

Polimorfizm grup i białek krwi u owcy kołudzkiej

Tadeusz Rychlik¹, Kazimierz Korman², Anna Krawczyk¹

¹Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy w Krakowie, Zakład Immuno- i Cytogenetyki, ul. Krakowska 1, 32-082 Balice

²Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy w Krakowie, Zakład Doświadczalny Kołuda Wielka, 88-160 Janikowo

Celem badań było określenie polimorfizmu antygenów erytrocytarnych w 6 układach grupowych krwi (A, B, C, D, M, R) oraz białek osocza (transferyny – TF) i erytrocytów (hemoglobiny – HBB) krwi u 559 owiec nowo wytworzonej linii plenno-mlecznej – owcy kołudzkiej. Na podstawie częstości występowania wybranych markerów genetycznych obliczono efektywną liczbę alleli oraz stopień heterozygotyczności. W badanym stadzie owiec, w zależności od użytej do jej wytworzenia rasy pełnej (fińskiej lub romanowskiej) lub weństo-mięsnej (kamienieckiej, merynosa lub wielkopolskiej), wykazano wpływ tych ras na występowanie poszczególnych grup i białek krwi. Średnia wartość stopnia heterozygotyczności (0,5185), ogólna liczba alleli (93) oraz efektywna liczba alleli (2,92) świadczą o znacznej zmienności genetycznej w tej linii owiec, co należy uznać za korzystne, gdyż stwarza możliwość prowadzenia dalszej skutecznej selekcji. Przeprowadzona *in loci* HBB i TF analiza rozkładu genotypów nie wykazała istotnych różnic między obserwowaną i oczekiwaną ilością genotypów, co wskazuje na stan równowagi genetycznej. Uzyskane wyniki mogą również stanowić ważne źródło informacji dla podejmowanych działań mających na celu utrzymanie odpowiedniej zmienności w tej niewielkiej populacji owiec.

SŁOWA KLUCZOWE: owca kołudzka / polimorfizm antygenów erytrocytarnych / polimorfizm białek osocza i erytrocytów krwi

Zachowanie zmienności genetycznej zwierząt gospodarskich ma ogromne znaczenie dla uzyskania postępu hodowlanego. Zmienność ta często jest ograniczana poprzez intensywną i jednokierunkową pracę hodowlaną. Przeprowadzając analizę rozkładu częstości alleli w polimorficznych *loci* grup i białek krwi można monitorować strukturę genetyczną populacji i wykrywać zmiany frekwencji genów, co umożliwi podjęcie działań mających na celu zachowanie biologicznej różnorodności zwierząt hodowlanych.

Wieloletnie badania wykazały, że grupy oraz białka krwi owiec charakteryzują się dużym zróżnicowaniem i ta ich właściwość może być w szerokim zakresie wykorzy-

stana w pracach nad strukturą genetyczną różnych ras, jak również w śledzeniu zmian, jakie zachodzą w populacjach zwierząt pod wpływem prowadzonych prac hodowlanych [6, 8, 9, 11, 14, 18].

Na podstawie częstości występowania alleli grup krwi oraz białek polimorficznych krwi, w badanych populacjach zwierząt można określić również stopień heterozygotyczności, który odzwierciedla genetyczne zróżnicowanie w obrębie rasy (populacji) oraz dystans genetyczny, będący wyrazem genetycznych różnic między rasami [1, 2, 15, 19]. Ocena dystansu genetycznego i zmienności genetycznej może być pomocna przy wyborze takich ras owiec do hodowli, by zachować ich biologiczną różnorodność oraz przy ustalaniu optymalnego wariantu krzyżowania, w celu uzyskania efektu heterozji [1, 16, 17, 19].

Celem podjętych badań było określenie polimorfizmu antygenów erytrocytarnych w 6 układach grupowych (A, B, C, D, M, R) oraz polimorfizmu białka osocza krwi (transferyny) i erytrocytów (hemoglobiny) u owcy kołudzkiej – nowo wytworzonej linii owiec plenno-mlecznych.

Materiał i metody

Badania przeprowadzono w latach 2001-2006 na materiale obejmującym ogółem 559 owiec kołudzkich. Wszystkie zwierzęta pochodziły z Zakładu Doświadczalnego Instytut Zootechniki – Państwowego Instytutu Badawczego w Kołudzie Wielkiej. Owce te są mieszańcami trójrasowymi: owiec ras plennych (37,5%) – owcy fińskiej (F) lub romanowskiej (R); owiec rasy mlecznej (37,5%) – wschodnio fryzyjskiej owcy mlecznej (Fr) i ras wełnisto-mięsnych (25%) – owcy kamienieckiej (K), merynosa polskiego (M) lub owcy wielkopolskiej (W). W rezultacie w populacji tych owiec wyróżnia się 6 podgrup rasowych: FFrK, FFrM, FFrW, RFrK, RFrM i RFrW [7]. W celu przeanalizowania wpływu ras plennych (F i R) lub ras wełnisto-mięsnych (K, M, W) na częstość występowania poszczególnych alleli grup i białek krwi u owcy kołudzkiej, wydzielono 5 grup owiec o różnych genotypach:

