

## ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА ОКРЕМИХ ПОПУЛЯЦІЙ ГІРСЬКОКАРПАТСЬКИХ ОВЕЦЬ

*Т. В. Чокан, кандидат сільськогосподарських наук  
Інститут біології тварин НААН*

*С. І. Тарасюк, доктор сільськогосподарських наук, професор,  
член-кореспондент НААН  
Інститут рибного господарства НААН*

*Досліджено генетичну структуру внутрішньопородних груп гірськокарпатських овець із різним кольором вовнового покриву, що відтворюється на території Карпатського регіону, за використання молекулярно-генетичних маркерів. Виявлено структуру генофонду, яка характерна для груп овець різної селекції. Показано зміни розподілу частот алелей залежно від зони розведення та кольору вовнового забарвлення досліджених популяцій.*

***Генетична структура, гірськокарпатські вівці, маркери, розведення, генотип, фенотип.***

Обумовлений цілою низкою факторів стабільний стан популяцій значною мірою залежить від генетичної структури. Адаптація виду відбувається на рівні популяцій, що становлять вид, а їхня генетична мінливість визначає такі найважливіші властивості, як кількість, продуктивність, тривалість життя, стійкість до хвороб тощо [1].

Породоутворення, виникнення породних асоціацій, міжгенних взаємодій, формування генетичних параметрів різноманітності, збереження генетичної мінливості у вітчизняних породах овець залишаються маловивченими областями генетики видів domestikованих тварин. Для планового ведення селекційної роботи та ефективного використання генетичних ресурсів, галузь вівчарства потребує постійного генетичного контролю племінного матеріалу. Постає необхідність застосування сучасних методів дослідження генетичної структури порід овець, які утримуються в господарствах різних форм власності й використовуються як у виробництві так і в селекційній роботі [2].

Ведення вівчарства у гірських районах Карпат має свою специфіку, яка полягає у тому, що на даній території є можливість розведення практично лише гірських порід овець, зокрема української гірськокарпатської (УГК). Ця порода добре адаптована до місцевих умов, вовново-молочно-м'ясо-овчинного виробничого напрямку продуктивності, із живою масою вівцематок 30–40, баранів – 50–60 кг [3].

**Мета дослідження** – вивчення генетичної структури гірськокарпатських овець із різним кольором вовнового забарвлення за використання молекулярно-генетичних маркерів.

**Матеріали та методи досліджень.** Досліджували генетичну структуру гірськокарпатських овець із різним кольором вовнового забарвлення: білим, сірим і чорним. Матеріал відбирали від повновікових вівцематок та племінних баранів із низинної зони розведення СФГ «Салдобош» с. Стеблівка Хустського району (вівцематок – 115, баранів – 6 голів) та гірської зони – СФГ «Банський» с. Луг, Рахівського р-ну Закарпатської області (вівцематок – 115, баранів – 5 голів).

Для вивчення генетичної структури різних груп овець виконано аналіз генетично детермінованого поліморфізму таких генетико-біохімічних систем: транспортні білки — TF (трансферин), PTF-2 (посттрансферин), Hb (гемоглобін), рецептор до вітаміну D (GC D), ферменти внутріклітинного метаболізму – 6-фосфоглюконатдегідрогеназа 6-PGD (К.Ф.1.1.1.44.), глюкозо-6-фосфатдегідрогеназа G-6-PD (К.Ф.1.1.1.49.), ферменти метаболізму екзогенних субстратів – Es естерази плазми: арилестераза (К.Ф.3.1.1.2.), аденілкіназа АК (К.Ф.2.7.4.3.), креатинкіназа КК (К.Ф.2.7.3.2.), гексокіназа GK (К.Ф.2.7.1.1.), ферменти циклу Кребса – малатдегідрогеназа MDH (К.Ф.1.1.1.37.), ферменти гліколізу – фосфоглюкомутаза PGM (К.Ф.2.7.5.1.), фермент метаболізму пуринових основ – пуриннуклеозидфосфорилаза PN (К.Ф.2.4.2.1.).

Дослідження проводили на еритроцитах і плазмі крові. Кров для досліджень брали з яремної вени в пробірки з гепарином, центрифугували (3000 об., 15 хв.), після чого відбирали плазму. Еритроцити промивали тричі фізрозчином. Поліморфізм білків і ферментів оцінювали за допомогою методів електрофоретичного розділення білків у крохмальному гелі (13–14 %) у горизонтальних камерах із наступним гістохімічним фарбуванням [4, 5]. Алельні варіанти спектра транспортних білків виявляли методом вертикального електрофорезу в поліакриламідному гелі, за Ganne [6]. Математичне опрацювання даних (розрахунки генетичних відстаней за методом М. Нея, оцінка генної рівноваги відповідно до закону Харді-Вайнберга, кластерний аналіз, дендрограма генетичних відстаней) виконували за допомогою комп'ютерної програми "BIOSYS-1" [7].

