

## **Analiza zróżnicowania genetycznego nowo wytworzonych populacji owiec i ras wyjściowych**

**Monika Greguła-Kania<sup>1</sup>, Mirosław Karpiński<sup>2</sup>, Tomasz M. Gruszecki<sup>1</sup>,  
Stanisław Milewski<sup>3</sup>, Leszek Drozd<sup>2</sup>, Krzysztof Patkowski<sup>1</sup>,  
Piotr Czyżowski<sup>2</sup>, Małgorzata Goleman<sup>2</sup>, Katarzyna Tajchman<sup>2</sup>,  
Marcin Kondracki<sup>1</sup>, Katarzyna Wiercińska<sup>1</sup>, Anna Szymanowska<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie,  
Katedra Hodowli Małych Przeżuwaczy i Doradztwa Rolniczego,  
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin;

<sup>2</sup>Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Zakład Hodowli Zwierząt Towarzyszących i Dzikich,  
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin;

<sup>3</sup>Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie, Katedra Hodowli Owiec i Kóz,  
ul. Oczapowskiego 5, 10-719 Olsztyn

Celem pracy była charakterystyka genetyczna linii syntetycznych BCP i SCP w odniesieniu do ras wykorzystywanych do ich wytworzenia. Badaniami objęto łącznie 37 owiec, należących do rasy romanowskiej, charolaise, olkuskiej, fryzyjskiej, suffolk oraz linii BCP i SCP. Strukturę genetyczną analizowano na podstawie 5 markerów mikrosatelitarnych. Obliczono następujące wskaźniki genetyczne statystyki F: I (indeks Shannona), Ho (heterozygotyczność obserwowana), He (heterozygotyczność oczekiwana), PIC (Polymorphic Index Content), Fis (współczynnik Wrighta), Nm (wskaźnik przepływu genów), I<sub>N</sub> (podobieństwo), D<sub>s</sub> (dystans genetyczny). Utworzono też dendrogram dla analizowanych ras i linii. Podsumowując wyniki przeprowadzonych badań stwierdzono, że dostarczyły one kompleksowej informacji o strukturze i zmienności genetycznej badanych grup (ras i linii) owiec. Różnice genetyczne stwierdzone w grupach i między grupami owiec wskazują na redukcję zmienności genetycznej. Świadczy o tym zmniejszenie się ogólnej liczby alleli, jak również obniżenie się stopnia heterozygotyczności. Przeprowadzone badania i uzyskane wyniki wykazują zróżnicowaną przydatność użytych markerów do określania i śledzenia zmian zachodzących w strukturze genetycznej badanych populacji owiec.

**SŁOWA KLUCZOWE:** linie syntetyczne owiec / zróżnicowanie genetyczne

Populacje rodzime utrzymywane w ramach ochrony zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich są źródłem surowców wykorzystywanych do produkcji żywności o wysokich walorach prozdrowotnych, często jednak poziom ich produktywności nie spełnia oczekiwań dzisiejszych użytkowników. Rasy rodzime mogą natomiast być wykorzystywane do tworzenia tzw. linii syntetycznych, w tym również owiec, które charakteryzują się

dobrym przystosowaniem do środowiska i wysoką produktywnością, a uzyskiwane od nich surowce posiadają specyficzne walory prozdrowotne.

Przykładem takich populacji są dwie linie syntetyczne – BCP i SCP, wytworzone w południowo-wschodniej Polsce [6]. Materiałem wyjściowym do wytworzenia tych populacji były rodzime maciorki owcy uhruskiej uszlachetnione rasą plenną. W kolejnym etapie pracy zwierzęta krzyżowano z mieszańcami o genotypie: 50% rasa mięsna (berrichonne du cher lub suffolk), 50% rasa charolaise. Efektem końcowym pracy hodowlanej są populacje o genotypie: owca uhruska – 37,5%, rasa plenna – 12,5%, rasa mięsna (suffolk w linii SCP i berrichonne du cher w linii BCP) – 25% oraz rasa charolaise – 25%. Zwierzęta obu linii charakteryzują się wysokim poziomem użytkowości rozplodowej, przy jednocześnie wysokich parametrach użytkowości mięsnej. Istotnym ograniczeniem efektywnego wykorzystywania takich populacji do krzyżowania towarowego jest brak lub niewielka liczba informacji o zmienności genetycznej nowych linii w stosunku do ras wyjściowych.