- I – owce wytworzone z udziałem rasy F (FFrK, FFrM, FFrW);
- II – owce wytworzone z udziałem rasy R (RFrK, RFrM, RFrW);
- III – owce wytworzone z udziałem rasy K (FFrK, RFrK);
- IV – owce wytworzone z udziałem rasy M (FFrM, RFrM);
- V – owce wytworzone z udziałem rasy W (FFrW, RFrW).

W badanych grupach zwierząt oznaczono grupy krwi oraz polimorficzne warianty transferyny i hemoglobiny.

Antygeny krwinek czerwonych oznaczono za pomocą 16 własnych standaryzowanych reagentów testowych: Aa, Ab, Bb, Bc, Bd, Be, Bf, Bg, Bi, PLB-17, Ca, Cb, Da, Ma, R, O. Wszystkie surowice testowe poddawane były standaryzacji w testach porównawczych, organizowanych przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt – ISAG (International Society for Animal Genetics). Antygeny krwinkowe z układów grupowych krwi A, B, C, M, R oznaczono testem hemolitycznym, a antygen Da z układu D – testem aglutynacyjnym na mikroplytkach. Polimorficzne warianty hemo-

globiny (HBB) i transferyny (TF) oznaczono za pomocą zmodyfikowanej metody elektroforezy poziomej w żelu skrobiowym, stosowanej do oznaczania tych markerów w kontroli rodowodów [12].

Analiza statystyczna obejmowała obliczenia częstości występowania alleli w poszczególnych *loci*, obliczenie stopnia heterozygotyczności [10] oraz efektywnej liczby alleli w *locus* [5]. Istotność różnic dla częstości występowania poszczególnych alleli i genotypów określono przy pomocy testu χ^2 .

Ocenę stanu równowagi genetycznej dla badanej populacji określono na podstawie wyliczonego oczekiwanego i obserwowanego rozkładu genotypów hemoglobiny (HBB) i transferyny (TF).

Wyniki i dyskusja

Zachodzące w Polsce od początku lat 90. ubiegłego wieku zmiany gospodarcze wymusiły, także w owczarstwie krajowym, zwrócenie większej uwagi na produkcję mięsa jagnięcego i tym samym na konieczność poprawy użytkowości rozplodowej owiec oraz na możliwość wykorzystania w większym zakresie w przetwórstwie serowarskim mleka owiec. W rezultacie została wytworzona, między innymi, populacja owiec kołudzkich w typie plenno-mlecznym, które charakteryzują się wysoką plennością i podwyższoną mlecznością [7].

W prezentowanej pracy przedstawiono rezultaty badań nad zróżnicowaniem markerów genetycznych krwi 8 polimorficznych *loci* w nowo wytworzonej populacji owcy kołudzkiej oraz przeanalizowano, jak na częstość występowania poszczególnych markerów wpływała rasa, przy udziale której została wytworzona owca kołudzka.

Częstość występowania poszczególnych alleli w układach grup i białek krwi przedstawiono w tabeli 1. W układzie grupowym krwi A, najczęściej występował allel A^- (u 64,4% owiec). Istotnie statystycznie różnice w częstości występowania poszczególnych alleli w układzie grupowym A, w zależności od użytej do wytworzenia owcy kołudzkiej rasy pełnej lub wełnisto-mięsnej, stwierdzono jedynie dla allelu A^b . Nie występuje on u owiec z udziałem genów owcy R. Natomiast częściej występuje u owiec wytworzonych przy udziale owcy F i K w porównaniu z M i W.

W układzie grupowym krwi B stwierdzono obecność 71 alleli (od 45 – u owiec wytworzonych z udziałem owcy K do 56 – u owiec z udziałem owcy R). Najczęściej w *locus* EAB występował allel B^- (u 26,9% owiec) lub allel B^c (u 13,9% owiec). Statystycznie istotnie częściej występowały allele $B^{bfPLB17}$, $B^{dfPLB17}$ i B^i u owiec wytworzonych przy udziale owcy R, w porównaniu z owcami wytworzonymi przy udziale owcy F. Obserwowane istotnie statystycznie zróżnicowanie frekwencji poszczególnych alleli między owcami kołudzkimi, wytworzonymi przy użyciu owcy F lub R, odpowiada w przybliżeniu różnicom występującym w tryków tych ras [13]. Wyjątek stanowi allel B^i , który występuje częściej u owiec kołudzkich z udziałem owcy R niż F. W przeprowadzonych wcześniej badaniach [13] nie wykazano obecności tego allelu u tryków rasy romanowskiej. Częstość występowania alleli B^b , B^{bi} , B^c , B^{cPLB17} , B^{iPLB17} i B^- zależała

istotnie statystycznie od rasy wełnisto-mięsnej użytej do wytworzenia badanych owiec (tab. 1).

