

УДК: 636.52/.58:637.413:575

ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ КУРЕЙ ЗА ПОЛІМОРФНИМИ ЛОКУСАМИ БІЛКІВ ЯЄЦЬ ПРИ ГІБРИДИЗАЦІЇ

Катеринич О. О., Ткачик Т. Е., Руда С. В.
Інститут птахівництва НААН України

Резюме. Проведено оцінку генетичної структури двох субпопуляцій бірківських м'ясо-яєчних курей (міні-кури та кури зі звичайною живою масою) і гібридів, отриманих на їх основі за локусами *OV*, *G(3)*, *G(2)* та *TF* білків яєць. Встановлено, що гібридна птиця характеризувалась вищою ($p = 0,7917$), ніж батьківські форми ($p = 0,5172$ та $0,7500$) частотою алеля *A локусу *G(3)*. Визначено, що за рівнем гетерозиготності птиця вихідних форм не суттєво відрізнялась між собою (16,38% та 18,33%), а гібридна птиця займала майже проміжне положення за цим показником – 16,67%.

Ключові слова: міні-м'ясо-яєчні кури, поліморфні білки, генетична відстань, генетична структура, алель, локус.

Summary. The genetic structure of two birki meat-egg chickens subpopulations (mini and with the usual live weight) and their hybrids on *OV*, *G(3)*, *G(2)* and *TF* protein eggs loci is established. It's showed that the hybrid bird characterized by higher ($p = 0,7917$), than the parent form ($p = 0,5172$ and $0,7500$) *A allele frequency of locus *G(3)*. It's determined that the level of heterozygosity of parent forms are not significantly differed between themselves (16,38% and 18,33%), and hybrid bird almost took an intermediate position on this feature – 16,67%.

Key words: mini-meat-egg chickens, polymorphic proteins, genetic distance, genetic structure, allele, locus.

Вступ. Одним із найпоширеніших шляхів підвищення продуктивних, адаптивних і відтворних якостей птиці є отримання гібридних нащадків від задалегідь підібраних за поєднуваністю родинних форм. При гібридизації дуже важливим є не тільки здійснення контролю за розвитком господарсько-корисних ознак, а й виявлення реальної направленості генетичних процесів [6]. Необхідно оцінювати генетичну різницю вихідних порід та диференціацію гібридних нащадків упродовж усього процесу породоутворення. Отриманий матеріал повинен бути дискретним, не залежати від факторів зовнішнього середовища, не змінюватися впродовж онтогенезу та мати чіткий генетичний контроль [2].

У значній мірі всім вищезазначеним вимогам відповідають молекулярно-генетичні маркери. Маркери біохімічних поліморфних кодомінантних систем білків та ферментів з успіхом можна застосувати в селекційній роботі для пошуку та створення унікальних генотипів, проводить контроль процесів мікроеволюції в популяціях під впливом чистопорідного розведення, міжпородного схрещування та гібридизації [4]. Використання цих маркерів дає

можливість впроваджувати теоретично обґрунтовані заходи у реальний селекційний процес, полегшуючи його проведення та аналіз.

Мета. Метою даної роботи було визначення генетичної структури вихідних форм двох новостворених субпопуляцій бірківських м'ясо-яєчних курей та гібридної птиці, створеної на їх основі за біохімічними маркерами.

Матеріали і методи. Дослідження проводилися в 2006-2007 роках у відділі селекції і генетики сільськогосподарської птиці інституту птахівництва НААНУ та на експериментальній базі ДП «ДГ «Борки» ІІ НААНУ». Об'єктом досліджень була птиця родинних форм: материнська – з геном карликовості $DW*DW/*DW$ (код групи 56), батьківська – субпопуляція бірківських м'ясо-яєчних курей зі звичайною живою масою (код групи Г-3) та гібрид, створений на їх основі (код групи Г-3x56).