Uwzględniając powyższe uwarunkowania podjęto badania, których celem była charakterystyka genetyczna linii syntetycznych BCP i SCP w odniesieniu do ras wykorzystywanych do ich wytworzenia, co pozwoli na uogólnienia o charakterze uniwersalnym służące praktyce hodowlanej.

### Material i metody

Badania przeprowadzono w Dydaktyczno-Badawczej Stacji Doświadczalnej Małych Przeżuwaczy w Bezku, należącej do Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, a także w Uniwersytecie Warmińsko-Mazurskim w Olsztynie. Objęto nimi 37 owiec. Próby pobrano od losowo wybranych, niespokrewnionych 7 osobników rasy romanowska oraz po 5 osobników rasy charolaise, olkuskiej, fryzyjskiej, suffolk oraz linii BCP i SCP. Krew obwodową pobierano z żyły jarzmowej, a izolację DNA wykonano zgodnie z zaleceniami producenta (GeneJet Genomic DNA Purification Kit Thermo Scientific). Strukturę genetyczną analizowano na podstawie 5 markerów mikrosatelitarnych, wybranych spośród rekomendowanych przez FAO i ISAG [5, 7]. Charakterystykę analizowanych *loci* przedstawiono w tabeli 1. Warunki reakcji PCR były takie same dla wszystkich *loci*: wstępna denaturacja w 95°C przez 5 minut, 40 cykli 30 s w 95°C, 30 s w 55°C oraz 1 min w 72°C. Końcowa elongacja w 72°C została wydłużona do 7 minut. Elektroforezę wykonywano w 3% żelu agarozowym, natomiast profil produktów analizowano w programie POLYDOC. Polimorfizm sekwencji oceniano na podstawie różnic w długości sekwencji. Wskaźniki genetyczne statystyki F: I (indeks Shannona), Ho (heterozygotyczność obserwowana), He (heterozygotyczność oczekiwana), PIC (Polymorphic Index Content), Fis (współczynnik Wrighta) obliczono za pomocą programu PoPGEN 1.31 [16]. Przepływ genów dla całej populacji (Nm) szacowano według wzoru:  $Nm = 0,25(1 - Fst)/Fst$  (Fst – współczynnik wsobności); dendrogram – według metody UPGMA, natomiast podobieństwo ( $I_N$ ) i dystans (Ds) pomiędzy populacjami liczone w programie PopGEN 1.31 [16]. Wskaźnik Nm oblicza się dla dwóch lub więcej populacji, w celu wykazania przepływu genów pomiędzy badanymi populacjami. Wskaźniki Ho, He, PIC, I, Fis – mówiące o zróżnicowaniu w obrębie jednej populacji, obliczano dla każdej z analizowanych ras i linii.

**Tabela 1 – Table 1**

Charakterystyka analizowanych loci

Characteristics of analysed loci

<i>Locus</i>	Lokalizacja na chromosomie Location on chromosome	Sekwencja primerów Primer sequence	Numer w GenBanku GenBank accession number	Zakres allelu Allele range
Maf65	15	AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG CCACTCCTCCTGAGAATATAACATG	M67437	114-138
Maf33	9	GATCTITGTITCAATCTATTCCAATITC GATCATCTGAGTGTGAGTATATACAG	M77200	119-141
Maf209	17	GATCACAAAAAGTTGGATAACAACCGTGG TCATGCACTTAAGTATGTAGGATGCTG	...	107-135
Maf214	16	GGGTGATCTAGGGAGGTTTTGGAGG AATGCAGGAGATCTGAGGCGGACG	M88160	173-235
OarAE54	25	TACTAAAGAAACATGCTCCAC AGAAACATITATTCTATCCTCAGTG	L11048	113-141

### Wyniki i dyskusja

Zmienność genetyczna jest jedną z najważniejszych cech charakteryzujących każdą populację. Podstawą zachowania zdolności adaptacyjnych populacji jest odpowiednio wysoka różnorodność genetyczna. Niski stopień zróżnicowania genetycznego może prowadzić do obniżenia zdolności adaptacyjnej populacji [4]. Oszacowanie poziomu zmienności genetycznej jest kluczowe w badaniu populacji i ma ogromne znaczenie dla bioróżnorodności. Na skutek m.in. dryfu i selekcji, zwłaszcza w populacjach o małej liczebności, może dojść do znacznego ograniczenia alleli, wynikiem czego będzie niższy poziom zmienności genetycznej. Dlatego też zalecanie jest monitorowanie zmian w strukturze genetycznej populacji.