Tabela 1 – Table 1

Porównanie częstości występowania alleli grup krwi (EA), hemoglobiny (HBB) i transferyny (TF) u owiec kółudzkich w zależności od użytej rasy do jej wytworzenia (EAB częstość >3%)
Comparison of frequency of blood group alleles (EA), haemoglobin (HBB) and transferrin (TF) in Kółuda sheep according to the component breed (EAB frequency >3%)

Locus	Allele Alleles	Częstość – Frequency					
		ogółem total (n=559)	w tym u owiec wytworzonych z udziałem rasy: including in sheep created with component breeds:				
			plennej - profific		wełnisto-mięsnej - wool and meat		
			F ¹⁾ (n=280)	R ²⁾ (n=279)	K ³⁾ (n=189)	M ⁴⁾ (n=215)	W ⁵⁾ (n=155)
1	2	3	4	5	6	7	8
EAA	a	0,3256	0,3214	0,3297	0,3280	0,3721	0,2581
	ab	0,0161	0,0214	0,0108	0,0265	0,0047	0,0194
	b	0,0143	0,0286 ^A	0,0000 ^A	0,0317 ^b	0,0047 ^b	0,0065
	-	0,6440	0,6286	0,6595	0,6138	0,6186	0,7161
EAB	b	0,0662	0,0786	0,0538	0,0820 ^b	0,0744 ^u	0,0355 ^{ab}
	bc	0,0125	0,0143	0,0108	0,0185	0,0047	0,0161
	bcdfiPLB-17	0,0018	0,0018	0,0018	0,0053	0,0000	0,0000
	bcdfgPLB-17	0,0009	0,0000	0,0018	0,0026	0,0000	0,0000
	bcefi	0,0009	0,0018	0,0000	0,0000	0,0023	0,0000
	bcf	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000	0,0032
	bcfgPLB-17	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0023	0,0000
	bcfiPLB-17	0,0009	0,0018	0,0000	0,0026	0,0000	0,0000
	bcfPLB-17	0,0027	0,0000	0,0054	0,0000	0,0070	0,0000
	bcg	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0023	0,0000
	bcegPLB-17	0,0018	0,0036	0,0000	0,0053	0,0000	0,0000
	bci	0,0018	0,0000	0,0036	0,0000	0,0047	0,0000
	bciPLB-17	0,0018	0,0018	0,0018	0,0000	0,0023	0,0032
	bcPLB-17	0,0125	0,0214	0,0036	0,0026	0,0209	0,0129
	bd	0,0009	0,0000	0,0018	0,0026	0,0000	0,0000
	bdefg	0,0009	0,0018	0,0000	0,0000	0,0023	0,0000
	bdefiPLB-17	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0023	0,0000
	bdfgPLB-17	0,0027	0,0036	0,0018	0,0000	0,0070	0,0000
	bdfPLB-17	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000	0,0032
	bdPLB-17	0,0009	0,0000	0,0018	0,0026	0,0000	0,0000
	be	0,0009	0,0018	0,0000	0,0000	0,0023	0,0000
	befPLB-17	0,0018	0,0000	0,0036	0,0000	0,0047	0,0000
	bf	0,0179	0,0161	0,0197	0,0185	0,0209	0,0129
	bfg	0,0036	0,0000	0,0072	0,0026	0,0023	0,0065
	bfgPLB-17	0,0081	0,0089	0,0072	0,0053	0,0140	0,0032
	bfi	0,0009	0,0018	0,0000	0,0026	0,0000	0,0000
	bfiPLB-17	0,0045	0,0036	0,0054	0,0132	0,0000	0,0000
	bfiPLB-17	0,0367	0,0143 ^A	0,0591 ^A	0,0370	0,0302	0,0452
	bg	0,0116	0,0054	0,0179	0,0106	0,0140	0,0097
	bgPLB-17	0,0027	0,0036	0,0018	0,0053	0,0023	0,0000
	bgi	0,0009	0,0018	0,0000	0,0000	0,0023	0,0000
	bi	0,0322	0,0250	0,0394	0,0106 ^A	0,0558 ^A	0,0258
biPLB-17	0,0018	0,0036	0,0000	0,0026	0,0000	0,0032	
bPLB-17	0,0206	0,0250	0,0161	0,0317	0,0163	0,0129	

