УДК 636.32/. 38.082

ГЕНИ, ДЕТЕРМІНУЮЧІ ПРОДУКТИВНІ ЯКОСТІ ТА СТІЙКІСТЬ ДО ХВОРОБ ОВЕЦЬ

(огляд)

І. А. Помітун, О. А. Бойко, В. І. Россоха
Інститут тваринництва НААН

У статті представлено короткий огляд літературних джерел щодо робіт, проведених в області вивчення локусів кількісних ознак овець. Розглянуті гени, пов'язані з молочною, м'ясною, вовновою продуктивністю, репродуктивними показниками овець та стійкістю до захворювань. Показано поліморфізм ділянок цих генів, і зв'язок деяких алелей з різним проявом тих або інших показників. Наведено дані, щодо головних генів, асоційованих із продуктивними якостями та стійкістю до захворювань овець,що може бути використано в селекції щодо поліпшення господарсько-корисних ознак і їх резистентності.

Ключові слова: **гени, локуси кількісних ознак, поліморфізм, продуктивність, стійкість до хвороб, вівці**.

Вівці (Ovis aries) відіграють важливу роль у сучасному сільському господарстві й характеризуються широким спектром господарсько-корисних ознак, які є важливим економічним ресурсом у світовому виробництві м'яса, вовни та молока. Крім того, особливості біології овець роблять їх придатною моделлю для вивчення різноманітних біологічних функцій ссавців, а також спадкових та інфекційних хвороб. Для кращого розуміння генетичної основи продукції вівчарства необхідно проводити детальне картування генома овець. На початку 90-х років минулого століття започатковано міжнародні дослідницькі проекти, спрямовані на вивчення генома сільськогосподарських тварин. Метою цих проектів було створення генетичних карт із визначеними ДНК-послідовностями і локалізацією генів на хромосомах. Особлива увага в цих дослідженнях спрямована на вивчення локусів кількісних ознак (QTL) багатьох порід сільськогосподарських тварин, що збагачує нові знання з біології й генетичної структури кількісних ознак і може мати велике практичне значення. Цього ж часу було створено міжнародну спілку картування генів овець із метою створення генетичних карт [1, 2].

Диплоїдний набір домашньої вівці – 54 хромосоми (26 пар аутосом і 2 статеві хромосоми). На сьогодні ідентифіковано цілу низку генів на різних хромосомах, що впливають на прояв господарсько-корисних ознак овець. Так, виявлено гени, асоційовані з молочною, м'ясною, вовновою продуктивністю, репродуктивними показниками овець, а також зі стійкістю до захворювань [3, 4].

Метою даної роботи було провести аналітичний огляд літературних джерел за роботами, проведеними за останні роки, в області вивчення локусів кількісних ознак овець, а саме генів, пов'язаних із продуктивністю й стійкістю до захворювань.

Молочна продуктивність. При вивченні поліморфізму білків молока і їх впливу на показники молока, виявлено, що найбільш важливими білками молока є β-лактоглобулін і казеїн [5].

Ген, який кодує β-лактоглобулін (головний білок молока жуйних тварин) локалізовано на 3-й хромосомі овець. Цей білок виробляється молочними

залозами під час вагітності й стадії лактації. Із даних літератури відомо, що у багатьох порід овець β-лактоглобулін є поліморфним. На сьогодні виявлено 3 його генетичних варіанти – A, B и C. Генотип BB асоційований з високим надоєм молока, у той час як генотипи AA й AB пов'язані з його хімічним складом та придатністю до вироблення сиру [6].

Генетичний поліморфізм казеїну також пов'язаний з технологічними властивостями молока. Казеїни – група складних фосфопротеїнів, що забезпечують високу поживну цінність молока. Казеїни відіграють важливу роль у процесах виробництва сиру [7]. Молоко жуйних тварин містить у своєму складі 4 типи казеїнів: αs_1, αs_1, β, і к-казеїн. У роботі [8] було вивчено послідовність м-РНК гена αs_1 казеїну овець, ідентифіковано екзон 3 гена і його фланкуючі області. На сьогодні передбачається вивчення інших екзонів даного гена для того, щоб ідентифікувати генетичний поліморфізм і створити тести, для практичного застосування при генотипуванні білків молока.

