ԱԳՐՈԳԻՏՈՒԹՅՈՒՆ ԵՎ ՏԵԽՆՈԼՈԳԻԱ
Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարան
AGRISCIENCE AND TECHNOLOGY АГРОНАУКА И ТЕХНОЛОГИЯ
Միջազգային գիտական պարբերական
ISSN 2579-2822
Կայքէջ՝ anau.am/scientific-journal
doi: 10.52276/25792822-2022.3-290

ՀՏԴ 636.592.082

ՀՆԴԿԱՀԱՎԵՐԻ ԱՐՅԱՆ ՊՈԼԻՄՈՐՖ ՍՊԻՏԱԿՈՒՑՆԵՐԻ ԿԻՐԱՌՈՒՄԸ ՈՐՊԵՍ ՍԵՌԵՐԻ ԱՌԱՋԱՑՈՒՄԸ ԿԱՐԳԱՎՈՐՈՂ ՄՈԼԵԿՈՒԼԱՅԻՆ ՄԱՐԿԵՐՆԵՐ

Մ.Վ. Բադալյան *գ.գ.թ.*, **Տ.Բ. Ալոյան, Յու.Գ. Մարմարյան** *գ.գ.դ.*
Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարան
Ս.Ա. Խառատյան
Սննդամթերքի անվտանգության ոլորտի ռիսկերի գնահատման և վերլուծության գիտական կենտրոն
badalyan.manvel@mail.ru, tatev.aloyan20@mail.ru, yu.marmaryan@anau.am, satenik.kharatyan@mail.ru

ՏԵՂԵԿՈՒԹՅՈՒՆ

Բանալի բառեր՝
հնդկահավ,
հոմոզիգոտ,
հետերոզիգոտ,
գենոտիպ,
սեռ

ԱՄՓՈՓԱԳԻՐ

Հետազոտությունները փաստում են, որ մայր հնդկահավերի գենոտիպով և գենոտիպերի հանդիպման հաճախականությամբ պայմանավորված՝ սերնդում սեռերի թվային հարաբերակցությունը փոփոխվում է: *TfCC CpBC HbBC* և *TfCC Cp– HbBC* գենոտիպերով մայրերից ստացված սերնդի 78 և 69 %-ը կազմում են արուները, *TfAA CpCD HbAB* և *TfBD CpCD HbAA* գենոտիպերով մայրերից ստացված սերնդի 65 %-ը՝ էգերը: *TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD* և *TfCD CpCC HbCD* գենոտիպերով մայրերից ստացված սերնդում արուների և էգերի թիվը հավասար է (P>0,999): Ստացված արդյունքները որպես գենետիկական մարկերներ կարող են կիրառվել հնդկահավերի տոհմասելեկցիոն աշխատանքներում:

Նախաբան

Հայտնի է, որ կենդանիների մեծ մասի մոտ միջին հաշվով ծնվում են հավասար թվով արուներ և էգեր, այսինքն՝ սեռերի թվային հարաբերակցությունը կազմում է մոտավորապես 1:1:

Ի՞նչ մեխանիզմով է կարգավորվում սեռերի նման հարաբերակցությունը և ինչպե՞ս կարելի է լուծել սեռերի կարգավորման խնդիրը: Այս հարցերի ճշգրիտ պատասխանը ստացվեց, երբ հնարավոր եղավ ուսումնասիրել բջջի քրոմոսոմային ապարատի կառուցվածքը:

Գոյություն ունեցող կարծիքի համաձայն՝ թռչունների *Z, W* և կաթնասունների սեռական քրոմոսոմները հոմոլոգներ չեն, քանի որ առաջացել են տարբեր աուտոսոմային զույգերից: Այսպես՝ թռչունների *Z* քրոմոսոմը պարունակում է 9-րդ քրոմոսոմում առկա բազմաթիվ տեղամասեր, ավելին՝ *Z* քրոմոսոմում քարտեզավորված 24 գեներից 17-ը բացահայտված են 9-րդ հոմոլոգ քրոմոսոմում, և հակառակը՝ 9-րդ քրոմոսոմի *ornitine transcarbamylase* գեն պարունակող մեկ տեղամասը հոմոլոգ է *Z* քրոմոսոմին (L. Buchen, 2010, H. Ellegren, 2000):