1	2	3	4	5	6	7	8
	c	0,1395	0,1500	0,1290	0,1772 ^A	0,1488 ^b	0,0806 ^{Ah}
	cd	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000	0,0032
	cdefg	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000	0,0032
	cdf	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0000	0,0032
	cdfPLB-17	0,0018	0,0000	0,0036	0,0026	0,0000	0,0032
	cdPLB-17	0,0018	0,0000	0,0036	0,0000	0,0023	0,0032
	ce	0,0009	0,0000	0,0018	0,0000	0,0023	0,0000
	cePLB-17	0,0009	0,0018	0,0000	0,0026	0,0000	0,0000
	cef	0,0009	0,0018	0,0000	0,0026	0,0000	0,0000
	cefiPLB-17	0,0009	0,0000	0,0018	0,0026	0,0000	0,0000
	cf	0,0072	0,0143	0,0000	0,0132	0,0023	0,0065
	cfiPLB-17	0,0045	0,0089	0,0000	0,0026	0,0093	0,0000
	cfPLB-17	0,0063	0,0054	0,0072	0,0079	0,0023	0,0097
	ci	0,0054	0,0000	0,0108	0,0106	0,0000	0,0065
	ciPLB-17	0,0018	0,0018	0,0018	0,0026	0,0023	0,0000
	cPLB-17	0,0349	0,0268	0,0430	0,0106 ^{Ah}	0,0535 ^A	0,0387 ^b
	d	0,0072	0,0054	0,0090	0,0053	0,0070	0,0097
	df	0,0134	0,0161	0,0108	0,0185	0,0023	0,0226
	dfg	0,0018	0,0000	0,0036	0,0000	0,0000	0,0065
	dfgPLB-17	0,0009	0,0000	0,0018	0,0026	0,0000	0,0000
	dfiPLB-17	0,0036	0,0018	0,0054	0,0053	0,0047	0,0000
	dfPLB-17	0,0268	0,0161 ^a	0,0376 ^a	0,0317	0,0163	0,0355
	e	0,0143	0,0214	0,0072	0,0159	0,0093	0,0194
	ef	0,0018	0,0036	0,0000	0,0000	0,0047	0,0000
	efiPLB-17	0,0018	0,0018	0,0018	0,0000	0,0023	0,0032
	eiPLB-17	0,0009	0,0018	0,0000	0,0000	0,0000	0,0032
	ePLB-17	0,0027	0,0000	0,0054	0,0000	0,0047	0,0032
	f	0,0107	0,0089	0,0125	0,0106	0,0140	0,0065
	fdPLB-17	0,0009	0,0018	0,0000	0,0000	0,0000	0,0032
	fi	0,0179	0,0286	0,0072	0,0185	0,0256	0,0065
	fiPLB-17	0,0081	0,0143	0,0018	0,0159	0,0070	0,0000
	fPLB-17	0,0215	0,0250	0,0179	0,0265	0,0186	0,0194
	g	0,0027	0,0018	0,0036	0,0000	0,0047	0,0032
	i	0,0215	0,0054 ^A	0,0376 ^A	0,0238	0,0186	0,0226
	iPLB-17	0,0528	0,0571	0,0484	0,0847 ^A	0,0070 ^{AB}	0,0774 ^B
	PLB-17	0,0528	0,0464	0,0591	0,0450	0,0605	0,0516
	-	0,2692	0,2911	0,2473	0,1958 ^{Ah}	0,2721 ^b	0,3548 ^A
EAC	a	0,0036	0,0036	0,0036	0,0106	0,0000	0,0000
	ab	0,1127	0,0929	0,1326	0,0847 ^b	0,1814 ^{Ab}	0,0516 ^A
	b	0,8247	0,8250	0,8244	0,8519	0,7767	0,8581
	-	0,0590	0,0786	0,0394	0,0529	0,0419	0,0903
EAD	a	0,2809	0,2964	0,2652	0,3439	0,2884	0,1935
	-	0,7191	0,7036	0,7348	0,6561 ^a	0,7116	0,8065 ^a
EAM	a	0,7263	0,7464	0,7061	0,8254 ^A	0,5488 ^{AB}	0,8516 ^B
	-	0,2737	0,2536	0,2939	0,1746 ^A	0,4512 ^{AB}	0,1484 ^B
EAR	R	0,6613	0,7029	0,6201	0,6223	0,6682	0,7937
	O	0,3387	0,2971	0,3799	0,3777	0,3318	0,3007
HBB	A	0,5754	0,5628	0,6245	0,5053	0,6285	0,5877
	B	0,4246	0,4732 ^a	0,3755 ^a	0,4947	0,3715	0,4123
TF	A	0,1930	0,1661	0,2202	0,1508	0,2313	0,1916
	B	0,2352	0,2821 ^A	0,1877 ^A	0,2837 ^B	0,1846 ^B	0,2468
	C	0,3680	0,3518	0,3845	0,3545	0,3808	0,3669
	D	0,1858	0,1839	0,1877	0,2031	0,1822	0,1688
	E	0,0171	0,0143	0,0199	0,0079	0,0187	0,0260
	P	0,0009	0,0018	0,0000	0,0000	0,0023	0,0000