М'ясна продуктивність і енергія росту. В овець відомі природні мутації, які впливають на ріст м'язів і розвиток тварин. Використання цих мутацій у програмах розведення може також потенційно поліпшити якість баранини. Callipyge (CLPG) - найбільш відома мутація, що впливає на розвиток мускулатури в овець. Вона спричиняє постнатальну м'язову гіпертрофію, локалізовану в тазових кінцівках і попереку. Фенотипові ефекти Callipyge було переважно оцінено в гетерозиготних овець, при цьому мутантний алель (G) повинен успадковуватися від самця, а нормальний (A) – від самиці. За інших комбінацій алелів у овець буде нормальний фенотип. CLPG локус містить 4 гена (DLK1, GTL2, PEG11 and MEG8), які переважно експресуються в скелетній мускулатурі. Локус CLPG був картований в теломерному регіоні 18-ої хромосоми вівці [4, 9].

Рівень розвитку скелетної мускулатури залежить, головним чином, від трьох факторів: рівня синтезу м'язових білків, рівня їх розпаду, кількості та розмірів скелетних м'язів. У зв'язку із цим ферменти калпастатин і калпаїн заслуговують на особливу увагу, завдяки їхній головній ролі у синтезі м'язової тканини. Калпаїн-калпастатинова система (CCS) включає родину кальцій-залежних нейтральних протеаз. CCS знайдена в більшості тваринних тканин і впливає на важливі процеси, які включають розвиток мускулатури і її деградацію, а також посмертний розпад м'яса. Дана система може діяти на кількість клітин скелетної мускулатури овець, а також впливає на швидкість росту їх скелетної мускулатури. Підвищення рівня росту скелетної мускулатури може бути результатом зменшення рівня деградації білків і це пов'язано зі зменшенням активності системи калпаїна, завдяки збільшенню активності калпастатина. Калпастатин, який є ендогенним інгібітором, відіграє центральну роль у регуляції калпаїнової активності в клітині, і розглядається, як один із головних модуляторів калпаїна. Отже, калпастатин може впливати на протеоліз міофібрил, завдяки регуляції калпаїна, який може ініціювати посмертну деградацію білків міофібрил. Калпастатин представлено у всіх тканинах, у яких експресується калпаїн, у тому числі і скелетній мускулатурі. Ген калпастатина (CAST) – є геном-кандидатом якості м'яса в овець; локалізований на 5-й хромосомі, має 2 поліморфних варіанти (алелі M и N) і відіграє важливу роль у формуванні мускулатури, її деградації й «в'ялості» м'яса після забою. Ген калпаїна (CAPN) – також потенційний ген-кандидат, який пов’язано з якістю м’яса. У гена калпаїна ідентифіковано 2 алеля (A і B) з 5 і 6 екзонів [10, 11].

Ген інсулінподібного фактора росту, що зв'язує протеїн-3 (IGFBP-3) – структурний ген і відповідає за множинний ефект інсулінподібних факторів росту (IGFs). IGF-I і IGF-II – гормони, які включені у процеси росту ссавців і генеративні процеси, крім того відіграють активну роль у розвитку молочної залози. Вивчена експресія м-РНК гена IGFBP-3. У теперішній час ведуться пошуки поліморфних фрагментів цього гена у овець різних порід [12]. У той же час вивчено поліморфізм ділянки гена інсулінподібного фактора росту 1 (IGF-I) – пов'язаного з різноманітними фізіологічними процесами, включаючи репродукцію, ембріональний розвиток і ріст овець [13].

Визначено, що гормон лептин (LEP) – головний фактор у регуляції апетиту. Ген лептина складається із 2-х інтронів і 3-х екзонів і синтезує білок, який секретується в кров, після розщеплення сигнального пептиду. Головним ресурсом LEP є жирові тканини. Рецептори до LEP знайдено в багатьох органах, включаючи кістки, жирові тканини, тканини шлунку, м'язи, гіпоталамус і гіпофіз. LEP діє як сигнал, який несе інформацію з жирових депо або енергетичних резервів до регуляторних центрів апетиту і, вважається, що це відіграє важливу роль у багатьох фізіологічних функціях: липогенезі, регуляції поглинання їжі, здатності до відтворення, ембріонального розвитку, імунологічних процесах. Виявлено поліморфізм фрагмента LEP гена (2 алелі: A і G), що складається з екзона 2 та інтрона 2. Встановлено також асоціацію між поліморфізмом LEP гена з ростом і якістю туші. Так, вівці з алеля G мають більш високий вміст жиру в туші [14].