Ենթադրվում է, որ թռչունների *W* քրոմոսոմը ձևավորվել է *Z* քրոմոսոմի ինակտիվացիայի և ինվերսիայի արդյունքում: Այդ մասին են վկայում անողնուց թռչունների *Z* և *W* քրոմոսոմներում առկա *ACO1* և *ZOV3* գեներն ու *EEO6* նուկլեոտիդային հաջորդականությունը՝ միկրոսատելիտային ԴՆԹ-ն (T. Ezaz, et al, 2006):

Թռչունների *W* քրոմոսոմը դրսևորվում է ցածր գենետիկական բազմազանությամբ: *W* քրոմոսոմում առկա

ԴՆԹ-ի 60 %-ը բաղկացած է *Xho* տանդեմային կրկնություններից (Y. Itoh, et al, 2011):

Ի տարբերություն կաթնասունների՝ թռչունների էգերը հետերոգամետ են, այսինքն՝ ձևավորում են *Z* և *W* սեռական քրոմոսոմներ պարունակող ձվաբջիջներ, իսկ արուները, որպես հոմոգամետ սեռ, առաջացնում են միայն մեկ տիպի՝ *Z* սեռական քրոմոսոմ պարունակող սպերմատոզոիդներ: Նշանակում է՝ թռչունների մոտ ապագա օրգանիզմի սեռը ձևավորվում է մինչև բեղմնավորումը՝ դեռևս մայրական օրգանիզմում. այս եղանակը կոչվում է պրոգամային (Е.Д. Амбросьева, 2005, Л.А. Остерман, 1981, М.Е. Лобашев, 1967): Բնության մեջ հայտնի են դեպքեր, երբ սեռերի թվային հարաբերակցությունը (1:1) տատանվում է այս կամ այն սեռի գերակայությամբ:

Գիտական գրականությունում գյուղատնտեսական կենդանիների և թռչունների սեռերի թվային հարաբերակցության դրսևորման գործում հայրական ու մայրական ժառանգականության դերի վերաբերյալ կարծիքներն իրարամերժ են, և մինչ այժմ կատարված ուսումնասիրությունների արդյունքները հիմնավորված չեն (Մ.Վ. Բաղալյան և ուրիշ., 2021):

Հարկ է նշել, որ մենդելացվող և ժառանգման բազմագենային պայմանավորվածություն ունեցող հատկանիշների դրսևորումը թերի է հետազոտված (М.Е. Лобашев, 1967): Ժամանակակից մոտեցումների համաձայն՝ թռչունների մոտ սեռերի ձևավորումը պայմանավորված է երկու գործոններով՝ *Z* քրոմոսոմի թվով (երկուսի դեպքում առաջանում են արուներ, իսկ մեկի դեպքում՝ էգեր) և *W* քրոմոսոմում տեղակայված՝ սեռը ձևավորող գեներով (S. Nakagawa, 2004):

Սեռերի որոշման հաշվեկշռային տեսության համաձայն՝ *3A:ZZZ* կարիոտիպով թռչուններն անպտուղ արուներ են, իսկ *3A:ZZW* կարիոտիպով թռչունները՝ հերմաֆրոդիտներ, քանի որ վերջիններիս մոտ զարգանում են ինչպես ձվարանները, այնպես էլ ձախ սերմնարանը: *3A:ZWW* կարիոտիպով առանձնյակների մոտ ձևավորվում է ձվարանը, սակայն դրանք 16 օրականում մահանում են: Գինանդրոմորֆները, որոնց մարմնի ձախ հատվածը իգական է, իսկ աջը՝ արական, ունենում են *ZZ* կամ *ZO* կարիոտիպ (J.A.M. Graves, 2003, 2013):

