

OCENA ZMIAN W STRUKTURZE GENETYCZNEJ OWIEC RASY WRZOSÓWKA W OPARCIU O BADANIA GRUP KRWI ORAZ POLIMORFICZNYCH WARIANTÓW BIAŁEK*

Tadeusz Rychlik, Marian Duniec, Mariusz Kościelny

Instytut Zootechniki, Dział Immuno- i Cytogenetyki Zwierząt, 32-083 Balice k. Krakowa

Celem badań było określenie polimorfizmu antygenów erytrocytarnych w 6 układach grupowych krwi (A, B, C, D, M, R) oraz polimorfizmu białka osocza krwi (transferyny) i erytrocytów (hemoglobiny) u owiec rasy wrzosówka, jak również oszacowanie zmian, jakie nastąpiły w częstości występowania tych markerów w okresie od 1996 do 2005 roku. W oparciu o częstość występowania badanych markerów genetycznych obliczono efektywną liczbę alleli oraz stopień heterozygotyczności. U owiec badanych w latach 1996–2000 (I grupa) ogólna ilość alleli wynosiła 82, efektywna liczba alleli 3,6, a stopień heterozygotyczności 0,5378. W grupie II (badania w latach 2001–2005) wartość tych wskaźników uległa zmniejszeniu i wynosiła, odpowiednio: 67, 2,9 oraz 0,4948. Otrzymane wyniki wskazują na obniżenie się zmienności genetycznej w badanej populacji owiec.

Podstawowym zadaniem Strategii FAO w Zachowaniu Zasobów Genetycznych Zwierząt Gospodarskich jest zinventaryzowanie oraz monitorowanie zasobów genetycznych użytkowanych przez człowieka gatunków, w tym w szczególności ras rzadkich, zagrożonych wyginieciem. Gatunki te i rasy mają stanowić rezerwę genów dla takich cech, jak zdrowotność, odporność, płodność oraz dobre przystosowanie do miejscowych warunków środowiskowych (Hammond, 1997).

Programem ochrony zasobów genetycznych objęto w Polsce 13 ras i odmian owiec, wśród których znajdują się owce rasy wrzosówka. Kryzys, jaki wystąpił w latach 90. XX w. w polskim owczarstwie, doprowadził do znacznego spadku pogłowia owiec, następstwem czego mogło być ograniczenie zmienności genetycznej u niektórych ras. Podjęto zatem działania na rzecz odbudowy i doskonalenia wartości hodowlanej krajowego pogłowia owiec, a szczególnie ras

* Praca wykonana w ramach badań finansowanych z funduszków MRiRW, temat nr 6012.9.

lokalnych, istnienie których w warunkach ostrej konkurencji ekonomicznej może być poważnie zagrożone. Działania te powinny uwzględniać również kompleksową analizę ich struktury genetycznej przy wykorzystaniu możliwie największej liczby markerów genetycznych, co umożliwi zmonitorowanie bioróżnorodności ras.

Dotychczasowa analiza struktury genetycznej owcy rasy wrzosówka na podstawie grup krwi i polimorficznych białek wykonana była w oparciu o materiał z lat 1980–1992 (Janik i in., 1996). Celem obecnych badań było dokonanie genetycznej charakterystyki owiec rasy wrzosówka na podstawie polimorfizmu antygenów erytrocytarnych i białek krwi oraz oszacowanie zmian, jakie nastąpiły w częstości występowania analizowanych markerów genetycznych u potomstwa urodzonego w latach 1996–2005.

Materiał i metody

Materiał do badań stanowiły wyniki badań dotyczących polimorfizmu antygenów erytrocytarnych w 6 układach grupowych krwi (A, B, C, D, M, R) oraz polimorfizmu transferyny (TF) i hemoglobiny (HBB) 462 owiec rasy wrzosówka. Próbkę krwi do badań polimorfizmu zostały uzyskane w ramach prowadzonych przez Dział Immuno- i Cytogenetyki Zwierząt Instytutu Zootechniki prac nad kontrolą rodowodów owiec. Badane w latach 1996–2005 zwierzęta pochodziły głównie z terenu południowej i północno-wschodniej Polski.