**Результати досліджень.** За результатами аналізу 13 досліджених генетико-біохімічних систем мономорфними виявилися: MDH, PGM, АК, КК, GK, 6-PGD, G-6-PD.

Під час аналізу генетичної структури у досліджених груп овець виявлено локуспецифічні особливості будови генетичної структури (табл.1).

У піддослідних овець встановлено генетично детермінований поліморфізм за такими генетико-біохімічними системами: гемоглобіну, трансферину, пуриннуклеозидфосфорилази, арилестерази та рецептора до вітаміну D.

При дослідженні локусу гемоглобіну (Hb) спостерігали два алельні варіанти: Hb A та Hb B, які відрізняються за електрофоретичною рухливістю у крохмальному гелі. Суттєвої міжгрупової різниці за цими алельними варіантами не виявлено, хоча найчастіше варіант Hb B (0,738) був у тварин СФГ «Банський» із чорним кольором вовни. За локусом трансферину (Tf) виявлено 5 алельних варіантів: Tf A, Tf B, Tf C, Tf D, Tf E.

Найбільшу генну частоту за локусом TF C було відзначено у тварин СФГ «Салдобош» із білою вовною — 0,451, тоді як частота Tf A становила 0,073. За локусом посттрансферину-2 виявлено два алельні варіанти — pTf F і Tf S, за якими суттєвої міжгрупової різниці не спостерігалось. За локусом пуриннуклеозидфосфорилази виявлено два алельні варіанти: з високою (H) і низькою активністю (L). Перевага алельного варіанта пуриннуклеозидфосфорилази з високою активністю NP H характерна для тварин СФГ «Банський» з чорною вовною і вона становить 63 %, тоді як у білих овець СФГ «Салдобош» вона становила 29 %.

### 1. Генетична структура досліджених груп овець за поліморфними генетико-біохімічними системами

Локус, алелі	Група тварин					
	СФГ «Салдобош»			СФГ «Банське»		
	Біла вовна	Сіра вовна	Чорна вовна	Біла вовна	Сіра вовна	Чорна вовна
TF	n - 41	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40
A	0,073	0,162	0,237	0,200	0,162	0,213
B	0,207	0,162	0,138	0,213	0,200	0,188
C	0,451	0,425	0,450	0,325	0,400	0,338
D	0,268	0,237	0,162	0,262	0,225	0,250
E	0	0,013	0,013	0	0,013	0,013
PTF-2	n - 41	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40
F	0,707	0,600	0,713	0,662	0,700	0,650
S	0,293	0,400	0,287	0,338	0,300	0,350
HB	n - 41	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40
A	0,488	0,425	0,400	0,412	0,338	0,262
B	0,512	0,575	0,600	0,587	0,663	0,738
EST	n - 41	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40
A	0,814	0,800	0,850	0,825	0,800	0,825
B	0,186	0,200	0,150	0,175	0,200	0,175
GC	n - 41	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40	n - 40
A	0,415	0,463	0,463	0,412	0,425	0,425
B	0,585	0,538	0,538	0,587	0,575	0,575
PN	Фенотип, % n - 41	Фенотип, % n - 40	Фенотип, % n - 40	Фенотип, % n - 40	Фенотип, % n - 40	Фенотип, % n - 40
H	29	45	40	53	58	63
L	71	55	60	47	42	37

За локусом рецептора до вітаміну D виявлено два алельні варіанти — Gc A і Gc B, що відрізняються за електрофоретичною рухливістю в поліакриламідному гелі, і три генотипи — AA, AB, BB. Суттєвої міжгрупової різниці за вищезазначеними алельними варіантами не встановлено.

Використовуючи при фарбуванні суміш субстратів (альфа- і бетанафтилацетату) у різних концентраціях, ми виявили поліморфізм за субстратною специфічністю естерази плазми крові – арилестерази. На фореграмі спостерігали два фенотипи, які різнилися за забарвленням

(червоне – RR та червоно-темно-коричневе – RB). Міжгрупової різниці за алельними варіантами локусу арилестерази не відзначено.

