

ОСОБЛИВОСТІ ДИНАМІКИ ГЕНЕТИЧНОЇ ІНФОРМАЦІЇ В ПОПУЛЯЦІЇ ОВЕЦЬ АСКАНІЙСЬКОГО МЕРИНОСУ

**В. М. Іовенко, К. В. Скрепець,
Г. І. Рукавнікова, Г. О. Яковчук, Д. С. Харічев**
ascitsr_zavviddilgenetic@ukr.net

Інститут тваринництва степових районів імені М. Ф. Іванова
«Асканія-Нова» - Національний науковий селекційно-генетичний
центр з вівчарства
вул. Соборна, 1, смт Асканія-Нова, Чаплинський р-н,
Херсонська обл., 75230, Україна

Досліджено особливості генетичної структури популяції овець асканійської тонкорунної породи племзаводу «Асканія-Нова» Херсонської області, що склалися в процесі мікроеволюції впродовж останніх 34 років їх розведення, за розподілом генетичних маркерів поліморфних локусів транспортних білків трансферину та гемоглобіну.

В результаті довготривалого моніторингу генетичної структури дослідженої популяції встановлено суттєві зміни у концентрації окремих генотипів та алелів двох поліморфних систем, пов'язаних, перш за все, з процесом австралізації в певний період розвитку дослідженого генофонду овець. Окрім цього, динамічність структури стада пояснюється чисто випадковими, стохастичними процесами, обумовленими тим, що в обмеженій вибірці має місце похибка, котра міняє вірогідність передачі концентрацій алелей з покоління в покоління, тобто генетико-автоматичними процесами.

Ключові слова: вівці, генетична структура, поліморфізм, гемоглобін, трансферин.

FEATURES of THE DYNAMICS of GENETIC INFORMATION in the POPULATION of ASKANIAN MERINO SHEEP

**V. M. Iovenko, K. V. Skrepets, H. I. Rukavnikova,
H. O. Iarovchur, D. S. Kharichev**
ascitsr_zavviddilgenetic@ukr.net

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, Ascania Nova, Chaplynka district,
Kherson region, 75230, Ukraine

The population of Ascanian fine-fleeced breed sheep breeding farm "Ascania Nova" Kherson region was studied in terms of features of the genetic structure of the distribution of genetic markers polymorphic loci transport proteins of transferrin and hemoglobin. The studied features have appeared in the course of microevolution over the past 34 years of breeding these animals.

As a result of long-term monitoring the genetic structure study population the significant changes in the concentrations of individual genotypes and alleles of both polymorphic systems were established. These changes are associated primarily with the process of crossing Askanian and Australian sheep breeds. In addition, the dynamics of the herd structure is explained by stochastic processes, that are caused by the error which exists in the limited sample and this error changes the probability of transmission the concentration of alleles from generation to generation. That is the genetic - automatic process.

Keywords: sheep, genetic structure, polymorphism, hemoglobin, transferrin.

ОСОБЕННОСТИ ДИНАМИКИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИНФОРМАЦИИ В ПОПУЛЯЦИИ ОВЕЦ АСКАНИЙСКОГО МЕРИНОСА

**В. Н. Иовенко, К. В. Скрепец,
Г. И. Рукавникова, А. А. Яковчук, Д. С. Харичев**
ascitsr_zavviddilgenetic@ukr.net

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

Популяция овец асканийской тонкорунной породы племзавода «Аскания-Нова» Херсонской области исследована с точки зрения особенностей генетической структуры по распределению генетических маркеров полиморфных локусов транспортных белков трансферрина и гемоглобина. Исследованные особенности сложились в процессе микроэволюции на протяжении последних 34 лет разведения данных животных.

