

## ГЕНЕТИКА ТА ВІДТВОРЕННЯ

УДК 636.082.11

### **РЕЗУЛЬТАТИ МОНІТОРИНГУ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ПОПУЛЯЦІЇ ОВЕЦЬ АСКАНІЙСЬКОГО ТИПУ БАГАТОПЛІДНОГО КАРАКУЛЮ**

**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, Чаплинський р-н,  
Херсонська обл., 75230, Україна  
e-mail: ascitsr\_priemnaya@ukr.net

Надійшла 10.05.2019

**Мета.** Дослідження генетичної структури популяції багатоплідних каракульських овець асканійської селекції у довготривалому часовому періоді за розподілом маркерів білкових локусів крові. **Методи.** Молекулярно-генетичні, популяційно-генетичні, біометричні. **Результати.** За матеріалами довготривалого моніторингу (10 поколінь), з використанням комплексу популяційно-генетичних методів досліджено особливості генетичної структури популяції овець асканійського типу багатоплідного каракулю за розподілом маркерів поліморфних локусів транспортних білків гемоглобіну та трансферину. При цьому встановлено низький рівень динаміки генетичної інформації протягом дослідженого періоду розведення цього стада овець та відсутність вірогідного впливу штучного добору особин на структуру популяції за молекулярно-генетичними параметрами. Наведений результат обумовлений також відсутністю суттєвих відмінностей в ряду генерацій за ступенем гетерозиготності, рівнем поліморфності локусів, високою генетичною схожістю поколінь. А та різниця, що мала місце в концентрації окремих алелів та генотипів, пояснюється генетико-автоматичними процесами, тобто часто випадковими, стохастичними змінами, обумовленими тим, що в обмеженій сукупності особин, до якої відноситься стадо асканійських

багатоплідних овець, присутня похибка, котра міняє вірогідність передачі концентрацій алелей з покоління в покоління. **Висновки.** Основний висновок полягає в тому, що моніторинг популяції овець асканійського типу багатоплідного каракулю впродовж тривалого мікроеволюційного періоду (10 поколінь) не виявив суттєвих змін в її генетичній структурі. Концентрація маркерів білкових локусів крові за час спостереження не зазнала вірогідних коливань, ступінь гетерозиготності популяції за Hb- та Tf-локусами їх рівень поліморфності майже не змінився. А ті зміни, що спостерігалися за окремими генотипами та алелями в певні роки аналізу, обумовлені, на наш погляд, генетико-автоматичними процесами.

**Ключові слова:** вівці, популяція, генетична структура, поліморфізм, гемоглобін, трансферин, алель, генотип.  
DOI: 10.33694/2415-3958-2019-1-4-125-134

## **THE RESULTS of MONITORING the GENETIC STRUCTURE of the SHEEP POPULATION the ASCANIAN TYPE of PROLIFICACY KARAKUL SHEEP**

**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.** The investigation of the genetic structure the Ascanian selection Prolificacy Karakul sheep population on the distribution of protein blood loci markers over a long time period. **Methods.** Molecular genetics, population genetic, biometric. **Result.** The peculiarities of the genetic structure of a population the Ascanian Type Prolificacy Karakul breed of sheep by the polymorphic loci markers distribution by the results of long-term monitoring (10 generations) were studied. For this purpose, a complex of population genetic markers of hemoglobin and transferrin transport proteins was used. At the same time, a low level of genetic in-

formation dynamics was established during the studied period of breeding this sheep flock and the lack of a reliable effect the individual's artificial selection on the population structure by molecular genetics parameters. The presented result is also due to the following factors: the lack of significant differences in the series of generations in the degree of heterozygosity and the level of polymorphism of the loci; high genetic similarity of generations. And those differences that occurred in the concentration of individual genotypes and alleles are explained by automatic genetic processes. That is, often random, stochastic changes, due to the fact that in a limited set of individuals, to which a herd of Ascanian Prolificacy sheep belong, an error is present. This error changes the probability of transferring the allele's concentration from generation to generation. **Conclusions.** The main conclusion is that monitoring the population of Ascanian type sheep of the prolificacy Karakul for a long microevolutionary period (10 generations) did not reveal significant changes in its genetic structure. The concentration of protein blood loci markers during the observation period did not have significant fluctuations. The degree of heterozygosity for Hb and Tf loci and the level of their polymorphism almost did not change. And those changes that took place in individual genotypes and alleles in certain years of analysis are due, in our opinion, to genetic-automatic processes.