POU1F1 (також відомий як PIT-1 і GHF-1) – тканеспецифічний транскрипційний фактор, головним чином експресується в аденогіпофізі. Цей білок пов'язаний з вирішальною роллю в регуляції транскрипції генів гормону росту і пролактину. Він також включений в активацію β-субодиниці тиреотропного гормону, і гена рецептора гормону, що звільняє гормон росту. У доповненні до його ролі в генній активації, POU1F1 необхідний для диференціації, проліферації й життєздатності соматотропних, лактотропних і тиреотропних клітин. Ген POU1F1 відіграє істотну роль у контролі розвитку гіпофіза й у регуляції експресії гормону росту і пролактина. Отже, він є геном-кандидатом для маркер-асоційованої селекції [15].

Вовнова продуктивність. Ефективність виробництва вовни залежить від структури волокна. Вовнові волокна овець – високоорганізована структура, яка на 90 % складається із проміжних кератинових філаментів (keratin intermediate-filament proteins – KRTs) і кератин-асоційованих білків (keratin-associated proteins – KAPs). KRTs формують структуру волокна (мікрофібріли) і вбудовані в матрикс KAPs. В овець відомо 2 типи KRT генів – KRT1.n і KRT2.n. Кератин-асоційовані білки діляться на високогліцинтирозинові KAPs (кодуються мультигенними родинами генів KAP6.n, KAP7 і KAP8), KAPs з високим вмістом сірки (кодуються мультигенними родинами генів KAP1.n, KAP2.n і KAP3.n) і KAPs з ультрависоким вмістом сірки (кодуються мультигенними родинами KAP4.n і KAP5.n). Чисельними дослідженнями показано варіації усередині як KRT, так і KAP-генів. Ця генетична різноманітність може впливати на структуру волокон вовни, тому варіації за генами і відповідним синтезом кодованих ними білків може бути основою варіації показників якості вовни [3, 16]. Так, показано асоціації між товщиною волокон і генами KRTAP6 і KRTAP8, довжиною волокон і генами KRT1.2, KAP 1.1 (або B2A) і KAP 1.3 (або B2C) [17, 18]. Таким чином, гени, які кодують KRTs і KAPs, можуть бути використані в програмах маркер-

асоційованої селекції для поліпшення якості виробленої вовни, відповідно до вимог споживача.

Репродуктивні ознаки. Визначення генів, що впливають на плідність, і наступне виявлення алелей таких генів, має велике значення в практиці як один із засобів підвищення генетичного потенціалу продуктивності [19].

Рівень овуляції визначається складним обміном ендокринних сигналів між гіпофізом і яєчниками. Виявлено, що 3 родинних ооцит-похідних члена суперсімейства трансформуючего ростового фактора-β (Transforming Growth Factor-β – TGF-β), а саме ростовий диференціюючий фактор 9 (Growth Differentation Factor 9 – GDF-9), кістковий морфогенетичний білок 15 (Bone Morphogenic Protein 15 – BMP 15) і кістковий морфогенетичний білок-IB відіграють істотну роль у рівні овуляції й росту фолікулів. При дослідженні успадкування рівня овуляції в овець було ідентифіковано точкові мутації в генах ростових факторів BMP 15 і GDF-9, а також пов'язаного з ними рецептора ALK6, які експресуються в ооцитах. При цьому в гені BMP 15 виявлено 5 різних SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms – поліморфізм окремих нуклеотидів), в GDF-9 – 8 SNPs, і в ALK6 – 1 SNP, а саме FecB. У овець, гетерозиготних за мутаціями у генах BMP 15 і GDF-9, а також гомо- або гетерозиготних за мутацією в ALK6 спостерігається більш високий рівень овуляції, в порівнянні з тваринами з генотипом дикого типу. При цьому серед мутацій у гені BMP 15 тільки мутація B2 ($FecX^G$) і B4 ($FecX^B$), а в гені GDF-9 тільки мутація G8 ($FecG^H$) призводила до підвищення рівня овуляції і фертильності. Тварини, гомозиготні за мутаціями у генах BMP 15 і GDF-9, є стерильними через пригнічення розвитку фолікулів на ранніх стадіях росту. Мутації в BMP 15 і GDF-9 призводять до зменшення рівня зрілих білків або до альтернативного зв'язування рецепторів клітинної оболонки [20].

