

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего профессионального образования
«Саратовский государственный аграрный университет
имени Н.И. Вавилова»

МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ В СЕЛЕКЦИИ И ГЕНЕТИКЕ
СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

Краткий курс лекций
для аспирантов

Направление подготовки
36.06.01 Ветеринария и зоотехния

Профиль подготовки
06.02.07 Разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных

Саратов 2015

ББК 46.6

УДК 636.39.035

К15

К 15

Методы исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных: краткий курс лекций для аспирантов направления подготовки 36.06.01 Ветеринария и зоотехния / В.А. Шингалов // ФГБОУ ВПО «Саратовский ГАУ». – Саратов, 2015. – с.

Краткий курс лекций по дисциплине «Методы исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных» составлен в соответствии с программой дисциплины и предназначен для аспирантов направления подготовки 36.06.01 Ветеринария и зоотехния. Краткий курс лекций содержит теоретический материал по основным методам исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. Краткий курс лекций направлен на формирование у аспирантов навыков использования методов исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. Материал ориентирован на формирование универсальных, общепрофессиональных, профессиональных компетенции будущих преподавателей исследователей.

© Шингалов В.А., 2015

ISBN ...

© ФГБОУ ВПО «Саратовский ГАУ», 2015

Введение

Методы исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных относятся к дисциплинам вариативной части профессионального цикла. Она изучает методы исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных, является наукой, неразрывно связанной с производственной деятельностью людей.

Основная цель изучения дисциплины - формирование у аспирантов навыков использования методов исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных.

В результате освоения дисциплины аспирант должен:

- знать: методы исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных применяемые в научных исследованиях в области разведения, селекции и генетики сельскохозяйственных животных, обеспечивающие повышение генетического потенциала продуктивности и методы его реализации в практической селекции;

- уметь: применять методы исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных при разработке селекционных мероприятий на всех уровнях управления и прогнозирования эффектов селекции;

- владеть: методами исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных при создании высокопродуктивных популяций животных, пород и стад.

РОЛЬ СЕЛЕКЦИИ И ГЕНЕТИКИ В ПОВЫШЕНИИ ПРОДУКТИВНОСТИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

Племенная работа - это система организационно-зоотехнических мероприятий, направленных на повышение продуктивности, улучшение наследственных качеств крупного рогатого скота и регионального использования племенных животных. История, как мирового, так и отечественного скотоводства свидетельствует, что только при высоком уровне племенной работы можно быстро добиться повышения молочной и мясной продуктивности крупного рогатого скота.

Теоретической основой племенного дела в скотоводстве являются наследственность и изменчивость хозяйственно полезных признаков у крупного рогатого скота. Практической частью племенного дела считают систему мероприятий, направленных на повышение продуктивных и племенных качеств животных, основывающихся на следующем:

- оптимальное кормление и содержание коров и быков-производителей в соответствии с их возрастом, физиологическими потребностями и продуктивными качествами;

- направленное выращивание молодняка, достигаемого применением соответствующего кормления, содержания и ухода, на основе использования рациональных приемов воздействия на организм телят с целью получения здоровых, высокоценных животных специализированного направления продуктивности, определенного, желательного типа телосложения;

- применение, хорошо зарекомендовавших методов разведения, соответствующих задачам создания высокопродуктивных стад животных молочного и мясного направления в хозяйствах разных категорий - племенных, промышленных (товарных) с законченным и неполным оборотом стада;

- проведение целенаправленного отбора для ремонта стада телок высокого качества и в племенное ядро коров с высокой продуктивностью как молочной для производства молока, так и мясной для получения высококачественной говядины, с большой живой массой, хорошим экстерьером и крепкой конституцией;

- отбор быков-производителей, происходящих от высокопродуктивных родителей, оцененных по качеству потомства препотентными улучшателями и интенсивное их использование;

- целестремленный подбор пар с целью получения более ценных особей и закрепления в потомстве выдающихся генетически обусловленных продуктивных и племенных качеств;

- организация прочного зоотехнического и племенного учета;

- ежегодное проведение бонитировки, с привлечением высококвалифицированных специалистов и ученых, хорошо знающих, являющихся знатоками, разводимых в стаде, регионе пород животных;

- организация инспекций по племенному делу, государственных станций по племенной работе и станций по искусственному осеменению животных;

- ведение записей высокоценных животных в Государственной книге племенных животных (ГКПЖ) и составление перспективных планов селекционно-племенной работы по совершенствованию племенных и продуктивных качеств животных для отдельных стад, регионов и в целом по той или иной породе;

проведение общественных и организационных мероприятий популяризации достижений отдельных скотоводов, передовых ферм и хозяйств в широких масштабах;
внедрение современных достижений науки и передовой практики по производству высококачественной молочной и мясной продукции в скотоводстве;

организовывать постоянно действующие и кратковременные, сезонные выставки и выводки высокоценных животных;

проводить подготовку высококвалифицированных кадров скотоводов;

издавать каталоги быков-производителей, оцененных по качеству потомства, брошюры об опыте освоения высокоэффективных технологий производства молока и говядины, создания высокопродуктивных стад, заводских линий и семейств, типов и пород молочного и мясного скота, а также и другой зоотехнической литературы.

В настоящее время при создании оптимальных условий кормления и содержания от коровы любой породы можно получать за год 3000 кг молока, а от молодняка при интенсивном выращивании около 1000 г среднесуточного прироста живой массы. Однако экономика производства требует повышения удоя коров за лактацию до 5-6 тыс. кг, а от молодняка ежесуточного прироста - 1,2-1,5 кг живой массы. При этом как молоко, так и говядина должны отличаться повышенными качественными показателями. Высокопродуктивные животные, как правило, должны иметь более высокую оплату корма, то есть на одних и тех же кормах от них получают более высококачественную продукцию.

Главной задачей племенной работы является выращивание высокопродуктивных животных, постоянное совершенствование существующих и создание новых, более экономичных, пород скота. Причем животные должны обладать высокими адаптационными свойствами пригодности к использованию в условиях хозяйств промышленного типа, где осуществляется в основном групповое обслуживание животных и совершенно отсутствует индивидуальный подход при кормлении, содержании и уходе за ними. Животные должны отвечать требованиям промышленной технологии производства молока и говядины, при которой полностью исключается ручной труд, все трудоемкие процессы производства автоматизированы и механизированы.

Племенное скотоводство, достигшее высокого уровня развития, является основой высокопродуктивного товарного скотоводства, способного производить наибольшее количества молока, говядины при наименьших затратах, т.е. выполнять основной принцип рентабельного ведения отрасли - максимум продукции при минимуме затрат.

Немаловажной задачей племенной работы является разработка методов создания коров перспективного производственного типа. Создание наиболее экономичного типа молочных коров и разработка режимов их использования связаны с невероятно большим количеством нерешенных вопросов и противоречий, что позволяет сделать обобщенный вывод о едва ли не наиболее сложной проблеме в молочном скотоводстве по этим вопросам. Имеющийся экспериментальный материал и производственный опыт позволяют наметить и определить основные направления племенной работы с молочным скотом в соответствии с наметившимися тенденциями в технологии содержания, кормления, доения и использования коров. Если раньше считали достаточным иметь стада молочных коров с продуктивностью 4-5 тыс. кг молока за лактацию, то в настоящее время чаще приходят к выводу о необходимости создания стад с удоем 8-10 тыс. кг за лактацию. Пока же в странах СНГ коров с удоем больше 8000 кг насчитывается лишь 1,5 тыс. голов, а с удоем выше 10000 кг молока - только 166.

Для сравнения приведем данные по США, где ведется централизованный учет молочной продуктивности у 9,575 млн. коров, среднегодовой удой которых составляет более 8250 кг молока за лактацию с содержанием жира 3,67 % и белка 3,21 % (1998 г.), а удой в 1950 г. был на уровне 2410 кг, который возрос на 5840 кг. В Израиле при поголовье 118 тыс. коров получают средний удой - 9386 кг. Такая высокая продуктивность коров была обеспечена: прочной кормовой базой и высококонцентратным типом кормления (в среднем на 1 корову расход составил 24 (29 ц корм, ед.) концентрированных кормов, или по 343 г на 1 кг молока): углубленной селекцией, направленной на создание желательного производственного типа коров различных пород; интенсивной эксплуатацией животных (на крупных товарных фермах коров используют не более 3-4 лактации и ежегодная выбраковка коров составляет 25-33 %).

В нашей стране темпы увеличения молочной продуктивности коров, за последние 30 лет, были незначительными. Так средний удой на 1 корову составил: в 1960 г. - 1941 кг, 1970-м - 2312 (прибавка за каждый гол составила 47,1 кг). 1975-м - 2367, 1980-м - 2133, 1985-м - 2453, 1990-м - 2742, а в 1994 г. снизился до 2162 кг, в 1997 г. - 2066 кг. Высокий уровень производства молока в США и относительная стабильность его были достигнуты путем повышения молочности коров. Так, если в 1950 г. средний удой коровы в США - составлял 2413 кг, то в 1960-м - 3191 (прибавка за 10 лет - 778 кг), 1970 - 4425 (1234 кг), 1980 - 5396 (971 кг), 1990 - 6711 (1315 кг) и в 1994 г. - 7277 кг, в 1998 г. - 8250 кг (за 4 г. - 566 кг). Ежегодная прибавка удоя на корову составила за период с 1950 по 1960 гг. - 77,8 кг; 1960-1970 гг. - 123,4 кг; 1970- 1980 гг. - 97,1 кг; 1980-1990 гг. - 131,5 кг; 1990-1994 гг. - 141,5 кг.

Основным методом совершенствования племенных продуктивных качеств скота в нашей стране - чистопородное разведение с учетом структуры породы (заводская линия, семейства, заводские, внутripородные (зональные) типы). С помощью этого метода создано большинство лучших как мировых, так и отечественных пород скота молочного направления продуктивности: голштинская, айрширская, англеская, джерсейская, голландская, холмогорская, ярославская и др.

Главным при этом является наиболее полное использование генетического потенциала продуктивности, накопленного в результате чистопородного разведения. С этой целью необходимо создавать такие паратипические условия для животных, позволяющие им полностью реализовать генотипические свойства, а также направленные на консолидацию важных признаков, получение новых сочетаний генов высокой продуктивности и резистентности. Этому способствует целе-направленный отбор по желательным признакам, различные методы подбора, типы инбридинга, использование оцененных по качеству потомства быков-производителей и др.

Большое значение в совершенствовании существующих пород крупного рогатого скота имеет селекция с учетом различных внутripородных конституциональных типов телосложения и родственных групп животных. На основе широкого использования методов внутripородного разведения в США создан так называемый специализированный тип швицкого молочного скота, который по молочной продуктивности уступает лишь животным голштинской породы. Работы подобного направления следует обоснованно вести в нашей стране с животными симментальской, швицкой, костромской и красной степной пород. Американские селекционеры с успехом применяют методы селекции, основанные на учете внутripородных конституциональных типов при совершенствовании скота голштинской породы.

Дальнейшее улучшение продуктивных качеств молочного скота, в первую очередь, принадлежит племенным хозяйствам. Однако в настоящее время во многих

племзаводах и племрепродукторах скот имеет недостаточно высокие продуктивные и племенные качества. Связано это с тем, что многие племенные хозяйства для упрочнения своего финансового положения чрезмерно увеличивают реализацию племенного молодняка в ущерб его качества, а также за счет снижения интенсивности отбора, включая в состав ремонтного молодняка животных посредственной продуктивности. Это является серьезным препятствием роста продуктивности молочных коров основного стада и сводит эффект селекции к нулю. Следовательно, хронически слабые хозяйства должны быть исключены из числа племенных, а оставшихся следует экономически укрепить.

Учитывая современное состояние племенных хозяйств, которые находятся в катастрофическом состоянии, поскольку в последние годы их основная продукция - племенной молодняк не находит спроса, остается невостребованной, следует оказать им материальную помощь путем выделения беспроцентных кредитов, ссуд, а также дотаций на содержание племенного скота.

Поголовье крупного рогатого скота молочного направления продуктивности подразделяется на четыре основные группы: черно-пестрая, красные, палевые и бурые (классификация основана на масти животных, родственных по происхождению, и аналогов по генетическому и продуктивному потенциалу). В последние десятилетия основными факторами, обуславливающие размещение пород, были в основном природно-экономические, а основным методом разведения - поглотительное скрещивание аборигенного скота с лучшими мировыми породами, что дало возможность удельный вес породного скота в нашей стране довести до 99,8 %. За последние 30 лет в нашей стране численность чистопородных коров возросла с 6 до 41 %, а всего крупного рогатого скота - с 5,9 % до 46 %.