Թռչունների սեռերի ձևավորման մոլեկուլային գենետիկական հետազոտությունները փաստում են, որ գոյություն ունեն *Z* և *W* քրոմոսոմներում տեղակայված բազմաթիվ գեներ, որոնք անմիջապես պատասխանատու են սեռի տարբերակման համար: Այսպես՝ *CHD* (*chromodomain-helicase-DNA binding protein*) գենը տեղակայված է *Z* և *W* քրոմոսոմներում (*CHD-Z* և *CHD-W*): Այն քրոմոսոմի կառուցվածքի փոփոխության ժամանակ կարգավորում է տրանսկրիպցիայի երևույթը: Հատկանշական է, որ անողնուց թռչունների մոտ (ջայլամ, էմու, նանդու) *CHD-W* գենը բացակայում է (M. Schmid, et al., 2005):

Avian sex-specific, W-linked գեները տեղակայված են *W* քրոմոսոմում (բացառությամբ անողնուց թռչունների), պոլիմորֆ են, հայտնի է 40-ից ավելի պատճեն: Այս գեների ակտիվացմամբ կամ պասիվացմամբ է պայմանավորված տվյալ սեռի սեռական գեղձերի ձևավորումը (J. Rutkowska, et al, 2012):

W քրոմոսոմում տեղակայված *FET1* (*female expressed transcript1*) գենը պատասխանատու է բացառապես արուների սեռական գեղձերի զարգացման համար (K.J. Reed, A.H. Sinclair, 2002):

DMRT1 (DM related transcription factor 1) գենը տեղակայված է *Z* քրոմոսոմում, պայմանավորում է թռչունների միզասեռական համակարգի ձևավորումը: Հատկանշական է, որ նշված գենի հոմոլոգը հայտնաբերվել է մարդկանց 9-րդ քրոմոսոմում: Ծագումնաբանության առումով այն մոտ է դրոզոֆիլի *dsx (double-sex)* և նեմատոդների *mab3 (male abnormal 3)* գեներին (C.K. Matson, et al., 2011):

Ընդհանուր առմամբ թռչունների սեռերի ձևավորմանը մասնակցում են նաև *AMHSOX9, SOX3, WT1, SF1, DAX1* գեները, որոնք օնտոգենեզի սաղմնային փուլում պայմանավորում են սեռերին բնորոշ ֆիզիոլոգիական պրոցեսները և օրգանների ձևավորումն ու զարգացումը (M. Matsuda, 2016):

Մայրերի գենոտիպով պայմանավորված ինչու է փոփոխվում սերնդում սեռերի թվային հարաբերակցությունը հարցադրմանը պատասխանելու և համապատասխան գենետիկական մարկերներ մշակելու նպատակով առաջին անգամ Հայաստանում կատարվել է հնդկահավերի գենոտիպավորում ըստ արյան շիճուկի տրանսֆերինի *(Tf)*, ցերուլոպլազմինի *(Cp)* և հեմոգլոբինի *(Hb)* լոկուսների:

Խնդիր է դրվել տարբեր գենոտիպերով էգ հնդկահավերից ստացված սերնդի սեռերի թվային հարաբերակցության փորձնական հետազոտությունների արդյունքները կիրառել տոհմասելեկցիոն աշխատանքներում:

Նյութը և մեթոդները

Հետազոտությունները կատարվել են 2009-2011 թվականներին Սյունիքի մարզի Ախլաթյան համայնքի գյուղացիական տնտեսությունում: Փորձերի համար ընտրվել են Սպիտակ լայնակուրծք ցեղի՝ միմյանց հետ ազգակցական կապ չունեցող 31 էգ և 1 արու հնդկահավեր: Փորձնական հետազոտությունների ժամանակ կիրառվել են դասական անասնաբուծական, հիբրիդոլոգիական, պոպուլյացիոն-գենետիկական, կենսաչափական ուսումնասիրությունների մեթոդները: Փորձնական խումբը համալրվել է նմանակների սկզբունքով՝ ըստ տարիքի, սեռի, ցեղին բնորոշ գունավորման, արտակազմվածքի և համակազմվածքի: Ինկուբացումը կատարվել է բնական, մեկ օրական ճտերի սեռը որոշվել ճապոնական եղանակներով (С.В. Косьяненко и др., 2020):

