

ДОСЛІДЖЕННЯ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ПОГОЛІВ'Я УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ХУДОБИ ЗА ВИКОРИСТАННЯ STR-ЛОКУСІВ

Р. В. Облап, Н. Б. Новак
ДП «Укрметртестстандарт», лабораторія
молекулярно-генетичних досліджень

Сучасні біотехнологічні та молекулярно-біологічні методи дають змогу проводити комплексний аналіз генетичної структури тварин, виявляти господарськи цінні генотипи, які пов'язані з високими показниками продуктивності, і використовувати отриману інформацію для вирішення різноманітних селекційних завдань. Одним із таких широко розповсюджених методів дослідження генетичної структури організмів є використання молекулярно-генетичних маркерів. Для успішного вирішення сучасних проблем тваринництва, зокрема збереження біорізноманітності, створення нових та поліпшення існуючих порід, необхідно якомога ширше і повніше застосовувати різні типи молекулярно-генетичних маркерів.

Метою даної роботи була оцінка генетичного потенціалу поголів'я української чорно-рябої молочної худоби за використання коротких тандемних повторюваних маркерів (STR-маркерів), які рекомендовано для генетичної паспортизації порід великої рогатої худоби.

Було досліджено 251 тварину чистопорідного поголів'я української чорно-рябої молочної худоби.

Оцінку рівня генетичної диференціації тварин здійснювали методом ДНК-типуювання мікросателітних локусів, відповідно до рекомендацій ISAG і вимог міжнародного комітету з племінних книг (ISBC). Даний метод дає можливість здійснювати генетичну паспортизацію великої рогатої худоби (тварин, породи або генетичної лінії) з вірогідністю 99,9 %.

Статистичну обробку результатів здійснювали за допомогою пакетів комп'ютерних програм «GenAlEx 6.2» та «Cervus 3.0.3». Було визначено такі стандарти показники, як гетерозиготність (H), ефективне число алелей (n_e), індекс вмісту поліморфізму (PIC), інформаційний індекс Шеннона (I) та F-статистика Райта. Достовірність відмінностей середніх значень оцінювали за допомогою F-критерію Фішера, t-критерію та χ^2 .

Внутрішньо-породний поліморфізм великої рогатої худоби української чорно-рябої молочної породи оцінювали за 11-ти мікросателітними локусами, які рекомендовані ISAG/FAO (2004) для проведення міжнародних порівняльних тестів за поліморфізмом ДНК (TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA126, TGLA122, INRA23, ETH3, ETH225, BM1824). Всі 11 досліджених локусів виявились поліморфними з кількістю алелей, що варіювала від 3 до 15. На підставі алельних частот за кожним локусом розраховано інтегральні показники генетичної мінливості. Із 11-ти дослі-

джених локусів лише 6 знаходились у стані рівноваги відповідно до закону Харді-Вайнберга. За локусами ETH3 і TGLA126 ($P < 0,001$), BM2113 і INRA23 ($P < 0,01$), BM1824 ($P < 0,05$) визначено статистично вірогідне порушення генетичної рівноваги, яке виявляють у надлишку гомозигот, що, імовірно, може бути пов'язано із впливом селекційних критеріїв, які використовуються при відборі тварин для племінних цілей. Найвищий рівень фактично спостережуваної гетерозиготності (H_o) нами виявлено за локусом SPS115 (100 %), найменший – INRA23 – 44,4 %. Статистично достовірні відмінності між спостережуваною та очікуваною гетерозиготністю в досліджуваній групі тварин спостерігали за локусами – BM1824, ETH10, INRA23 і SPS115. При цьому перші три локуси відзначались нестачею гетерозигот, останній – надлишком.

Ступінь інформативності маркера визначається параметром вмісту поліморфної інформації (PIC). Згідно з критеріями D. Botstein (1980), маркери підрозділяють на високо- ($PIC > 0,5$), помірно- ($0,25 < PIC < 0,5$) та низькоінформативні ($PIC < 0,25$). В наших експериментах проаналізовані мікросателітні локуси виявились високоінформативними, при цьому значення показника PIC перевищувало 0,5.

Рівень генетичного різноманіття породи оцінювали за основними показниками генетичної мінливості. Спектр ефективною кількості алелей (n_e) знаходився в межах від 2,471 (TGLA126) до 6,969 (TGLA227). Значення інформаційного індексу (I) варіювали від 1,169 до 2,119 і були співрозмірні з показниками n_e . Найменше значення нами зафіксовано за локусом TGLA126, найбільше – TGLA122, TGLA53 і TGLA227 (2,021; 2,065; 2,119). Розрахунок індексу фіксації Райта (F_{is}), що відображає інбридинг особини відносно популяції, показав наявність надлишку гетерозигот за локусом SPS115 ($F_{is} = -0,524$) і дефіцит гетерозиготних генотипів, внаслідок інбридингу, за локусами BM1824, ETH10, ETH225, INRA23 та TGLA126.

Наявність високого рівня поліморфізму і генетичного різноманіття породи за розподілом частот алелей та інших показників генетичної мінливості дає можливість вважати досліджені STR-локуси високоінформативними молекулярно-генетичними маркерами, що придатні для характеристики генетичної структури популяції. Отримані дані вказують на необхідність вивчення характеру розподілу поліморфних алелей з метою подальшого їх використання для вирішення широкого спектра селекційних завдань, визначення ступеня гомозиготності, генетичного споріднення за чоловічою і жіночою лініями та оцінки рівня внутрішньопородної генеалогічної диференціації.