Розділення білків яєць на генетично-обумовлені фракції проводилось методом горизонтального та вертикального електрофорезу в крохмальному гелі за Смітісом (Smithies O., 1959) у модифікації Інституту загальної генетики РАН [8] з використанням буферних систем Гане [7]. Читання фореграм здійснювалось за схемою, яка наведена І.Г. Моїсеєвою [5], а обчислювання отриманих даних - за Ю.П.Алтуховим [1]. Частоти генів за дослідженими локусами розраховували згідно загальноприйнятій формулі (Тихонов В.Н.). Дендрограми побудовано методом кластерного аналізу з використанням алгоритму середнього зв'язку [3]. Рівень гетерозиготності визначали як відсоток гетерозиготних локусів від усіх досліджених особин за чотирма локусами. Загальний об'єм біохімічних досліджень склав 113 голів птиці.

Результати дослідження. Генетичну структуру субпопуляцій м'ясо-яєчних курей було визначено за чотирма поліморфними локусами протеїнів яєчного білка (OV , $G(3)$, $G(2)$ та TF). Нами було визначено, що три локуси OV , $G(3)$, $G(2)$ є поліморфними, й у них було встановлено повільну – В та швидку – А фракції протеїнів яєць. У локусах $G(3)$ та $G(2)$ встановлено три фенотипи AA , AB та BB . В локусі OV було зафіксовано тільки два з них (AA , AB). Локус TF у всіх групах відбору був мономорфним і характеризувався на фореграмах лише повільною фракцією кональбуміну В (фенотип BB), тому частоти генів за цим локусом не наводяться (рис. 1).

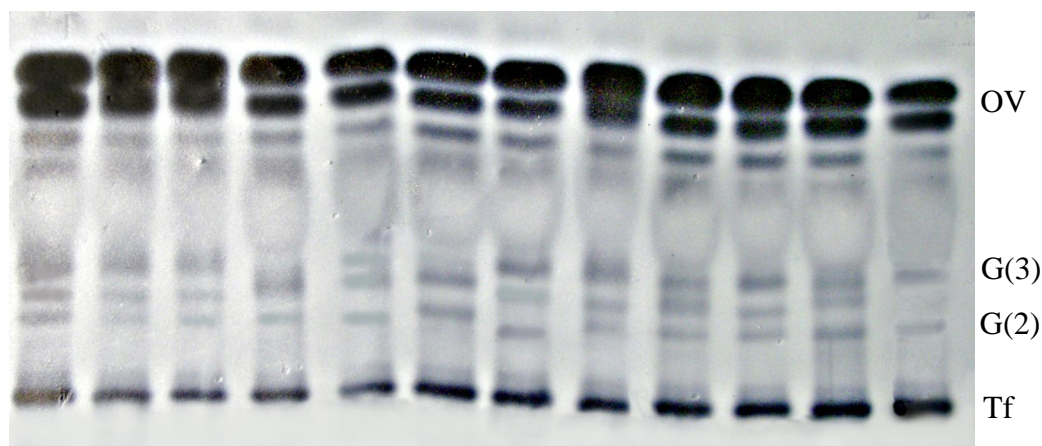


Рис. 1. Фореграма електрофоретичного розподілу білків яєць курей

За дослідженими біохімічними системами дослідні групи знаходилися в стані повної генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом, що свідчить про відсутність в процесі мікроеволюції даних субпопуляцій дестабілізуючих факторів, таких, як дрейф генів, тиск мутацій, відсутність направленого жорсткого відбору за окремо взятими ознаками (табл. 1).

Таблиця 1. Фактичний та теоретичний розподіл фенотипів за локусами *Ov*, *G(3)*, *G(2)* критерій відповідності χ^2 у дослідних групах

Популяції	N	Розподіл	Локуси											
			<i>Ov</i>				<i>G3</i>				<i>G2</i>			
			Фенотипи			χ^2	Фенотипи			χ^2	Фенотипи			χ^2
			AA	AB	BB		AA	AB	BB		AA	AB	BB	
56x56	60	Ф	59	1	0	0,00	33	24	3	0,27	7	19	34	2,54
		Т	59,0	1,0	0,0		33,8	22,5	3,8		4,5	23,9	31,5	
Г-3x56	24	Ф	24	0	0	0,00	14	10	0	1,66	2	6	16	1,41
		Т	24,0	0,0	0,0		15,0	7,9	1,0		1,0	7,9	15,0	
Г-3xГ-3	29	Ф	29	0	0	0,00	10	10	9	2,78	3	9	17	1,05
		Т	29,0	0,0	0,0		7,8	14,5	6,8		1,9	11,1	15,9	

Примітки: Ф – фактичний розподіл фенотипів
Т – теоретичний розподіл фенотипів

Критерій відповідності χ^2 коливався в межах 0,27 в групі 56 за *G(3)* локусом до 2,78 у групі Г-3 також за *G(3)* локусом, що значно менше порогової величини (3,84), після якої нульова гіпотеза відкидається.