Լաբորատոր հետազոտությունները կատարվել են 2012 թ. Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարանի ընդ-

հանուր կենսաբանության ամբիոնի «Գենետիկայի և կենսատեխնոլոգիայի» լաբորատորիայում: Ստացված արդյունքները մշակվել և գենետիկամաթեմատիկական վերլուծության են ենթարկվել 2020 թ.:

Արյունը նմուշառվել է հնդկահավերի թևատակի երակից՝ հել ակտիվատոր պարունակող վակուումային փորձանոթի միջոցով: Հնդկահավերը գենոտիպավորվել են ըստ արյան պոլիմորֆ սպիտակուցների՝ տրանսֆերինի *(Tf)*, ցերուլոպլազմինի *(Cp)* և հեմոգլոբինի *(Hb)* լոկուսների, կիրառվել է պոլիակրիլամիդային գել էլեկտրաֆորեզի եղանակը: Արյան շիճուկը և հոմոլիզատը ստացվել են հայտնի մեթոդներով: Էլեկտրաֆորեզն իրականացվել է Դեյվիսի մեթոդով (Л.А. Остерман, 1981), գերմանական արտադրության Biometra ֆիրմայի Multigel-long ֆորեզի ապարատով, 10 %-անոց պոլիակրիլամիդային հելի վրա (աղ. 1):

Աղյուսակ 1. Արյան շիճուկի *Tf, Cp* և *Hb* սպիտակուցների էլեկտրաֆորեզի անհրաժեշտ պայմանները*

Սպիտակուցներ	Հել, %	Հելի երկարությունը, սմ	Նմուշի տիտրը	Բուֆեր		Հոսանքի լարումը, V	Ֆորեզի տևողությունը, ժամ
				հելային	էլեկտրոդային		
Tf	10	12	1:2	0.05 M տրիս *HCl*, *pH=8,8*	0.016 M տրիս-գլիցին, *pH=8,7*	80	3,0
Cp	0	12	1:1	0.18 M տրիս *HCl*, *pH=8,8*	0.016 M տրիս-բորատ, *pH=9,0*	90	2,5
Hp	10	12	1:1	0.2 M տրիս-ցիտրատ, *pH=8,8*	0.08 M տրիս-բորատ, *pH=8,7*	50	3,5

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

Հետազոտությունների արդյունքում ստացված տվյալները ենթարկվել են վիճակագրական վերլուծության. կիրառվել են մի շարք բանաձևեր (Е.К. Меркурьева, 1970) և SPSS, Excel համակարգչային ծրագրերը:

Որոշվել են՝

1. Միջին թվաբանականը՝

$$M = \frac{\sum V}{n},$$

որտեղ M -ը միջին թվաբանականն է, V -ն՝ տարբերակները, n -ը՝ տարբերակների թիվը:

2. Միջին քառակուսային շեղումը՝

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum (V-M)^2}{n-1}},$$

որտեղ σ-ն միջին քառակուսային շեղումն է:

3. Փոփոխականության գործակիցը՝

$$C_v = \frac{\sigma \cdot 100}{M},$$

որտեղ C_v -ն փոփոխականության գործակիցն է:

4. Միջին թվաբանականի սխալը՝

$$m_M = \frac{\sigma}{\sqrt{n}},$$

որտեղ m_M -ը միջին թվաբանականի սխալն է:

5. Հավաստիության չափանիշը՝

$$t_M = \frac{M}{m_M},$$

որտեղ t_M -ը միջին թվաբանականի հավաստիությունն է:

6. Տարբերությունների հավաստիությունը՝

$$t_D = \frac{D}{m_D},$$

որտեղ t_D -ն տարբերությունների հավաստիությունն է, D -ն՝ առավելագույն և նվազագույն տարբերակների տարբերությունը, m_D -ն՝ միջին թվաբանականի սխալի տարբերությունը:

7. Ընդհանուր դիսպերսիան՝

$$C_y = \sum (V - M_0)^2,$$

որտեղ C_y -ն ընդհանուր դիսպերսիան է, M_0 -ն՝ բոլոր համախմբերի ընտրանքների միջին թվաբանականը:

Արդյունքները և վերլուծությունը

Ներկայումս գյուղատնտեսական կենդանիների և թռչունների ընտրասերման աշխատանքներում կիրառվում են նոր գենետիկական մեթոդներ, որոնց հիմքում ընկած են պոլիմորֆ գենետիկական դետերմինացիայի համակարգերը (արյան խմբեր, պոլիմորֆ սպիտակուցներ, սատելիտային ԴՆԹ): Կիրառման պարզությամբ և մատչելիությամբ հատկապես արդիական է սպիտակուցների կենսաքիմիական բազմազանությունը: Բազմաթիվ ուսումնասիրություններով պարզվել է, որ գյուղատնտեսական կենդանիների և թռչունների սպիտակուցների կեսից ավելին պոլիմորֆ է. այն սինթեզող գենն ունի մեկից ավելի ալել: Նման սպիտակուցները ստացել են «կառուցվածքային գեների կենսաքիմիական մարկերներ» անվանումը և լայնորեն կիրառվում են գյուղատնտեսական կենդանիների ու թռչունների գենոտիպավորման և մոլեկուլային կամ մարկերային սելեկցիայում (Дж.И. Веллер, 2018):

Ֆորեգրամի արդյունքների վերլուծությունից ակներև է, որ փորձնական խմբի հնդկահավերի մոտ գենոտիպերի հնարավոր բազմաթիվ զուգորդումներից ձևավորվել են յոթը՝ *TfAA CpCD HbAB, TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD, TfBD CpCD HbAA, TfCC CpBC HbBC, TfCC Cp– HbBC, TfCD CpCC HbCD*: Դրանցից ստացված սերնդի սեռերի թվային հարաբերակցության արդյունքներն ամփոփված են աղյուսակ 2-ում:

Ըստ աղյուսակ 2-ի՝ բոլոր 31 էգ հնդկահավերից ստացված սերնդի սեռերի թվային հարաբերակցությունը մոտ է 1:1: Սակայն միաժամանակ, մայրերի գենոտիպով պայմանավորված, այն շեշտակի փոխվում է՝ գերակայություն է ստանում այս կամ այն սեռը: Այսպես՝ *TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD* և *TfCD CpCC HbCD* գենոտիպերով հնդկահավերից միջին հաշվով ստացվել են հավասար թվով արուներ և էգեր: Նշված գենոտիպով հնդկահավերը կազմում են փորձնական խմբի 54 %-ը:

Հետաքրքիր արդյունքներ են գրանցվել *TfCC CpBC HbBC* զուգակցման դեպքում. սերնդի 78 %-ը կազմում են արուները, 22 %-ը՝ էգերը: Նման գենոտիպ են ունեցել փորձնական խմբի հնդկահավերի 10 %-ը:

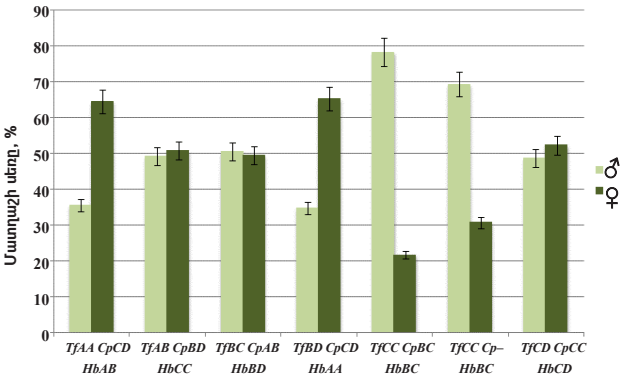
TfCC Cp– HbBC գենոտիպի դեպքում դարձյալ գերակշռում են արուները՝ կազմելով սերնդի 69 %-ը: Այս գենոտիպի հանդիպման հաճախականությունը, ինչպես նախորդինը, ևս 10 % է:

Զարմանալիորեն պատկերը փոխվում է *TfAA CpCD HbAB* զուգակցությամբ հնդկահավերից ստացված սերնդի մոտ. 65,5 %-ը կազմում են էգերը, իսկ 35,5 %-ը՝ արուները: Նշված գենոտիպի հանդիպման հաճախականությունը 13 % է:

TfBD CpCD HbAA գենոտիպը կրող հնդկահավերի սերնդի 65 %-ը կազմում են էգերը: Ընդ որում՝ այս գենոտիպի հանդիպման հաճախականությունը նույնպես 13 % է:

Ստացված սերնդի սեռերի թվային հարաբերակցությամբ պայմանավորված՝ փորձնական խմբի մայրերին կարելի է տարանջատել երեք հիմնական խմբերի.

1. *TfAA CpCD HbAB, TfBD CpCD HbAA,* երբ սերնդում գերակշռում են էգերը (65 %):
2. *TfCC CpBC HbBC, TfCC Cp— HbBC*, երբ սերնդում գերակշռում են արուները (73,8 %):
3. *TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD, TfCD CpCC HbCD,* երբ սերնդում արուների և էգերի թիվը հավասար է (գծ.):



Գծ. Տարբեր գենոտիպով հնդկահավերից ստացված մատղաշի սեռերի թվային հարաբերակցությունը *(կազմվել է հեղինակների կողմից)*:

Աղյուսակ 2. Տարբեր գենոտիպով հնդկահավերից ստացված մատղաշի սեռերի թվային հարաբերակցությունը*

Մայրերի գենոտիպերը	n	Սերնդի սեռը	M±m	Միջին քառակուսային շեղումը, σ	Դիսպերսիան, C	Վարիացիայի գործակիցը, CV	t_m
TfAA CpCD HbAB	4	♀	64,5±1,50	3,00	9,00	4,65	43,00
		♂	35,5±1,50	3,00	9,00	8,45	23,66
TfAB CpBD HbCC	5	♀	50,8±1,66	3,70	13,70	7,28	30,60
		♂	49,2±1,66	3,70	13,70	7,52	29,63
TfBC CpAB HbBD	6	♀	49,5±1,31	3,21	10,30	6,48	37,78
		♂	50,5±1,31	3,21	10,30	6,36	38,55
TfBD CpCD HbAA	4	♀	65,25±1,31	2,63	6,92	4,03	49,43
		♂	34,75±1,31	2,63	6,92	7,57	28,81
TfCC CpBC HbBC	3	♀	21,7±1,76	3,06	9,33	14,1	12,33
		♂	78,3±1,76	3,06	9,33	3,87	44,48
TfCC Cp— HbBC	3	♀	30,7±0,33	0,58	0,33	1,91	21,81
		♂	69,3±0,33	0,58	0,33	0,89	21,00
TfCD CpCC HbCD	6	♀	51,3±1,41	3,44	11,87	6,71	31,38
		♂	48,7±1,41	3,44	11,87	2,98	34,54

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

Աղյուսակ 2-ի տվյալների վերլուծությամբ հարց է առաջանում՝ ինչ մեխանիզմով է կարգավորվում սեռերի նման հարաբերակցությունը:

Ակնհայտ է, որ սեռերի հարաբերակցությունը նախ և առաջ պայմանավորված է ծնողների տարիքով, ֆիզիոլոգիական վիճակով, գամետների որակով, կերաբաժնի բնույթով, բուծման մեթոդներով և, իհարկե, ժառանգելիությամբ:

Հետազոտությունների համաձայն՝ օվոգենեզի ժամանակ տարբեր գենոտիպով փորձնական խմբի հնդկահավերի մոտ առաջացել են անհավասար քանակությամբ *Z* և *W* քրոմոսոմ պարունակող գամետներ կամ ձվաբջիջներ:

Հարկ է նշել, հնդկահավերի գենետիկական մարկերների բացահայտումն արդիական խնդիր է, քանի որ մարկերային կամ գենոմային սելեկցիայի արդյունքների կանխատեսումը հիմնականում պայմանավորված է պոպուլյացիաների գենետիկական կառուցվածքով, առանձին լոկուսների, ալելների և տնտեսական արժեքավոր հատկանիշների միջև առկա կապի աստիճանով:

Եզրակացություն

Ըստ հետազոտությունների՝ փորձնական հնդկահավերի գենետիկական զուգակցումները յոթն են՝ *TfAA CpCD HbAB, TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD, TfBD CpCD HbAA, TfCC CpBC HbBC, TfCC Cp— HbBC, TfCD CpCC HbCD*, որոնց հանդիպման հաճախականությունը համապատասխանաբար կազմում է 0,13, 0,16, 0,19, 0,13, 0,10, 0,10 և 0,19 %:

TfCC CpBC HbBC և *TfCC Cp— HbBC* գենոտիպերով մայրերից ստացված սերնդի՝ համապատասխանաբար 78 և 69 %-ը կազմում են արուները: Այս գենոտիպերի հանդիպման հաճախականությունը 0,1 կամ 10 % է (P>0,999):

TfAA CpCD HbAB և *TfBD CpCD HbAA* գենոտիպերով մայրերից ստացված սերնդում էգերի 65 % գերակշռությամբ պայմանավորված՝ գենոտիպերի հանդիպման հաճախականությունը կազմում է 0,13 կամ 13 % (P>0,999):

TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD և *TfCD CpCC HbCD* գենոտիպերով մայրերից ստացված սերնդում արուների ու էգերի թիվը հավասար է, ինչը փաստում է, որ նշված գենոտիպերի հանդիպման հաճախականությունը բավական բարձր է՝ 54 % (P>0,999):

Գրականություն

1. Բաղալյան Մ.Վ., Դիլանյան Վ.Թ., Խառատյան Ս.Ա. Կուսածին և բեղմնավորված ձվից ստացված հնդկահավերի գենետիկական բնութագիրն ըստ արյան շիճուկի որոշ պոլիմորֆ սպիտակուցների // Ագրոգիտություն և տեխնոլոգիա. - Եր., 2021. - 1/73. - էջ 79-83. https://doi.org/10.52276/25792822-2021.1-79.
2. Амбросьева Е.Д. Полиморфизм белков крови сельскохозяйственных животных и эффективность использования его в селекционном процессе: Дис. соиск. уч. степ. док. биол. наук. - М.: Россия, 2005.
3. Веллер Дж.И. Геномная селекция животных. - СПб., 2018.
4. Косьяненко С.В., Жогло С.В., Вашкевич Т.Н. Выраженность признаков аутосексности в родительских формах отечественных кроссов яичных кур. Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. - 2020. - С. 30–37.
5. Лобашев М.Е. Генетика. - Ленинград, 1967.
6. Меркурьева Е.К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. - М.: Колос, 1970.
7. Остерман Л.А. Методы исследования белков и нуклеиновых кислот: Электрофорез и ультрацентрифугирование. - М.: Наука, 1981.
8. Buchen, L. (2010). The Fickle Y Chromosome. Nature, 463, - pp. 149-152. https://doi.org/10.1038/463149a.
9. Ellegren, H. (2000). Evolution of the Avian Sex Chromosomes and their Role in Sex Determination. Trends Ecol. Evol., 15, - pp. 188-192. https://doi.org/10.1016/s0169-5347(00)01821-8.
10. Ezaz, T., Stiglec, R., Veyrunes, F., Marshall Graves, J.A. (2006). Relationships between Vertebrate ZW and XY Sex Chromosome Systems. Curr. Biol., 16, R736–R743. https://doi.org/10.1016/j.cub.2006.08.021.
11. Graves, J.A.M. (2013). How to Evolve New Vertebrate Sex Determining Genes. Dev. Dyn., 242, - pp. 354-359. https://doi.org/10.1002/dvdy.23887.
12. Graves, J.A.M. (2003). Sex and Death in Birds: A Model of Dosage Compensation that Predicts Lethality of Sex Chromosome Aneuploids. Cytogenet. Genome Res., 101, - pp. 278-282. https://doi.org/10.1159/000074349.
13. Itoh, Y., Kampf, K., Arnold, A.P. (2011). Possible Differences in the Two Z Chromosomes in Male Chickens and Evolution of MHM Sequences in Galliformes. Chromosoma, 120, - pp. 587-598. https://doi.org/10.1007/s00412-011-0333-x.
14. Matson, C.K., Murphy, M.W., Sarver, A.L., Griswold, M.D., Bardwell, V.J., Zarkower, D. (2011). DMRT1 Prevents Female Reprogramming in the Postnatal Mammalian Testis. Nature, 476, - pp. 101-104. https://doi.org/10.1038/nature10239.
15. Matsuda, M., Sakaizumi, M. (2016). Evolution of the Sex-Determining Gene in the Teleostean Genus Oryzias. Gen. Comp. Endocrinol., 239, - pp. 80-88. https://doi.org/10.1016/j.ygcen.2015.10.004.