В останні роки було вивчено багато аспектів мутації FecB [21]. Позитивний ефект FecB на розмір гнізда й рівень овуляції, як видно, пов'язано з тим, що клітини тварин, які несуть мутацію FecB, є менш чутливими до інгібуючої дії білків родини TGF-β, внаслідок зниження функціональності рецептора, що призводить до посиленого розвитку фолікулів [19]. Із іншого боку, відзначено негативний ефект даної мутації на ембріональний ріст, розвиток і масу тіла протягом вагітності. Наприклад, маса тіла була меншою в більшості ембріональних стадій в BB/B+, у порівнянні з ++ ембріонами [22]. Виявлена локалізація FecB на 6-й хромосомі овець [23].

Таким чином, проведені дослідження характеру спадкування головних генів плідності виявили їхню потенцію значно збільшувати репродуктивні якості овець, а вивчення ДНК-поліморфізму цих генів призвели до одержання нових знань стосовно регулювання відтворення.

Стійкість до захворювань. Питання генетичної природи стійкості до хвороб у тварин були предметом дискусій багатьох вчених. За останні 30 років проведено численні дослідження, у результаті яких виявлено гени, що впливають на перебіг інфекційних процесів у тварин, і показано поліморфізм цих генів. Відкриття ПЛР (полімеразна ланцюгова реакція) технологій дало змогу молекулярним біологам визначити велику кількість нових генетичних маркерів, подібно мікросателітам і SNPs. Ці нові інструменти полегшують визначення невеликих регіонів хромосом, що оточують необхідний нам ген [24].

Гени головного комплексу гістосумісності (MHC) у тварин локалізовані в регіоні генома, пов'язаного із загальною життєздатністю. У зв'язку з цим, численні й всебічні дослідження цього комплексу проводились із метою встановлення можливого зв'язку між генами (і молекулами) MHC і стійкості до хвороб як у людини, так і в сільськогосподарських тварин. Було показано, що MHC відіграє ключову роль в ініціації імунної відповіді у всіх ссавців.

Молекули MHC являють собою глікопротеїни, які знаходяться на клітинній оболонці і є різними антигенами проти Т-лімфоцитів. Усі білки, які кодуються генами MHC, діляться на 3 групи: MHC Клас I, MHC Клас II і MHC Клас III [25, 26].

Ряд досліджень, проведених за останні 25 років були спрямовані на вивчення MHC овець. Однак, у порівнянні з іншими домашніми видами, MHC овець досить слабко охарактеризовано [27].

Гени головного комплексу гістосумісності (OLA) овець локалізовано на хромосомі 20, білки OLA відомі як антигени лейкоцитів овець. Клас I представлено двома локусами ovar-A і ovar-B, водночас як Клас II представлено 12 локусами: ovar-DRA, -DRB, -DQA, -DQB, -DMA, -DMB, -DYA, -DYB, -DIB, -DNA, -DOB, і –DPB.

Клас I і Клас II є високополіморфними, так, що навіть споріднені особини можуть значно різнитися щодо цього.

MHC гени потребують значної уваги як маркери при розведенні тварин стійких до хвороб, тому що були виявлені їх асоціації зі стійкістю до хвороб у різних дослідженнях [26]. Наприклад, було визначено зв'язок MHC антигенів зі стійкістю-сприйнятливістю до шлунково-кишкових нематодів і т. ін. [27].

Мікросателітні послідовності є найбільш застосовними в геномному картуванні у тварин. Корисність генетичних маркерів як кодуючих, так і некодуючих фрагментів ДНК залежить від їх поліморфізму та рівня гетерозиготності.