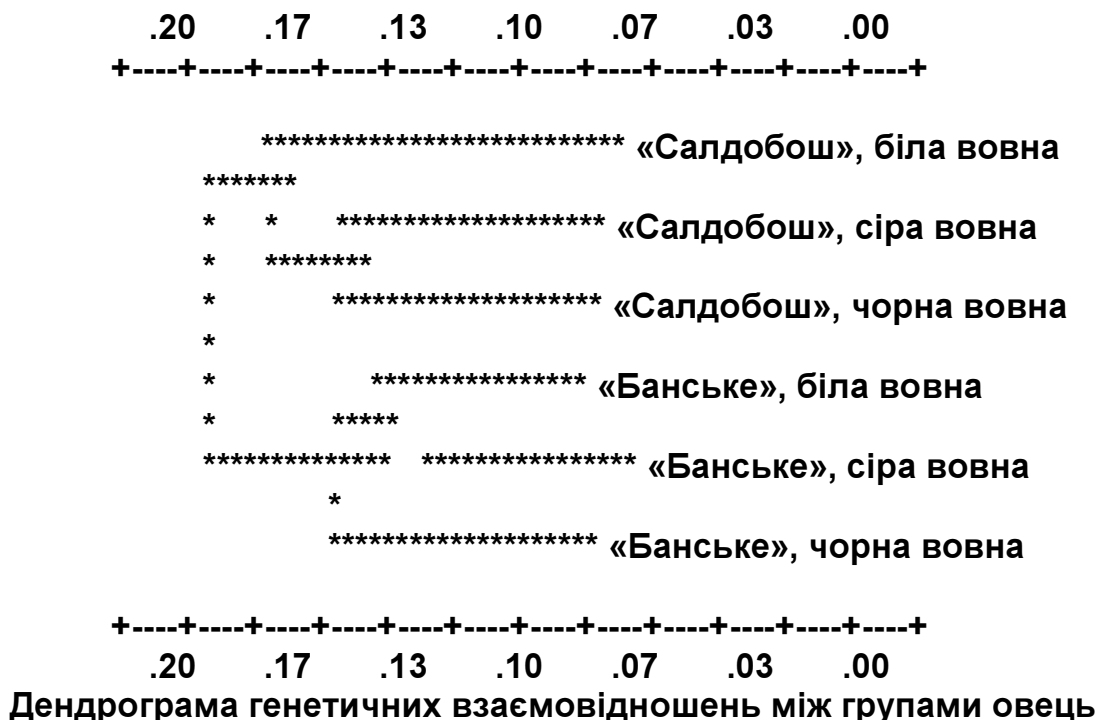
Тоді як частоти алелю гена дозволяють оцінити мінливість генетичної структури у просторі та часі за конкретною ділянкою геному, то значення гетерозиготності характеризує дану локальну популяцію за рівнем генетичної мінливості. Ми розрахували наявну й очікувану гетерозиготність на локус та середню гетерозиготність за всіма дослідженими локусами (табл. 2).

## 2. Рівень середньої гетерозиготності за всіма дослідженими локусами

Групи овець	H за всіма локусами	Колір вовнового забарвлення		
		білий	сірий	чорний
СФГ «Салдобош»	H <sub>фактична</sub>	0,379±0,084	0,446±0,098	0,388±0,087
	H <sub>очікувана</sub>	0,471±0,051	0,505±0,051	0,476±0,059
СФГ «Банське»	H <sub>фактична</sub>	0,425±0,093	0,375±0,081	0,388±0,092
	H <sub>очікувана</sub>	0,497±0,060	0,487±0,055	0,478±0,063

Аналізуючи дані рівня середньої гетерозиготності на локус досліджених груп тварин слід зазначити, що найбільше і найменше значення гетерозиготності було у тварин із чорним кольором вовни. Так, найбільше значення гетерозиготності виявлено за локусом трансферину у овець господарства «Банське» (75,3 %), а найменше – у вівцематок СФГ «Салдобош» за локусом естерази – 25,8 %. Рівень середньої гетерозиготності за всіма дослідженими локусами найбільший (0,446) і найменший (0,375) був у тварин із сірим кольором вовни.

На основі індексу ідентичності побудовано дендрограму, що дозволяє оцінити генетичну спорідненість досліджених груп овець (див. рисунок).