В целом по Российской Федерации 14 % хозяйств имеют коров с молочной продуктивностью менее 2000 кг молока за лактацию и около 6 % хозяйств с удоем более 4000 кг. Не совсем удовлетворительные условия кормления и содержания, сложившиеся в различных зонах страны, сдерживают проявление генетически обусловленной молочной продуктивности коров всех пород. По черно-пестрым коровам удои составляют 2812 кг за лактацию, красным - 2635 кг, бурым - 2512 кг, палевые - 2373 кг, соответственно в племзаводах - 4545, 3690, 3652 и 3580 кг, в племхозьях - 3906, 3360, 3010, 2859 кг молока.

Высокие продуктивные качества черно-пестрых пород скота выдвигает их в качестве основного производителя молочной продукции в нашей стране. В перспективе удельный вес животных этих пород будет увеличиваться за счет сокращения численности скота палевых, красных и незначительно бурых пород. Так, по численности поголовья черно-пестрые породы составляли в 1980 г. - 33 %, 1985 - 38,5, 1990 - 43, 1995 - 46,7, а в 2000 г. достигли 51,2 % (увеличение за 20 лет на 18,2 %), соответственно красных - 28; 26,7; 23 и 21 % (сокращение за 20 лет на 7 %), палевых - 27,9; 25; 23; 22 и 20 % (сокращение 7,9 %), бурых - 9,9; 8,6; 8; 7,5 и 7 % (сокращение на 2,9 %), прочих - 4,2; 1,2; 1; 0,8 и 0,8 % (сокращение на 0,4 %).

Изменения численности животных основных, сгруппированных по породной принадлежности, родственных пород, даже при сохранении их молочной продуктивности на достигнутом уровне позволили значительно увеличить производство молока. Темпы же увеличения генетического потенциала продуктивности молочного скота невысокие, по расчетам, основанным на конкретных данных по породам тех или иных стран, в целом составляют 1000 кг молока за 20-летний период. Теоретические исследования ученых нашей страны и опыт зарубежных скотоводов

свидетельствуют, что при среднем удое в 3000 кг возможные темпы генетического улучшения молочного скота при чистопородном разведении не превышают 1,5-2 %, или 40-50 кг молока на корову в год. Но фактическая эффективность по многим породам ниже и не превышает 15-20 кг молока (0,5 %).

Таким образом, племенная работа с молочным скотом должна стать основным средством увлечения его продуктивности. При этом темпы улучшения генетически возможной продуктивности должны быть выше темпов создания оптимальных паратипических условий для ее реализации. Это позволит обеспечивать стабильный прогресс в повышении как производства молока и молочных продуктов, так и эффективности молочного скотоводства.

Вместе с этим следует отметить, что улучшение методов племенной работы только тогда будет эффективным, когда широко будут привлекаться достижения смежных теоретически отраслей биологии. В последнее время все больше повышается роль в племенной работе физиологических, гистохимических, цитологических, биохимических, биофизических и других исследований. Отдельные методы по выявлению физиологических, биохимических и гистологических показателей являются критерием для отбора и оценки животных. Важным для теории и практики племенной работы в последнее время приходится считать достижения популяционной генетики, возрастает роль биологической статистики, позволяющей изучать изменчивость морфологических и физиологических признаков, определения детерминирующего влияния отдельных факторов на результативность селекции, а также биотехнологии (трансплантация эмбрионов, получение химерных животных, генная инженерия и др.).

Вопросы для самоконтроля

1. Роль селекции в повышении продуктивности сельскохозяйственных животных.
2. Роль генетики в повышении продуктивности сельскохозяйственных животных.
3. Главные условия успешного ведения племенной работы со стадом.
4. Факторы, влияющие на эффективность племенной работы.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. - СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.

МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ В СЕЛЕКЦИИ И ГЕНЕТИКЕ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ, ИХ ЗНАЧЕНИЕ ДЛЯ ТЕОРИИ И ПРАКТИКИ ЖИВОТНОВОДСТВА

Генетика использует в настоящее время различные методы изучения наследственности и изменчивости. Основным методом был и остается гибридологический. Он состоит в скрещивании в ряде поколений организмов, различающихся определенными признаками, и изучении потомства. Часто он включает в себя элементы вариационной статистики.

Генеалогический, являющийся одним из вариантов гибридологического метода, при этом методе наследования признака изучают путем анализа передачи его потомству в целых семьях или группах, для чего составляются родословные на несколько поколений предков отдельных особей или целых семей. Генеалогический метод применяется при изучении наследственности человека и медленно плодящихся животных, к которым обычный гибридологический метод или не применим, или требует продолжительного времени для получения результатов опыта. Этот метод широко используется в селекции сельскохозяйственных животных.

Биохимические методы исследования основаны на изучении активности ферментов и химического состава клеток, которые определяются наследственностью. С помощью этих методов можно выявить генные мутации и гетерозиготных носителей рецессивных генов.

Популяционный, так же как рекомбинационный и мутационный методы, является вариантом гибридологического, используются при изучении наследования признаков у медленно плодящихся животных, имеет значение при изучении генетики человека, метод позволяет рассчитывать изменение частоты генов и генотипов в популяциях.

Цитогенетический метод служит для изучения строения хромосом, их репликации и функционирования, хромосомных перестроек и изменчивости числа хромосом. С его помощью выявляются болезни и аномалии, связанные с нарушением в строении хромосом и изменением их числа.

Близнецовый метод основан на изучении проявления признаков у однояйцевых и двуяйцевых близнецов. Он позволяет выявить роль наследственности и внешней среды в формировании конкретных признаков.

Биохимический и биофизический методы позволяют изучить химический состав и строение различных частей клетки, химического строения генетического материала и возникающих в нем изменений.

Иммуногенетический метод включает серологические методы, иммуноэлектрофорез и др., которые используют для изучения групп крови, белков, ферментов сыворотки крови тканей. С его помощью устанавливают иммунологическую несовместимость, выявляют иммунодефицитные состояния, мозаицизм близнецов и др.

Селекция является одной из важнейших областей практического приложения генетики. Теоретическая база селекции — генетика. Хотя генетика и селекция являются вполне самостоятельными дисциплинами, они неразрывно связаны между собой. Управление процессами наследования, изменчивости и индивидуального развития растений и животных требует знания законов наследственности, действия гена в системе генотипа, генетического потенциала данного вида и т.д. Современная селекция как наука опирается на огромный теоретический и экспериментальный багаж,

накопленный в предыдущие десятилетия. И если прежде селекционную работу мог вести человек, вооруженный опытом и знанием методов отбора, то сейчас такая работа немислима без сознательного использования законов наследственности, которые позволяют на научной основе находить пути повышения продуктивности растений, синтезировать новые сорта.

Задачи селекции

Задача селекции состоит в создании новых и улучшении уже существующих сортов растений, пород животных и штаммов микроорганизмов. Выдающийся советский генетик и селекционер, академик Н.И.Вавилов, определяя содержание и задачи современной селекции, указывал, что для успешной работы по созданию сортов и пород следует изучать и учитывать: исходное сортовое и видовое разнообразие растений и животных; наследственную изменчивость (мутации); роль среды в развитии и проявлении изучаемых признаков; закономерности наследования при гибридизации; формы искусственного отбора, направленные на выделение и закрепление желательных признаков.

Основные направления селекции. В соответствии с требованиями, предъявляемыми к сортам различных культур, породам животных и применительно к климатическим, почвенным зонам, селекция имеет следующие ориентации:

на продуктивность сортов растений и пород животных;

на качество продукции (технические, технологические свойства, химический состав зерна — содержание белка, клейковины, жиров, отдельных незаменимых аминокислот);

на физиологические свойства (скороспелость, засухоустойчивость, иммунитет к заболеваниям и т.д.);

на создание сортов интенсивного типа, способных высокопроизводительно использовать условия высокой современной агротехники, в том числе орошения, пригодность к механизированному возделыванию и т.д.

В селекции растений важное место занимает отдаленная гибридизация — скрещивание растений разных видов или родов. В развитии метода отдаленной гибридизации и преодолении трудностей получения плодовых гибридов (обусловленных различиями в структуре генома, негомологичностью хромосом и др.) большое значение имели работы Г.Д.Карпеченко. В опытах по получению межродового гибрида (капусты и редьки), способного к размножению, он разобрал теорию и метод совмещения геномов родительских форм, отличающихся по количеству хромосом, с помощью искусственной полиплоидии.

В современной селекции для увеличения разнообразия исходного материала все шире используется явление полиплоидии. Полиплоидией называют явление кратного увеличения набора хромосом в ядрах клеток организмов. Растения, в соматических клетках которых содержится обычный двойной набор хромосом, называются диплоидными. Если у растений набор хромосом повторяется более двух раз, они являются полиплоидными. Большинство видов пшеницы имеют 28 или 42 хромосомы и относятся к полиплоидам, хотя известны диплоидные виды с 14 хромосомами (например, однозернянка). Среди видов табака и картофеля есть виды с 24, 48 и 72 хромосомами. Полиплоидия — довольно частое явление в природе, особенно у цветковых растений (злаковых, пасленовых, сложноцветных и др.). По внешним признакам полиплоиды обычно бывают более мощными, чем диплоиды, с рослыми крепкими стеблями, крупными листьями, цветками и семенами. Это объясняется тем, что у полиплоидов клетки значительно крупнее, чем у диплоидов.

В селекционной работе для создания разнообразия и сходных форм широко применяется экспериментальный мутагенез — получение мутаций под воздействием рентгеновских или ультрафиолетовых лучей, низких или высоких температур, различных химических веществ и др. Большинство мутантов отличаются пониженной жизнеспособностью или не имеют хозяйственно ценных признаков. Все же часть мутаций вызывает благоприятные изменения отдельных признаков и свойств, не снижая жизнеспособности, а иногда даже повышая ее. Встречаются мутанты, проявляющие более высокую продуктивность, чем исходные сорта. Такие формы были получены у ячменя, овса, гороха, люпина, льна, арахиса, горчицы и других культур.

Порода (сорт) – искусственно созданная в процессе селекции совокупность особей которая характеризуется определенными наследственными особенностями: высокой продуктивностью, морфологическими и физиологическими признаками.

Генетика является одной из самых прогрессивных наук естествознания. Ее достижения изменили естественнонаучное и во многом философское понимание явлений жизни. Роль генетики для практики селекции животных очень велика. Значение генетики в селекции будет возрастать с каждым годом. Благодаря генетике, ее знаниям, разрабатываются методы селекции животных. .

Истоки генетики, как и любой другой науки, следует искать в практике. С тех пор как люди занялись разведением животных и растений, они стали понимать, что признаки потомков зависят от свойств их родителей. Отбирая и скрещивая лучших особей, человек из поколения в поколение создавал породы животных и сорта растений с улучшенными свойствами. Бурное развитие племенного дела и растениеводства во второй половине 20 в. породило повышенный интерес к анализу феномена наследственности. В 1865 году были опубликованы результаты работ по гибридизации сортов гороха, где были открыты важнейшие законы наследственности. Автор этих работ - чешский исследователь Грегор Мендель показал, что признаки организмов определяются дискретными наследственными факторами. Однако эти работы оставались практически неизвестными почти 35 лет - с 1865 по 1900. В 1900 году законы Менделя были переоткрыты независимо сразу тремя учеными - Г. де Фризом в Голландии, К.Корренсом в Германии и Э.Чермаком в Австрии. Итак, дискретные наследственные задатки были открыты в 1865 году Менделем. В 1909 датский ученый В. Иогансен назвал их генами (от греч. слова "происхождение"). К настоящему времени установлено, что ген - единица наследственного материала, ответственная за формирование какого-либо элементарного признака, т.е. единица наследственной информации - представляет собой участок молекулы ДНК (или РНК у некоторых вирусов) хромосомы. Хромосомы - это структурные элементы ядра клетки, которые состоят из молекулы ДНК и белков, содержат набор генов с заключенной в них наследственной информацией.

Хромосомная теория наследственности, разработанная в 1910-1915 годах в трудах А.Вейсмана, Т.Моргана, А. Стертеванта, Г.Дж. Меллера и др., утверждает, что передача признаков и свойств организма от поколения к поколению (наследственность) осуществляется в основном через хромосомы, в которых расположены гены. В 1944 году американскими биохимиками (О.Эвери и др.) было установлено, что носителем свойства наследственности является ДНК. С этого времени началось быстрое развитие науки, исследующей основные проявления жизни на молекулярном уровне. Тогда же впервые появился новый термин для обозначения этой науки - молекулярная биология. Молекулярная биология исследует, каким образом и в какой мере рост и развитие организмов, хранение и передача наследственной информации, превращение энергии в

живых клетках и другие явления обусловлены структурой и свойствами биологически важных молекул (главным образом белков и нуклеиновых кислот). В 1953 году была расшифрована структура ДНК (Ф. Крик, Д. Уотсон).

