

ПОЛІМОРФІЗМ РІЗНИХ ТИПІВ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИХ МАРКЕРІВ У ДЕЯКИХ ПРЕДСТАВНИКІВ UNGULATA

Тетяна ДИМАНЬ¹, Валерій ГЛАЗКО²

¹ Білоцерківський державний аграрний університет,

² Інститут агроекології та біотехнології УААН

Вивчення поліморфізму молекулярно-генетичних маркерів у різних таксономічних групах є важливим для вирішення низки теоретичних і прикладних проблем фундаментальної і спеціальної генетики. У більшості випадків відмінності між таксонами розглядаються за кодуючими і некодуючими амінокислоти ділянками ДНК, за окремими структурними генами без врахування особливостей біохімічних функцій їх білкових продуктів, за «анонімними» (з точки зору функції і локалізації) послідовностями ДНК.

Метою роботи було міжвидове порівняння поліморфізму різних типів молекулярно-генетичних маркерів (білки, ISSR–PCR) у представників двох рядів Ungulata — парнопалих (Bovidae, Suidae) та непарнопалих (Equidae) і аналіз філогенетичних взаємовідносин між ними. Матеріалом для досліджень були проби крові (лейкоцити, еритроцити, плазма) і тканин сільськогосподарських видів тварин та близькоспоріднених диких видів.

Для оцінки поліморфізму структурних генів використано метод електрофоретичного розділення білків у поліакриламідному і крохмальному гелях з їх подальшим гістохімічним фарбуванням. Вивчали генетично детермінований поліморфізм 30 генетико-біохімічних систем, серед яких три групи білків з різною біохімічною функцією в системах загального метаболізму — транспортні білки, ферменти метаболізму екзогенних субстратів, ферменти внутрішньоклітинного енергетичного метаболізму. Поліморфізм анонімних послідовностей ДНК вивчали методом ISSR-PCR (*inter-simple sequence repeat*). Для ампліфікації фрагментів ДНК, розміщених між різними мікросателітними локусами, використовували динуклеотидні праймери з послідовностями (GA)₉C, (AG)₉C, (AC)₉T.

У результаті досліджень білкового поліморфізму у диких і domestikованих копитних зроблено такі висновки: 1. Висока частота близькоспоріднених схрещувань сумісна зі збереженням генетично детермінованого поліморфізму біохімічних маркерів, і цей процес локус-специфічний. 2. Попри те, що досліджені групи тварин є ізольованими і малочисельними популяціями, для них характерний відносно високий рівень генетичної мінливості за локусами генетико-біохімічних маркерів. 3. У досліджених групах видів Ungulata діють механізми, які сприяють підтриманню внутрішньовидової генетичної різноманітності.



-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
 .50 .60 .70 .80 .90 1.00

Дендродрама генетичних взаємовідносин між видами Ungulata, побудована на основі індексів генетичної подібності, розрахованих за розподілом генотипів ISSR–PCR маркерів.

4. Рівень і розмах генетичної мінливості, оцінюваний за значеннями середньої гетерозиготності, а також внутрішньовидові генетичні взаємовідносини співставні у диких і домашніх видів. 5. Внесок у генетичну мінливість білків з різною біохімічною функцією неоднаковий: у диких видів ссавців вищий рівень поліморфізму спостерігається за ферментами внутрішньоклітинного енергетичного метаболізму, а у домашніх видів у внутрішньовидовій диференціації беруть участь в основному транспортні білки і ферменти метаболізму екзогенних субстратів.

Використання маркерів ISSR–PCR уможливило отримання мультилокусних спектрів ампліконів, які стабільно відтворювались під час дослідження одних і тих самих геномів, завдяки чому можна було успішно диференціювати генофонди як домашніх, так і близькоспоріднених диких видів тварин. Разом з маркерами структурних генів маркери «анонімних» послідовностей ДНК можуть слугувати додатковою видовою характеристикою. На основі аналізу їх поліморфізму побудовано дендродраму генетичних взаємовідносин між дослідженими видами (рис.).

Представники різних таксонів кластеризувалися загалом відповідно до їх філогенетичних взаємовідносин, встановлених на основі палеонтологічних даних. Цікавою обставиною є більша близькість видів антилоп до родини коней, ніж до видів родини порожнисторогих, куди їх відносять. Очевидно, диференціація видів за такою морфологічною ознакою, як кількість пальців, досить умовна і не збігається з генетико-еволюційними розрахунками часу їх дивергенції.