Antygeny krwinek czerwonych oznaczono za pomocą 16 reagentów testowych: anty — Aa, Ab, Bb, Bc, Bd, Be, Bf, Bg, Bi, PLB-17, Ca, Cb, Da, Ma, R i O w teście hemolizy i aglutynacji na mikropłytkach. Wszystkie reagenty były standaryzowane w testach porównawczych, organizowanych przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt — ISAG (International Society for Animal Genetics).

Polimorficzne warianty białek TF i HBB oznaczono za pomocą elektroforezy poziomej w żelu skrobiowym według zmodyfikowanej metody Smithiesa (1955) oraz Evansa (1956).

Genotypy owiec w analizowanych loci ustalono opierając się na prawach dziedziczenia oraz analizie przekazywania potomstwu przez rodziców badanych markerów genetycznych.

Analiza statystyczna obejmowała obliczenie częstości występowania alleli w poszczególnych loci metodą bezpośredniego zsumowania liczby genów, obliczenie stopnia heterozygotyczności (Nei i Roychoudhury, 1974) oraz efektywnej liczby alleli w locus (Kimura i Crow, 1964).

Zmiany genetyczne obserwowano w dwóch grupach, przyjmując za kryterium przydziału daty urodzenia badanego osobnika.

I grupa — zwierzęta urodzone w latach 1996–2000 (204 szt.),

II grupa — zwierzęta urodzone w latach 2001–2005 (258 szt.).

Istotność różnic częstości występowania alleli dla analizowanych grup owiec obliczono za pomocą testu χ^2 według wzoru podanego przez Stratila (1970).

Wyniki

Rezultaty badań przeprowadzonych nad zróżnicowaniem markerów genetycznych krwi z 8 polimorficznych układów w badanej populacji wrzosówki przedstawiono w tabelach 1–3.

Tabela 1. Porównanie częstości występowania alleli grup krwi (EA), hemoglobiny (HBB) i transferyny (TF) między badanymi grupami owiec

Table 1. Comparison of frequency of blood group (EA), haemoglobin (HBB) and transferrin (TF) alleles between investigated groups of sheep

Locus	Allele Alleles	Częstość — Frequency		Chi ²
		grupa I group I n = 204	grupa II group II n = 258	
1	2	3	4	5
EAA	a	0,4779	0,3217	23,36 xxx
	ab	0,0172	0,0193	0,06
	b	0,0196	0,0310	1,17
	-	0,4853	0,6280	18,85 xxx
EAB	b	0,0662	0,0252	9,24 xx
	bc	0,0392	0,0136	6,18 x
	bcdefi	0,0024	0,0000	1,27
	bcdfgPLB-17	0,0024	0,0000	1,27
	bcdPLB-17	0,0049	0,0000	2,53
	bce	0,0049	0,0000	2,53
	bcei	0,0024	0,0000	1,27
	bcefi	0,0024	0,0058	0,60
	bcf	0,0049	0,0039	0,06
	bcg	0,0024	0,0000	1,27
	bciPLB-17	0,0024	0,0019	0,03
	bcPLB-17	0,0024	0,0000	1,27
	bd	0,0074	0,0000	3,81
	bdfgiPLB-17	0,0024	0,0000	1,27
	bdfiPLB-17	0,0049	0,0039	0,06
	bdf	0,0098	0,0000	5,08 x
	bdfPLB-17	0,0098	0,0000	5,08 x
	bdg	0,0074	0,0000	3,81
	be	0,0074	0,0000	3,81
	bef	0,0024	0,0039	0,14
	befi	0,0000	0,0019	0,79
	befiPLB-17	0,0123	0,0523	10,94 xxx
	befPLB-17	0,0000	0,0019	0,79
	bei	0,0024	0,0058	0,60
	bePLB-17	0,0049	0,0019	0,62
	bf	0,0024	0,0019	0,03
bfi	0,0024	0,0019	0,03	
bfiPLB-17	0,0147	0,0581	11,48 xxx	
bfPLB-17	0,0147	0,0077	1,03	
bg	0,0024	0,0000	1,27	

cd. tab. 1 — Table 1 contd.