16. Nakagawa, S. (2004). Is Avian Sex Determination Unique? Clues from a Warbler and from Chickens. Trends Genet., 20, - pp. 479-480. https://doi.org/10.1016/j.tig.2004.07.010.

17. Reed, K.J., Sinclair, A.H. (2002). RETRACTED: FET-1: a Novel W-Linked, Female Specific Gene Up-Regulated in the Embryonic Chicken Ovary. Gene Expr. Patterns, 2, - pp. 83-86. https://doi.org/10.1016/s0925-4773(02)00288-5.

18. Rutkowska, J., Lagisz, M., Nakagawa, S. (2012). The Long and the Short of Avian W Chromosomes: No Evidence for Gradual W Shortening. Biol. Lett., 8, - pp. 636-638. https://doi.org/10.1098/rsbl.2012.0083.

19. Schmid, M., Nanda, I., Burt, D.W. (2005). Second Report on Chicken Genes and Chromosomes. Cytogenet. Genome Res., 109, - pp. 415-479. https://doi.org/10.1159/000084205.

Использование полиморфных белков крови индеек как молекулярных маркеров для регуляции образования пола

М.В. Бадалян, Т.Б. Алоян, Ю.Г. Мармарян
Национальный аграрный университет Армении

С.А. Харатян
Научный центр оценки и анализа рисков безопасности пищевых продуктов

Ключевые слова: *индейка, гомозиготный, гетерозиготный, генотип, пол*

Аннотация. Исследования показали, что соотношение полов в потомстве индеек в зависимости от генотипа и частоты встречаемости генотипов изменяется. Так, в потомстве индеек с генотипами *TfCC CpBC HbBC* и *TfCC Cp– HbBC* 78 и 69 % составили самцы, в потомстве матерей с генотипами *TfAA CpCD HbAB* и *TfBD CpCD HbAA* 65 % самки, а у индеек с генотипами *TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD* и *TfCD CpCC HbCD* в потомстве наблюдалось равное количество самцов и самок (P>0,999). Полученные результаты могут быть использованы в качестве генетических маркеров в селекционно-племенной работе с индейками.

Application of Blood Protein Polymorphism in Turkeys as Molecular Markers for the Regulation of Sex Formation

M.V. Badalyan, T.B. Aloyan, Yu.G. Marmaryan
Armenian National Agrarian University

S.A. Kharatyan
Scientific Center for Risks Assessment and Analysis in Food Safety Area

KeyWords: *turkey, homozygous, heterozygous, genotype, sex*

Abstract. The conducted investigations testify that due to the genotypes and their occurrence frequency in mother turkeys, the numerical sex ratio undergoes certain changes in the generation. Males emerged from the mothers with *TfAA CpCD HbAB* and *TfBD CpCD HbAA* genotypes make up about 78 and 69 %, whereas females produced from the mothers with *TfAA CpCD HbAB* and *TfBD CpCD HbAA* genotypes are 65 %. The number of males and females produced from the mothers with *TfAB CpBD HbCC, TfBC CpAB HbBD* and *TfCD CpCC HbCD* genotypes is equal (P>0,999). The obtained outcomes can be applied in the turkey breeding activities as genetic markers.

Ընդունվել է՝ 25.05.2022 թ.
Գրախոսվել է՝ 20.06.2022 թ.