**Keywords:** sheep, population, genetic structure, polymorphism, hemoglobin, transferrin, allele, genotype  
DOI: 10.33694/2415-3958-2019-1-4-125-134

## **РЕЗУЛЬТАТЫ МОНИТОРИНГА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИИ ОВЕЦ АСКАНИЙСКОГО ТИПА МНОГОПЛОДНОГО КАРАКУЛЯ**

**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 многоплодных каракульских овец асканийской селекции по распределению маркеров белковых локусов крови в течение длительного временного периода. **Методы.** Молекулярно-генетические, популяционно-генетические, биометрические. **Результаты.** По результатам длительного мониторинга (10 поколений), с использованием комплекса популяционно-генетических маркеров исследованы особенности генетической структуры популяции овец асканийского типа многоплодного каракуля по распределению маркеров полиморфных локусов транспортных белков гемоглобина и трансферрина. При этом установлен низкий уровень динамики генетической информации на протяжении исследованного периода разведения данного стада овец и отсутствие достоверного влияния искусственного отбора особей на структуру популяции по молекулярно-генетическим параметрам. Представленный результат обусловлен также отсутствием существенных отличий в ряду генераций по степени гетерозиготности, уровню полиморфности локусов, высоким генетическим сходством поколений. А те различия, которые имели место в концентрации отдельных генотипов и аллелей, объясняются генетико-автоматическими процессами, то есть часто случайными, стохастическими изменениями, обусловленными тем, что в ограниченной совокупности особей, к которой относится стадо асканийских многоплодных овец, присутствует ошибка, которая меняет вероятность передачи концентрации аллелей из поколения в поколение. **Выводы.** Главный вывод заключается в том, что мониторинг популяции овец асканийского типа многоплодного каракуля на протяжении длительного микроэволюционного периода (10 поколений) не выявил существенных изменений в ее генетической структуре. Концентрация маркеров белковых локусов крови за время наблюдения не имела достоверных колебаний. Степень гетерозиготности по Hb- и Tf-локусам и уровень их полиморфности почти не изменились. А те изменения, которые имели место по отдельным генотипам и аллелям в определенные годы анализа, обусловлены, на наш взгляд, генетико-автоматическими процессами.

**Ключевые слова:** овцы, популяция, генетическая структура, полиморфизм, гемоглобин, трансферрин, аллель, генотип.  
**DOI: 10.33694/2415-3958-2019-1-4-125-134**

Останніми роками інтенсивне скорочення поголів'я овець у країні веде до повної втрати окремих генофондів, які є національним над-

банням. Схрещування з імпортними породами не вирішує проблеми відновлення та розвитку галузі вівчарства в Україні, оскільки цей селекційний прийом призводить до втрати цінних особливостей місцевих порід, збільшення кількості захворювань, у тому числі й спадково обумовлених, генетичної уразливості особин. Тому актуальним є оцінка генетичних структур вітчизняних порід овець, їх моніторинг з використанням молекулярно-генетичних маркерів.

Кожна порода або популяція характеризується певною генетичною структурою. Однорідність за фенотипом тварин не передбачає однорідності в генетичній структурі. Чим більш досконала порода, тим глибші знання потрібні про її генетичні особливості. Зазвичай під генетичною структурою породи розуміють сукупність частот генотипів і алелів поліморфних локусів. Це є основою для зіставлення порівнювальних популяцій. При цьому, через використання багатьох локусів можлива ситуація, коли популяції є близькими за частотами алелів одного локусу і значно відрізняються за генними концентраціями іншого. У таких випадках використовують інтегральну характеристику, яка відображає схожість або відмінність популяцій за всіма вивченими маркерами – індекси генетичної схожості, або генетичної дистанції.

Вивчення генетичної структури популяції за молекулярно-генетичними маркерами передбачає: паспортизацію тварин, оцінку генних частот та частот генотипів, визначення генетичної рівноваги, ступеня гетерозиготності популяції і рівня поліморфності на локус, оцінку внутрішньо- та міжпородної диференціації.

