

Мікропопуляція голштинської худоби за локусами *GH* і *LEP* ТА НОВІ ПОПУЛЯЦІЙНО- СТАТИСТИЧНІ ПАРАМЕТРИ

О. Сметана, канд. с.-г. наук, доцент
Миколаївський національний аграрний університет



Анотація. Проаналізовано структуру мікропопуляції голштинських корів за локусами *GH* та *LEP* з використанням популяційно-статистичної процедури та методу ентропійно-інформаційного аналізу, результати яких і порівнювались. Виявлено, що аналогічні параметри двох використаних підходів є взаємозамінними. Водночас, у межах популяційно-статистичного методу було розроблено й запропоновано використовувати нові показники, а саме відносне середнє число генотипів, абсолютний і відносний гомоморфізм популяцій.

Ключові слова: голштинська худоба, *GH*, *LEP*, структура популяції, популяційно-статистичний метод, ентропійно-інформаційний аналіз.

THE ANALYSIS OF THE MICROPOPULATION STRUCTURE OF HOLSTEIN CATTLE BY *GH* AND *LEP* LOCI AND ITS ADDITION BY NEW POPULATION-STATISTICAL PARAMETERS

Oleksandr Smetana (Mykolayiv National Agrarian University).

Abstract. There is the analysis of the micropopulations Holstein cows structure by *GH* and *LEP* loci was conducted using the population-statistical approach and methodology of entropy-information analysis, the results of which were compared. It was found that the same parameters of used approaches are interchangeable. At the same time within the framework of population-statistical methods to use the new indicators were developed and proposed, namely the relative average number of genotypes absolute and relative populations homomorphism.

Key words: Holstein cattle, *GH*, *LEP*, genetic structure of the population, population-statistical method, entropy-information analysis.

* Рецензенти:

проф., д-р с.-г. наук **М.І. Гиль**, Миколаївський НАУ,
проф., д-р біол. наук **І.М. Рожков**, Миколаївський
НУ ім. В.О. Сухомлинського.

Вперше особливості функціонування біологічних систем різного рівня з точки зору теорії інформації були розроблені в роботі І.І. Шмальгаузен [8]. Ним були введені поняття прямого і зворотного зв'язку, по яким передається генетична і фенотипічна інформація, розроблені закономірності кодування і перетворення генетичної інформації.

У подальшому інформаційно-статистичний метод аналізу привернув увагу багатьох дослідників. Останнім часом з'явився ряд публікацій, у яких продемонстровано можливість застосування ентропійно-інформаційного аналізу (EIA) в різних галузях біологічної науки. Підставою для цього є властивості біокібернетики, а саме висока точність, розгляд біологічних об'єктів з точки зору самоорганізованих систем, можливість моделювання ситуаційних процесів і явищ тощо. Нині EIA також використовується для оцінки рівня організації біологічних систем, ступеня їх гетерогенності, змін генетичної структури у процесі селекції популяцій сільськогосподарських тварин і птахів [5].

Порівняння оцінок генетичної мінливості за локусами *GH* та *LEP* у межах мікропопуляції голштинських корів методами ентропійно-інформаційного і популяційно-статистичного аналізів та доповнення останнього параметрами, що характеризують консолідованість популяції.

Експериментальний матеріал отримано від 68 корів голштинської породи молочного стада племінного заводу ПрАТ «Агро-Союз» Дніпропетровської області.

Аналіз поліморфізму досліджуваних генів проводили стандартною методикою ПЛР-ПДРФ [6] у відділі молекулярно-генетичних та біохімічних досліджень Інституту рибного господарства НААН України.



Популяційно-статистичний аналіз здійснювали за стандартною процедурою, обчислюючи частоти алелів, генотипів і теоретичну гетерозиготність (\hat{h}). Також було оцінено ступінь інтрапопуляційного різноманіття за допомогою визначення середнього числа генотипів (μ) і його помилки ($SE\mu$):

$$\mu = \left(\sum \sqrt{p_i} \right)^2; SE\mu = \sqrt{\frac{\mu \cdot (m - \mu)}{n}} \quad (1, 2)$$

де p_i – частка певного генотипу, m – кількість генотипів досліджуваного локусу, n – обсяг вибірки.