Расшифровка структуры ДНК показала, что молекула ДНК состоит из двух комплементарных полинуклеотидных цепей, каждая из которых выступает в качестве матрицы для синтеза новых аналогичных цепей. Свойство удвоения ДНК обеспечивает явление наследственности. Расшифровка структуры ДНК была революцией в молекулярной биологии, которая открыла период важнейших открытий, общее направление которых - выработка представлений о сущности жизни, о природе наследственности, изменчивости, обмена веществ и др. В соответствии с молекулярной биологией, белки - это очень сложные макромолекулы, структурными элементами которых являются аминокислоты.

Структура белка задается последовательностью образующих его аминокислот. При этом из 100 известных в органической химии аминокислот в образовании белков всех организмов используется только двадцать. До сих пор не ясно, почему именно эти 20 аминокислот синтезируют белки органического мира. Вообще, в любом существе, живущем на Земле, присутствуют 20 аминокислот, 5 оснований, 2 углевода и 1 фосфат.

Генетика – наука о наследственности и изменчивости. Основной задачей генетики является изучение следующих проблем:

1. Хранение наследственной информации.
2. Механизм передачи генетической информации от поколения к поколению клеток или организмов.
3. Реализация генетической информации.
4. Изменение генетической информации (изучение типов, причин и механизмов изменчивости).

Кроме того, генетика призвана решать и практические задачи, такие, как:

1. Выбор наиболее эффективных типов скрещивания (отдаленная гибридизация, не родственные или близкородственные скрещивания разных степеней) и способов отбора (индивидуальный, массовый)
2. Управление развитием наследственных признаков.
3. Искусственное получение новых наследственно измененных форм растений и животных.
4. Разработка методов использования генетической инженерии для получения высокоэффективных продуцентов различных биологически активных соединений, а в перспективе и внедрение этих методов в генетику растений, животных и даже человека. Методы, используемые в генетике, разнообразны, но основной из них — гибридологический анализ, то есть скрещивание с последующим генетическим анализом потомства. Он используется на молекулярном, клеточном (гибридизация соматических клеток) и организменном уровнях. Кроме того, в зависимости от уровня исследования (молекулярный, клеточный, организменный, популяционный), изучаемого объекта (бактерии, растения, животные, человек) и других факторов используются самые разнообразные методы современной биологии, химии, физики, математики. Однако каковы бы ни были методы, они всегда являются вспомогательными к основному методу — генетическому анализу.

Вопросы для самоконтроля

1. Биохимические и биофизические методы исследований в генетике и селекции.
2. Цитогенетические методы исследований.

3. Иммуногенетический метод исследований.
4. Близнецовый метод исследований.
5. Гибридологический метод исследований.
6. Генеалогический метод исследований.
7. Популяционный метод исследований.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
2. Правила генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота.– М.;ФГНУ «Росинформагротех», 2003. – 48 с.
3. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

ЗНАЧЕНИЕ ГРУПП КРОВИ И ПОЛИМОРФНЫХ БЕЛКОВЫХ СИСТЕМ В ГЕНЕТИКЕ И СЕЛЕКЦИИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

В последнее десятилетие важное место в интерьерных исследованиях заняло изучение групп крови и других полиморфных систем крови (а также молока) животных. Начало учению о группах крови было положено врачами-медиками, еще в прошлом столетии заметившими, что при переливании крови одного человека другому иногда происходит агглютинация (склеивание) эритроцитов, приводящая к тяжелым осложнениям и даже смерти больного. В начале XX века Ландштейнер, Янский и другие ученые установили, что это явление зависит от наличия в сыворотке крови особых веществ белкового характера - антител. Дальнейшее изучение этого вопроса привело к возникновению науки иммунологии. С 1910 г. начали проводить изучение иммунологических явлений у крупного рогатого скота и у сельскохозяйственных животных других видов.

Учение о группах крови сводится в кратком изложении к следующему. Когда в кровь животного попадают чужеродные (то есть не свойственные данному животному) белки или иные высокомолекулярные соединения, то для их обезвреживания организм вырабатывает специфические защитные антитела. Вещества же, вызывающие образование антител, принято называть антигенами. У сельскохозяйственных животных наиболее хорошо изучены антигены (или так называемые факторы крови), расположенные в оболочках эритроцитов, а также вырабатываемые против них антитела. Несмотря на то, что химический состав антигенов и антител исследован еще недостаточно, взаимодействие между ними изучено весьма детально. Оно протекает чаще всего в виде реакций гемолиза и агглютинации. Если смешать в пробирке эритроциты одного животного с сывороткой крови другого животного, в которой имеется одно или несколько антител против антигенов, находящихся в этих эритроцитах, то при соответствующих условиях антитело свяжется с антигеном, что вызовет разрушение оболочек эритроцитов. Произойдет гемолиз, то есть выход гемоглобина из разрушенных эритроцитов в сыворотку крови, вследствие чего она окрасится в интенсивно красный цвет. Такая реакция называется гемолитическим тестом (гемолитической пробой).

Для протекания гемолиза необходимы определенная температура (20-26°) и присутствие в пробирке комплемента - вещества не выявленного пока состава, содержащегося в большом количестве в сыворотке крови кроликов и морских свинок. Гемолиз является основным типом реакции между антителами и антигенами у крупного рогатого скота и овец. Взаимодействие антигена и антитела может приводить также к агглютинации (склеиванию) эритроцитов. Реакция агглютинации применяется при исследовании групп крови у лошадей, свиней, кроликов и кур. Во всех случаях важнейшим свойством антител является их специфичность. Антитело всегда реагирует только со «своим» антигеном, против которого оно выработано, и не реагирует ни с какими другими антигенами; то же можно сказать и об антигене. Такая высокая специфичность и дает возможность проводить анализ групп крови с большой точностью.

Антитела делятся на естественные и иммунные. Естественные антитела содержатся в крови животных (а также человека) с самого рождения или образуются в течение короткого периода после рождения и присутствуют в организме большей частью в

течение всей его жизни. К этой группе принадлежит несколько антител крупного рогатого скота, лошадей и свиней. Естественные антитела встречаются далеко не у всех животных данного вида, они немногочисленны и поэтому играют в учении о группах крови весьма ограниченную роль. Гораздо большее значение имеют иммунные антитела, которые удается получать посредством иммунизации животных, то есть введения эритроцитов одних животных (доноров) в кровяное русло или в мускулы других животных (реципиентов). После нескольких инъекций в сыворотке крови реципиента появляются иммунные антитела, выработанные организмом против соответствующих антигенов донора. Конечно, антитела образуются только против тех антигенов, которых нет в эритроцитах самого реципиента. Антигены донора, имеющиеся и у реципиента, не являются для последнего «чужими» веществами, и поэтому против них не вырабатываются антитела.

Донор и реципиент лишь в редких случаях отличаются друг от друга каким-либо одним антигеном. В большинстве случаев в эритроцитах донора имеется несколько антигенов, которых нет у реципиента. Вследствие этого в организме реципиента вырабатывается не одно антитело, а несколько, против всех «чужих» антигенов, и сыворотка его крови дает гемолитическую реакцию не с одним антигеном, а с несколькими. Такая сыворотка называется сырой сывороткой, и для анализа групп крови она непригодна. С целью удаления ненужных антител ее подвергают абсорбции, то есть последовательно смешивают с эритроцитами, содержащими соответствующие антигены, которые связываются с этими антителами (гемолиза при этом не происходит, так как к сыворотке не добавляют комплемент). После такой обработки в сыворотке остается антитело только против одного фактора крови. Такая сыворотка называется специфической антисывороткой и является чувствительным реагентом, с помощью которого в эритроцитах любого животного данного вида (а иногда и других видов) можно обнаружить наличие соответствующего антигена. Специфические сыворотки можно хранить в замороженном или высушенном виде в течение длительного времени.

До настоящего времени в эритроцитах крупного рогатого скота выявлено около 100 факторов крови, которые обозначаются большими буквами латинского алфавита. Когда алфавит был исчерпан, стали обозначать факторы буквами с апострофом или штрихом (например, А') или цифрами (Х₂, Х₃). Большинство этих факторов было открыто посредством иммунизации животных. У лошадей было найдено 8 антигенов, у свиней--30, у овец--26, у кур --60.

При изучении наследования групп крови установлена важная закономерность: потомки могут иметь только такие факторы крови, которые есть хотя бы у одного из его родителей; если у потомка имеется хотя бы один фактор, которого нет ни у отца, ни у матери, это означает, что происхождение данного животного установлено по записям неверно. К этому нужно еще добавить, что у потомка совершенно не обязательно должны быть все факторы, имеющиеся у родителей; если родители являются гетерозиготными по каким-либо из факторов, эти антигены потомок может и не унаследовать. Если бы потомки наследовали все антигены родителей, то у всех особей данного вида имелся бы полный набор факторов крови и иммуногенетический анализ происхождения животных был бы невозможен.

Указанная закономерность и лежит в основе проверки происхождения животных путем анализа групп крови. У потомка и его предполагаемых родителей берут небольшое количество крови (по 10 мл), отделяют при помощи центрифугирования эритроциты, готовят 2%-ную суспензию в физиологическом растворе, производят определение имеющихся в эритроцитах антигенов. Для этого каплю, суспензии

эритроцитов смешивают в отдельных пробирках с двумя каплями каждой специфической сыворотки и каплей комплемента. Наличие гемолиза в пробирке свидетельствует о том, что в эритроцитах имеется этот антиген; если гемолиза нет, то эритроциты данного антигена не содержат. После окончания анализа сравнивают наборы факторов крови потомка и его родителей и делают тот или иной вывод о происхождении животного. В настоящее время на многих зарубежных станциях искусственного осеменения используют быков, происхождение которых проверено путем анализа группы крови. Если вспомнить, что от быка получают за год несколько тысяч потомков и что ошибки в племенных записях о происхождении быков могут привести к большим ошибкам в племенной работе, становится очевидной важность такой проверки.

Наследование факторов крови у каждого вида животных контролируется несколькими генами. Большинство факторов крови наследуется по типу аллеломорфных признаков: наличие в хромосомах различных аллелей обуславливает наследование тех или иных антигенов. При этом факторы крови могут наследоваться как поодиночке, так и целыми группами или комплексами, включающими от 2 до 8 антигенов каждая. Так, например, передается по наследству как обособленная единица группа факторов BO1QT1 дающая гемолитическую реакцию со специфическими сыворотками: анти-B, анти-Q1, анти-Q и анти-T1. Такие, наследуемые как одно целое, факторы получили название групп крови. Группа крови может состоять из одного или нескольких факторов. Отсюда следует, что в иммунологии сельскохозяйственных животных понятие группы крови несколько отличается от привычного для нас понятия, принятого в медицине.

Каждый ген (точнее, группа аллелей, находящихся в определенном локусе определенной хромосомы) управляет наследованием одной системы крови, включающей от одного до нескольких десятков факторов крови, которые, как уже было сказано, могут образовывать комплексы или группы. У крупного рогатого скота выявлено 11 систем крови. Наиболее простые системы: J, L, N и Z; каждая из них состоит из одного фактора крови. Генотипически эти системы могут быть представлены в виде трех возможных комбинаций: животные-гомозиготы, имеющие в каждой из парных хромосом ген данного фактора (например, L/L); гетерозиготы с наличием гена в одной хромосоме и при отсутствии его в другой (обозначение L/--) и, наконец, животные, у которых данный ген полностью отсутствует (--/--). По существу к таким системам можно отнести и систему M, состоящую из двух подгрупп -- m1 и M2. Система Z интересна в том отношении, что разработаны специфические антисыворотки, которые позволяют различить животных гомозиготных по фактору Z (Z/Z) и гетерозиготных (Z/--). Система FV состоит из двух факторов, которые могут встречаться в комбинациях F/F, F/V, V/V. Из двух факторов состоит также система R'S'. Система A включает в себя четыре фактора, система SU -- пять. Гораздо более сложной является система C, состоящая из десяти антигенов, комбинации которых могут составлять 35 групп крови. Самая сложная система -- это система B, включающая свыше 40 антигенов, которые могут образовать около 300 групп крови; каждая из них содержит от 1 до 8 факторов (например, BGK, BO2Y2, D').