F¹⁾ – fińska – Finn, R²⁾ – romanowska – Romanov, K³⁾ – kamieniecka – Kamieniecka, M⁴⁾ – merynos – Merino, W⁵⁾ – wielkopolska – Wielkopolska

Średnie oznaczone w wierszach, w obrębie danego czynnika doświadczalnego, tymi samymi literami różnią się istotnie: A-A, B-B przy P ≤ 0,01; a-a, b-b przy P ≤ 0,05 (test Chi²)

Means in rows, within experimental factors, marked with the same letters differ significantly: A-A, B-B at P ≤ 0.01; a-a, b-b at P ≤ 0.05 (Chi² test)

W pozostałych układach grupowych krwi najczęściej występowały allele: w układzie C – allel C^b (82,5%); w układzie D – allel D⁻ (71,9%); w układzie M – allel M^a (72,6%) i w układzie R – allel R (66,1%). Częstość występowania poszczególnych alleli w tych układach nie zależała od użytej rasy płennej, a od rasy wełnisto-mięsnej. W układzie grupowym C częstość występowania allelu C^{ab} była większa u owiec wytworzonych przy udziale owcy M niż owcy K i W; allelu D⁻ u owiec z udziałem owcy W niż K; allelu M^a u owiec K i W niż M. Wszystkie różnice były statystycznie istotne.

W locus hemoglobiny częściej występował allel HBB^A (57,5%) niż HBB^B. Częstość występowania allelu HBB^B była wyższa u owiec z udziałem rasy F niż R (tab. 1). Najczęściej występującym genotypem hemoglobiny był genotyp HBBAB (49,0%), a najrzadziej – HBBBB (18,0%) – tabela 2. Genotyp HBBAA najczęściej występował u owiec kołudzkich wytworzonych przy udziale owcy M, a najrzadziej przy udziale owcy K (P ≤ 0,05), natomiast genotyp HBBBB częściej występował przy udziale owcy

Tabela 2 – Table 2

Częstość występowania genotypów hemoglobiny (HBB) i transferyny (TF) u owiec kołudzkich w zależności od użytej rasy do jej wytworzenia
Frequency of haemoglobin (HBB) and transferrin (TF) genotype in Kołuda sheep according to the component breed

Locus	Allele Alleles	Częstość – Frequency					
		ogółem total (n=559)	w tym u owiec wytworzonych z udziałem rasy: including in sheep created with component breeds:				
			płennej -prolific		wełnisto-mięsnej - wool and meat		
			F ¹⁾	R ²⁾	K ³⁾	M ⁴⁾	W ⁵⁾
			(n=280)	(n=279)	(n=189)	(n=215)	(n=155)
HBB	AA	0,3303	0,2821	0,3790	0,2487 ^a	0,4018 ^a	0,3312
	AB	0,4902	0,4893	0,4910	0,5132	0,4533	0,5130
	BB	0,1795	0,2286 ^A	0,1300 ^A	0,2381	0,1449	0,1558
TF	AA	0,0341	0,0286	0,0397	0,0317	0,0327	0,0390
	AB	0,0987	0,1036	0,0939	0,0529	0,1215	0,1234
	AC	0,1400	0,1214	0,1588	0,1164	0,1822	0,1104
	AD	0,0664	0,0429 ^a	0,0903 ^a	0,0635	0,0701	0,0649
	AE	0,0108	0,0036	0,0181	0,0053	0,0187	0,0065
	AP	0,0018	0,0036	0,0000	0,0000	0,0047	0,0000
	BB	0,0413	0,0536	0,0289	0,0741 ^A	0,0140 ^A	0,0390
	BC	0,2011	0,2500 ^a	0,1515 ^a	0,2381	0,1835	0,2078
	BD	0,0844	0,0964	0,0722	0,1270 ^{ab}	0,0561 ^a	0,0714 ^b
	BE	0,0036	0,0071	0,0000	0,0000	0,0000	0,0130
	CC	0,1167	0,0857 ^a	0,1480 ^a	0,1164	0,1028	0,1364
	CD	0,1544	0,1571	0,1516	0,1217	0,1963	0,1364
	CE	0,0072	0,0036	0,0108	0,0000	0,0140	0,0065
	DD	0,0269	0,0286	0,0253	0,0423	0,0187	0,0195
	DE	0,0126	0,0143	0,0108	0,1406 ^{AB}	0,0047 ^A	0,0260 ^B