Parametrem charakteryzującym zmienność genetyczną w populacji jest współczynnik heterozygotyczności. Wartość heterozygotyczności obserwowanej ( $H_o$ ) dla całej populacji badanych zwierząt wynosiła 0,3923 i znacznie różniła się od wartości heterozygotyczności oczekiwanej ( $H_e$ ) – 0,5168 (tab. 2). Podobne wyniki ( $H_o$  – 0,4580 i  $H_e$  – 0,5801) uzyskali Kusza i wsp. [8] dla populacji owiec bułgarskich. Analiza różnic pomiędzy  $H_o$  i  $H_e$  w badanych liniach wskazuje, że największa rozbieżność między heterozygotycznością obserwowaną (0,2800) a heterozygotycznością oczekiwaną (0,4400) jest w linii SCP, natomiast najmniejsza w linii BCP i w rasie suffolk. U rasy romanowskiej, charolaise, olkuskiej i fryzyjskiej wartość heterozygotyczności obserwowanej była wyższa niż heterozygotyczność oczekiwana, co wskazuje na działanie dodatkowych mechanizmów zwiększających zmienność genetyczną, np. odpowiednia struktura krycia. Stosunkowo niskie wartości heterozygotyczności obserwowanej i oczekiwanej ( $H_o$  – 0,3334 i  $H_e$  – 0,3099) uzyskali Sun i wsp. [13], analizując pierwotne rasy owiec azjatyckich. U owiec suffolk, BCP i SCP wartość heterozygotyczności obserwowanej jest niższa niż oczekiwanej. Wynik ten, interpretowany jako utrata różnorodności, może wynikać ze spadku liczebności populacji. Innym powodem dużych rozbieżności pomiędzy wartością oczekiwaną a obserwowaną może być podzielenie całej puli genetycznej na podgrupy – subpopulacje w

obrębie gatunku, które są odrębne. Można to tłumaczyć tzw. efektem założyciela, gdzie pula genetyczna zawęża się i rozbudowuje się przez jakiś czas, ale tylko w oparciu o pulę założycielską.

Innym wskaźnikiem pozwalającym na określenie zróżnicowania genetycznego w danym *locus* jest współczynnik PIC (Polymorphic Index Content). Współczynnik PIC wyliczony dla całej badanej populacji zwierząt wyniósł 0,4491 (tab. 2), co wskazuje na stosunkowo niski poziom zmienności genetycznej badanych *loci*, gdyż nie została przekroczona wartość 0,5. Najniższą wartość PIC odnotowano u zwierząt linii BCP (0,2286), a najwyższą u owiec rasy romanowskiej (0,3573). Zarówno wartość heterozygotyczności obserwowanej, jak i wartość współczynnika PIC były najwyższe u owiec romanowskich, co wskazuje na największą zmienność u zwierząt tej rasy. Porównując poziom zmienności badanego *locus* z danymi piśmiennictwa można stwierdzić, że był on niższy niż analizowane i opisane w dostępnym piśmiennictwie [1, 2, 10].