В цьому контексті нами проведено дослідження генетичної структури популяції овець асканійського типу багатоплідного каракулю за результатами тривалого моніторингу.

**Матеріал та методи досліджень.** Дослідження проведені на вівцях асканійського типу багатоплідного каракулю племзаводу «Асканія-Нова» Херсонської області ( $n=772$ ). Порівняльний аналіз генетичної структури стада здійснено між двома групами тварин з інтервалом у 10 поколінь (30 років). Перша група – 1988 рік, друга група – 2018 рік. Аналіз проведено за системами гемоглобіну (Hb) і трансферину (Tf), поліморфізм котрих визначався методом горизонтального електрофорезу на крохмальному гелі. При цьому розраховувалися частоти генотипів і алелів, фактичний і теоретичний розподіли генотипів, ступінь гетерозиготності (Ca), рівень поліморфності локусу (Na), тест гетерозиготності (Т.Г.), генетична збалансованість популяції за Харді-Вайнбергом ( $\chi^2$ ) за алгоритмами, викладеними у працях Животовського [1] та Меркур'євої [2].

**Результати досліджень.** Розвиток продуктивних та відтворювальних ознак овець асканійського типу багатоплідного каракулю

впродовж останніх десятиліть здійснювався в умовах закритої популяції методами чистопорідної селекції із застосуванням класичних засобів добору, відбору та аналізу спадкового матеріалу. Паралельно, починаючи з 1988 року, лабораторією імуногенетики Інституту «Асканія-Нова» проводився моніторинг генетичної інформації в цій популяції овець за даними поліморфізму двох транспортних білків крові, гемоглобіну та трансферину. Встановлено, що як на початковому етапі, так і протягом усього періоду досліджень поліморфізм цих білкових локусів детермінувався однаковою кількістю алельних генів. Зокрема, структура системи гемоглобіну включає два алеля ( $Hb^A$ ,  $Hb^B$ ) та три генотипи: A/A, A/B, B/B (табл. 1).

**Таблиця 1. Генетична структура популяції овець асканійського типу каракулю в різні періоди розвитку**

Локус	Генотип	I група, 1988 р.				II група, 2018 р.			
		Nф	%	Nт	$\chi^2$	Nф	%	Nт	$\chi^2$
Hb	AA	11	2,4	15,0	1,07	5	1,6	5,6	2,19
	AB	144	31,2	136,4	0,42	74	23,9	72,4	0,03
	BB	307	66,4	310,6	0,04	231	74,5	232,0	0,00
	$\Sigma$	462	100	462	1,53	310	100	310	2,22
Tf	AA	1	0,2	2,7	0,53	4	1,3	6,3	0,80
	AB	19	4,1	18,6	0,02	43	13,9	33,9	2,44
	AC	25	5,4	19,6	1,49	10	3,2	8,4	0,30
	AD	21	4,5	24,4	0,47	25	8,1	30,8	1,09
	AE	3	0,7	2,9	0,00	3	1,0	3,3	0,00
	BB	40	8,7	30,3	3,10	47	15,2	45,2	0,07
	BC	50	10,8	66,0	3,88	6	1,9	21,5	11,17
	BD	81	17,5	82,4	0,02	84	27,1	82,2	0,04
	BE	7	1,5	9,7	0,75	10	3,2	8,8	0,16
	CC	43	9,3	36,3	1,24	9	2,9	2,6	15,75
	CD	86	18,6	89,5	0,14	22	7,1	19,6	0,29
	CE	11	2,4	10,6	0,01	-	-	2,1	0,00
	DD	58	12,6	55,6	0,10	37	11,9	37,3	0,00
	DE	11	3,7	13,4	0,43	10	3,2	8,0	0,50
$\Sigma$	462	100	462	12,8	310	100	310	32,61	

При цьому, абсолютну перевагу у розповсюдженні мав алель  $Hb^B$  (0,820) та відповідно гомозигота B/B – 66,4% (табл.2).

