bioinformatics/ bts 460.
3. Chesnokov, Yu. V., & Artyem'yev A.M. (2015). Otsenka myery informatsionnogo polimorfizma geneticheskogo raznoobraziya [The evaluation of the genetic diversity informational polymorphism measure]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya - Agricultural Biology*, 5, 517–578 [in Russian].