**Tabela 2 – Table 2**

Parametry charakteryzujące zmienność genetyczną

Parameters characterizing genetic variability

Wyszczególnienie Specification	I	Ho	He	PIC	Fis	Nm
Romanowska	0,606	0,4833	0,4370	0,3573	0,0797	–
Charolaise Charollais	0,352	0,3333	0,2781	0,2410	0,3886	–
Olkuska	0,627	0,5200	0,4756	0,3376	0,0044	–
Fryzyjska Friesian	0,412	0,4000	0,3289	0,2463	0,2711	–
Suffolk	0,597	0,4200	0,4489	0,2996	0,1311	–
BCP	0,428	0,2800	0,3067	0,2286	0,4133	–
SCP	0,625	0,2800	0,4400	0,3326	0,2800	–
Populacja Population	0,865	0,3923	0,5168	0,4491	0,0909	0,54

I – indeks Shannona – Shannon's Information index

Ho – heterozygotyczność obserwowana – observed heterozygosity

He – heterozygotyczność oczekiwana – expected heterozygosity

PIC – Polymorphic Index Content

Fis – współczynnik Wrighta – Wright's coefficient

Nm – wskaźnik przepływu genów – gene flow coefficient

Deficyt heterozygotyczności w obrębie populacji mierzony jest z wykorzystaniem współczynnika Wrighta (Fis). W całej badanej populacji deficyt heterozygotyczności był raczej niski (0,0909), podobnie jak u owiec olkuskich i romanowskich (odpowiednio 0,0044 i 0,0797). Zbliżone wartości współczynnika inbredu uzyskano również u 3 ras owiec pochodzących z Egiptu oraz z centralnej Azji [5, 13]. W populacjach BCP, charolaise, SCP oraz owiec fryzyjskich zaobserwowano stosunkowo wysoką wartość Fis. Zbliżone wartości uzyskano u owiec bułgarskich [7, 8]. Najczęstszą przyczyną wysokiego wskaźnika Fis jest pochodzenie rasy z puli genowej jednego stada, z którego zwierzęta były rozprowadzane jako założyciele do innych stad. Ponadto brak lub zredukowanie wymiany samców między

stadami również wpływa na zagrożenie inbredem [3, 15]. Podobne wyniki uzyskano w badaniach prowadzonych na niewielkich liczebnie stadach kóz, które żyją w odseparowanych od siebie grupach [11]. W badaniach własnych przyczyny wysokich wskaźników Fis należy doszukiwać się w małej liczebności analizowanych zwierząt.

Narastające spokrewnienie osobników i wynikający stąd inbred jest problemem zarówno małych, zamkniętych populacji, jak i większych, poddanych intensywnej selekcji. Wzrost inbrodu jest przeważnie zjawiskiem niekorzystnym, może powodować spadek żywotności, zdrowotności i użytkowości zwierząt. W hodowli owiec najczęściej powoduje on obniżenie masy ciała i tempa wzrostu jagniąt, płodności i plenności maciorek.

Główne czynniki warunkujące tworzenie się struktury genetycznej, zróżnicowania genetycznego między populacjami tego samego gatunku, to najczęściej czynniki geograficzne, behawioralne i ekologiczne. Istnienie takiego zróżnicowania międzypopulacyjnego jest zjawiskiem powszechnym, nawet w przypadku gatunków uważanych za bardzo panmiktyczne.

Kolejnym badanym parametrem służącym do oceny zróżnicowania genetycznego populacji badanych owiec był indeks Shannona (współczynnik Shannona-Wienera). W badaniach własnych wartości współczynnika Shannona-Wienera wynosiły od 0,352 u charolaise do 0,627 u owcy olkuskiej (tab. 2). Zbliżone wartości indeksu bioróżnorodności Shannona wskazują na względnie utrzymującą się stabilność, co mogą potwierdzić panujące niezmiennie, optymalne warunki środowiska. Natomiast jeżeli wyniki się różnią, należy wnioskować, że istnieje jakiś czynnik środowiskowy, który zakłócił równowagę w danym środowisku – w tym przypadku był to czynnik selekcji hodowlanej.

Oceniając migracje w rozumieniu przemieszczania się osobników między populacjami można stwierdzić, że przyczyniają się do zmniejszenia dywergencji genetycznej. Wartość Nm, wynosząca 0,5405, można interpretować jako jeden migrant na dwa pokolenia.