Далі визначали частку рідкісних морф (h_μ) та її помилку (SEh_μ):

$$h_\mu = 1 - \frac{\mu}{m}; SEh_\mu = \sqrt{\frac{h_\mu \cdot (m - h_\mu)}{n}} \quad (3, 4)$$

Ентропійно-інформаційний аналіз проводили на основі значень абсолютної ($H_i \pm SEH_i$), максимальної (H_{max}) і відносної (H_R) ентропій, абсолютної (O) і відносної (R) організованості й анентропії (A) [1, 4].

$$H_i = - \sum (p_i \cdot \ln p_i); SEH_i = \sqrt{\frac{\sum (p_i \cdot (\ln p_i)^2) - H_i^2}{2n}} \quad (5, 6)$$

$$H_{max} = \ln m; H_R = \frac{H_i}{H_{max}} \quad (7, 8)$$

$$O = H_{max} - H_i; R = 1 - H_R; A = - \frac{\sum \ln p_i}{m} - H_{max} \quad (9, 10, 11)$$

Класифікацію біосистем за рівнем складності проводили враховуючи пропозиції С.Біра [3], а за ступенем визначеності – Ю.Г.Антомонова [2].

Обробку матеріалів досліджень проведено з використанням програми MS Excel 2010.

Результати дослідження. Проводячи аналіз генетичної структури мікропопуляції голштинської худоби за співвідношенням питомої ваги алелів відповідних

локусів (табл. 1), встановлено, що за геном гормону росту діапазон між частотами його станів ширший, ніж за лептином (0,388 і 0,146 відповідно). Тобто у першому випадку алель V за частотою зустрічальності у генотипах більш ніж удвічі поступається алелю L, а у другому – алельні варіанти є більш вирівняними.

Таблиця 1

Частоти алелей генів GH і LEP мікропопуляції голштинської худоби		
Алель (GH / LEP)	Локус	
	GH	LEP
L / C	0,694	0,574
V / T	0,306	0,426

Розглядаючи структуру вибірки голштинських корів за генотипами локусів GH і LEP (табл. 2) варто відмітити наступне. За геном гормону росту майже половина тварин є гомозиготами за алелем L (48%), їм дещо поступають гетерозиготи (43%) і лише у 9% корів виявлено генотип VV. За геном лептину відмічена істотна питома перевага гетерозиготних тварин – 56%, чи не вдвічі менше гомозигот CC – 29%, і найменше гомозигот TT – 15%. Розрахувавши теоретичну гетерозиготність встановлено, що її рівень за локусом GH збігається з фактичною, а за LEP нижче від дійсної на 7%.

Таблиця 2

Генотипова структура мікропопуляції голштинської худоби за локусами GH і LEP ($p_i \pm SE_{p_i}$)		
Генотип (GH / LEP)	Локус	
	GH	LEP
LL / CC	0,48±0,061	0,29±0,055
LV / CT	0,43±0,061	0,56±0,060
VV / TT	0,09±0,035	0,15±0,043
\hat{h}	0,43	0,49

У подальшому було оцінене інтрапопуляційне різноманіття за допомогою параметра μ – середнє число генотипів (табл. 3). Для гену гормону росту воно є дещо меншим, ніж для лептину (різниця – 0,08). Це є свідченням того, що частоти генотипів за локусом LEP є більш вирівняними.

Встановлена також частка рідкісних генотипів. За геном GH у мікропопуляції голштинської худоби відмічається низька частка генотипів VV, що очікувано зумовило вище значення h_μ .

Поряд з цим, згідно із поставленим завданням,

Таблиця 3

Генетичне різноманіття мікропопуляції голштинської худоби за локусами *GH* і *LEP*

Параметри	Локус	
	<i>GH</i>	<i>LEP</i>
$\mu \pm SE_{\mu}$	2,72 \pm 0,107	2,80 \pm 0,091
$h_{\mu} \pm SEh_{\mu}$	0,09 \pm 0,064	0,07 \pm 0,054

було оцінено генетичне різноманіття методом ентропійно-інформаційного аналізу (табл. 4). Враховуючи, що обидві біосистеми мають три можливих стани (m), величина максимально можливої ентропії становитиме 1,1 біт. При цьому абсолютна ентропія за локусом *GH* становить 0,93 біт, а за локусом *LEP* – 0,97 біт. Оцінка абсолютної організованості досліджуваних систем була, відповідно, 0,17 біт і 0,13. Відносні ентропія і організованість дублюють розподіл вищезначених параметрів.

Окрім того, за величиною анентропії, яка відображає рівень представленості рідкісних станів, біосистема *GH* переважає аналог за *LEP* на 0,09 біт. Це пояснюється тим, що частка генотипів *VV* першого локусу має найнижчу частоту в рамках даного дослідження.