В результате длительного мониторинга генетической структуры исследуемой популяции установлены существенные изменения в концентрации отдельных генотипов и аллелей обеих полиморфных систем. Данные изменения связаны, прежде всего, с процессом скрещивания асканийских и австралийских пород овец. Кроме этого, динамичность структуры стада объясняется стохастическими процессами, обусловленными тем, что в ограниченной выборке имеет место ошибка, которая меняет вероятность передачи концентраций аллелей из поколения в поколение, то есть генетико-автоматический процесс.

Ключевые слова: овцы, генетическая структура, полиморфизм, гемоглобин, трансферрин.

Впродовж останніх 34 років генетична структура популяції овець асканійської тонкорунної породи племзаводу "Асканія-Нова" знаходилася під постійним моніторингом за характеристиками окремих поліморфних білкових локусів крові. За цей час під впливом селекційного пресингу відбулися певні фенотипові та генотипові зміни тварин стада. Зокрема, дістали позитивного розвитку кількісні та якісні параметри основних продуктивних ознак овець, особливо зазнала змін вовнова продуктивність. І що дуже важливо, поряд зі зростанням настригу вовни, суттєво покращилася її якість.

Звичайно, поряд з позитивною динамікою фенотипових ознак в межах популяції відбулися і певні зміни її генетичної структури за молекулярно-генетичними маркерами, не дивлячись на те, що в процесі селекції ці маркери цілеспрямовано не враховувалися селекціонерами при відборі та підборі особин різних генотипів.

Які ж генетичні зміни відбулися в популяції впродовж зазначеного

періоду ми і намагалися показати у цій роботі за результатами тривалого моніторингу з використанням особливостей поліморфізму транспортних білків крові тварин.

Матеріал і методика досліджень. Матеріалом досліджень слугували племінні вівці асканійської тонкорунної породи дослідного господарства "Асканія-Нова". Порівняльний аналіз генетичної структури стада проведено між групами тварин з інтервалом у 34 роки, на початку досліджень (1982-1986 рр – I група) і на сьогодні (2013-2016 рр – II група).

Генотип овець щорічно визначали за системами трансферину (Tf) та гемоглобіну (Hb) методом горизонтального електрофорезу на крохмальному гелі.

Особливості генетичної структури стада визначали за алгоритмами, викладеними у працях Животовського [1] та Меркурєвої [2]. При цьому обраховували частоту генотипів і алелів поліморфних локусів, рівень гомозиготності популяції (Ca), ступінь поліморфності локусу (Na), тест гетерозиготності (Т. Г.), індекс генетичної схожості, рівень генетичної рівноваги популяції.

Результати досліджень. На початковому етапі досліджень поліморфізму систем гемоглобіну і трансферину було встановлено, що Hb-локус контролюється двома аутосомними алелями (Hb^A, Hb^B), котрі утворюють три генотипи (табл. 1, 2). На той час суттєву перевагу в популяції мав генотип HbBB (75,8%) та відповідно алель Hb^B (0,896). За локусом трансферину було ідентифіковано 21 генотип, які контролювалися 6 кодомінантними алелями (I, A, B, C, D, E). При цьому, основу стада складали всього два генотипи, Tf AA (23,6%) та TfAD (27,5%). Частка інших гомо- та гетерозигот знаходилася в межах 0,1-8,8%. Звідси за частотою прояву лідируючу позицію займав алель Tf^A (0,477), далі Tf^D, Tf^C, Tf^I, Tf^B, Tf^E.

На сьогодні склад досліджених локусів не змінився, але відбувся суттєвий перерозподіл частот окремих генотипів та алельних генів. Так, за системою гемоглобіну концентрація гомозиготи HbAA зростає з 1,9% до 13,1%, а гетерозиготи HbAB з 22,3 до 50,4% (P<0,001). Паралельно кількість тварин з гомозиготою HbBB знизилася більше ніж у 2 рази, з 75,8% до 36,5% (P<0,001). Відповідно змінилася і частота прояву альтернативних алелів цього локусу, Hb^A з 0,130 до 0,383; Hb^B з 0,870 до 0,617 (P<0,001).