Ze względu na wysoki stopień polimorfizmu, mikrosatelitarne sekwencje DNA są szczególnie przydatne do szacowania dystansu genetycznego między subpopulacjami w obrębie gatunku. Najpowszechniej wykorzystywaną miarą dystansu genetycznego jest Ds, opracowana przez Nei [12], która zakłada, że różnice genetyczne wynikają z mutacji i dryfu genetycznego. Przeprowadzone badania umożliwiły wyznaczenie dystansu genetycznego pomiędzy poszczególnymi rasami (tab. 3). Otrzymane wyniki odzwierciedlają pochodzenie syntetycznych linii, przy których tworzeniu wykorzystano zwierzęta 5 ras. Największy dystans (0,7360) zanotowano pomiędzy populacją fryzyjską i BCP. Dystans pomiędzy BCP i SCP wynosił 0,0453. Podobne wyniki uzyskali Liu i wsp. [9] (najmniejszy dystans – 0,132, największy – 0,735), analizując filogenezę 11 populacji owiec azjatyckich z linii hodowlanych i pierwotnych, gdzie brak było bezpośredniej korelacji pomiędzy filogenezą a filogeografią.

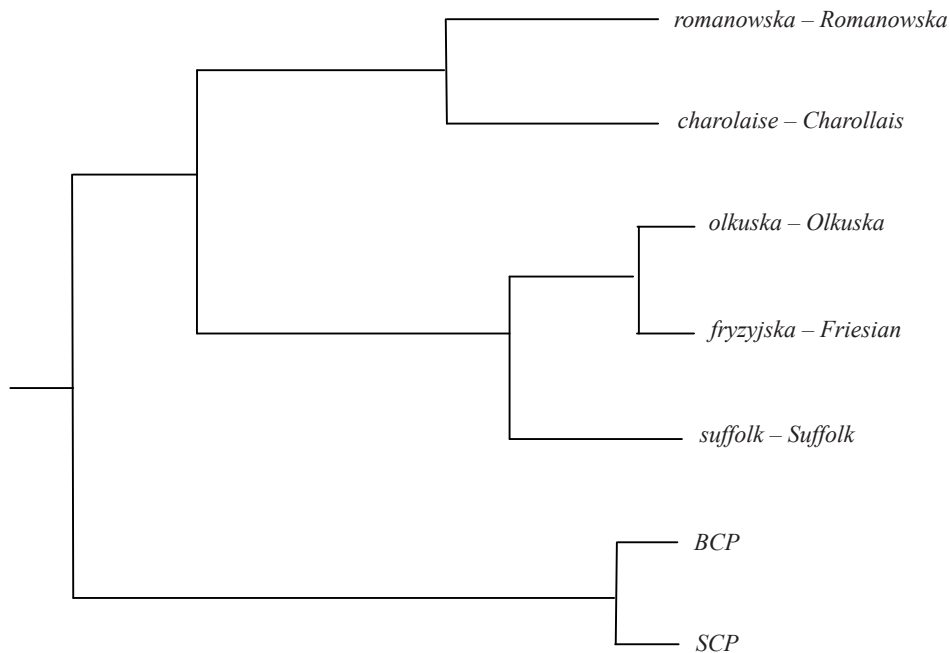
Drzewo filogenetyczne, skonstruowane z wykorzystaniem metody „NJ – neighbor-joining” [14], wyodrębniło spośród analizowanych populacji 2 grupy. Grupę pierwszą tworzą linie wyjściowe: owca romanowska, charolaise, olkuska, fryzyjska oraz suffolk. Linie syntetyczne SCP i BCP tworzą odrębny kład od ras, które brały udział w tworzeniu, co świadczy o różnicach w strukturze genetycznej tych linii od ras wyjściowych.

Zróżnicowanie genetyczne między populacjami jest bezpośrednio związane z przepływem alleli między nimi, im intensywniejszy przepływ osobników między populacjami,

**Tabela 3 – Table 3**

Podobieństwo  $I_N$  (powyżej przekątnej) i dystans genetyczny  $D_s$  (poniżej przekątnej) pomiędzy populacjami  
 Similarity  $I_N$  (above diagonal) and genetic distance  $D_s$  (below diagonal) between populations