Определение групп крови, входящих в систему B и C, дает больше всего данных для племенного анализа и при установлении происхождения животных. Наличие многочисленных групп крови создает возможность для образования огромного числа комбинаций аллелей, вследствие чего животные, у которых группы крови совершенно одинаковы, практически не встречаются. Исключение составляют лишь однойцевые

двойни, имеющие одинаковый тип крови (то есть совокупность всех групп крови). В литературе принято обозначать ген соответствующей группы крови большой буквой системы с обозначением аллеля, написанным рядом сверху. Например, аллель группы крови BO1Y_oD' системы B обозначается как BBO1Y₂D

У овец установлено семь систем крови, у свиней-- 16, у лошадей -- 8, у кур -- 14. Поскольку учение о группах крови животных еще очень молодо, исследователи продолжают открывать новые антигены и системы крови. Работа по изучению и практическому применению групп крови возможна только в условиях хорошо оборудованной лаборатории, при достаточно большом количестве животных (взрослых или молодых) для иммунизации и получения специфических сывороток. У иммунизированных животных приходится брать много крови (4--5 л) для приготовления сывороток, поэтому с этой целью ценных маток и производителей стараются не использовать.

В последние годы в России и за рубежом, кроме групп крови, стали уделять много внимания изучению полиморфизма белков крови, молока и яиц, выявляемого при помощи электрофореза на крахмальном геле. Оказалось, что многие белки (например, гемоглобин) можно разделить электрофоретическим путем на несколько типов, причем эти типы, подобно группам крови, контролируются особыми генами. Так, у крупного рогатого скота выявлено четыре типа гемоглобина, десять типов трансферринов (5-глобулинов), несколько типов казеина, лактальбумина и лактоглобулина. В яйцах кур обнаружен генетически обусловленный полиморфизм альбуминов и других белков. Проводятся интересные исследования антигенных свойств спермы производителей. Установлено, что в некоторых случаях в организме самок образуются антитела, губительно действующие на спермин некоторых производителей, что является одной из причин яловости.

Полиморфные системы белков крови животных и возможности использования их в селекции

Разработка, освоение и внедрение в практику разведения сельскохозяйственных животных новейших достижений генетики - реальный путь повышения эффективности селекции. На фермах сложились достаточно обоснованные методы отбора и подбора животных, с оценкой их по происхождению, конституции, экстерьеру, живому весу, молочной продуктивности и качеству потомства. При бонитировке обеспечивается комплексная оценка каждого животного. Однако отдельные методы оценки и разведения животных не всегда обеспечивают ожидаемый эффект в селекции. А.И. Храповский и В.В.Павлов (1976 г.) сообщают данные о том, что показатели продуктивности матерей и более далеких предков не могут гарантировать правильной предварительной оценки потомства. Они же сообщают о довольно противоречивых данных, полученных при изучении связи экстерьера и молочной продуктивности. Статистическая обработка обширных материалов показывает, что корреляция между отдельными признаками телосложения коров и их уровнем продуктивности является функцией всего организма в целом и множества биохимических и физиологических процессов. Сложные биохимические процессы метаболизма контролируются в каждой клетке генами, генотипом. Проявление тех или иных признаков, свойств и уровня продуктивности животного, т.е. фенотипа, зависит от взаимодействия генотипа с условиями среды. Биохимическая природа животных, их наследственность и изменчивость - один из наиболее скрытых и сложных резервов повышения продуктивности. Для раскрытия этого резерва необходима разработка новых теорий и

более совершенных методов генетического анализа, с использованием для характеристики животных различных биохимических показателей.

В нашей стране и за рубежом ведутся исследования генетической обусловленности биохимических показателей крови, молока, яиц, тканей, изучаются их связи с уровнем продуктивности, плодовитостью, жизнестойкостью, а также с заболеваниями животных. Особый интерес представляют белки крови. Их много. Структура каждого белка кодируется одним или несколькими генами. Для целого ряда уже хорошо изученных белков характерны разные наследственно обусловленные фракции (формы), так называемые полиморфные системы. Явление наследственного полиморфизма обусловлено множественным аллелизмом соответствующего гена. Генетически обусловленные полиморфные системы могут быть выявлены серологически (группы крови) или биохимическими методами (типы белков крови, молока, яиц и др.). Группы крови и системы полиморфных белков специфичны, индивидуальны для каждого животного и не изменяются в течение жизни, не зависят от условий среда. Это позволяет использовать полиморфные системы белков для паспортизации животных по их сугубо индивидуальным группам крови и электрофоретическим типам белков. Определяют полиморфные системы белков и их типы (фракции) методом электрофореза в крахмальном геле по методу, разработанному в 1955 г. Смитисом и модернизированному другими исследователями. Скорость и дальность миграции каждой фракции зависит от величины ее электрического заряда и от размера макромолекулы белка. В электрическом поле молекулы одних фракций белков оказываются более подвижными ("быстрыми"), а другие менее подвижными ("медленными"). По скорости движения в электрическом поле на крахмальном геле зафиксированные и окрашенные фракции одной серии характеризуют фенотип исследуемого белка, специфичного для данного животного. Каждая из систем полиморфных белков наследуется по менделевским закономерностям, кодоминантно. При таком типе наследования ни одна из аллелей той или иной полиморфной системы белка не доминирует над другой и у гетерозигот на форе-грамме проявляются оба аллеля. При таком типе наследования фенотип белка соответствует его генотипу, который имеет такое же буквенное обозначение.

По Р.А.Хаертдинову, Л.А.Зубаревой (1977) в настоящее время у крупного рогатого скота известен полиморфизм по 20 системам белков и ферментов сыворотки крови, эритроцитов и молока. Наиболее широко изучались и изучаются такие полиморфные системы белок-гемоглобин (Hb) - белок эритроцитов; он имеет два аллеля Hb A и Hb B, а в популяции (стаде, породе) возможны три комбинации этих аллелей, образующих фенотипы полиморфного белка - BB("быстрый"), AA ("медленный") и AB - две полосы (промежуточные). Карбоангидраза (Ca) - белок эритроцитов, двухаллельный: Ca F и Ca S, а в популяции можно встретить три фенотипа: FF ("быстрый"), SS -("медленный") и FS - две полосы (промежуточный); церулоплазмин (Cp) - ферментативный белок сыворотки крови, имеет два аллеля:- CpA и Cp B, а в популяции образует три фенотипа: AA, BB, AB. Трансферин (Tf) - белок сыворотки крови. У европейских пород скота имеет три аллеля: Tf A , Tf D, Tf E , комбинации которых в популяции образуют шесть фенотипов (генотипов этого белка: AA, DD, EE, AE, DE, AD) Амилаза (Am) - ферментативный белок сыворотки крови, у европейских пород двухаллельный: Am и AmC, образующий в популяции три фенотипа (генотипа) - BB, CC и BC.

Постальбумин (Pa) к альбумин (Alb-) - двухаллельные белки сы воротки крови животных, каждый из которых в популяции образует по три фенотипа.

Целый ряд отечественных исследователей полиморфных систем белков крови: Л.В.Богданов и В.М.Обуховский (1967), В.А.Джумков (1970), Ю.О.Шапиро (1970), О.А.Иванова и др.(1971), Х.Ф.Кушнер и др. (1973), Н.Н.Колесник, В.И.Сокол (1972) и др., а за рубежом Эштон, Эбертус, Буш и др. считают, что полиморфизм белков с успехом можно и нужно использовать в практике селекции животных. Постоянство типов полиморфных белков в онтогенезе, наследование по кодоминантному принципу позволяют использовать их в качестве маркеров отдельных животных для генетической характеристики популяций, анализа происхождения пород, линий, семейств, установления генетического сходства между отдельными животными, линиями, породами, контроля записей о происхождении. В последние годы ряд исследователей делают попытки установить связи различных типов белков крови и молока с биологическими особенностями и уровнем продуктивности животных, использовать их как биологические маркеры при отборе и прогнозировании продуктивности животных в раннем возрасте. При этом исследования генетически обусловленных полиморфных систем белков крови не отвергают сложившейся системы племенной работы, а дополняют и совершенствуют ее за счет введения объективных биохимических показателей.

Вопросы для самоконтроля

1. Значение групп крови в селекции сельскохозяйственных животных.
2. Сущность белкового полиморфизма крови.
3. Полиморфизм белков крови и его значение в селекции животных.
4. Вопросы, решаемые в селекции с использованием групп крови и типов полиморфных белков.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И.. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. Правила генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота.– М.;ФГНУ «Росинформагротех», 2003. – 48 с.
2. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГРУПП КРОВИ В ПРАКТИКЕ ЖИВОТНОВОДСТВА

Накопление знаний о группах крови и других полиморфных системах привело к возникновению новой науки - иммуногенетики, данные которой все шире используются при разведении животных. Уже говорилось об уточнении происхождения животных путем анализа групп крови. Такое уточнение возможно и для животных, потерявших свой номер (конечно, если типы их крови были определены еще до потери). Анализ групп крови дает возможность отличить однойцевые (монозиготные) двойни, образовавшиеся из одной оплодотворенной яйцеклетки, от dizиготных однополых двоен. Во время эмбрионального развития разнополых двоен иногда устанавливаются связи (анастомозы) между их кровеносными системами. При этом в организм телочки попадает вместе с кровью бычка мужской половой гормон, вследствие чего нарушается нормальное развитие ее половых органов. По группам крови можно в самом раннем возрасте выявить таких телок -- фримартинов и не планировать их использование для размножения.

Весьма перспективно применение групп крови при анализе происхождения отдельных стад, линий и целых пород скота. Исследования Л. Рендела (1958) и других ученых выявили значительные межпородные различия в группах крови крупного рогатого скота. Поскольку факторы крови (антигены) стойко передаются от родителей к потомкам, изучение групп крови должно сыграть в племенном деле важную роль, помогая установить происхождение пород и отдельных групп животных и взаимоотношения между ними. Так, после анализа групп крови у чешского краснопестрого скота И. Матоушек пришел к выводу, что в образовании этого скота участвовали многие породы. И. Р. Гиллер (1970) в результате изучения групп крови у симментальского скота в племенных заводах «Тростянец» и «Терезино» выявил довольно значительные различия между этими стадами по распространенности некоторых аллелей системы В.

Чрезвычайно интересной является идея о возможности связи наследования групп крови и других полиморфных признаков с наследованием продуктивных свойств животных, например жирномолочности. Правда, гены, контролирующие наследование групп крови, по-видимому, не оказывают прямого влияния на развитие тех или иных признаков продуктивности. Но эти гены могут находиться в одних и тех же хромосомах с генами, определяющими продуктивность животных. В этом случае те или иные группы крови могут служить «генетическими маркерами», сигнализирующими о наличии у данного животного генов высокой жирномолочности или других генов, непосредственно связанных с продуктивными свойствами животных. Поскольку группы крови можно определить сразу же после рождения животного, то можно предполагать, что по ним смогут предсказывать его будущую продуктивность. Успешное решение этого вопроса привело бы к «революции» в племенной работе. Имеется довольно много сообщений о связи между отдельными группами крови (а также другими полиморфными признаками) и некоторыми признаками продуктивности животных. Однако далеко не всегда опубликованные данные подтверждаются при повторении исследований в других стадах и группах животных.

Весьма обнадеживающими являются исследования И. Р. Гиллера (1970), который определил группы крови знаменитой коровы Воротки 5992 (племенной завод «Тростянец»), уникальной по жирности молока (6,04%). Оказалось, что потомки

Воротки, унаследовавшие от нее высокую жирномолочность, одновременно унаследовали и аллель OiTG'K' системы В. Те же потомки Воротки, у которых этот аллель отсутствовал, не имели и столь высокой жирномолочности. Конечно, эти данные еще требуют проверки на других животных, но они, во всяком случае, вселяют надежду на успешное разрешение данной проблемы. На основании приведенного исследования значительно повысилась вероятность устанавливать генетическое сходство между родителями и детьми не статистическими приемами («доли крови», генетическое сходство по формуле С. Райта), а по проценту повторений группы крови родителя у потомка. Такое генетическое сходство не между группами с большой численностью животных, а между индивидуумами было бы очень ценным при работе с линиями и семействами племенных животных для анализа сочетаемости, кроссов и скрещивания.

Контроль достоверности происхождения животных

Одним из основных направлений применения групп крови и полиморфных систем белков является контроль происхождения животных. По данным обследований племенных стад, установлено, что ошибки в данных о происхождении животных в некоторых из них достигают 20%. Это может быть следствием не только недостатков в работе техников по искусственному осеменению (потери номеров, неправильного их чтения, нарушения учета спермадоз), но и результатом осеменений животных спермой разных производителей при повторных охотах после плодотворного осеменения.

Поэтому в соответствии с приказом Министерства сельского хозяйства в нашей стране на племпредприятиях организованы иммуногенетические лаборатории, основная задача которых – подтверждение достоверности происхождения ценных племенных животных. Контроль достоверности происхождения животных возможен благодаря: кодоминантному наследованию антигенных факторов, неизменности их в течение онтогенеза, большому числу комбинаций групп крови и полиморфных систем, которые в пределах вида практически не бывают одинаковыми у двух особей.