1	2	3	4	5
	bgfPLB17	0,0024	0,0000	1,27
	bi	0,0441	0,0019	20,13 xxx
	biPLB-17	0,0000	0,0039	1,58
	bPLB-17	0,0000	0,0039	1,58
	c	0,1544	0,2422	10,85 xxx
	cdf	0,0147	0,0058	1,87
	cdfiPLB-17	0,0098	0,0000	5,08 x
	cdfPLB-17	0,0024	0,0000	1,27
	cdiPLB-17	0,0024	0,0000	1,27
	cdPLB-17	0,0074	0,0000	3,81
	ce	0,0024	0,0194	5,55 x
	cef	0,0074	0,0000	3,81
	cf	0,0123	0,0213	1,10
	cfiPLB-17	0,0024	0,0019	0,79
	cfPLB-17	0,0368	0,0058	11,43 xxx
	cgPLB-17	0,0024	0,0000	1,27
	ci	0,0196	0,0097	1,62
	ciPLB-17	0,0123	0,0368	5,44 x
	cPLB-17	0,1667	0,0097	77,16 xxx
	d	0,0221	0,0058	4,69 x
	de	0,0024	0,0077	1,19
	defPLB-17	0,0049	0,0136	1,77
	dfgiPLB-17	0,0000	0,0019	0,79
	dfi	0,0024	0,0077	1,19
	dfiPLB-17	0,0441	0,0484	0,10
	di	0,0049	0,0136	1,77
	dPLB-17	0,0000	0,0039	1,58
	e	0,0123	0,0368	5,44 x
	ef	0,0000	0,0019	0,79
	f	0,0172	0,0291	1,39
	fi	0,0049	0,0039	0,06
	fiPLB-17	0,0024	0,0329	11,09 xxx
	fPLB-17	0,0172	0,1143	32,44 xxx
	i	0,0245	0,0097	3,13
	iPLB-17	0,0123	0,0465	8,80 xx
	PLB-17	0,0294	0,0232	0,34
	B ⁻	0,0539	0,0446	0,43
EAC	a	0,1716	0,1118	2,84
	ab	0,0490	0,0930	6,47 x
	b	0,4314	0,3915	1,65
	-	0,3480	0,3837	1,25
EAD	a	0,1201	0,1802	6,33 x
	-	0,8799	0,8198	40,32 xxx
EAM	a	0,7892	0,8682	10,24 xx
	-	0,2108	0,1318	10,24 xx
EAR	R	0,5833	0,8159	60,24 xxx
	O	0,2157	0,1066	20,73 xxx
	i	0,2010	0,0775	30,30 xxx

cd. tab. 1 — Table 1 contd.

1	2	3	4	5
HBB	A	0,2451	0,2151	1,16
	B	0,7549	0,7849	1,16
TF	A	0,0980	0,1880	14,60 xxx
	B	0,1789	0,1706	0,11
	C	0,2941	0,3837	8,10 xx
	D	0,4020	0,2577	21,72 xxx
	E	0,0270	0,0000	14,08 xxx

x — $P < 0,05$,xx — $P < 0,01$,xxx — $P < 0,001$.

W tabeli 1 porównano częstości występowania alleli grup krwi w układach A, B, C, D, M i R, częstości występowania alleli białka osocza krwi (transferyny) i erytrocytów (hemoglobiny) oraz istotność różnic w częstości występowania branych pod uwagę markerów.

W układzie grupowym krwi A obserwowano wysoką częstość alleli A^a i A^- oraz niską A^{ab} i A^b . W układzie tym stwierdzono wysoko istotne różnice w częstości występowania dla alleli A^a i A^- .