	Romanowska	Charolaise Charollais	Olkuska	Fryzyjska Friesian	Suffolk	BCP	SCP
Romanowska	0	0,8543	0,7860	0,7601	0,7737	0,7050	0,7649
Charolaise Charollais	0,1575	0	0,6517	0,5237	0,6752	0,5613	0,7006
Olkuska	0,2409	0,4282	0	0,8762	0,9551	0,6868	0,7180
Fryzyjska Friesian	0,2743	0,6469	0,1322	0	0,8763	0,4790	0,5306
Suffolk	0,2565	0,3927	0,0459	0,1321	0	0,5852	0,6672
BCP	0,3496	0,5775	0,3757	0,7360	0,5359	0	0,9557
SCP	0,2681	0,3559	0,3314	0,6337	0,4046	0,0453	0



Rys. Dendrogram (cladogram) nieukorzeniony ilustrujący wyodrębniające się „klady” odpowiadające strukturze badanych populacji owiec.

Fig. Dendrogram (cladogram) illustrating ‘clades’ corresponding to the structure of the sheep populations

tym mniejsze zróżnicowanie genetyczne. Należy stwierdzić, że uzyskane wyniki pokazały stosunkowo małe zróżnicowanie genetyczne badanych populacji owiec. Obliczone wartości  $H_e$  i  $H_o$  oraz  $F_{is}$  wskazują na niewielką zmienność markerów genetycznych w analizowanych *loci*, co przemawia za koniecznością dalszego monitorowania zmienności genetycznej w tej populacji.

Podsumowując wyniki przeprowadzonych badań można stwierdzić, że dostarczyły one kompleksowej informacji o strukturze i zmienności genetycznej badanych grup (ras i linii) owiec. Różnice genetyczne stwierdzone w grupach i między grupami badanych owiec wskazują, że w badanej populacji nastąpiło zmniejszenie zmienności genetycznej. Świadczy o tym zmniejszenie się ogólnej liczby alleli, jak również obniżenie się wartości stopnia heterozygotyczności. Uzyskane wyniki wykazały zróżnicowaną przydatność użytych markerów w określaniu i śledzeniu zmian zachodzących w strukturze genetycznej badanych populacji owiec.

Ze względu na zagrożenie, jakie niesie ze sobą wzrost inbredu, szczególnie w niewielkich populacjach rodzimych ras owiec, wskazane jest monitorowanie tych zmian, np. przy użyciu markerów mikrosatelitarnych. Dodatkowym narzędziem pomocnym w praktyce hodowlanej może być mitochondrialne DNA, które będzie wykorzystane w dalszych pracach nad badanymi populacjami owiec.

Otrzymane wyniki mogą być pomocne przy opracowywaniu programów hodowlanych, zmierzających do utrzymania lub zwiększenia zmienności genetycznej badanych populacji owiec.

## PIŚMIENNICTWO

1. ARORA R., BHATIA S., 2004 – Genetic structure of Muzzafarnagri sheep based on microsatellite analysis. *Small Ruminant Research* 54, 227-230.
2. ARORA R.J., BHATIA S., MISHRA B.P., JAIN A., PRAKASH B., 2011 – Diversity analysis of sheep breeds from Southern peninsular and Eastern regions of India. *Tropical Animal Health and Production* 43, 401-408.
3. DALVIT C., SACCRÉ E., CASSANDRO M., GERVASO M., PASTORE E., PIASSENTIER E., 2008 – Genetic diversity and variability in Alpine sheep breeds. *Small Ruminant Research* 80, 45-51.
4. FREELAND J.R., 2008 – Ekologia molekularna. PWN, Warszawa, 228.
5. GHAZY A., MOKHTAR S., EID M., AMIN A., ELZAREI M., KIZAKI K., HASHIZUME K., 2013 – Genetic Diversity and Distances of Three Egyptian Local Sheep Breeds Using Microsatellite Markers. *Research in Zoology* 3, 1-9.
6. GRUSZECKI T.M., LIPECKA C., PIĘTA M., SZYMANOWSKA A., JUNKUSZEWA., PATKOWSKI K., BOJAR W., SZYMANOWSKI M., GREGUŁA-KANIA M., LIŚKIEWICZ M., WIERCINŃSKA K., DERYŁO E., OCHAŁ K., 2008 – Polska owca nizinna odmiany uhruskiej oraz linie syntetyczne BCP i SCP. *Przegląd Hodowlany* 5, 19-21.
7. HRISTOVA D., TODOROVSKA E., VASSILEV D., METODIEV S., POPOV I., YABLANSKI T., ZHELYAZKOV E., 2014 – Microsatellites based genetic diversity and population structure of seven Bulgarian indigenous sheep breeds. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences* 3, 569-581.