Для подтверждения данных о происхождении нужно взять кровь у трех животных: мать, отец и потомок и определить группы крови. Происхождение потомка от предполагаемых родителей подтверждается, если у него выявлены антигены матери и отца. Если же у него обнаружены антигены, которых нет у родителей, родители для потомка указаны неправильно. Рассмотрим это на примере.

мать	BAD/ZOE НЬ А/А	
отец	BZH/K НЬ А/А	
потомок 1	BAD/K НЬ А/А	происхождение подтверждается
потомок 2	BZOE/M НЬ А/В	происхождение не подтверждается

Иммунологический анализ близнецов

С помощью групп крови можно определить, являются ли близнецы разнояйцовыми или однояйцовыми. Однояйцовые или монозиготные близнецы всегда рождаются одного пола и имеют одинаковые группы крови. Разнополые двойни всегда дизиготны и с разными группами крови. В среднем у крупного рогатого скота рождается около 2 – 3% двоен, из них 10% являются однояйцовыми.

У 90% двоен крупного рогатого скота возникает анастомоз (срастание) кровеносных сосудов и, как следствие этого, у дизиготных двоен наблюдается химеризм (смесь двух типов эритроцитов). Если двойни рождаются разнополыми, то обычно телки

оказываются бесплодными и их приходится выбраковывать из воспроизводства. Это явление получило название фримартинизма.

Связь групп крови с продуктивностью

Прогнозирование продуктивных качеств животных является актуальной задачей. Селекционеры постоянно ищут надежные маркеры (показатели), которые имели бы связь с продуктивностью. Для этих целей используются экстерьерные показатели, состав крови и тканей. Однако надежность этих маркеров не отвечает точным прогнозам. Многими учеными проведены исследования по изучению связи групп крови с продуктивными качествами животных. Теоретической основой такой связи может быть плеiotропное действие аллелей групп крови на продуктивность за счет сцепления генов.

Так, у шведского черно-пестрого скота установлена связь аллеля BYD с содержанием жира в молоке. У животных голштинской породы обнаружена положительная связь антигенов G, Y, E и J с жирномолочностью. З. Вагонис показал, что в одном стаде коровы с антигеном E превосходили по удою сверстниц, а в другом стаде, наоборот, имели более низкий удой.

Повышение продуктивности может быть связано с гетерозиготностью по группам крови. Так, увеличение гетерозиготности по локусу В у кур привело к повышению вылупляемости цыплят, интенсивности роста и яйценоскости.

В.Н. Тихонов установил, что гетерозиготность по некоторым антигенам групп крови ведет к гетерозису. В его опытах при спаривании гомозиготных особей типа Gbb x Gbb в среднем от свиноматки получено 10,67 поросят, а при спаривании животных разных генотипов Gaa x Gbb – 12,34 поросенка.

Сложная наследственная обусловленность количественных признаков и сильное влияние на них различных факторов среды пока не позволяют дать надежных рекомендаций по использованию групп крови в качестве генетических маркеров при селекции животных.

Вопросы для самоконтроля

1. Использование групп крови для определения достоверности происхождения животных.
2. Использование групп крови для прогноза продуктивности животных.
3. Связь групп крови с продуктивностью животных.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. Правила генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота.– М.;ФГНУ «Росинформагротех», 2003. – 48 с.

2. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

АНАЛИЗ КАРИОТИПОВ ЖИВОТНЫХ

Кариотип — совокупность признаков (число, размеры, форма и т. д.) полного набора хромосом, присущая клеткам данного биологического вида (видовой кариотип), данного организма (индивидуальный кариотип) или линии (клона) клеток. Кариотипом иногда также называют и визуальное представление полного хромосомного набора (кариограммы).

Термин «кариотип» был введен в 1924 году советским цитологом Г. А. Левитским.

Определение кариотипа

Внешний вид хромосом существенно меняется в течение клеточного цикла: в течение интерфазы хромосомы локализованы в ядре, как правило, деспирализованы и труднодоступны для наблюдения, поэтому для определения кариотипа используются клетки в одной из стадий их деления — метафазе митоза.

Процедура определения кариотипа

Для процедуры определения кариотипа могут быть использованы любые популяции делящихся клеток. Для определения человеческого кариотипа используют, как правило, лимфоциты периферической крови, переход которых от стадии покоя G₀ к пролиферации провоцируют добавлением митогена фитогемагглютинаина. Для определения кариотипа могут быть использованы также клетки костного мозга или первичная культура фибробластов кожи. Для увеличения числа клеток на стадии метафазы к культуре клеток незадолго перед фиксацией добавляют колхицин или нокадазол, которые блокируют образование микротрубочек, тем самым препятствуя расхождению хроматид к полюсам деления клетки и завершению митоза.

После фиксации препараты метафазных хромосом окрашивают и фотографируют; из микрофотографий формируют так называемый систематизированный кариотип — нумерованный набор пар гомологичных хромосом, изображения хромосом при этом ориентируются вертикально короткими плечами вверх, их нумерация производится в порядке убывания размеров, пара половых хромосом помещается в конец набора.

Исторически первые недетализованные кариотипы, позволявшие проводить классификацию по морфологии хромосом, получали окраской по Романовскому — Гимзе, однако дальнейшая детализация структуры хромосом в кариотипах стала возможной с появлением методик дифференциального окрашивания хромосом. Наиболее часто используемой методикой в медицинской генетике является метод G-дифференциального окрашивания хромосом.

Классический и спектральный кариотипы

Для получения классического кариотипа используется окраска хромосом различными красителями или их смесями: в силу различий в связывании красителя с различными участками хромосом окрашивание происходит неравномерно и образуется характерная полосчатая структура (комплекс поперечных меток, англ. banding), отражающая линейную неоднородность хромосомы и специфичная для гомологичных пар хромосом и их участков (за исключением полиморфных районов, локализируются различные аллельные варианты генов). Первый метод окраски хромосом, позволяющий получить такие высокодетализированные изображения, был разработан шведским цитологом Касперссоном (Q-окрашивание). Используются и другие

красители, такие методики получили общее название дифференциального окрашивания хромосом:

Q-окрашивание — окрашивание по Касперссону акрихин-ипритом с исследованием под флуоресцентным микроскопом. Чаще всего применяется для исследования Y-хромосом (быстрое определения генетического пола, выявление транслокаций между X- и Y-хромосомами или между Y-хромосомой и аутосомами, скрининг мозаицизма с участием Y-хромосом)

G-окрашивание — модифицированное окрашивание по Романовскому — Гимзе. Чувствительность выше, чем у Q-окрашивания, поэтому используется как стандартный метод цитогенетического анализа. Применяется при выявлении небольших aberrаций и маркерных хромосом (сегментированных иначе, чем нормальные гомологичные хромосомы)

R-окрашивание — используется акридиновый оранжевый и подобные красители, при этом окрашиваются участки хромосом, нечувствительные к G-окрашиванию. Используется для выявления деталей гомологичных G- или Q-негативных участков сестринских хроматид или гомологичных хромосом.

C-окрашивание — применяется для анализа центромерных районов хромосом, содержащих конститутивный гетерохроматин и варибельной дистальной части Y-хромосомы.

T-окрашивание — применяют для анализа теломерных районов хромосом.

В последнее время используется методика т. н. спектрального кариотипирования (флуоресцентная гибридизация *in situ*, англ. Fluorescence *in situ* hybridization, FISH), состоящая в окрашивании хромосом набором флуоресцентных красителей, связывающихся со специфическими областями хромосом. В результате такого окрашивания гомологичные пары хромосом приобретают идентичные спектральные характеристики, что не только существенно облегчает выявление таких пар, но и облегчает обнаружение межхромосомных транслокаций, то есть перемещений участков между хромосомами — транслоцированные участки имеют спектр, отличающийся от спектра остальной хромосомы.

Анализ кариотипов

Сравнение комплексов поперечных меток в классической кариотипии или участков со специфическими спектральными характеристиками позволяет идентифицировать как гомологичные хромосомы, так и отдельные их участки, что позволяет детально определять хромосомные aberrации — внутри- и межхромосомные перестройки, сопровождающиеся нарушением порядка фрагментов хромосом (делеции, дупликации, инверсии, транслокации). Такой анализ имеет большое значение в медицинской практике, позволяя диагностировать ряд хромосомных заболеваний, вызванных как грубыми нарушениями кариотипов (нарушение числа хромосом), так и нарушением хромосомной структуры или множественностью клеточных кариотипов в организме (мозаицизмом).

Номенклатура

Для систематизации цитогенетических описаний была разработана Международная цитогенетическая номенклатура (International System for Cytogenetic Nomenclature, ISCN), основанная на дифференциальном окрашивании хромосом и позволяющая подробно описывать отдельные хромосомы и их участки. Запись имеет следующий формат:

[номер хромосомы] [плечо] [номер участка].[номер полосы]
длинное плечо хромосомы обозначают буквой q, короткое — буквой p, хромосомные аберрации обозначаются дополнительными символами.

Таким образом, 2-я полоса 15-го участка короткого плеча 5-й хромосомы записывается как 5p15.2.

Для кариотипа используется запись в системе ISCN 1995[5], имеющая следующий формат:

[количество хромосом], [половые хромосомы], [особенности][6].

Для обозначения половых хромосом у различных видов используются различные символы (буквы), зависящие от специфики определения пола таксона (различные системы половых хромосом). Так, у большинства млекопитающих женский кариотип гомогаметен, а мужской гетерогаметен, соответственно, запись половых хромосом самки XX, самца — XY. У птиц же самки гетерогаметны, а самцы гомогаметны, то есть запись половых хромосом самки ZW, самца — ZZ.

В качестве примера можно привести следующие кариотипы:

нормальный (видовой) кариотип домашнего кота:

38, XY индивидуальный кариотип лошади с «лишней» X-хромосомой (трисомия по X-хромосоме):

65, XXX индивидуальный кариотип домашней свиньи с делецией (потерей участка) длинного плеча (q) 10-й хромосомы:

38, XX, 10q- индивидуальный кариотип мужчины с транслокацией 21-х участков короткого (p) и длинного плеч (q) 1-й и 3-й хромосом и делецией 22-го участка длинного плеча (q) 9-й хромосомы:

46, XY, t(1;3)(p21;q21), del(9)(q22)

Поскольку нормальные кариотипы являются видоспецифичными, то разрабатываются и поддерживаются стандартные описания кариотипов различных видов животных и растений, в первую очередь домашних и лабораторных животных и растений.

Вопросы для самоконтроля

1. Кариотип и его значение в селекции животных .
2. Методы определения кариотипов животных.
3. Анализ кариотипов.
4. Номенклатура кариотипов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И.. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. Правила генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота.– М.;ФГНУ «Росинформагротех», 2003. – 48 с.
2. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

АНАЛИЗ ДНК

Современная биотехнология, основанная на методах молекулярной биологии, по сути, ДНК-технологиях, занимает ведущее положение в системе биологических, ветеринарных и зоотехнических исследований.

Основная цель и задачи ДНК-технологий направлены на разработку методов и приемов, позволяющих получать биологически активные соединения (ферменты, гормоны), а также конструировать молекулы новых веществ и создавать новые формы организмов, отсутствующие в природе (химерные молекулы, трансгенные животные).

Использование достижений ДНК-технологий идет в основном в следующих направлениях:

- исследование наследственности на генном, геномном и популяционном уровнях;
- конструирование новых организмов путем пересадки чужеродных генов, т.е. получение трансгенных животных.

Возникновение, становление и развитие ДНК-технологий.

В результате открытия в 1953 году Д.Уотсоном и Ф.Криком структуры дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК) - носителя наследственной информации живых существ, описания комплементарности ее организации, стал понятен и объясним принцип генетики наследственности, что явилось основой новой области науки и технологий – ДНК-технологий. В общем, все методы ДНК-технологии, связанные с созданием новых генных конструкций и на их основе новых организмов, основаны на искусственном воспроизведении процессов, реально существующих в живой природе. Исследователи, по сути, не придумывая ничего нового, лишь используют приемы многократно реализованных в процессе эволюции живых организмов – изменчивость, наследственность и отбор.

Настоящий переворот в молекулярной генетике произошел с момента открытия, удостоившегося Нобелевской премии, Кери Мюллисом с соавт. в 1986 году метода полимеразной - цепной реакции - ПЦР (polymerize chain reaction- PCR). В основе метода ПЦР лежит способность ДНК-полимераз, осуществлять направленный синтез второй, т.е. комплементарной цепи ДНК, по имеющейся матрице одноцепочной ДНК, наращивая небольшую олигонуклеотидную затравку (праймер), комплементарную участку этой матрицы, до размеров несколько тысяч или даже десятков тысяч звеньев. Собственно как метод ПЦР возникла когда стали использовать не просто ДНК-полимеразу, а так называемую термостабильную, которая была выделена из термофильной бактерий *Thermus aquaticus* (Taq), обитающих в горячих источниках, а позднее и биомассы действующих вулканов. Температурный оптимум работы фермента находится в области 70-720С.