Локус трансферину контролювався і контролюється 5 альтернативними алельними варіантами (A, B, C, D, E). Починаючи з першого дослідження і на сьогодні в популяції присутні 14 генотипів із 15 теоретично можливих. Не виявлено лише одного рідкісного генотипу – гомозиготи EE. Стосовно частоти алелів та концентрації генотипів

**Таблиця 2. Частота алелів поліморфних локусів у популяції асканійських каракульських овець**

Група	Локус/Апель						
	Нь		Тf				
	А	В	А	В	С	Д	Е
I	0,180	0820	0,076	0,256	0,279	0,347	0,041
II	0,135	0,865	0,143	0,382	0,091	0,347	0,037
г	0,980		0,905				

типів, то спочатку основу популяції складали три алеля:  $Tf^B$ ,  $Tf^C$ ,  $Tf^D$  ( $\Sigma=0,882$ ). Їх відносно висока частота була обумовлена високою концентрацією генотипів В/С (10,8%); ВD (17,5%); CD (18,6%); DD (12,6%). На сьогодні до основних замість  $Tf^C$  увійшов алель  $Tf^A$  з частотою прояву 0,143. Тобто, впродовж останніх 30 років селекція, що здійснювалася в господарстві, сприяла накопиченню алельного гена  $Tf^A$  і поступовій елімінації  $Tf^C$ .

В цілому за тридцятиріччя існування структура популяції зазнала певних змін. Так, за Нь-локусом концентрація основного генотипу В/В зростає з 66,4% до 74,5% ( $p<0,01$ ), а гетерозиготи А/В, навпаки, зменшилися з 31,2% до 23,9% ( $p<0,001$ ).

Відбулися певні зміни і за Тf-локусом. Зокрема, розповсюдження гомозиготи С/Д знизилася з 18,6% до 7,1%, а В/С з 10,8% до 1,9%. За іншими алельними варіантами зміни менш контрастні.

Більш точну характеристику структури популяції дає комплексний аналіз із застосуванням ряду популяційно-генетичних методів, оскільки кожен з них має свою специфіку у з'ясуванні генетичних особливостей стада і одночасно певні обмеження (табл. 3).

Відносно рівня генетичної мінливості популяції, то за Нь-локусом ступінь гетерозиготності за визначений період часу знизився всього на 6,1%, з 0,295 до 0,234. Різниця не вірогідна. За системою трансферину, навпаки, встановлено незначне зростання величини цього параметру, з 0,728 до 0,742. Тобто, в процесі мікроеволюції за першим локусом спостерігається тенденція до зниження генетичної мінливості популяції багатоплідних каракульських овець, за другим – до підвищення.

Крім цього, при порівнянні структури популяції за індексом генетичної схожості в різні часи існування за обома локусами встановлено високий рівень подібності,  $G_{Нь} = 0,980$ ;  $G_{Тf} = 0,905$ .

Стосовно співвідношення кількості гетерозигот до кількості гомозигот, то за гемоглобіном в обидва періоди аналізу встановлено певний надлишок гетерозиготних генотипів по відношенню до гомози-

**Таблиця 3. Мікроеволюційні зміни генетичної структури популяції каракульських овець в різні часи розвитку**

Локус	n	Розподіл гено-типів	Популяційно-генетичні параметри					T.G.	Na
			гетерозигот, n	гомозигот, n	K	H	частка гомозигот, %		
<b>I група</b>									
Hb	462	факт.	144	318	0,453	0,295	31,2	0,036	1,42
		теор.	136	326	0,417				
Tf	462	факт.	320	142	2,253	0,728	69,3	-0,443	3,68
		теор.	337	125	2,696				
<b>II група</b>									
Hb	310	факт.	74	236	0,314	0,234	23,9	0,012	1,31
		теор.	72	238	0,302				
Tf	310	факт.	213	97	2,196	0,742	69,7	-0,211	3,87
		теор.	219	91	2,407				

гетерозиготних (T.G.=0,036; 0,012), а за трансферином, навпаки, надлишок гомозиготних генотипів (T.G = -0,443; -0,211).

При співставленні фактичного і теоретичного розподілу генотипів в абсолютній більшості встановлено високий рівень їх збігу, що в черговий раз свідчить про відсутність тиску штучного добору на генетичну структуру популяції і наявність в ній генетичної рівноваги.