F¹⁾ – fińska – Finn, R²⁾ – romanowska – Romanov, K³⁾ – Kamieniecka – Kamieniecka, M⁴⁾ – merynos – Merino, W⁵⁾ – wielkopolska – Wielkopolska

Średnie oznaczone w wierszach, w obrębie danego czynnika doświadczalnego, tymi samymi literami różnią się istotnie: A-A, B-B przy P ≤ 0,01; a-a, b-b przy P ≤ 0,05 (test Chi²)

Means in rows, within experimental factors, marked with the same letters differ significantly: A-A, B-B at P ≤ 0.01; a-a, b-b at P ≤ 0.05 (Chi² test)

F niż R ($P \leq 0,01$) (tab. 2). Frekwencja genotypu BB hemoglobiny u owcy kołudzkiej jest zbliżona do frekwencji u wybitnie plennej owcy olkuskiej [4], ale jest niższa niż u owcy fińskiej, wyższa natomiast niż u owcy romanowskiej [13].

W *locus* transferyny najczęściej występował allel TF^C (36,8%), a następnie allele TF^B , TF^A i TF^D (23,5-18,6%). Jedyne częstość występowania allelu TF^B zależała od użytej rasy. Była ona większa u osobników z udziałem genów owiec rasy F, w porównaniu z drugą plenną rasą R, a wśród owiec z udziałem genów ras wełnisto-mięsnych allel ten przeważał u owiec K (tab. 1). Najczęstszym genotypem w *locus* transferyny był TFBC (20,1%), a następnie TFCD, TFAC i TFCC (15,4-11,7%). U owiec wytworzonych z udziałem rasy R występował istotnie statystycznie częściej ($P \leq 0,05$) genotyp TFAD i TFCC. Natomiast genotyp TFBC charakteryzował się niższą frekwencją u owiec R niż F. Udział w wytworzeniu owcy kołudzkiej wełnisto-mięsnej rasy K wpłynął na zwiększenie częstości występowania genotypu TFBB w porównaniu z użytą rasą M ($P \leq 0,01$) oraz genotypu TFBD w porównaniu z rasami M i W ($P \leq 0,05$) – tabela 2).

Na podstawie układów białek krwi HBB i TF, zgodnie z regułą Hardy-Weinberg'a, przeprowadzono ocenę stanu równowagi genetycznej. W obu układach stwierdzono zgodność między oczekiwaną i obserwowaną ilością genotypów, co wskazuje że badana populacja znajduje się w stanie równowagi genetycznej (tab. 4).

Scharakteryzowana, na podstawie polimorfizmu grup i białek krwi, struktura genetyczna owcy kołudzkiej odpowiada w przybliżeniu strukturze genetycznej w tych *loci* u wcześniej badanych ras, tj. owcy fryzyjskiej, fińskiej i romanowskiej [13] oraz polskiej owcy długowiełnistej, polskiej owcy nizinnej i merynosa polskiego [3], które to rasy były wyjściowymi przy wytworzeniu owcy kołudzkiej.

Średnia efektywna liczba alleli (E) oraz średnia wartość stopnia heterozygotyczności (H), wynoszące dla owcy kołudzkiej odpowiednio 2,92 i 0,5185, są podobne do tych wartości w wydzielonych grupach mieszańców (tab. 3). Tylko w grupie owiec wytworzonych z udziałem rasy M stopień heterozygotyczności (h_x) był wyższy (0,5343), a z udziałem rasy W – niższy (0,4487) od wartości tego wskaźnika u owcy kołudzkiej.

W porównaniu do wcześniej przeprowadzonych badań na rasach owiec, które brały udział w wytworzeniu owcy kołudzkiej, wartość H wyliczona dla nowo wytworzonej populacji była wyższa niż u owcy fryzyjskiej (0,4799), owcy fińskiej (0,4895) i romanowskiej (0,4373) [13], a niższa niż u polskiej owcy długowiełnistej (0,5380), merynosa polskiego (0,5924) i polskiej owcy nizinnej (0,5992) [3]. Obliczony dla badanej populacji owcy kołudzkiej H (powyżej 0,5), jak również ogólna liczba alleli (93) i efektywna liczba alleli (2,92) świadczą o znacznej zmienności genetycznej w tej linii owiec, co należy uznać za korzystne, gdyż stwarza to możliwość prowadzenia dalszej skutecznej selekcji.