Важливим аспектом аналізу генетичної структури популяцій є аналіз генних частот та гетерозиготності (табл. 2).

Таблиця 2. Частота генів та рівень гетерозиготності за овопротеїновими локусами дослідних груп

Популяції	N	PO _v		PG ₃		PG ₂		He
		A	B	A	B	A	B	
56x56	60	0,9917	0,0083	0,7500	0,2500	0,2750	0,7250	18,33%
Г-3x56	24	1,0000	0,0000	0,7917	0,2083	0,2083	0,7917	16,67%
Г-3xГ-3	29	1,0000	0,0000	0,5172	0,4828	0,2586	0,7414	16,38%

Як видно з таблиці 2, дослідна птиця характеризується високим рівнем гетерогенності за вивченими маркерними локусами. Локуси овоглобулінів *G(3)*

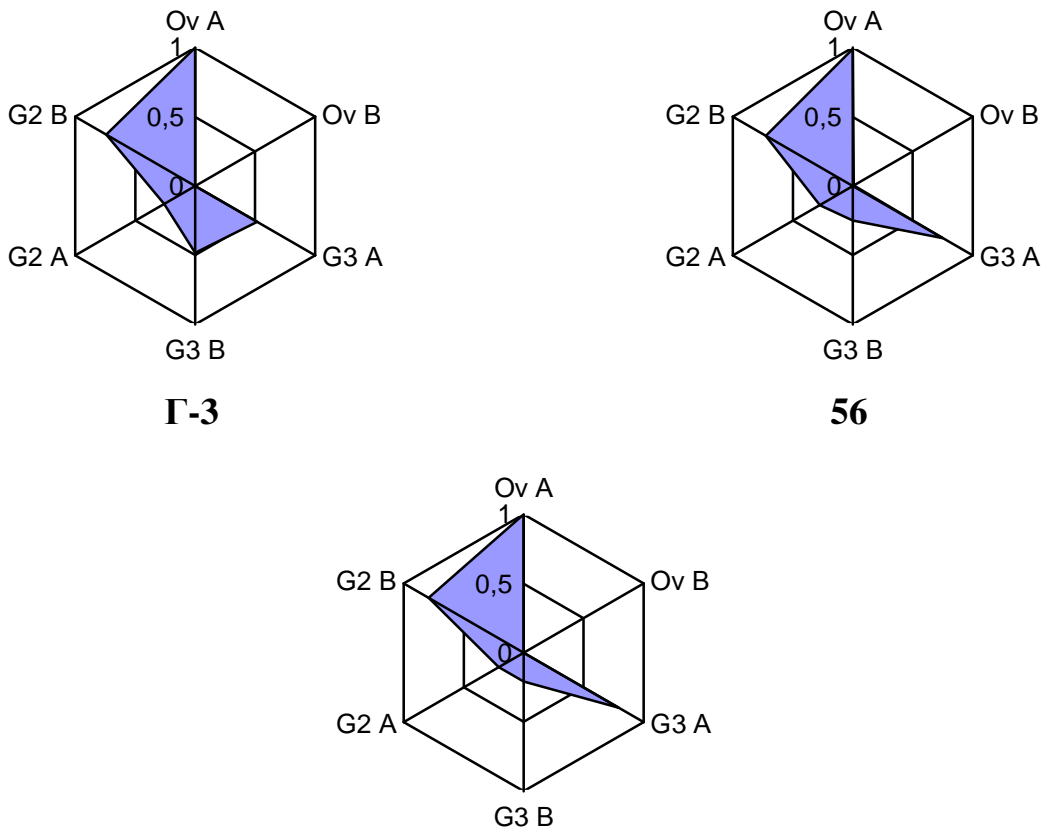
та $G(2)$ є поліморфними у всіх групах, а OV поліморфний тільки в материнській групі 56. Оскільки частота алеля $*B$ локусу OV^* була незначною ($p = 0,0083$), то це не мало суттєвого впливу на генетичну структуру за цією маркерною ознакою у гібридних нащадків.