W układzie B stwierdzono ogółem 67 alleli, z których z najwyższymi częstościami występowały $B^{cPLB-17}$ (0,1667 w grupie I) i B^c (0,2422 w grupie II). W grupie I z wysoką częstością (powyżej 5%) występowały również allele B^c (0,1544), B^b (0,0662) oraz B^- (0,0539), a grupie II allele $B^{fPLB-17}$ (0,1143), $B^{bfPLB-17}$ (0,0581) i $B^{befPLB-17}$ (0,0523). W układzie tym dla 18 alleli stwierdzono istotne różnice w częstości ich występowania pomiędzy porównywanymi grupami owiec. W układach grupowych krwi C, D, M i R istotne różnice w częstości występowania alleli stwierdzono dla C^{ab} z układu C, D^a i D^- z układu D, M^a i M^- z układu M oraz R^R , R^0 , R^i z układu R.

W locus hemoglobiny w badanych grupach owiec zaobserwowano 2 allele — HBB^A i HBB^B , nie stwierdzając istotnych różnic w częstości ich występowania.

W układzie transferyny zidentyfikowano ogólnie 5 alleli: TF^A , TF^B , TF^C , TF^D , TF^E .

W badanych grupach zwierząt stwierdzono istotne różnice w częstości występowania alleli TF^A , TF^C , TF^D i TF^E .

W tabeli 2 przedstawiono częstość występowania genotypów hemoglobiny i transferyny. W obu grupach owiec najczęstszym genotypem w locus HBB był genotyp BB (0,5490 w I i 0,6240 w II grupie). W locus TF najczęstszym genotypem w obu grupach był genotyp CD (0,2500 w I i 0,2016 w II grupie).

Obliczone na podstawie częstości występowania poszczególnych markerów genetycznych wartości stopnia heterozygotyczności oraz efektywnej liczby alleli były wyższe w grupie I (odpowiednio 0,5378 i 3,6) niż w grupie II (0,4948 i 2,9), co przedstawia tabela 3.

Tabela 2. Częstość występowania genotypów hemoglobiny (HBB) i transferyny (TF) w badanych grupach owiec

Table 2. Frequency of haemoglobin (HBB) and transferrin (TF) genotypes in investigated groups of sheep

Locus	Genotyp Genotype	Częstość — Frequency	
		grupa I — group I	grupa II — group II
HBB	AA	0,0392	0,0543
	AB	0,4118	0,3217
	BB	0,5490	0,6240
TF	AA	0,0098	0,0388
	AB	0,0294	0,0698
	AC	0,0736	0,1589
	AD	0,0686	0,0698
	AE	0,0049	0
	BB	0,0245	0,0116
	BC	0,1029	0,1589
	BD	0,1569	0,0891
	BE	0,0196	0
	CC	0,0686	0,1240
	CD	0,2500	0,2016
	CE	0,0245	0
	DD	0,1618	0,0775
DE	0,0049	0	

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

Locus	Grupa I — Group I			Grupa II — Group II		
	N	E	h_k	N	E	h_k
EAA	4	2,2	0,5357	4	2,0	0,5007
EAB	60	14,1	0,9293	46	10,9	0,9087
EAC	4	2,9	0,6610	4	2,8	0,6485
EAD	2	1,3	0,2114	2	1,4	0,2954
EAM	2	1,5	0,3328	2	1,3	0,2288
EAR	3	2,2	0,5529	3	1,5	0,3169
HBB	2	1,6	0,3700	2	1,5	0,3376
TF	5	3,4	0,7996	4	2,0	0,7220
Razem	82			67		
Total						
E*		3,6			2,9	
H*			0,5378			0,4948

H* — średni stopień heterozygotyczności — mean degree of heterozygosity.