Разучі зміни встановлено і за системою трансферину, особливо за розподілом генотипів, до складу яких входять два основних алеля. Зокрема, в процесі розвитку популяції спостерігалось постійне поступове із покоління в покоління зростання частоти алеля Tf^D через

накопичення окремих генотипів (BD, DD) і паралельно зниження концентрації алеля Tf^A через процес елімінації генотипів IA, AA, AC, AD. В першому випадку кількість генотипів з алелем Tf^D зростає з 49,2% до 76,0%, у другому – з алелем Tf^A знизилася з 71,7% до 32% (P<0,001).

Таблиця 1. Генетична структура стада овець асканійської тонкорунної породи в різні періоди розвитку

Локус	Генотип	I група				II група			
		Nф	%	Nт	χ^2	Nф	%	Nт	χ^2
Hb	AA	41	1,9	36,7	0,5	74	13,1	83,0	1,0
	AB	481	22,2	489,5	0,1	286	50,4	268,0	1,2
	BB	1638	75,8	1633,8	0,0	207	36,5	216,0	0,4
		2160	100	2160	0,6	567	100	567	2,6
Tf	II	13	0,6	11,9	0,1	1	0,2	0,4	0,0
	IA	143	6,6	153,1	0,7	3	0,5	5,8	0,8
	IB	9	0,4	9,8	0,1	4	0,7	4,6	0,0
	IC	41	1,9	36,9	0,6	1	0,2	2,2	0,2
	ID	95	4,4	93,2	0,0	20	3,5	17,0	0,5
	IE	7	0,3	4,1	2,1	1	0,2	0,6	0,0
	AA	510	23,6	491,7	0,7	26	4,6	20,2	1,7
	AB	67	3,1	63,1	0,2	25	4,4	31,7	1,4
	AC	209	9,7	237,0	3,3	17	3,0	14,9	4,2
	AD	596	27,5	598,3	0,0	109	19,2	117,2	0,6
	AE	26	1,2	26,2	0,0	6	1,1	4,0	0,0
	BB	3	0,2	2,0	0,1	21	3,7	12,4	6,0
	BC	12	0,6	15,2	0,7	7	1,2	11,7	1,9
	BD	37	1,7	38,4	0,1	86	15,2	92,0	1,0
	BE	1	0,1	1,7	0,0	5	0,9	3,1	0,5
	CC	37	1,7	27,4	3,4	5	0,9	2,7	1,2
	CD	146	6,8	142,8	0,1	45	7,9	43,3	0,0
	CE	5	0,2	6,3	0,3	-	-	1,5	0,0
	DD	191	8,8	182,0	0,4	176	31,0	170,0	0,2
	DE	11	0,5	15,9	1,5	9	1,6	11,5	0,5
EE	1	0,1	0,3	0,1	-	-	0,2	0,0	
	Σ	2160	100	2160	14,5	567	100	567	20,7

Відповідно при аналізі частоти прояву окремих алельних генів встановлено зміну їх розташування від найбільшої частоти до найменшої у такому порядку: D, A, B, C, I, E. В першу чергу суттєво змінилося розповсюдження двох основних алелів Tf^A та Tf^D, котрі замінили один одного у визначеному напрямку. На перше місце вийшов алель Tf^D (0,548), на друге – Tf^A (0,189).

Аналіз частот алелів двох локусів у ряду суміжних поколінь показав, що за більшістю алельних генів існують чисто випадкові зміни у їх концентрації. Тобто у цьому випадку має місце генетико-автоматичні процеси. Проте, на їх фоні через спрямований вектор відбору окремих генотипів спостерігається чітка динаміка росту концентрації одних основних алелів локусу і поступова елімінація інших, їм альтернативних.