Відомо, що гетерозиготність у локусі головного комплексу гістосумісності має важливе значення для ефективності імунної відповіді до інфекцій. Встановлено, що гетерозиготні особини в будь-якому даному локусі MHC здатні до генерації більш широкої імунної відповіді, в порівнянні з гомозиготними [25, 26].

У роботі [26] при дослідженні двох порід овець Польщі було виявлено високий поліморфізм мікросателітних послідовностей гена класу I MHC. 13 алелей цього гена були представлені в одній (Polish Heath Sheep), 9 – в іншій породі (Polish Lowland Sheep). Чіткі відмінності в частоті певних алелей було знайдено між двома породами. Розраховані статистичні характеристики для обох порід призвели до висновку, що локус (OLA1) може бути розглянутий як корисний генетичний маркер.

Більшість досліджень, які ставили метою охарактеризувати OLA, було спрямовано на вивчення області Класу II у загальному, й DR і DQ генів, зокрема, а саме поліморфізму трьох мікросателітів (по одному в кожному з генів DRB1, DRB2 і DYA) і варіації послідовності екзону 2 в DRB1, DQA і DQB генах у різних породах овець [27].

Екзон 2 локусу гена DRB1, що кодує β ланцюг DR молекули MHC, яка зв'язує область присутнього антигену, є високополіморфним. Високий поліморфізм у послідовності екзона 2 забезпечує імунні відповіді стосовно великої кількості патогенів. Так, було ідентифіковано поліморфізм в екзоні 2 ovar-DRB1 гена, використовуючи методи PCR-RFLP (Restriction Fragment Length

Polymorphism – поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів) і PCR-SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism – однонитковий конформаційний поліморфізм ДНК) [26, 28].

У роботі [29] було проведено аналіз мікросателітного поліморфізму фрагмента гена DRB1 та ідентифіковано присутність 8 алелей. При цьому, один з алелей довжиною 526 bp становив практичний інтерес, тому що більш часто зустрічався в групі здорових овець порівняно з тваринами, що хворі на мастит.

Ряд досліджень було спрямовано на вивчення генів γ-інтерферону, інтерлейкінів та трансформуючого фактора росту β, які є цитокінами – невеликими пептидними молекулами, що забезпечують узгодженість дії імунної, ендокринної й нервової систем у нормальних умовах і у відповідь на патологічні впливи.

Показано, що γ-інтерферон – може відігравати важливу роль у регуляції імунної відповіді до паразитарних хвороб. Секреція інтерферону спричиняє активацію макрофагів і загальну регуляцію клітинної імунної відповіді. Тому, ген, що кодує інтерферон, може бути ймовірним геном-кандидатом стійкості овець до хвороб. Будь-який вид поліморфізму, що призводить до різної експресії інтерферону або зміни його сили взаємодії з рецептором, може бути пов'язано зі стійкістю до внутрішньоклітинних паразитів. У роботі [30] показана асоціація певного мікросателітного локусу, локалізованого в першому інтроні гена γ-інтерферону, зі зменшенням показника кількості яєць нематод у фекаліях і збільшенням антитіл IgA. Із наданих результатів випливає, що поліморфна ділянка, локалізована у гені γ-інтерферону овець, пов'язана зі стійкістю до шлунково-кишкових нематодів.

Інтерлейкіни — це також група цитокінів, синтезована в основному лейкоцитами що відіграють важливу роль в імунній відповіді. У роботі [31] показано поліморфізм ділянки гена інтерлейкіна-2 овець, який локалізовано на 17-й хромосомі й обговорюється можливий зв'язок поліморфізму в цитокінах і рецепторах цитокінів зі стійкістю до хвороб.

Трансформуючий фактор росту β1 (Transforming growth factor β1 – TGF-β1) – член суперродини трансформуючих факторів росту, мультіфункціональний цитокін, який відіграє ключову роль у процесах росту і диференціації клітин, імунної модуляції, загоєнні ран, ембріогенезу, патологічному впливі аутоімунних захворювань і розвитку новоутворень. Відоме невелике число робіт із вивчення TGF-β1 в овець. У роботі [32], використовуючи метод PCR-SSCP, було вивчено поліморфізм гену TGF-β1 різних порід овець і його вплив на ріст, стійкість до захворювань та імунну модуляцію.

