

## **ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНУ KRT 1.2 У ОВЕЦЬ РІЗНОГО ПОХОДЖЕННЯ**

**В. М. Іовенко**, доктор сільськогосподарських наук,  
професор

ORCID ID: 0000-0002-0829-7844

**К. В. Скрепець**, кандидат сільськогосподарських наук

ORCID ID: 0000-0002-8873-3801

**Г. О. Яковчук**

ORCID ID: 0000-0002-2141-8540

**Г. І. Рукавнікова**

ORCID ID: 0000-0001-6009-6583

**І. М. Свістула\***, аспірант

ORCID: 0000-0002-7981-7923

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: svistulavanja@gmail.com*

На сьогодні у багатьох країнах світу все більшого поширення набувають дослідження з геномної селекції сільськогосподарських тварин, тому можливість проведення відповідних робіт безпосередньо зі спадковим матеріалом є актуальною.

У вівчарстві в контексті розвитку вовнової продуктивності особливого значення набувають дослідження рівня поліморфізму кератинових білків (KRT). Проведені нами дослідження на вівцях асканійської тонкорунної (АТП, n=48), асканійської м'ясо-вовнової (АМВП, n=25) та асканійської каракульської (АКП, n=45) порід у племзаводі «Асканія-Нова» Херсонської області одного з них, а саме: KRT1.2 показали, що ген, який контролює цей білок, є поліморфним і детермінується двома алелями: KRT1.2<sup>M</sup>, KRT1.2<sup>N</sup>, що утворюють три генотипи: KRT1.2M/M, KRT1.2M/N, KRT1.2N/N.

За результатами ПЛР–ПДРФ аналізу встановлено, що фрагмен-

---

\*Науковий керівник: Іовенко Василь Миколайович, доктор с.-г. наук, професор, Заслужений діяч науки і техніки України.

ти дослідженого локусу мають довжину 159 та 100 п. н. для тварин з генотипом KRT1.2M/M; 259, 159 і 100 п. н. для гетерозигот KRT1.2M/N та 259 п. н. – для KRT1.2 гомозиготного N/N генотипу. Крім того, у кожному зразку присутні фрагменти довжиною 126 та 95 п. н.

Серед досліджених порід найбільшу частку складають носії гомозиготного генотипу KRT1.2M/M – це 56,3% в середовищі тварин асканійської тонкорунної, 64,4% – асканійської каракульській та 58,5 – у овець асканійської м'ясо-вовнової породах. Наступним за розподілом виявився гетерозиготний генотип KRT1.2M/N – 39,6% в АТП, 31,1% в АКП та 37,2 у АМВП. Найнижчою концентрацією відрізняється гомозиготний варіант KRT1.2N/N: 4,2, 4,5 та 4,2 % відповідно.

Стосовно алельних варіантів, то незалежно від напряму продуктивності порід найбільш розповсюдженим виявився алель KRT1.2<sup>M</sup>, частота якого в групах досліджених тварин коливалася від 0,740 до 0,800. Альтернативний йому алель KRT1.2<sup>N</sup> зустрічається зі значно меншою концентрацією – 0,200 - 0,260.

Для більш детального порівняльного генетичного аналізу популяцій овець вітчизняної селекції були обраховані популяційно-генетичні параметри, що характеризують структуру порід. У результаті виявлено, що досліджені генофонди мають майже однаковий рівень гетерозиготності, а саме: асканійська каракульська  $H = 0,322$ ; асканійська тонкорунна  $H = 0,361$ ; асканійська м'ясо-вовнова порода  $H = 0,384$ .

Також встановлено, що вівці АМВП характеризуються порівняно високим рівнем поліморфності локусу, що виражається ефективною кількістю алелей ( $N_a=1,63$ ) та показником рівня реалізації можливої мінливості ( $V=40,08$ ), на відміну від порід АТП ( $N_a = 1,57$ ;  $V = 37,21$ ) та АКП ( $N_a = 1,47$ ;  $V = 32,73$ ).

Разом з тим, за величиною показників середньої кількості генотипів на локус ( $\mu$ ) та частки рідкісних морф ( $h_\mu$ ) будь-яких міжпородних відмінностей не спостерігалось.

Також при порівнянні фактичного розподілу генотипів з теоретично очікуваним в усіх досліджених популяціях відповідно до закону Харді-Вайнберга не виявлено вірогідних відхилень частот прояву різних генотипів, про що свідчать низькі значення  $\chi^2$  (0,03-0,51). Тобто в породах овець асканійської селекції відсутні порушення генетичної рівноваги, а існуючі селекційні заходи не мають суттєвого впливу на стан генетичної структури стад за цим геном.

За проведеними розрахунками індексів генетичних дистанцій між цими генофондами із застосуванням алгоритму Nei M. більш

генетично схожими між собою виявилися вівці асканійської тонкорунної та асканійської м'ясо-вовнової порід ( $D=0,0283$ ), а суттєві генетичні відмінності спостерігаються між вівцями асканійської каракульської та асканійської тонкорунної породи ( $D=0,0566$ ).

В подальшому отримані дані будуть використані при дослідженні асоціацій між маркерами гену KRT1.2 та рівнем розвитку вовнової продуктивності овець тонкорунного та напівтонкорунного характеру вовнового покриву.