Таблиця 2. Частота алелів поліморфних локусів в різні періоди розвитку популяції

Група	Локус/Алель							
	Hb		Tf					
	A	B	I	A	B	C	D	E
I	0,13 0	0,87 0	0,07 4	0,47 7	0,03 1	0,11 3	0,29 3	0,01 2
II	0,38 3	0,61 7	0,02 7	0,18 9	0,14 8	0,07 0	0,54 8	0,01 8

Більш вірне судження відносно особливостей структури популяції дає комплексний аналіз із застосуванням декількох популяційно-генетичних методів, оскільки кожний з них має свою специфіку у вивченні генетичної мінливості стада і одночасно певні обмеження (табл.3).

Таблиця 3. Результати комплексного аналізу генетичної структури популяції в різні періоди існування

Локус	n	Розподіл генотипів	Показники гетерозиготності					Ca	Na
			гетерозигот, n	гомозигот, n	K	T. Г.	частка гетерозигот, %		
I група									
Hb	2160	емп.	481	1679	0,286	-0,01	22,3	0,774	1,29
		теор.	489,5	1670,5	0,293				
Tf	2160	емп.	1505	655	2,298	+0,278	65,0	0,333	3,00
		теор.	1444,7	715,3	2,020				
II група									
Hb	567	емп.	286	268,0	1,067	+0,127	50,4	0,527	1,92
		теор.	281	299,0	0,940				
Tf	567	емп.	229	205,9	1,112	+0,176	59,6	0,364	2,75
		теор.	338	361,1	0,936				

Перш за все було обраховано індекс генетичної схожості досліджених генерацій овець і встановлено, що сучасна популяція досить суттєво відрізняється від такої 30 років тому. Значення генетичної відстані за високополіморфною системою трансферину на сьогодні сягнуло величини 0,484, що свідчить про високу динамічність в процесі мікроеволюції популяції овець асканійської тонкорунної породи.

При аналізі генетичної збалансованості популяції за параметрами використаних у дослідженнях поліморфних локусів порушення генетичної рівноваги в різні часи розвитку стада не встановлено. Тобто генетико-автоматичні процеси підтримують популяцію асканійських меринів в стані генетичної рівноваги.

Відносно рівня генетичної мінливості стада, то за Hb-локусом ступінь гетерозиготності за зазначений період зріс більше, ніж у два рази і на сьогодні склав 0,473. На відміну, за іншим білком (Tf) величина цього генетичного параметру майже не змінилася (0,667-

0,636). Тобто в процесі розвитку популяції вектор відбору був спрямований на підтримку гетерозиготного генотипу HbAB, що підтверджує тест гетерозиготності. Якщо на початку досліджень його величина мала від'ємне значення (-0,01), то на кінець відносно високе позитивне (0,127), що вказує на зростання надлишку гетерозиготних генотипів на сьогодні за цим локусом. За системою трансферину також встановлено перевагу за кількістю гетерозигот над гомозиготами, але при цьому спостерігається динаміка до зниження величини T. G. з 0,217 до 0,176.

Показником рівня поліморфності локусу (Na) є величина, котра характеризує кількість ефективних алелів, діючих в популяції. За цим генетичним параметром встановлено цікаву картину. Так, на початковому етапі досліджень величина Na за Hb-локусом рівнялася 1,29 при максимальному теоретичному рівні 2,0. На сьогодні ж цей показник наближається до граничної величини і складає 1,92, що свідчить про суттєве зростання рівня поліморфізму системи гемоглобіну.

На відміну, за Tf-локусом при максимальному значенні Na=6 як на початку досліджень, так і на кінець величина цього показника залишається у два рази нижчою теоретичного максимуму (3,0 та 2,75). Тобто в популяції ефективно діючим є лише три алеля цього поліморфного білка.

Таким чином, в процесі мікроеволюції в популяції меринів овець асканійської селекції відбулися певні генетичні зміни. З чим це пов'язано і яким чином їх можна пояснити?