Окремо слід зазначити роботи, присвячені вивченню генетичної природи стійкості до хвороби Скрейпі — пріонної інфекції в овець. Пріони — особливий клас інфекційних агентів білкової природи, що призводять до важких захворювань центральної нервової системи у людини і деяких вищих тварин. Хвороба Скрейпі в овець характеризується акумулюванням ненормальних протеазрезистентних ізоформ (PrP^{Sc}) клітинних пріонних білків (PrP^{C}). PrP^{C} кодується геном пріонного білка PrP. У овець ген PrP містить 3 екзона і 2 інтрона. Він локалізовано на 13-й хромосомі. Виявлено високий поліморфізм різних ділянок гена PrP, але сприйнятливість до Скрейпі залежить тільки від варіацій у декількох кодонах, що може бути використане в селекції на стійкість овець до даного захворювання [33, 34].

Таким чином, показаний зв'язок деяких генів овець зі стійкістю до захворювань, а саме генів головного комлексу гістосумісності й цитокінів.

Виявлено поліморфізм ділянок цих генів, і зв'язок деяких алелей зі стійкістю овець до хвороб. Вивчені також генетичні основи сприйнятливості овець до пріонної інфекції.

Висновок. Проведений аналіз літературних джерел свідчить про достатню кількість досліджень, проведених за останні роки в галузі вивчення локусів кількісних ознак овець. Визначено ряд генів пов'язаних із молочною, м'ясною, вовновою продуктивністю та якістю вовни, відтворювальними здатностями овець, а також зі стійкістю до захворювань. Показано поліморфізм ділянок цих генів і зв'язок деяких алелей з різним проявом тих або інших ознак. Інформація щодо головних генів, асоційованих із продуктивністю й стійкістю до захворювань овець, може бути використана в селекції для підвищення господарсько-корисних ознак овець і їх резистентності та програмах із удосконалення існуючих і створення нових порід і типів овець.

Бібліографічний список

1. Maddox J. F. An enhanced linkage map of the sheep genome comprising more than 1000 Loci /Maddox J. F., Davies K. P., Crawford A. M. // Genome Research. – 2001. – № 11. – P. 1275 – 1279.

2. Mapping quantitative trait loci (QTL) in sheep. II. Meta-assembly and identification of novel QTL for milk production traits in sheep / [H. W. Raadsma, E. Jonas, D. McGill at al.] // Genetics Selection Evolution. – 2009, 41:45doi:10.1186/1297-9686-41-45.

3. Cockett N. E. Analysis of the sheep genome. / Cockett N. E., Shay T. L., Smit M. // Physiological Genomics. – 2001. – №7. – P. 69-78.

4. Rejduch B. Genes associated with production and health in farm animals / B. Rejduch // Journal of Central European Agriculture. – 2008. – V. 9, No. 4. – P. 829–836.

5. Sheep milk protein polymorphism and its effect on milk performance of Polish Merino / [Mroczkowski S., Korman K., Erhardt G. at al.] // Arch. Tierz. – 2004. – Issue 47. – P. 114-121.

6. Polymorphism of β-Lactoglobulin Gene in Iranian Sheep Breeds Using PCR-RFLP / [Elyasi G., Shodja J., Nassiry M. R. at al.] // Journal of Molecular Genetics. – 2010. – V. 2, I. 1 . – P. 6–9.

7. Луполова Т. А. Генетический полиморфизм лактопротеинов и влияние локуса βlg на показатели молочной продуктивности овец каракульской породы / Т. А. Луполова, В. С. Петку // Весці Нацыянальнай Акадэміі Навук Беларусі. Серыя Аграрных Навук. – 2009. – № 2. – С. 87 – 90.

8. Sequencing of exon three of as1-casein sheep and goat gene / [Kevorkian S. E. M., Manea M. A., Gavrila M. G. at al.] // Archiva Zootechnica. – 2009. – № 12 (3). – P. 87–92.

9. Gabor M. Analysis of polymorphism of CAST gene and CLPG gene in sheep by PCR-RFLP method / Gabor M., Trakovicka A., Miluchova M. // Zootehnie şi Biotehnologii (Timişoara). – 2009. V. 42 (2). – P. 470 – 476.