Каждый цикл ПЦР состоит из трех этапов. На первом этапе необходимо денатурировать ДНК, для чего реакционную смесь нагревают до 92-950С, в результате двуцепочные молекулы ДНК расплетаются с образованием двух одноцепочных молекул. На втором этапе происходит отжиг (присоединение праймеров к ДНК-мишени с образованием коротких двухцепочных участков ДНК, необходимых для инициации синтеза). С образовавшимися комплексами праймер-матрица связывается ДНК- полимеразы и на третьем этапе происходит одновременное копирование ДНК с двух праймеров, комплементарных участкам ДНК на противоположных цепях.

Двунитевые фрагменты ДНК, равные по длине расстоянию между двумя праймерами, начинают накапливаться после третьего цикла. Важно, что синтезированные в ходе первого цикла ПЦР цепи ДНК также служат матрицами для второго цикла амплификации. Таким образом, происходит накопление ампликонов в реакционном растворе, теоретически в геометрической прогрессии.

Даже если в исходном растворе первоначально находилась только одна двухцепочная молекула ДНК, то за 30-40 циклов синтезируется столько молекул ампликона, что их концентрация достигает 10-20 мкг/мл. Этого количества достаточно для достоверного визуального обнаружения продукта ПЦР методом электрофореза в агарозном или полиакриламидном геле.

Полимеразная цепная реакция в настоящее время является наиболее совершенным диагностическим методом молекулярной биологии и широко применяемым в ДНК-технологиях.

Основные направления использования ДНК-технологий в животноводстве.

Одним из основных направлений ДНК-технологий в области животноводства, имеющее практическое значение, является создание трансгенных животных, т.е. животных в геном которых «встроен» чужеродный ген.

Получение даже одного животного с унаследованным пересаженным геном считается большим достижением. Такое животное рассматривают как основу для создания новой линии.

В настоящее время созданы так называемые «фармакологические» животные, а именно:

генетически модифицированные козы, в молоке которых содержится вещество (активатор тканевого плазминогена), способствующее растворению тромбов; экспериментальное средство для лечения рака;

В 1988 году впервые были получены трансгенные овцы, производящие с молоком фактор свертывания крови, лечебное средство необходимое для людей больных гемофилией. В последующий период в мире было создано около 20 типов трансгенных коров, коз, свиней, овец и кроликов. Они продуцировали такие ценнейшие фармацевтические вещества, как тканевой плазминогенный активатор, моноклональные антитела, эритропоэтин, инсулиноподобный фактор роста, интерлейкин, антитрипсин.

трансгенные овцы, которые продуцируют химозин в молочной железе. В ближайшей перспективе эта технология может быть реализована в практике и сыродельная промышленность получит экологически чистый, эффективный и дешевый фермент, который необходим при производстве сыров и лекарств для лечения нарушений пищеварения.

генетически модифицированные коровы и козы, производящие молоко, содержащее белок человеческого молока – лактоферрин, обладающий антибактериальными свойствами. Молоко может использоваться для лечения иммунодефицитов, а также вводится в состав детских смесей.

Ученые Института биологии гена РАН совместно с коллегами из Белоруссии в рамках программы Союзного государства "Разработка технологий и организация опытного производства высокоэффективных и биологически безопасных лекарственных средств нового поколения и пищевых продуктов на основе лактоферрина человека, получаемого из молока животных-продуцентов" создали

трансгенных животных, которые дают молоко с человеческим белком лактоферрином (проект стал резидентом инновационного проекта "Сколково").

Одно из направлений связано с интеграцией чужеродных генов, продуцирующих биологические регуляторы обмена веществ. Получен ряд с.-х. животных с интегрированным геном гормона роста-регулятора, связанного с активацией анаболизма белка и ингибированием процессов липогенеза. В частности, свиньи с интегрированным геном рилизинг-фактора гормона роста характеризуется повышенными темпами роста в более поздних стадиях развития и большим содержанием белка в туше. Получены трансгенные рыбы с интегрированным геном гормона роста КРС, которые характеризуются более интенсивным ростом, перепелки с интегрированным этим геном характеризуются большим весом яиц.

Другим направлением генно-инженерной селекции является создание трансгенных животных, генетически устойчивых к ряду инфекционных заболеваний. Это достигается путем выделения генов у животных, которые обеспечивают невосприимчивость к определенным инфекциям и интеграция их в геном других животных. Примером может служить Mx ген мышей, который обеспечивает невосприимчивость их к гриппу. Такие работы проводятся и в России – получены свиньи с интегрированным Mx геном, изучается их фенотип. Начаты исследования по получению трансгенной птицы, устойчивой к вирусу гриппа.

Перспективным направлением генно-инженерной селекции является получение трансгенов, продуцирующих БАВ, необходимые в медицине, в том числе и ветеринарии, пищевой промышленности и т.д.

Развивается еще одно интересное направление в генной инженерии сельскохозяйственных животных. Это – получение животных, так называемых фенотрансгенов, у которых трансгенными являются клетки определенных органов и тканей. Особый интерес в этом отношении представляют секреторные клетки молочной железы. В настоящее время уже получены коровы, свиньи, секреты клетки молочных желез которых производят эритропоэтин и интерферон. Это направление будет иметь значение и для развития методов генотерапии животных и человека.

Современные инновационные проекты ДНК-технологий в животноводстве:

- генетическое картирование для отбора высокопродуктивных особей и включения их в селекционные программы (в США и других развитых странах животные отбираются по 4 тыс. ДНК-маркерам);
- создание генетически модифицированных коров, овец и свиней с пониженным содержанием жира и повышенным содержанием постного мяса;
- получение большего количества овечьей шерсти за счет скормливания овцам генетически модифицированный люпина;
- получение генетически модифицированной люцерны, стимулирующей специфический иммунитет у свиней к опасной кишечной инфекции;
- получение вакцины, которая могла бы послужить альтернативой кастрации скота (обеспечить стерилизацию животных без хирургического вмешательства, не оказывая при этом негативного влияния на их рост).
- получение трансгенной птицы, устойчивой к птичьему гриппу.

Одним из важных направлений ДНК-технологий является картирование геномов сельскохозяйственных животных.

С 90-х годов 17 лабораториями из 9 стран реализуется программа картирования генома свиньи (Пиг Меп), несколько позже запущена аналогичная программа по

геному крупного рогатого скота, в ее участии принимает 30 лабораторий из 13 государств. В США финансируется национальный проект по картированию геномов КРС, свиньи, овцы, курицы. Новая Зеландия активно разрабатывает программу по картированию генома овцы.

К главным задачам картирования относятся:

- изучение положения локуса гена на конкретной хромосоме;
- определение генетического расстояния между генами, расположенными на одной хромосоме;
- выявление полиморфизм генов, т.е. всех аллельных вариантов;
- определение нуклеотидной последовательности генов, распределения в них интронов и экзонов, а также межгенетических последовательностей.

Развитие направления по картированию связано с усовершенствованием методов гибридизации *in situ* ДНК с мечеными флуоресцентными красителями зондами.

Методика включает:

- клонирование ДНК зонда известной последовательности и его мечение;
- денатурация на препарате метафазных хромосом зонда и самих хромосом;
- непосредственно их гибридизация и фиксирование на препарате меченой метки зонда;
- идентификация хромосомы.

В последнее время для картирования структурных генов или анонимных последовательностей небольшой длины до нескольких сот пар нуклеотидов стали применять метод ПЦР с использованием меченых нуклеотидов.

Основополагающей проблемой повышения эффективности селекционного процесса является изучение детерминант формирования высокой продуктивности и использования молекулярно-генетических маркеров в генетическом мониторинге и управлении селекционным процессом.

Разработка этой проблемы предусматривает решение задач по установлению связи локусов генома сельскохозяйственных животных с хозяйственно-ценными признаками и отбору значимых для селекционных целей маркеров высокой продуктивности MAS (Marker Assisted Selection).

Многие фенотипические признаки, к которым относятся количественные признаки (QTL – quantity trade loci) сельскохозяйственных животных, является результатом интегрального взаимодействия многих генов. Поэтому при поиске хозяйственно-полезных признаков продуктивности, наиболее информативным является подход позиционного картирования, позволяющий одновременно оценивать состояние многих элементов генома, представленных на всех хромосомах.

Таким образом, современными ДНК-технологиями в животноводстве, включают:

- создание новых форм организмов в целях получения животных-продукторов терапевтически важных для человека белков;
- селекцию с помощью молекулярно-генетических маркеров MAS, предусматривающую картирование, маркирование главных количественных признаков – QTL;
- сохранение биоразнообразия с использованием молекулярно-генетических маркеров;
- разработку генетически обоснованных программ разведения и подбора родительских форм;
- молекулярно-генетический скрининг наследственных заболеваний сельскохозяйственных животных.

Вопросы для самоконтроля

1. Возникновение, становление и развитие ДНК-технологий.
2. Основные направления использования ДНК-технологий в животноводстве.
3. Современные инновационные проекты ДНК-технологий в животноводстве.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. Правила генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота.– М.;ФГНУ «Росинформагротех», 2003. – 48 с.
2. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

ГИБРИДОЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ

Гибридологический анализ, способ изучения наследственных свойств организма путём скрещивания (гибридизации) его с родственной формой и последующим анализом признаков потомства. Гибридологический анализ впервые применил Г. Мендель (1865) для изучения механизма передачи наследственных задатков (генов) от родителей потомкам и для изучения взаимодействия генов у одного и того же организма (см. Менделя законы). В основе Гибридологический анализ лежит способность к рекомбинации, т. е. перераспределению генов при образовании гамет, что приводит к возникновению новых сочетаний генов. По этим сочетаниям, которые проявляются в потомстве гибридной особи с определённой частотой, можно судить о генотипе родительской формы, а по генотипу родительской формы можно предсказывать генотип потомства. Так, генотип особи, гибридной по паре аллелей, одна из которых — доминантная А, другая — рецессивная а, можно представить как Аа. Внешне, т. е. фенотипически (см. Фенотип), такая форма (гетерозигота) не отличается от формы с генотипом АА (гомозигота). Гибрид (Аа) формирует гаметы двух типов, каждый из которых несёт аллель А или аллель а. Т. о., гаметы никогда не бывают гибридными. С помощью различных видов скрещивания можно выявить, сколько типов гамет по данному гену формирует организм, и определить его генотип. Если у анализируемой формы (Аа) возможно самооплодотворение (что часто встречается у растений), схематично это будет выглядеть так: ♂ (А+а) × ♀ (А+а) (АА + Аа + Аа + аа. При этом в потомстве с определённой частотой появляется новая форма — аа.

Если самооплодотворения нет, генотип исходной формы выявляют, скрещивая в разных комбинациях её потомков («брат × сестра») и анализируя «внучатое» поколение. Др. способ выявления гибридного состояния — анализирующее скрещивание: скрещивание предполагаемого гибрида с рецессивной родительской формой. Гибридологический анализ играет важную роль в селекционной практике и племенном деле, т.к. позволяет судить о тождестве фенотипа и генотипа. Здесь Гибридологический анализ находит применение в форме «анализа производителей по потомству» с целью выявления у производителей скрытых нежелательных генов. Гибридологический анализ применяется также при составлении хромосомных карт (см. Генетические карты хромосом). Знание генного состава хромосомы позволяет путём специальных скрещиваний вводить в геном определённую хромосому или группу генов и создавать формы с нужным генотипом. Этот метод широко применяется в растениеводстве. Гибридологический анализ пользуются при изучении взаимодействия генов в первом гибридном поколении (тесты на комплементацию). Гибридологический анализ является главным методом генетического анализа.

Задачи метода гибридологического анализа

Перед темой стоят большие образовательные задачи. Необходимо добиться усвоения знаний метода гибридологического анализа и открытых с его помощью законов наследственности, их цитологических основ, типов скрещивания, хромосомной теории наследственности, понимания значения генетики для народного хозяйства, медицины и здравоохранения. Тема способствует развитию учащихся, которые должны овладеть умениями давать характеристику типов скрещивания, применять знания закономерностей наследственности для обоснования мероприятий по охране природы,

приемов выращивания растений и животных, получения новых сортов, пород и гибридов. Тема имеет большое значение для формирования диалектико-материалистического мировоззрения учащихся: универсальный характер законов наследственности убеждает учащихся в материальном единстве живой природы, история открытия законов помогает утвердиться в познаваемости явлений жизни, понять особенности статистических закономерностей.