Podsumowując wyniki przeprowadzonych badań można stwierdzić, że dostarczyły one kompleksowej informacji o strukturze i zmienności genetycznej nowo wytworzonej linii owiec, która została wprowadzona do rejestru dla owiec plenne-mlecznych pod nazwą owcy kołudzkiej. Użyte do wytworzenia owcy kołudzkiej rasy plenne i wełnisto-mięsne wpływały na występowanie poszczególnych alleli w układach grup i białek krwi. Uzyskane wyniki mogą stanowić również ważne źródło informacji dla podejmo-

Tabela 3 – Table 3
Liczba alleli (N), efektywna liczba alleli (E) oraz stopień heterozygotyczności (h_k) w badanych grupach owiec
Number of alleles (N), effective number of alleles (E) and degree of heterozygosity (h_k) in investigated group of sheep

Wyszczególnienie Specification	Ogółem – Total (n=559)			F ¹⁾ (n=280)			R ²⁾ (n=279)			K ³⁾ (n=189)			M ⁴⁾ (n=215)			W ⁵⁾ (n=155)		
	N	E	h_k	N	E	h_k	N	E	h_k	N	E	h_k	N	E	h_k	N	E	h_k
A	4	1,9186	0,4788	4	2,0012	0,5003	4	1,8391	0,4562	3	2,0574	0,5140	4	1,9188	0,4788	4	1,7246	0,4202
B	71	9,1235	0,8904	48	7,9849	0,8748	56	10,1359	0,9013	45	10,7037	0,9066	48	8,6010	0,8837	41	6,6233	0,8490
C	4	1,4361	0,3037	4	1,4379	0,3046	4	1,4311	0,3012	4	1,3590	0,2642	3	1,5676	0,3621	3	1,3384	0,2528
D	2	1,6778	0,4040	2	1,7155	0,4171	2	1,6386	0,3897	2	1,8224	0,4513	2	1,6962	0,4105	2	1,4537	0,3121
M	2	1,6600	0,3976	2	1,6092	0,3786	2	1,7095	0,4150	2	1,4049	0,2882	2	1,9811	0,4952	2	1,3382	0,2528
R	2	1,8115	0,4480	2	1,7172	0,4177	2	1,8909	0,4712	2	1,8871	0,4701	2	1,7967	0,4434	2	1,3882	0,2796
HBB	2	1,9555	0,4886	2	1,9943	0,4986	2	1,8832	0,4690	2	1,9998	0,4999	2	1,8761	0,4670	2	1,9403	0,4846
TF	6	3,8051	0,7372	6	3,7742	0,7350	5	3,7427	0,7328	5	3,7421	0,7328	6	3,7575	0,7339	5	3,8255	0,7386
Razem Total	93			70			77			65			69			61		
E	2,9235			2,7793			3,0339			3,1221			2,8994			2,4540		
H	0,5185			0,5158			0,5171			0,5159			0,5343			0,4487		

F¹⁾ - fińska - Finn, R²⁾ - romanowska - Romanov, K³⁾ - kamieniecka - Kamieniecka, M⁴⁾ - merynos - Merino, W⁵⁾ - wielkopolska - Wielkopolska
 E - średnia efektywna liczba alleli - mean effective number of alleles
 H - średni stopień heterozygotyczności - mean degree of heterozygosity

Tabela 4 – Table 4

Obserwowany i oczekiwany rozkład genotypów w loci HBB i TF

Observed and expected distributions of genotypes in loci HBB and TF

Locus	Genotyp Genotype	Rozkład genotypów Distributions of genotypes		Chi ² Chi ² -square	Stopnie swobody Degree of freedom	Poziom istotności Significance level
		obserwowany observed	oczekiwany expected			
TF	AA	19	21	0,19	15	0,005
	BB	23	31	2,06		
	CC	65	75,7	1,51		
	DD	15	19,3	0,96		
	AB	55	50,8	0,35		
	AC	78	79,4	0,02		
	AD	37	40,1	0,24		
	AE	6	4	1,00		
	AP	1	0,2	3,20		
	BC	113	97	2,64		
	BD	47	49	0,08		
	BE	2	4,5	1,39		
	CD	87	76,4	1,47		
	CE	4	7	1,29		
	DE	7	3,6	3,21		
HBB	AA	185	185,1	0,00	3	0,005
	AB	274	273,1	0,00		
	BB	100	100,7	0,00		

wanych działań, mających na celu utrzymanie odpowiedniej zmienności w analizowanym stadzie owiec.