Omówienie wyników

Zasadniczym celem pracy hodowlanej jest doskonalenie populacji, a więc uzyskanie potomstwa lepszego od pokolenia rodzicielskiego. Skutecznym środkiem do realizacji tego celu jest selekcja i odpowiedni dobór zwierząt do rozrodu. We współczesnej hodowli i produkcji zwierzęcej przeprowadza się również coraz częściej na szeroką skalę krzyżowania międzyrasowe. Wymienione działania mogą doprowadzić do zmian w częstości występowania pewnych genów, ich znacznej redukcji, bądź też całkowitej eliminacji z określonej populacji zwierząt. Badanie grup krwi oraz polimorficznych wariantów białek i zastosowanie ich jako markerów genetycznych może okazać się pomocne przy określeniu dynamiki tych zmian (Buis i Tucker, 1983; Lipecka, 1984; Zanotti Casati i in., 1990; Nguyen i in., 1992; Kmieć, 1997; Rychlik i in., 1997; Rychlik i Duniec, 1999; 2000; Rychlik i in., 2002; 2004).

Owce rasy wrzosówka są jedną z najstarszych rodzimych ras polskich. Przed ponad pół wiekiem rasa ta stanowiła $\frac{1}{4}$ pogłowia północno-wschodniej Polski, jednak w okresie powojennym zaniechano jej hodowli, co spowodowało duży spadek liczebności pogłowia, przez co wystąpiła możliwość jej wyginięcia.

W badaniach nad strukturą genetyczną pięciu ras owiec hodowanych w Polsce, które przeprowadzono na materiale z lat 1980–1992, wykazano, że owce rasy wrzosówka charakteryzowały się znaczną heterozygotycznością i pod tym względem nie odbiegały od pozostałych ras — polskiej owcy nizinnej, merynosa polskiego, polskiej owcy długowłnistej i polskiej owcy górskiej (Janik i in., 1996).

W przedstawionej pracy, która obejmuje badania struktury genetycznej wrzosówki w dwóch okresach czasowych, tj. lata 1996–2000 (grupa I) i 2001–2005 (grupa II), zaobserwowano znaczne różnice w częstości występowania alleli grup krwi i białek polimorficznych. Ogółem w 8 branych pod uwagę loci stwierdzono istotne różnice dla 32 alleli. Różna była także ogólna liczba alleli, która w grupie I wynosiła 82 a w II uległa zmniejszeniu do 67. W badaniach na materiale z lat 1980–1992 (Janik i in., 1996) ogólna liczba alleli była znacznie wyższa i wynosiła 87.

Największy spadek ilości alleli zaobserwowano w układzie grupowym krwi B: z 60 w grupie I do 46 w grupie II. Aż 21 alleli (B-fenogrup), które stwierdzono w grupie I, nie zostało zidentyfikowane w grupie II — są to B-fenogrupy: B^{bcdefi} , $B^{bcdfgPLB-17}$, $B^{bcdPLB-17}$, B^{bce} , B^{bcei} , B^{bcg} , $B^{bcPLB-17}$, B^{bd} , $B^{bdfigPLB-17}$, B^{bdf} , $B^{bdfPLB-17}$, B^{bdg} , B^{be} , B^{bg} , $B^{bgfPLB-17}$, $B^{cdfiPLB-17}$, $B^{cdfPLB-17}$, $B^{cdiPLB-17}$, $B^{cdPLB-17}$, B^{cef} , $B^{cgPLB-17}$, których częstość występowania w grupie I wynosiła 0,24 — 0,98%. W tej grupie zidentyfikowano 7 alleli, które nie zostały stwierdzone w grupie I — są to: B^{befi} , $B^{befPLB-17}$, $B^{biPLB-17}$, $B^{bPLB-17}$, $B^{dfgiPLB-17}$, $B^{dPLB-17}$, B^{ef} , a ich częstość występowania wynosiła 0,19–0,39%.

Wśród 15 B-fenogrup, które zostały zidentyfikowane w obu grupach i istotnie różniły się częstością występowania, w 6 przypadkach nastąpił spadek a w 9 wzrost ich frekwencji. W pozostałych układach grupowych krwi 10 alleli wykazało istotne zmiany we frekwencji (u 5 wykazano zwiększenie, a u 5 zmniejszenie częstości

występowania). Podobne zmiany zaobserwowano również w układzie TF. Wśród osobników grupy drugiej nie stwierdzono allelu TF^E , który natomiast wśród osobników grupy I występował z częstością 2,7%.