Успешному изучению темы способствует использование результатов опытов по скрещиванию, решение задач, применение проблемного подхода. Задачи может составить сам преподаватель, взяв за основу методику и результаты классических исследований Г. Менделя. Следует составить несколько типов задач. В одном типе дать сведения о характере наследования признака (полное или неполное доминирование), о фенотипах и генотипах родителей; определить генотипы гибридов первого поколения, расщепление во втором поколении; выяснить характер наследования при скрещивании двух гетерозигот с определенным фенотипом. Другой тип задач можно составить на определение генотипов родителей и их потомков на основании данных о фенотипах родителей, гибридов первого поколения, расщепления во втором поколении. Можно выяснить результаты скрещивания гибридов первого поколения с одной из родительских форм.

Первый закон Г. Менделя

Важно подчеркнуть, что до Г. Менделя ученые пытались изучить наследственность, проводили скрещивание, однако безуспешно. Успех Г. Менделю обеспечил удачный выбор объекта исследования: он использовал горох, который является строгим самоопылителем. Кроме того, он прослеживал наследование не всего комплекса признаков, а лишь одной их пары на большом числе растений (особей) и провел математическую обработку результатов опыта.

Развитию и закреплению знаний закономерностей наследования при моногибридном скрещивании способствует знакомство с явлением промежуточного наследования.

Генетика доказала, что наследственные признаки не исчезают в потомстве, не растворяются, а проявляются в различных соотношениях во втором и последующих поколениях. Полезные наследственные изменения подхватываются естественным отбором и в результате скрещивания распространяются среди особей вида.

Гибридологический метод изучения наследственности

Сущность гибридологического метода изучения наследственности состоит в том, что о генотипе организма судят по признакам его потомков, полученных при определенных скрещиваниях. Основы этого метода были заложены работами Г. Менделя. Мендель скрещивал между собой сорта гороха, различающиеся теми или иными признаками (формой и окраской семян, окраской цветков, высотой стебля и др.), а затем следил, как наследуются признаки того и другого родителя их потомками в первом, втором и последующих гибридных поколениях. Прделав эту работу на достаточно большом количестве растений, Г.Мендель смог установить очень важные статистические закономерности количественного соотношения гибридных растений, обладающих признаками того и другого исходного сорта.

Позднее аналогичные исследования были осуществлены очень многими генетиками на различных Менделем на горохе, имеют общебиологическое значение, так как подтверждаются на самых разнообразных объектах.

Наиболее простой тип скрещивания при гибридологическом анализе — моногибридное скрещивание, когда родительские формы различаются между собой

только одной парой признаков. Примером моногибридного скрещивания может служить скрещивание между желтозерным и зеленозерным сортами гороха, проведенное Менделем. Для изложения его результатов воспользуемся обозначениями, принятыми в генетике: P — родительские формы (сорта); F1 — гибриды первого поколения; гибриды второго поколения (F3 — третьего, F4 — четвертого и т. д.); X — знак скрещивания; ↓ — знак, свидетельствующий о том, что следующее поколение получено путем самоопыления; A, a — две буквы, обозначающие пару контрастирующих признаков, которыми различаются родительские формы, взятые в скрещивание (в нашем случае A — желтая и a — зеленая окраска семян гороха).

Мендель получил такие результаты при моногибридном скрещивании между желтозерным и зеленозерным горохом:

P: A x a
F1: A
F2: 3A:1a

Эти результаты были обобщены Менделем в следующих трех положениях: правило единообразия первого гибридного поколения; закон расщепления второго гибридного поколения; гипотеза чистоты гамет.

Правило единообразия первого поколения

Все гибриды первого поколения сходны между собой по признакам, полученным от родителей. В данном конкретном случае все растения F1 оказались с желтыми семенами, т. е. у них развился признак только одного родителя. Такие признаки, которые полностью преобладают в F1 называются доминантными. Противоположные им признаки, не проявляющиеся в F1 и развивающиеся лишь в определенной части особей в F2 и следующих поколениях, называются рецессивными. В рассматриваемом случае рецессивной оказалась зеленая окраска семян.

Правило единообразия подтверждается и для тех случаев, когда нет полного доминирования признаков одного родителя над признаками другого. Так, при скрещивании красноцветкового декоративного растения «ночная красавица» с белоцветковым все растения F1 оказываются розовыми, т. е. являются промежуточными по признаку окраски цветка между исходными формами. При этом правило единообразия первого поколения сохраняется.

Половая хромосома — хромосома, присущая какому-то одному из полов и определяющая первичные половые признаки. По составу половая хромосома различают гомогаметный (одинаковые хромосомы) и гетерогаметный (определяемый различающимися, или дифференцированными, половыми хромосомами) пол. У млекопитающих мужской пол гетерогаметный (хромосомы самца XY), женский пол обычно гомогаметный (хромосомы самки XX). Встречаются исключения.

Хромосомная мутация — хромосомная перестройка, хромосомная aberrация, или изменение строения хромосомы вследствие перемещения или потери значительного её участка. Различают следующие хромосомные мутации: потери (делеции), удвоения (дупликации), изменения положения (инверсии) участков хромосомы, их перемещение в одной хромосоме или между хромосомами (транслокации).

Вопросы для самоконтроля

1. Сущность гибридологического анализа.
2. Задачи метода гибридологического анализа.
3. Первый закон Г. Менделя.
4. Правило единообразия первого поколения.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И.. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ

Генеалогия в широком смысле слова – учение о родословных. Генеалогический метод – метод родословных, то есть прослеживание болезни (или признака) в семье или роду с указанием типа родственных связей между членами родословной. Задачи метода установление наследственного характера заболевания определение типа наследования болезни и пенетрантности гена выявление в родословной особей, являющихся гетерозиготными носителями рецессивного гена определение прогноза потомства в семьях, где есть или предполагается рождение потомства с наследственной патологией

Этапы генеалогического метода:

1 этап. Сбор сведений о стаде и составление родословной начинается с пробанда. Потомство одной родительской пары (братья и сестры) называются сибсами. Обычно родословная собирается по одному или нескольким признакам. Чисто технически она не может быть составлена по всем известным признакам. Да в этом и нет надобности. Составление родословной сопровождаются краткой записью о каждом члене родословной с точной характеристикой его родства по отношению к пробанду.

Анализ родословных

Целью генеалогического анализа является установление генетических закономерностей. Первая задача при анализе родословной – установление наследственного характера признака. Если в родословной встречается один и тот же признак несколько раз, то можно думать о наследственной его природе. Однако надо, прежде всего, исключить возможность экзогенного накопления случаев в семье или роду. Например, если один и тот же патогенный фактор действовал на самку во время всех беременностей, то у нее могут родиться несколько потомков с одинаковыми аномалиями. Другой пример: одни и те же вредности или внешние факторы могут вызывать сходные заболевания у членов одной семьи. С помощью генеалогического анализа были открыты все известные наследственные болезни. После того как обнаружен наследственный характер признака (болезни), необходимо установить тип наследования. Для этого используются принципы генетического анализа и различные статистические методы обработки данных из родословных.

По мере улучшения качества ветеринарной помощи наследственные заболевания приобретают все больший удельный вес в общей патологии животных. При этом наследственные болезни диагностируются не всегда, даже в клинических условиях. Диагностика наследственной патологии – сложный и трудоемкий процесс. В ветеринарной генетике применяются как клинические и параклинические, так и специальные генетические методы. Для установки диагноза ненаследственного заболевания достаточно общего клинического и лабораторного обследования. Общие клинические методы также позволяют диагностировать наиболее известные и распространенные наследственные заболевания, поскольку их клиническая картина была хорошо известна еще до установления наследственной природы. Но и в этих случаях возможны диагностические ошибки. Постановка диагноза происходит в два этапа: общее клиническое обследование в соответствии с современными требованиями и при подозрении на наследственную болезнь проведение специализированного дифференциально-диагностического обследования. Однако широкий клинический полиморфизм наследственных болезней, их фенкопии, частичное совпадение

симптомов разных заболеваний (наследственных и ненаследственных), необходимость выявления гетерозиготных носителей требуют применения специальных генетических диагностических методов, которые всегда более точны, чем клинические. Рассмотрим их подробнее.

Генеалогический метод относится к наиболее универсальным методам в ветеринарной генетике. Этот метод помог установить закономерности наследования очень большого числа самых различных признаков у животных, как нормальных, подобных окраске волосяного покрова и т.п., так и сопутствующих наследственным болезням. Генеалогический метод - метод родословных. Он основан на составлении и анализе родословных, при помощи чего возможно прослеживание болезни (или признака) в семье или роду. В ветеринарной генетике этот метод называется клинико-генеалогическим. Суть метода сводится к выявлению родственных связей и прослеживанию патологического признака среди дальних и близких прямых и не прямых родственников. С его помощью может быть установлена наследственная обусловленность изучаемого признака, а также тип его наследования. Этот метод позволяет изучить интенсивность мутационного процесса, оценить экспрессивность и пенетрантность аллеля. Он складывается из двух этапов: составления родословной и генеалогического анализа.

Генеалогический метод позволяет определить тип наследования (доминантный рецессивный, аутосомный или сцепленный с полом) признака, а также его моногенность или полигенность. На основе полученных сведений прогнозируют вероятность проявления изучаемого признака в потомстве, что имеет большое значение для предупреждения наследственных заболеваний.

При аутосомном наследовании признак характеризуется равной вероятностью проявления у особей обоих полов. Различают аутосомно-доминантное и аутосомно-рецессивное наследование.

При аутосомно-доминантном наследовании доминантный аллель реализуется в признак, как в гомозиготном, так и в гетерозиготном состоянии. При наличии хотя бы у одного родителя доминантного признака последний с разной вероятностью проявляется во всех последующих поколениях. Однако для доминантных мутаций характерна низкая пенетрантность. В ряде случаев это создает определенные трудности для определения типа наследования.

При аутосомно-рецессивном наследовании рецессивный аллель реализуется в признак в гомозиготном состоянии. Рецессивные заболевания у потомков встречаются чаще при спариваниях между фенотипически нормальными гетерозиготными родителями. У гетерозиготных родителей ($Aa \times Aa$) вероятность рождения больных потомков (aa) составит 25%, такой же процент (25%) будет у здоровых (AA), остальные 50% (Aa) будут также здоровы, но окажутся гетерозиготными носителями рецессивного аллеля. В родословной при аутосомно-рецессивном наследовании заболевание может проявляться через одно или несколько поколений.

Интересно отметить, что частота появления рецессивного потомства значительно повышается при близкородственных спариваниях, так как концентрация гетерозиготного носительства у родственников значительно превышает таковую в общей массе популяции.

Сцепленное с полом наследование характеризуется, как правило, неравной частотой встречаемости признака у индивидуумов разного пола и зависит от локализации соответствующего гена в X- или Y-хромосоме. В X- и Y-хромосомах животных имеются гомологичные участки, содержащие парные гены. Гены,

локализованные в гомологичных участках, наследуются так же, как и любые другие гены, расположенные в аутосомах. По-видимому, негомологичные гены имеются и в Y-хромосоме. Они передаются от отца к сыну и проявляются только у мужских особей.

Наследование, сцепленное с X-хромосомой, может быть доминантным и рецессивным (чаще рецессивным).

Составление родословной

При составлении родословной исходным является животное - пробанд, родословную которого изучают. Родословная может собираться по одному или нескольким признакам. В последнем случае может быть выявлен сцепленный характер их наследования, что используется при составлении хромосомных карт. В зависимости от цели исследования родословная может быть полной или ограниченной. Необходимо все же стремиться к наиболее полному составлению родословных, а для этого необходимы сведения не менее чем о 3-4 поколениях пробанда. Составление родословной сопровождается краткой записью о каждом члене родословной с точной характеристикой его родства по отношению к пробанду (легенда родословной). Необходимо также отмечать обследованных и необследованных на наличие исследуемого признака.

Изучение родословной

При анализе родословных в первую очередь необходимо установление наследственного характера признака. Если в родословной встречается один и тот же патологический признак несколько раз (на протяжении нескольких поколений), то, вероятно, он имеет наследственную природу. Далее необходимо установить тип наследования (аутосомно-доминантный, аутосомно-рецессивный, X-сцепленный доминантный или рецессивный, Y-сцепленный). Определение типа наследования в конкретной родословной является серьезной генетической задачей, для ее решения селекционер должен иметь специальную подготовку.