Наступним популяційно-генетичним параметром є рівень поліморфності локусу (Na), що характеризує кількість ефективних алелів, діючих в популяції за тією, чи іншою системою. При двохалельному стані локусу, наприклад Hb, максимальне значення цього параметра рівняється двом, при п'ятиалельному стані (Tf) – п'яти. В нашому дослідженні рівень поліморфності гемоглобіну в різні періоди складав 1,42 та 1,31; трансферину – 3,68; 3,86. Тобто, в обох випадках величина зазначеного показника далека від максимального значення і впродовж останніх 30 років не зазнала суттєвих змін, що свідчить про збалансований поліморфізм цих білків крові асканійських каракульських овець.

Подібні дослідження свого часу нами були проведені і на вівцях асканійської тонкорунної породи, де встановлено значну динаміку генетичної інформації протягом тридцятирічного періоду їх розведення. Встановлено, що виявлені зміни в генетичній структурі популяції обумовлені процесом удосконалення цього генофонду овець шляхом схрещування їх з австралійським мериносом, що, в кінцевому підсумку призвело не тільки до позитивної зміни продуктивних ознак, а й до розвитку молекулярно-генетичних властивостей [3]. На



відміну від асканійських мериносів каракульські багатоплідні вівці розводяться і удосконалюються в умовах закритої популяції, в якій відсутня міграція генів. Тому й має місце низький рівень змін концентрації окремих алелів та генотипів поліморфних білкових локусів.

А причиною руху частоти окремих алелів всередині популяції слугують часто випадкові, стохастичні процеси, пов'язані з тим, що в обмеженій вибірці при формуванні кожного наступного покоління завжди має місце помилка, що змінює вірогідність передачі концентрацій алелей [4]. Величина цих помилок знаходиться у зворотній залежності від розмірів популяції. Тому, для розвитку генетичної структури популяції багатоплідних каракульських овець бажана міграція відповідних генів із зовні, що створить потоки генів і сприятиме «освіжінню крові» через насичення певними алельними генами. При цьому, в генетичному плані в результаті змішування популяцій будуть відбуватися процеси, прямо протилежні тим, котрі на сьогодні характеризують ізольованість дослідженого генофонду.

**Висновки.** Основний висновок полягає в тому, що моніторинг популяції овець асканійського типу багатоплідного каракулю впродовж тривалого мікроеволюційного періоду (10 поколінь) не виявив суттєвих змін в її генетичній структурі. Концентрація маркерів білкових локусів крові за час спостереження не зазнала вірогідних коливань, ступінь гетерозиготності популяції за Hb- та Tf-локусами їх рівень поліморфності майже не змінився. А ті зміни, що спостерігалися за окремими генотипами та алелями в певні роки аналізу, обумовлені, на наш погляд, генетико-автоматичними внутрішньопопуляційними процесами.

### Список використаної літератури

1. Животовский Л. А. Популяционная биометрия. Москва : Наука, 1991. 271 с.
2. Меркурьева Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве. Москва : Колос, 1977. 240 с.
3. Іовенко В. М., Скрепець К. В., Рукавнікова Г. І, Харічев Д. С. Особливості динаміки генетичної інформації в популяції овець асканійського мериносу. *Вівчарство та козівництво*. Нова Каховка, 2017. Вип. 2. С. 206–214.
4. Дубинин Н. П. Общая генетика. Москва : Наука, 1986. 560 с.

### References

1. Zhivotovskiy, L. A. (1991). *Populyatsionnaya biometriya [Population biometrics]*. Moscow: Nauka [in Russian].

2. Merkuryeva, E. K. (1977). *Geneticheskie osnovy seleksii v skotovodstve* [Genetic basis of selection in the cattle breeding]. Moscow: Kolos [in Russian].
3. Iovenko, V. M., Skrepets, K. V, Rukavnikova, H. Kharichev, & D., I S. (2017). Osoblyvosti dynamiky henetychnoi informatsii v populiatsii ovets askaniiskoho merynosu [The peculiarities of the genetic information dynamics in the Ascanian Merino sheep population]. Yu. V. Vdovychenko (Eds.), *Vivcharstvo ta kozivnytstvo – Sheep Breeding and Goat Breeding: professional thematic scientific collection*. (Issue 3), (206–214). Nova Kakhovka: “PYEL”.
4. Dubinin, N. P. (1986). *Obshchaya genetika* [General Genetics]. Moscow: Nauka [in Russian].