Analizując częstość występowania genotypów TF i HBB (tab. 2) można zauważyć, że najczęstszym genotypem TF był w obu grupach *TFCD* (odpowiednio 0,2500 i 0,2016). Z wysokimi częstościami wystąpiły również w I grupie genotypy *TFBD* (0,1569) i *TFDD* (0,1618), a w grupie II *TFAC* i *TFBC* (0,1589). W układzie HBB w obu grupach obserwowano przewagę genotypu *HBBBB* nad pozostałymi.

Podobne wyniki w tym zakresie uzyskali w badaniach z 1996 r. Janik i in. (1996), gdzie najczęstszym genotypem TF był również genotyp *TFCD* (0,2313), a w układzie HBB genotyp *HBBBB* dominował nad pozostałymi.

Ważnymi wskaźnikami monitorowania zmienności genetycznej w obrębie populacji są stopień heterozygotyczności oraz efektywna liczba alleli w locus. Wskazują one na wielkość zróżnicowania ras w odniesieniu do analizowanych polimorficznych loci. Podana w tabeli 3 efektywna liczba alleli oraz wartość stopnia heterozygotyczności wskazują na pewne zróżnicowanie tych wskaźników w badanych grupach zwierząt. Średnia wartość stopnia heterozygotyczności, która dla badanych owiec w grupie I wynosiła 0,5378, uległa znacznemu zmniejszeniu i dla II grupy wynosiła 0,4948. Zmniejszeniu uległa również efektywna liczba alleli z 3,6 do 2,9.

W badaniach przeprowadzonych na materiale z lat 1980–1992 średni stopień heterozygotyczności w badanej wówczas populacji wrzosówki wynosił 0,5590 (Janik i in., 1996). U pozostałych ras badanych w tym okresie wystąpiło również znaczne zróżnicowanie stopnia heterozygotyczności, który dla polskiej owcy nizinnej wynosił 0,5992, dla merynosa polskiego 0,5924, dla polskiej owcy długowłosej 0,5380 i dla polskiej owcy górskiej 0,5504.

Także u innych ras owiec hodowanych w Polsce średnia wartość stopnia heterozygotyczności była wysoka i wynosiła 0,5993 u czarnogłówki, 0,5984 u Berrichone du Cher oraz 0,5993 u rasy Ile de France. Jedynie w rasie Suffolk wartość tego wskaźnika była niższa i wynosiła 0,4560 (Rychlik i in., 1996).

Podsumowując wyniki przeprowadzonych badań można stwierdzić, że dostarczyły one kompleksowej informacji o strukturze i zmienności genetycznej owiec rasy wrzosówka oraz umożliwiły określenie zmian genetycznych, jakie zaszły w badanej populacji na przestrzeni kilkunastu lat. Różnice genetyczne stwierdzone w grupach i między grupami badanych owiec, wyrażające się różną ilością i częstością występowania alleli w badanych loci, wskazują, że w badanej populacji owiec nastąpiło zmniejszenie się zmienności genetycznej. Świadczy o tym zmniejszenie się ogólnej liczby alleli, jak również obniżenie się wartości stopnia heterozygotyczności. Przeprowadzone badania i uzyskane wyniki potwierdzają dużą przydatność użytych markerów w określaniu i śledzeniu zmian zachodzących w strukturze genetycznej różnych populacji owiec, przez co mogą stanowić ważne źródło informacji dla działań mających na celu zachowanie zasobów genetycznych.