Частота алеля $*A$ локусу $G(3)$ у вихідних форм варіювала в межах 0,5172 (група Г-3) до 0,7500 (група 56). Зазначимо, що гібридна птиця характеризувалась підвищеною частотою цього алеля ($p = 0,7917$). Пояснити це можна впливом ефекту родоначальника, яких проявився на фоні недостатньої кількості досліджених особин в ній ($n=24$).

Подібна тенденція спостерігається і за частотою алеля $*B$ локусу $G(2)$. Найвища частота цього алеля була зафіксована у гібридній групі ($p = 0,7917$). У вихідних форм вона варіювала в межах 0,7250–0,7414.

За рівнем гетерозиготності дослідна птиця не суттєво відрізнялась між собою. В субпопуляції, яка використовувалась в якості батьківської форми, цей показник дорівнював 16,38%, а в материнській – 18,33%. Гібридна птиця займала майже проміжне положення за цим показником 16,67%. Подібні дані на іншій гібридній птиці були отримані раніше і іншими дослідниками [6].

Те, що субпопуляції дещо відрізняються за генетичною структурою між собою, наочно демонструють пелюсткові діаграми, які побудовані на основі частоти алелів $*A$ та $*B$ локусів OV , $G(3)$ та $G(2)$ на рис. 2. Багатокутники, які утворюються за частотами генів окремих локусів, більш подібні між собою у материнській формі та у гібрида, в основному за рахунок більшої частоти алеля $*A$ та меншої частоти алеля $*B$ локусу $G(3)$.



Г-3х56

Рис. 2. Генетична структура субпопуляцій м'ясо-яєчних курей та їх гібридів за частотами алелів овопротеїнових локусів *OV*, *G(3)*, *G(2)* білків яєць

Висновки

1. З використанням біохімічних маркерів було визначено генетичну структуру вихідних форм двох новостворених субпопуляцій бірківських м'ясо-яєчних курей та гібридної птиці, створеної на їх основі.

2. Встановлено, що гібридна птиця характеризувалась вищою ($p = 0,7917$), ніж батьківські форми ($p = 0,5172$ та $0,7500$) частотою алеля *А локусу *G(3)*.

3. Визначено, що за рівнем гетерозиготності птиця вихідних форм не суттєво відрізнялась між собою (16,38% та 18,33%), а гібридна птиця займала майже проміжне положення за цим показником – 16,67%.

Список літератури

1. Алтухов Ю. П. Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях / Ю. П. Алтухов, Е. А. Салменкова; под ред. Ю. П. Алтухова. – М. : Наука, 2004. – 619 с.
2. Глазко В. И. Изменение генетических расстояний в процессе пороодообразования / В. И. Глазко // Журнал общей биологии.– 1987.- Т. XIV, № 3.– С. 389-397.
3. Дерябин В. Е. Многомерная биометрия для антропологов / Дерябин В. Е. – М. : Изд-во Моск. ун-та, 1983. – 227 с.
4. Маринчук Г. Е. Полиморфные системы лактопротеинов крупного рогатого скота как генные маркеры (монография) /Маринчук Г. Е. – Днепропетровск, 2007.– 260 с.
5. Моисеева И. Г. Генетический анализ изменчивости белков сельскохозяйственной птицы : [метод. Рекомендации] / И. Г. Моисеева, И. Г. Волохович, П. И. Кутнюк. – Харьков, 1985. – 17 с.
6. Подстрешний О. П. Генетична структура птиці в ході гібридизації / О. П. Подстрешний // Птахівництво : міжвід. темат. наук. зб. (за матеріалами VI Української конференції по птахівництву з міжнародною участю). – Харків, 2005. – Вип. 57. – С. 107-113.
7. Gahne V. Studies on the inheritance of electrophoretic forms of transferrins, albumins, prealbumins and plasma esterases of horses // Genetics. - 1966. - Vol. 53, № 4. - P. 681-694.
8. Smithies O. Zone electrophoresis in starch gels and its application to studies of serum proteins // Advances in Protein Chemistry / C. B. Anfinsen, M. L. Anson, K. Baiiy, J. T. Edsall, eds.- 1959. - Vol. 14. - P. 65-113.