

## **ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК У ПОПУЛЯЦІЯХ ОВЕЦЬ АСКАНІЙСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ**

**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

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: anna10jakovchuk@gmail.com*

Вченими-селекціонерами Інституту тваринництва степових районів «Асканія-Нова» створено високопродуктивні генофонди овець різного напрямку продуктивності. На сучасному етапі розвитку вівчарства стає актуальною та має широке впровадження маркер-асоційована селекція (MAS), що дає змогу працювати безпосередньо із спадковим матеріалом. В даному контексті було досліджено генетичні особливості генофондів овець асканійської селекції з використанням поліморфізму окремих генів кількісних ознак, зокрема на вівцях асканійської тонкорунної (АТП, n=31), асканійської м'ясо-вовнової (АМВП, n=22), асканійської каракульської (АКП, n=46) порід та помісей асканійської тонкорунної х тексель (АТПхТ, n=40), що розводяться в племзаводі «Асканія-Нова» Херсонської області. Досліджено генетичну структуру популяцій овець за варіантами структурних генів: гормону росту (GH), калпастатину (CAST), міостатину (MSTN), бурула (FecB), кісткового морфогенетичного білку (BMP15). В усіх досліджених групах вівці характеризуються поліморфним станом двох локусів: GH та CAST, та мономорфним - локусів MSTN, FecB та BMP 15.

Ген GH представлений двома з трьох теоретично можливих генотипів: G/G (366 п.н. та 56 п.н.) та A/G (422 п.н., 366 п.н. та 56

п.н.), генотип A/A (422 п.н.) не виявлено. Найбільшу частку серед досліджених популяцій складають носії гомозиготного генотипу GH G/G – це 61,8% в середовищі тварин АМВП, 83,3% - в АКП, 95,2% - в середовищі помісних тварин АТПхТ і лише в популяції АТП частка тварин з цим генотипом склала 32,2%. Гетерозиготний генотип складає, відповідно: 38,2% в АМВП, 16,7% в АКП, 67,7% в АТП та лише 4,7% в середовищі помісних тварин АТПхТ. За алельним складом найбільш розповсюдженим виявився алель GH<sup>G</sup>, частка якого коливається від 0,661 в середовищі АТП до 0,976 в АТПхТ, альтернативній йому алель GH<sup>A</sup> зустрічається з концентрацією від 0,024 в АТПхТ до 0,339 в АТП. Ступінь гетерозиготності популяцій за локусом GH найвища в популяції тонкоруних овець – 0,448, що пов'язано з найвищим значенням кількості діючих алелів ( $n_e=1,81$ ), найнижча – в групі помісей (0,047). Генофонд АМВП за цими параметрами займає середнє положення,  $n_e=1,18$ ;  $H_E=0,32$ . Індекс фіксації Райта вказує на слабо виражений ексцес гетерозигот за дослідженим геном. Однак в популяції АМВП виявлено надлишок гомозиготних особин ( $F_{is}=-0,052$ ), а в популяції АТП, навпаки, нестачу гетерозигот ( $F_{is}=0,437$ ). Характерна відсутність порушення генетичної рівноваги у всіх чотирьох досліджених популяціях, де коливання значення індексу  $F_{is}$  знаходяться в межах рівноваги та вказують на низький рівень тиску племінної роботи на структуру стад овець за вказаним QTL-геном.