Piśmiennictwo

- Buis R.C., Tucker E.M. (1983). Relationships between rare breeds of sheep in the Netherlands as based on blood typing. *Anim. Blood Groups Biochem. Genet.*, 14: 17–26.
- Evans J.V., King J.W., Cohen B.L., Harris H., Warren F.L. (1956). Genetics of haemoglobin and potassium differences in sheep. *Nature*, 178: p. 849.
- Hammond K. (1997). The global strategy for management of farm animal genetic resources. *Zesz. Nauk. PTZ, Prz. Hod.*, 3: 17–40.
- Janik A., Rychlik T., Duniec M. (1996). Struktura genetyczna krajowych ras owiec pod względem grup krwi i polimorficznych wariantów białek. *Rocz. Nauk. Zoot.*, 23, 1: 43–57.
- Kimura M., Crow J.F. (1964). The number of alleles that can be maintained in finite population. *Genetics*, 49: 725–738.
- Kmieć M. (1997). Polimorfizm transferyny w stadzie owiec rasy polska owca długowłnista, selekcjonowanych w kierunku wełnisto-plennym. *Rozpr. hab.*, AR Szczecin.
- Lipecka C. (1984). Zmiany częstotliwości fenotypów transferyn w selekcjonowanej populacji owiec. *Pr. Mat. Zoot.*, 29: 11–19.
- Nei M., Roychoudhury A.K. (1974). Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 76: 379–390.
- Nguyen T.C., Elsen J.M., Cullen P.R. (1992). Absence of evidence for linkage between Booroola gene and genetic markers at 11 sheep blood polymorphic loci. *Anim. Genet.*, 23: 525–527.
- Rychlik T., Duniec M.J. (1999). Genetic characteristics of Mouton Charolais sheep breed in Poland and their crossbreeds with Polish Merino. *Ann. Anim. Sci.*, 26, 4: 49–59.
- Rychlik T., Duniec M.J. (2000). Genetic variation estimated from blood groups and blood protein polymorphism in a population of rams of prolific breeds. *Ann. Anim. Sci.*, 27, 4: 43–54.
- Rychlik T., Janik A., Samborska M., Parys A. (1996). Polimorfizm grup krwi, transferyny i hemoglobiny w mięsnych rasach owiec hodowanych w Polsce. *Rocz. Nauk. Zoot.*, 23, 3: 27–41.
- Rychlik T., Kaczor U., Wierchoś E., Marchwica E. (1997). Characteristics of populations of prolific Olkuszka sheep and selected sheep breeds with regard to blood groups and polymorphism of hemoglobin and transferrin. *Rocz. Nauk. Zoot.*, 24, 2: 23–34.
- Rychlik T., Korman K., Duniec M. (2002). Effect of prolific breed rams on blood group, transferrin and haemoglobin polymorphism in crosses of East Friesian milk sheep and general-purpose sheep. *Ann. Anim. Sci.*, 2, 2: 39–50.
- Rychlik T., Korman K., Duniec M. (2004). Polimorfizm markerów genetycznych klasy I w dwóch grupach owiec mieszańców. *Rocz. Nauk. Zoot.*, 31, 2: 209–219.
- Smithies C. (1955). Zone electrophoresis in starch gels: Group variations in the serum proteins of normal human adults. *Biochem. J.*, 61: p. 629.
- Stratil A. (1970). Genetic polymorphisms of proteins in different breeds and different populations of chickens. *Anim. Blood Groups Biochem. Genet.*, 1: 117–122.
- Zanotti Casati M., Gandini G.C., Leone P. (1990). Genetic variation and distances of five Italian native sheep breeds. *Anim. Gen.*, 21: 87–92.

TADEUSZ RYCHLIK, MARIAN DUNIEC, MARIUSZ KOŚCIELNY

Evaluation of changes in the structure of Wrzosówka sheep based on blood group and polymorphic protein variant studies

SUMMARY

The aim of the study was to determine the polymorphism of erythrocyte antigens in 6 blood group systems (A, B, C, D, M and R) and the polymorphism of plasma protein (transferrin) and erythrocytes (haemoglobin) in Wrzosówka sheep, as well as to estimate changes in the frequency of these markers during 1996–2005. Based on the frequency of the analysed genetic markers, the effective number of alleles and the degree of heterozygosity were calculated. In the sheep studied in 1996-2000 (group I) the total number alleles was 82, the effective number of alleles was 3.6, and the degree of heterozygosity was 0.5378. In group II (studied in 2001–2005) these values were lower (67, 2.9 and 0.4948, respectively). The results obtained indicate that genetic variability in the analysed sheep population decreased.

Key words: sheep, blood groups, polymorphic proteins, heterozygosity