8. KUSZA S., DIMOV D., NAGY I., BŐSZE Z., JÁVOR A., KUKOVICS S., 2010 – Microsatellite analysis to estimate genetic relationships among five Bulgarian sheep breeds. *Genetics and Molecular Biology* 33, 51-56.
9. LIU J.B., YUE Y.J., LANG X., WANG F., ZHA X., GUO J., FENG R.L., GUO T.T., YANG B.H., SUN X.P., 2014 – Analysis of geographic and pairwise distances among sheep populations. *Genetics and Molecular Research* 13, 4177-4186.
10. MOLAEE V., OSFOORI R., ESKANDARI NASAB M.P., QANBARI S., 2009 – Genetic relationships among six Iranian indigenous sheep populations based on microsatellite analysis. *Small Ruminant Research* 84, 1-3.
11. OLIVEIRA J. D., SILVEIRA DE PAIVA IGARASHI M.L.; MACHADO T.M.M., MIRETTI M.M., FERRO J.A., CONTEAL E.P.B., 2007 – Structure and genetic relationships between Brazilian naturalized and exotic purebred goat domestic goat (*Capra hircus*) breeds based on microsatellites. *Genetics and Molecular Biology* 30, 356-363
12. PILOT M. RUTKOWSKI R., 2005 – Zastosowanie metod molekularnych w badaniach ekologicznych. Teoretyczne podstawy analizy zmienności genetycznej populacji. Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa.
13. SUN W., CHANG H., TSUNODA K., MUSA H.H., YANG Z.P., MA Y.H., GUAN W.J., 2010 – The phylogeographic system survey of native sheep breeds in the eastern and southern Central Asia. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 127, 308-317.
14. TAKEZAKI N., NEI M., 1996 – Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144, 389-99.
15. TOLONE, M., MASTRANGELO, S., ROSA A., PORTOLANO B., 2012 – Genetic diversity and population structure of Sicilian sheep breeds using microsatellite markers. *Small Ruminant Research* 102, 18-25.
16. YE H.F.C., YANG R.C., BOYLE T., 1999 – Popgene version 1.31.: Microsoft Windows – based freeware for population genetic analysis, quick user guide. Center for International Forestry Research, University of Alberta, Edmonton, Alberta, Canada.

Monika Greguła-Kania, Mirosław Karpiński, Tomasz M. Gruszecki,  
Stanisław Milewski, Leszek Drozd, Krzysztof Patkowski,  
Piotr Czyżowski, Małgorzata Goleman, Katarzyna Tajchman,  
Marcin Kondracki, Katarzyna Wiercińska, Anna Szymanowska

## Analysis of genetic diversity in newly created sheep populations and their maternal breeds

### Summary

The aim of the study was to provide a genetic characterization of the synthetic lines BCP and SCP in relation to the breeds used to create them. We analysed a total of 37 sheep of the breeds Romanowska, Charollais, Olkuska, Friesian and Suffolk and the lines BCP and SCP. Genetic structure was analysed on the basis of 5 microsatellite markers. The following genetic parameters were calculated: I – Shannon's Information index, Ho – observed heterozygosity, He – expected heterozygosity, PIC – Polymorphic Index Content, Fis – Wright's coefficient, Nm – gene flow coefficient, I<sub>N</sub> – similarity, and



genetic distance ( $D_S$ ) between populations. A dendrogram was also created for the breeds and lines. The results of the research provided comprehensive information on the genetic structure and variation in the groups of sheep (breeds and lines). Genetic differences found in and between the groups indicate a reduction in genetic variation. Evidence of this is the decrease in the total number of alleles and in heterozygosity. The results indicate that the usefulness of the markers used to identify and track changes in the genetic structure of the sheep population is varied.

**KEY WORDS: synthetic lines of sheep / genetic diversity**