Ген CAST, маючи довжину ампліфікованого фрагменту 622 п.н., після рестрикції (*Msp*1) представлений трьома генотипами: M/M (336 п.н. та 286 п.н.), M/N (622 п.н., 336 п.н. та 286 п.н.) та генотип N/N (622 п.н.). Генотипи детермінуються двома алелями CAST<sup>M</sup> та CAST<sup>N</sup>. Три можливі генотипи виявлені лише в середовищі АКП. В інших групах відсутня гомозигота N/N. Абсолютну перевагу отримав гомозиготний генотип M/M від 66,7% (АТП) до 90,9% (АМВП). Відповідно, частота алелю CAST<sup>M</sup> знаходиться на рівні 0,826 - 0,955, алелю CAST<sup>N</sup> – 0,045 (АМВП) – 0,174 (АКП). При порівнянні фактичної та теоретичної гетерозиготності встановлене повне співпадіння величин в усіх досліджених групах овець. Звідси значення індексу  $F_{is}=0$ ., що свідчить про низький рівень штучного відбору за цим локусом на даному етапі племінної роботи зі стадами досліджуваних овець. Значення  $\chi^2$  у межах 0,0-0,48 свідчать про те, що популяції знаходяться в стані генетичної рівноваги. Отримані значення популяційно-генетичних параметрів близькі до таких за гормоном росту та узгоджуються з характеристиками інших генофондів овець зарубіжного походження.

Розраховані індекси генетичної відстані між генофондами овець української селекції вказують на найбільшу близькість між групами тварин м'ясного напрямку продуктивності – АМВП та помісні вівці

( $d=0,005$ ), величини дистанцій між іншими групами значно більші та знаходяться в межах 0,019 – 0,129.

При дослідженні поліморфізму гену Бурула (FecB) з використанням рестриктази Avall в усіх досліджених популяціях овець виявлено лише один фрагмент, довжиною 190 п.н., що відповідає гомозиготному генотипу +/- і цей генотип відноситься до дикого типу.

За поліморфізмом гену кісткового морфогенетичного білка 15 (BMP15) (рестриктаза Mph11030), також ідентифіковано один гомозиготний генотип нормального дикого типу +/+, хоча за цим геном можна виявити два алельні варіанти +та А. При цьому алель А характеризується наявністю мутації FecX<sup>1</sup> в положенні 299, що призводить до заміни амінокислот Val на Asp (T>A). У особин з генотипом +/- після рестрикції проявляється два фрагменти, довжиною 152 та 204 п.н. В генотипі А/А сайт рестрикції для рестриктази Mph11030 відсутній, а присутній нерестрикційний продукт ампліфікації розміром 356 п.н. Гетерозиготи А/+ відрізняються наявністю трьох фрагментів – 152, 204 та 356 п.н. В цілому популяції овець України різного напрямку продуктивності характеризуються мономорфним станом гену BMP15.

У досліджених популяціях мономорфним виявився і локус гену міостатину (MSTN). Продукт ампліфікації при використанні рестриктази HaeIII складає 337 п.н. (гомозигота М/М). У гетерозигот м/М виявляють фрагменти, довжиною 337, 131, 123 та 83 п.н., у гомозигот м/м - три: 131, 123 та 83 п.н. Таким чином, у овець досліджених генотипів за локусом MSTN не виявлено мутації, яка визначає підвищення маси м'язової тканини тварин.

Аналіз генетичних взаємовідносин між дослідженими генотипами засвідчив, що існує певний зв'язок між вектором продуктивності стад овець та їх молекулярно-генетичними параметрами. Так, у напрямку від тонкорунних тварин до м'ясних частоти окремих генотипів і алелів змінюються. Наприклад, концентрація гетерозиготного генотипу А/Г гену гормону росту зростає від 0,0% до 38,2%, а алеля А від 0,083 до 0,191. Разом з цим, жива маса тонкорунних ягнят з генотипом А/Г при народженні становила 4,5 кг, а з гомозиготним генотипом Г/Г – 4,9 кг. ( $p<0,001$ ) Тобто, останній є генетично пов'язаним з рівнем м'ясної продуктивності овець. Аналогічну залежність встановлено і в середовищі молодих овець асканійської каракульської породи. За розподілом варіантів поліморфних локусів найбільш близькими між собою є генотипи асканійської м'ясо-вовнової породи і помісних тварин, що пояснюється однаковим напрямом їх продуктивності. При цьому всі популяції за дослідженими локусами знаходяться в стані генетичної рівноваги.