За результатами EIA та користуючись класифікаторами С.Біра і Ю.Г. Антомонова встановлено, що мікро-



Таблиця 4

Генетичне різноманіття мікропопуляції голштинської худоби за локусами *GH* і *LEP* визначені через EIA

Параметри	Локус	
	<i>GH</i>	<i>LEP</i>
H_{max}	1,10	1,10
$H_f \pm SE_H$	0,93 \pm 0,040	0,97 \pm 0,042
H_R	0,85	0,88
O	0,17	0,13
R	0,15	0,12
A	2,43	2,34





популяція голштинської худоби в першому випадку є простою системою, а в другому за обома локусами визначена як квазідетермінована.

Проводячи паралелі, можна говорити, що оцінки абсолютної (H_i) ентропії можуть виступати аналогом середнього числа генотипів (μ), тим часом анентропія (A) – аналогом частки рідкісних морф (h_{μ}). Водночас ЕІА передбачено визначення відносної ентропії (H_R), а також абсолютної (O) і відносної (R) організованості, які не знаходять аналогів серед традиційних популяційно-статистичних параметрів. Тому, для заповнення цієї ніші ми пропонуємо використовувати наступні параметри: відносьне середнє число генотипів (μ_r), міру абсолютного (γ_a) і відносного гомоморфізму (γ_r), формули яких наведені нижче:

$$\mu_r = \frac{\mu}{m}; \gamma_a = m - \mu; \gamma_r = 1 - \mu_r \quad (12, 13, 14)$$

Традиційне (абсолютне) середнє число генотипів (фенотипів) показує, скільки їх у вибірці з урахуванням відповідних частот. При рівності частот усіх генотипів (фенотипів), цей показник прагне до m ; при нерівномірному розподілі частот – $\mu < m$; якщо популяція виявляється мономорфною – $\mu = 1$. Проте за необхідності співставлення параметра μ різних систем виникають складнощі, якщо їх m відрізняються. Щоб обійти таку перешкоду, можна проводити порівняння за величиною відносного середнього числа генотипів (фенотипів) (μ_r), яка виражає ступінь різноманіття у відносних

величинах. Водночас, для характеристики рівня генотипової або фенотипової консолідованості популяцій буде доречним розрахунок абсолютного (γ_a) і відносного гомоморфізму (γ_r), які виступатимуть аналогами параметрів абсолютної (O) і відносної (R) організованості ентропійно-інформаційного аналізу.

Висновки

Таким чином, популяційно-статистичні методи оцінки генетичного різноманіття в популяціях дають співвідносні значення з оцінками параметрів ЕІА, що нами було вже попередньо оприлюднено [7]. Проте для таких параметрів ЕІА як відносна ентропія, абсолютна і відносна організованість аналогі у популяційно-статистичному методі були відсутні. Тому нами було розроблено й запропоновано використовувати міру відносного середнього числа генотипів (фенотипів) як більш універсальної оцінки інтрапопуляційного різноманіття. Окрім того, характеристику рівня генетичної подібності в популяції можна провести за оригінальними параметрами абсолютного і відносного гомоморфізму.

Література

1. **Шебанін В.С., Мельник С.І., Крамаренко С.С., Ганганов В.М.** Аналіз структури популяцій. – Миколаїв: МДАУ, 2008. – 240 с.
2. **Антомонов Ю.Г.** Моделирование биологических систем. – К.: Наукова Думка, 1977. – 260 с.
3. **Бир С.** Кибернетика и управление производством. – М.: Наука, 1963. – 276 с.
4. **Гиль М.І., Крамаренко С.С., Сметана О.Ю.** Генетика популяцій: Методичні рекомендації з вивчення дисципліни та виконання лабораторно-практичних робіт студентами денної форми навчання спеціальності. – Миколаїв: МНАУ, 2013. – 98 с.
5. **Гиль М.І.** Системний генетичний аналіз полігенно зумовлених ознак худоби молочних порід. – Миколаїв: МДАУ, 2008. – 478 с.
6. **Облап Р.В., Новак Н.Б., Мельничук М.Д. та ін.** Методичні рекомендації щодо використання методу полімеразної ланцюгової реакції в скотарстві. – Біла Церква, 2010. – 66 с.
7. **Сметана О.Ю.** Популяційно-статистичний та ентропійно-інформаційний аналіз структури мікропопуляції голштинської худоби за локусами *CSN3* та *BLG* // Збірник наукових праць ВНАУ: Сільськогосподарські науки. – 2014. – Вип. 1 (83). – Т. 1. – С. 126–129.
8. **Шмальгаузен И.И.** Кибернетические вопросы биологии. – Новосибирск: Наука, 1968. – 224 с.