Перш за все, на встановлені зміни суттєво вплинув процес схрещування асканійських вівцематок з австралійськими баранами. За

даними деяких дослідників в структурі поліморфізму Tf-локусу австралійських мериносів, які розводяться на батьківщині, суттєву перевагу має алель Tf^D (0,630) [3]. Частота ж альтернативного алеля Tf^A значно нижча (0,250). За системою гемоглобіну на час наших досліджень концентрація алеля Hb^A у мериносових овець Австралії сягала величини у 380% [4]. Тобто за обома локусами має місце картина, близька до визначеної нами у сучасній структурі асканійської породи овець. Напевно, зі зміною кількісних і якісних параметрів продуктивності відбулася певна перебудова генетичної сутності організму асканійської вівці, зокрема за алельними генами окремих транспортних поліморфних білків крові.

Тосовно ж системи гемоглобіну, то внутрішньопопуляційні зміни можна пояснити окрім селекційних факторів іншим біологічним феноменом. Відомо, що гемоглобін з алелем Hb^A має вищу спорідненість з киснем, ніж з альтернативним Hb^B [4]. При цьому, в напрямку зростання існуючої залежності окремі генотипи за рівнем концентрації розташовуються наступним чином: BB, AB, AA. Тобто, найвищу спорідненість з киснем має генотип HbAA. Виходячи з викладеного можна зробити такий висновок – продовж 30-літнього періоду популяція овець пройшла певний етап розвитку, від асканійської тонкорунної породи зразка М. Ф. Іванова через австралізацію до сучасного таврійського типу. Як уже наголошувалося, за цей час відбулися певні перебудови організму тварин, що призвело до зростання окремих якісних і кількісних параметрів їх продуктивності. А синтез любого продукту пов'язаний з обміном кисню та підвищенням рівня окислювально-відновлювальних процесів. Виходячи з цієї тези, напевно зростання концентрації генотипів з алелем Hb^A певним чином обумовлене процесом змін якісних характеристик вівцевої продуктивності овець цього генофонду.

Подібна залежність можливо має місце і з іншим білком, трансферином, котрий здійснює транспорт іонів заліза в організмі тварини, оскільки суттєві зміни в структурі популяції відбулися лише за двома із шести алелів. Адже відомо [5], що цей білок з різними алельними варіантами має різну активність зв'язування атомів заліза, який, в свою чергу, є компонентом багатьох окислювальних ферментів (близько 70), що беруть участь у метаболізмі організму вівці, зокрема покращують стан волоссяного покриву тварини.

Висновки. З використанням результатів довготривалого моніторингу генетичної структури популяції овець асканійської тонкорунної породи встановлено суттєві зміни у концентрації окремих генотипів та алелів поліморфних систем гемоглобіну і трансферину, пов'язані, перш за все, з процесом австралізації в певний період розвитку дослідженого генофонду овець. Окрім цього, динамічність структури

стада пояснюється і чисто випадковими, стохастичними процесами, обумовленими тим, що в обмеженій вибірці має місце похибка, котра міняє вірогідність передачі концентрацій алелей з покоління в покоління, тобто генетико-автоматичними процесами.

Список використаної літератури

1. Животовский Л. А. Популяционная биометрия / Л. А. Животовский. – М.: Наука, 1991. – № 2. – 271 с.
2. Меркурьева Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве / Е. К. Меркурьева. – М.: Колос, 1977. – 240 с.
3. Глазко В. И. Биохимическая генетика овец / В. И. Глазко. – Новосибирск, Наука, 1985. – 168 с.
4. Егоров Е. А. Генетические системы белков крови овец / Е. А. Егоров. – Ташкент, Фан, 1973. – 226 с.
5. Ряболова Е. В. Показатели обмена железа у лошадей с разными типами трансферрина: автореф. дисс. на соискание науч. степени канд. с.-х. наук: спец. 03.009.13 «Физиология человека и животных» / Е. В. Ряболова. М. – 2000. – 19 с.