Кластерний аналіз показав, що за генетико-біохімічними системами групи овець розподілилися на два основних кластери. Групи тварин диференціюються за еколого-географічними характеристиками, тобто, основний внесок у формування генетичної структури вносять фактори природного добору. Хоча слід відзначити певну специфіку розподілу генотипів за локусами PTF-2 та пури nukлеотидфосфорилази, які, безперечно, внесли свій доробок у генетичні взаємовідносини між групами. На дендрограмі група білих овець СФГ “Салдобош”, для яких характерна низька частота зустрічальності пури nukлеозидфосфорилази з високою активністю, віддалена від тварин з іншим кольором вовни і утворює окремий кластер.

На закінчення слід відзначити, що систематична племінна робота з поліпшення українських гірськокарпатських овець, за використання молекулярно-генетичних методів розпочата порівняно недавно, тому дослідження в цьому напрямі необхідно продовжувати при залученні якомога більшої кількості тварин. У зв'язку з цим, розробка заходів щодо поліпшення й збереження цієї породи овець нині достатньо актуальна. Використовуючи самців із найбільш типових стад для зворотних схрещувань, у багатьох господарствах можна стабілізувати їх генетичну структуру, а за допомогою молекулярно-генетичних маркерів надалі її контролювати при розведенні або збереженні *in situ*.

### **Висновки**

Отже, з використанням молекулярно-генетичних маркерів – генетико-біохімічних систем, отримано інформацію про генетичну структуру українських гірськокарпатських овець та її розмаїття на геномному рівні. Ці результати свідчать про те, що в її геномі збереглися стійкі генні комплекси, незважаючи на багатоетапну породну гібридизацію, поглинальні й відтворювальні схрещування. На підставі молекулярно-генетичного аналізу визначено внутрішньопородні групи, які мають значний вплив на селекційні процеси всередині породи, а також виявлено популяції, де збереглися найбільш чистопородні та гетерогенні групи локальної породи, які на пряму асоційовані з кольором вовни.

Застосовані нами генетично-статистичні підходи можуть бути використані для моніторингу генетичної структури порід та внутрішньопородних груп овець, для встановлення рівня консолідації та філогенетичних зв'язків між ними, з їх подальшою генетичною паспортизацією.

### **Список літератури**

1. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях / Ю. П. Алтухов. — М. : Академкнига, 2003. — 431 с.
2. Зубець М. В. Методичні аспекти збереження генофонду сільськогосподарських тварин / М. В. Зубець, В. П. Буркат, Ю. Ф. Мельник та ін. ; наук. ред. І. В. Гузев. — К. : Аграрна наука, 2007. — 120 с.
3. Стапай П. В. Гірськокарпатське вівчарство / П. В. Стапай, В. М. Ткачук, Т. В. Чокан. — Львів : Добра справа, 2014. — С. 6–15.

4. Beckman J. S. Molecular marker in the genetic improvement of farm animals / Beckman J. S., Soller M. // *Biotechnology*. – 1987. – V. 5. – P. 573–576.

5. Harris H. Handbook of Enzyme Electrophoresis in Human Genetics / Harris H., Hopkinson D. A. – Amsterdam : North-Holland Publ. Comp. – 1976. – P. 680.

6. Gahne B. Horizontal polyacrylamide gradient gel electrophoresis for the simultaneous phenotyping of transferrin, post-transferrin, albumin and post-albumin in the blood plasma of cattle / Gahne B., Juneja R. K., Grolmus J. – *Anim Blood Group Biochem Genet*. – 1977. – 8. – V. 3. – P. 127–137.

7. Swofford D. L. BIOSYS-1: a Fortran program for the comprehensive analysis of electroforetic data in population genetics and systematic / Swofford D. L., Selander R. B. *J. Heredity*. – 1981. – V. 72. – P. 281–283.

*Проведены исследования генетической структуры внутривидовых групп горнокарпатских овец с разным цветом шерстного покрова, воспроизводимой на территории Карпатского региона, при использовании молекулярно-генетических маркеров. Выявлена структура генофонда, которая характерна для групп овец различной селекции. Показаны изменения распределения частот аллелей в зависимости от зоны разведения и цвета шерстного окраса исследованных популяций.*

***Генетическая структура, украинские горнокарпатские овцы, маркеры, разведение, генотип, фенотип.***

*The specific character of genetic structure interbreed Mountain Carpathian groups of sheep with different color of wool under, the molecular-genetic markers, were studied. Revealed the structure of the gene pool, which is characteristic for different groups of sheep breeding. Shows the change in the distribution of allele frequencies depending on the area of breeding and wool color populations studied.*

***Genetic structure, Mountain Carpathian sheeps, markers, breeding, genotype, phenotype.***