10. Polymorphism of calpastatin gene in Arabic sheep, using PCR-RFLP / [Mohammadi M., Beigi Nasiri M. T., Alaami-Saeid K. H. at al.] // African Journal of Biotechnology. – 2008. – V. 7 (15). – P. 2682 – 2684.

11. Genetic variability and population structure in beta-lactoglobulin, calpastain and calpain loci in Iranian Kurdi sheep / [Nassiry M. R., Sharoudi F. E., Tahmoorespur

M., Javadmanex A.] // Pakistan Journal of Biological Sciences. – 2007. – V. 10 (7). – P. 1062–1067.

12. Ali B. A. Genetic biodiversitystudies on IGFBP-3 gene in Egyptian sheep breeds / Ali B. A., EL-Hanafy A. A., Salem H. H. // Biotechnology in Animal Husbandry. – 2009. – № 25 (1–2). – P. 101–109.

13. Detection of two nucleotide substitutions and putative promoters in the 5' lanking region of the ovine IGF-I gene / [Yilmaz A., Davis M. E., Hines H. Ch., Chung H.] // J Appl Genet. – 2005. – № 46 (3). – P. 307–309.

14. Barzehkar R. Polymorphisms of the ovine leptin gene and its association with growth and carcass traits in three Iranian sheep breeds / Barzehkar R., Salehi A., Mahjoubi F. // Iranian Journal of Biotechnology. – 2009. – V.7, № 4. – P. 241 – 246.

15. Ovis aries POU1F1 gene: cloning, characterization and polymorphism analysis / [Bastos E., Santos I., Parmentier I. at al.] // Genetica. – 2006. – № 126. – P. 303–314.

16. Improving the quality of wool through the use of gene markers / [Itenge T.O., Hickford J.G.H., Forrest R.H.J. at al] // South African Journal of Animal Science. – 2009. – № 39 (Supplement 1). – P. 219–223.

17. Purvis I. W. Major genes and QTL influencing wool production and quality: a review / I. W. Purvis, I. R. Franklin. // Genet. Sel. Evol. – 2005. – № 37 (Suppl. 1). – P. 97–107.

18. Allain D. Genetics of fibre production and fleece characteristics in small ruminants, Angora rabbit and South American camelids / D. Allain, C. Renieri // Animal. – 2010. – P. 1–10.

19. Зиновьева Н. А. ДНК-маркеры плодовитости овец / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2006. – № 3. – С. 30–38.

20. Genetic polymorphism FecB and BMP15 genes and its association with litter size in Sangsari sheep breed of Iran / [M. M. Kasiriyn, H. Hafezeyan, H. Sayahzadeh at al] // Journal of Animal and Veterinary Advances. – 2009. – № 8 (5). – P. 1025–1031.

21. Use of the FecB (Booroola) gene in sheep-breeding programs: Proceedings of the Helen Newton Turner Memorial International Workshop held in Pune (Maharashtra, India, 10–12 November 2008) / ACIAR Proceedings. – No. 133. – Canberra: Australian Centre for International Agricultural Research, 2009–. 238 p.

22. Polymorphism of FecB gene in nine sheep breeds or strains and its effects on litter size, lamb growth and development / Feng Guan, Shou-Ren Liu, Guo-Qing Shi, Li-Guo Yang // Animal Reproduction Science. – 2007. – № 99. – P. 44–52.

23. The Boorola Fecundity (FecB) gene maps to sheep chromosome 6 / [G. W. Montgomery, G. Doods at al.] // Genomics. – 1994. – № 22. – P.148 – 153.

24. Molecular approaches to disease resistance / [F. Lantier, C. Moreno, I. Lantier at al.] // International Society for Animal Hygiène – Saint-Malo, 2004. – P. 167 – 170.

25. Microsatellite polymorphism in locus OMHC1 (MHC Class I) in Polish Heath Sheep and Polish Lowland Sheep (Zelazna variety) / Gruszczyñska J., Charon K. M., Swiderek W., Sawera M. // J. Appl. Genet. – 2002. – V. 43(2). – P. 217-222.