PIŚMIENNICTWO

1. BOJCZUK H., BOJCZUK B., ŻURKOWSKI M., 1991 – Dystans genetyczny między rasami i liniami syntetycznymi owiec. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 4, 8-13.
2. BUIS R.C., TUCKER E.M., 1983 – Relationships between rare breeds of sheep in the Netherlands as based on blood typing. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 14, 17-26.
3. JANIK A., RYCHLIK T., DUNIEC M., 1996 – Struktura genetyczna krajowych ras owiec pod względem grup krwi i polimorficznych wariantów białek. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 23, 1,43-57.
4. KACZOR U., KLEWIEC J., MARTYNIUK E., MURAWSKI M., RYCHLIK T., WIERZCHOŚ E., 1998 – Analysis of relationship between blood protein polymorphism and hypothetical genotype in Olkuska fecundity gene carriers. Book of Abstracts of the 49th Annual Meeting of the European Association for Animal Production 4, 209.
5. KIMURA M., CROW J.F., 1964 – The number of alleles that can be maintained in finite population. *Genetics* 49, 725-738.
6. KMIEĆ M., 1997 – Polimorfizm transferyny w stadzie owiec rasy polska owca długowłosa, selekcyonowanych w kierunku wełnisto-plennym. Rozprawa habilitacyjna, AR Szczecin 1997.
7. KORMAN K., 2006 – Nowa linia mateczna owiec – plenno-mleczna owca kołudzka. *Wiadomości Zootechniczne* 2, 43-53.
8. LIPECKA C., 1984 – Zmiany częstotliwości fenotypów transferyn w selekcyonowanej populacji owiec. *Prace i Materiały Zootechniczne* 29, 11-19.
9. MARZANOV N.S., 1994 – Characteristic of physiological markers in different sheep breeds. Proc. XXIV International Conference of Animal Genetics 30,23-29. Prague.

10. NEI M., ROYCHOUDHURY A.K., 1974 – Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics* 76, 379-390.
11. ORDAS J.G., SAN PRIMITIVO F., 1986 – Genetic variations in blood proteins within and between Spanish dairy sheep breeds. *Animal Genetics* 17, 255-266.
12. RYCHLIK T., 2006 – Wykorzystanie badań grup krwi i polimorficznych form białek w hodowli owiec. Monografia. Wypas wspólnotowy a zdrowie zwierząt, 111-120. Wydano w ramach projektu badawczego UE LACOPE-EVK2-CT-2002-00150.
13. RYCHLIK T., DUNIEC M.J., 2000 – Genetic variation estimated from blood groups and blood protein polymorphism in a population of rams of prolific breeds. *Annals of Animal Science* 27, 4, 43-54.
14. RYCHLIK T., DUNIEC M., KOŚCIELNY M., 2006 – Ocena zmian w strukturze genetycznej owiec rasy wrzosówka w oparciu o badania grup krwi oraz polimorficznych wariantów białek. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 33, 1, 31-40.
15. RYCHLIK T., JANIK A., DUNIEC M., 1998 – Dystans genetyczny między rasami i liniami owiec hodowanych w Polsce. *Roczniki Naukowe Zootechniki* 25, 3, 45-56.
16. RYCHLIK T., KORMAN K., DUNIEC M., 2002 – Effect of prolific breed rams on blood group, transferrin and haemoglobin polymorphism in crosses of east friesland milk sheep and general-purpose sheep. *Annals of Animal Science* 2, 2, 39-50.
17. RYCHLIK T., KRAWCZYK A., 2007 – Wykorzystanie grup i białek polimorficznych krwi do oceny różnorodności genetycznej w polskich rasach zachowawczych owiec. *Wiadomości Zootechniczne* 45, 4, 49-54.
18. RYCHLIK T., KRAWCZYK A., SIKORA J., 2007 – Blood group and blood protein polymorphism in a conservation flock of Wrzosówka sheep. *Annals of Animal Science* 7, 2, 227-235.
19. ZANOTTI CASATI M., GANDINI G.C., LEONE P., 1990 – Genetic variation and distances of five Italian native sheep breeds. *Animal Genetics* 21, 87-92.

Tadeusz Rychlik, Kazimierz Korman, Anna Krawczyk

Blood group, transferrin and haemoglobin polymorphism in Kołuda sheep

Summary

The aim of the study was to determine the polymorphism of erythrocyte antigens in 6 blood group systems (A, B, C, D, M, R) as well as serum proteins (transferrins) and erythrocytes (haemoglobin) in 559 sheep of the newly created prolific and milk line of Kołuda sheep. The effective number of alleles and the degree of heterozygosity were determined based on the frequency of the selected genetic markers. In the sheep flock analysed, the breed used as a component of Kołuda sheep (Finn or Romanov prolific breed; Kamieniecka, Merino or Wielkopolska wool and meat breed) had an effect on the presence of individual blood groups and proteins. The mean degree of heterozygosity ($H = 0.5185$), the total number of alleles (93) and the effective number of alleles (2.92) are evidence of the considerable genetic variation of this line of sheep. The analysis of genotype distribution in HBB and TF blood protein systems showed no significant differences between the expected and observed number of genotypes, which indicate genetic equilibrium state. This is considered beneficial because it enables efficient selection to be continued. The results obtained can also serve as an important source of information for activities aimed at maintaining appropriate variation in this small population of sheep.