26. Single strand conformation polymorphism in exon 2 of the Ovar-DRB1 gene in two Polish breeds of sheep / Gruszczyńska J., Brokowska K., Charon K. M., Świderek W. P. // Animal Science Papers and Reports. – 2005. – V. 23. – P. 207 – 213.

27. 'Ovar-Mhc' - ovine major histocompatibility complex: structure and gene polymorphisms / Dukkipati V.S.R., Blair H.T., Garrick D.J., Murray A. // Genet. Mol. Res. – 2006. – № 5 (4). – P. 581–608.

28. Tkáciková L. Asymmetric PCR-SSCP: a useful tool for detection of OLA-DRB1 (MHC Class II) gene polymorphism in Slovak Improved Valachian Sheep / Tkáciková L., Bhide M. R., Mikula I. // Acta Vet. Brno. – 2005. – V. 74. –P. 275–278.

29. Relationship between blood lymphocyte phenotype, DRB1 (MHC class II) gene polymorphism and somatic cell count in ewe milk / Świderek W. P., Charon K. M., Winnicka A., Gruszczyńska J. // Bull Vet Inst Pulawy. – 2006. – V. 50. – P. 73-77.

30. A microsatellite polymorphism in the gamma interferon gene is associated with resistance to gastrointestinal nematodes in a naturally-parasitized population of Soay sheep . / [D. W. Coltman, K. Wilson, J.G. Pilkington at al.] // ParasitologyParasitology. – 2001. – V. 122. – P. 571–582.

31. Rapid communication: a single-strand conformation polymorphism in the ovine interleukin-2 (IL-2) gene / Luhken G., Hiendleder S., Prinzenberg E. M., Erhardt G. // J Anim Sci. – 2000. – V. 78. – P. 2754-2755.

32. The analysis for the single nucleotide polymorphism of TGF-β1 and its association with reproduction in different sheep breeds / [Lixia Gao, Hongbin Li, Lixin Du at al.] // Animal Genetics. – 2010. – V. 1(2). – P. 70-74.

33. Determination of sheep prion gene polymorphisms from paraffin-embedded tissue / [Kunkle R. A., Miller J. M., Alt D. P. at al] // J Vet Diagn Invest. – 2006. – V. 18. – P. 443 – 447.

34. Sequence polymorphism of PrP exon 3 gene in Istrian and crossbred sheep / [Cubric-Curik V., Feligini M., Ferencakovic M. at al.] // Ital. J. Anim. Sci. – 2009. – V. 8 (Suppl. 3). – P. 86–88.

ГЕНЫ, ДЕТЕРМИНИРУЮЩИЕ ПРОДУКТИВНЫЕ КАЧЕСТВА И УСТОЙЧИВОСТЬ К БОЛЕЗНЯМ ОВЕЦ

Помитун И. А., Бойко Е. А., Россоха В. И., Институт животноводства НААН

В статье представлен краткий обзор литературных источников относительно работ, проведенных в области изучения локусов количественных признаков овец. Рассмотрены гены, связанные с молочной, мясной, шерстной продуктивностью и качеством шерсти, репродуктивными показателями овец, а также с устойчивостью к заболеваниям. Показан полиморфизм участков этих генов, и связь некоторых аллелей с различным проявлением тех или иных показателей. Информация относительно главных генов, ассоциированных с продуктивностью и устойчивостью к заболеваниям у овец, может быть использована в селекции для повышения хозяйственно-ценных признаков животных и их резистентности.

Ключевые слова: гены, локусы количественных признаков, полиморфизм, продуктивность, устойчивость к болезням, овцы.

GENES, WHICH DETERMINE PRODUCTION TRAITS AND DISEASE RESISTANCE IN SHEEP

Pomitun I., Boyko Ye., Rossokha V.; Institute of animal science, NAASU

This article presents the review of scientific works in the field of locus investigation of quantitative character in sheep. The genes were researched which determine milk, mutton, wool productivity and quality, reproductive sheep traits and disease resistance. Gene parts polymorphism and allele-dependent correlation with the various parameters manifestation were investigated. Information on the major genes associated with productivity and disease resistance in sheep can be used in selection for economic traits improvement and disease resistance boost in the animals.