Вопросы для самоконтроля

1. Использование генеалогического метода в селекции животных.
2. Анализ и изучение родословных.
3. Методика составления родословных.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

ПОПУЛЯЦИОННЫЙ АНАЛИЗ

В основе современной селекции сельскохозяйственных животных лежат учение о наследовании признаков и методы популяционной генетики. В особенности важны те разделы этих дисциплин, которые связаны с изучением количественных признаков, так как большинство важнейших селекционируемых признаков - количественные. В настоящее время наследование количественных признаков трактуется как полигенное (большое число генов, определяющих признак). В последнее время многие исследователи обращают большое внимание на возможность и олигогенного наследования признаков, когда лишь небольшое число генов определяет тот или иной признак. Для их изучения необходимо, с одной стороны, глубокое знание биологической сущности, а с другой стороны - адекватность разработанных математических моделей, которыми описывают рассматриваемое явление. Теория и практика селекции животных развиваются, главным образом, на основе теории отбора, подбора и скрещивания, что является предметом изучения популяционной генетики с помощью генетико-математических методов.

Так как популяционная генетика изучает совокупность живых организмов как целостную систему, то основным методом ее исследования является математическая статистика, опирающаяся на определенные вероятностные закономерности, а также определенные модели наследования признаков и их изменений в поколениях при отборе.

На сегодня генетика популяций и теория отбора представляют собой хорошо развитую дисциплину со своим математическим аппаратом.

Есть много трактовок, определяющих понятие популяции. Для популяции сельскохозяйственных животных с нашей точки зрения целесообразно использовать определение Ф.Ф.Эйснера (1981): "Под популяцией сельскохозяйственных животных мы понимаем достаточно большую для длительного замкнутого разведения группу особей, имеющих некоторую генетическую общность и разводимых в относительно сходных условиях конкретной природно-хозяйственной зоны".

Для генетической характеристики отдельных популяций и разработки методов селекции используют следующие основные показатели популяционной генетики (Ф.Ф.Эйснер, 1981): - встречаемость признака, т.е. число особей в популяции, обладающих данным качеством. Поскольку основные селекционные признаки количественные, детерминированы большим числом генов, и присущи всем особям популяции, то значение этого показателя в практической селекции сводится к изучению сходства выделяемых групп особей. Если этот показатель разделить на общую численность, то получим долю, т.е. частоту признака; - изменчивость признака, которая дает степень разнообразия животных в популяции; - наследуемость признака, которая показывает долю изменчивости, обусловленную генотипом; - повторяемость признака, показывающая степень совпадения - между результатами повторных оценок признака; взаимосвязь между признаками, которая имеет немаловажное значение, так как при селекции животных приходится учитывать несколько селекционируемых признаков. Взаимосвязь между признаками является основным понятием практической селекции. Измеряют ее с помощью коэффициентов корреляции, регрессии, путем дисперсионного и факторного анализов. Теоретически все биологические корреляции имеют криволинейный характер, когда с изменением одного признака другой

изменяется не на одинаковую величину. Ф.Ф. Эйсер (1981) объясняет это тем, что любой признак связан со многими особенностями организма. Чрезмерное развитие одного признака нарушает физиологическое соотношение его с другими признаками, которые могут оказать на него тормозящее влияние.

Популяцией называют группу особей одного вида, занимающую определенное пространство – территорию или акваторию – и функционирующую как часть биологического сообщества. Параметры популяции определяются механизмами её взаимодействия с другими видами, а также с абиотическими факторами среды обитания. Основное внимание при изучении популяций уделяют процессам самовоспроизведения и выживания, единым для всей группы. Каждая популяция характеризуется набором групповых свойств, таких как плотность, рождаемость, смертность, соотношение полов и различных возрастных групп, биологический потенциал и характер распределения особей в пространстве. Популяция обладает также специфическими генетическими характеристиками, например, эволюционной приспособленностью и непрерывностью, то есть возможностью воспроизводства на протяжении длительного времени. В экологии подчеркивается, что носителем признаков популяции является группа, но не отдельная особь. Однако, имеются т.н. биологические свойства, которые характеризуют жизненный цикл и особи, и группы в целом, например, рост и метаболизм. При решении практических задач принимают, что сама возможность рождения и выживания особей определяется внутривидовыми взаимодействиями, а текущие количественные характеристики популяции – всем биотическим и абиотическим ее окружением.

Рассмотрим основные групповые свойства популяции. Плотность – это величина популяции, отнесенная к единице пространства; обычно выражается числом особей или биомассой на единицу площади или объема. Численность или биомассу, отнесенные к единице всего доступного организмам пространства, называют средней плотностью, а к единице фактически освоенного (заселенного) пространства – экологической плотностью. Дополнительно рассматриваются показатели относительного обилия популяции. К ним относят число особей, отмеченных в течение часа в данной точке пространства; частоту встречаемости организмов, т.е. процент проб, в которых представлен данный вид; относительное покрытие, т.е. доля поверхности почвы, оказавшейся закрытой при проекции на нее надземных частей растений. Плотности популяций млекопитающих охватывают диапазон в пять порядков величины. Чем ниже трофический уровень, занимаемый видами, тем выше плотность популяций. Важную роль в экологии играют методы измерения плотности популяций. Основными являются: 1) полный учет крупных организмов; 2) подсчет и взвешивание некрупных организмов на т.н. пробных площадках; 3) при изучении подвижных животных используют индивидуальные метки; доля меченых животных в последующей выборке позволяет оценить плотность популяции. Рождаемость – это способность популяции к увеличению численности. Под абсолютной, или физиологической, рождаемостью понимают максимальную скорость возникновения новых особей в идеальных условиях, то есть в среде без лимитирующих факторов. Абсолютная рождаемость является константой для данной популяции и определяется биологическими особенностями вида. Понятием экологическая, или реализованная, рождаемость обозначают скорость воспроизводства в реальных условиях среды. Ее величина зависит от текущей численности организмов, половозрастного состава популяции и наличия природных ресурсов. Смертность отражает убыль особей в популяции и выражается числом особей, погибших за данный временной интервал. Различают постоянную

минимальную смертность в среде без лимитирования и изменяющуюся экологическую смертность в реальных условиях.

Динамика популяций описывается т.н. таблицами выживания, первоначально разработанными для демографических исследований. Аргументом этих таблиц является возраст особей, представленный в виде отдельных диапазонов (0...5 лет, 5...10 лет и т.д.), а функциями – число особей, погибших и выживших к концу каждого интервала; рождаемость и смертность по отношению к исходной величине популяции; ожидаемая продолжительность жизни в конце каждого интервала.

Как открытую систему популяцию характеризуют процессы эмиграции, т.е. уход организмов с занимаемой ими территории (аналог смертности), и иммиграции, т.е. вселение организмов на данную территорию (аналог рождаемости). Под миграцией понимают периодический уход и возвращение организмов на территорию в зависимости от условий среды. Существенно влияет на рождаемость и смертность в настоящее время и в будущем возрастная структура популяции. В быстрорастущих популяциях наиболее представительными являются младшие возрастные классы. Для популяций в стационарном состоянии характерно пропорциональное распределение возрастов. В популяциях, снижающих свою численность, растет доля старых особей. Принято считать, что каждая популяция характеризуется стабильным во времени распределением возрастных классов, или возрастной пирамидой.

Когда рост популяции завершается, ее плотность начинает циклически колебаться относительно некоторого стационарного уровня. Различают сезонные колебания, связанные с адаптацией организмов к внутригодовому ходу параметров среды, и многолетние флуктуации. Последние условно делят на две группы – контролируемые многолетними изменениями климатических показателей либо изменениями биологических характеристик среды, такими как ресурсы питания, болезни, вредители¹. Во многих случаях колебания численности популяций на протяжении ряда лет вызываются одними и теми же причинами. При этом справедлива закономерность: чем сложнее биологическое сообщество и стабильнее физическая среда, тем меньше амплитуда колебаний составляющих это сообщество популяций. Наиболее четко сезонные колебания численности выражены у видов с ограниченным периодом размножения и коротким жизненным циклом – насекомых, однолетних растений и простейших. Для небольших животных и птиц, а также для их хищников характерны трехлетние и более длительные циклы. Хорошо изучены и циклы сельскохозяйственных вредителей, например, саранчи. Известно множество теорий, объясняющих причины колебания численности организмов. Однако, общая закономерность такова: в системах с низким уровнем биоразнообразия численность организмов контролируется преимущественно физическими факторами (микроклиматом, геохимическими обстановками, волноприбойной деятельностью), а в системах с высоким уровнем биоразнообразия, развивающихся в благоприятной среде, численность организмов контролируется биологическими взаимодействиями. В значительной мере плотность таких популяций подвержена циклической саморегуляции. Если характер воздействия какого-либо фактора на плотность популяции не связан с текущей численностью организмов, фактор считают независимым от плотности. Если же такая связь существует и воздействие усиливается по мере приближения к пределу роста популяции, фактор называют управляющим плотностью и считают основным механизмом, предотвращающим перенаселение. К примеру, влияние климатических факторов не зависит от плотности популяции, а влияние биологических факторов – конкуренции, паразитов, патогенных

микроорганизмов – зависит. Помимо биологических факторов, стабилизацию численности организмов обеспечивают территориальное поведение, представляющее собой форму внутривидовой конкуренции за общий ресурс, а также групповое поведение, обеспечивающее выживание потомства.

Методы генетики популяций широко применяют в исследованиях человека. Внутрисемейный анализ заболеваемости неотделим от изучения наследственной патологии как в отдельных странах, так и в относительно изолированных группах населения. Изучение частоты генов и генотипов в популяциях составляет предмет популяционно-генетического исследования. Это дает информацию о степени гетерозиготности и полиморфизма человеческих популяций, выявляет различия частот аллелей между разными популяциями.

Считают, что закон Харди — Вайнберга свидетельствует о том, что наследование как таковое не меняет частоты аллелей в популяции. Этот закон вполне пригоден для анализа крупных популяций, где идет свободное скрещивание. Сумма частот аллелей одного гена, согласно формуле Харди — Вайнберга $p+q=1$, в генофонде популяции является величиной постоянной. Сумма частот генотипов аллелей данного гена $p^2+2pq+q^2=1$ также величина постоянная. При полном доминировании, установив в данной популяции число рецессивных гомозигот (q^2 — число гомозиготных особей по рецессивному гену с генотипом aa), достаточно извлечь квадратный корень из полученной величины, и мы найдем частоту рецессивного аллеля a . Частота доминантного аллеля A составит $p = 1 - q$. Вычислив таким образом частоты аллелей a и A , можно определить частоты соответствующих генотипов в популяции ($p^2=AA$; $2pq=Aa$). Например, по данным ряда ученых, частота альбинизма (наследуется как аутосомный рецессивный признак) составляет 1:20 000 (q^2). Следовательно, частота аллеля a в генофонде будет $q^2=1/20000 = 1/141$ и тогда частота аллеля A будет

$$p=1-q, p=1, p=1 - 1/141=140/141.$$

В этом случае частота гетерозиготных носителей гена альбинизма ($2pq$) составит $2(140/141) \times (1/141) = 1/70$, или 1,4%

Статистический анализ распространения отдельных наследственных признаков (генов) в популяциях людей в разных странах позволяет определить адаптивную ценность конкретных генотипов. Однажды возникнув, мутации могут передаваться потомству на протяжении многих поколений. Это приводит к полиморфизму (генетической неоднородности) человеческих популяций. Среди населения Земли практически невозможно (за исключением однояйцевых близнецов) найти генетически одинаковых людей. В гетерозиготном состоянии в популяциях находится значительное количество рецессивных аллелей (генетический груз), обуславливающих развитие различных наследственных заболеваний. Частота их возникновения зависит от концентрации рецессивного гена в популяции и значительно повышается при заключении близкородственных браков.

Главными чертами популяций животных являются: общность территории, на которой живет данная группа животных, возможность свободного спаривания.

В популяциях животных наблюдается высокий уровень полиморфизма по многим генам: то есть один и тот же ген представлен разными аллелями, что приводит к существованию нескольких генотипов и соответствующих фенотипов. Таким образом, все члены популяции отличаются друг от друга в генетическом отношении:

практически в популяции невозможно найти даже двух генетически одинаковых животных (за исключением однойяйцевых близнецов).

В популяциях животных действуют различные формы естественного отбора. Отбор действует как во внутриутробном состоянии, так и в последующие периоды онтогенеза. Наиболее выражен стабилизирующий отбор, направленный против неблагоприятных мутаций (например, хромосомных перестроек).

Популяционные методы позволяют оценить частоты одних и тех же аллелей в разных популяциях. Кроме того, популяционные методы позволяют изучать мутационный процесс у сельскохозяйственных животных.

Вопросы для самоконтроля

1. Понятие о популяции животных.
2. Популяционные методы.
3. Популяционный анализ.
4. Закон Харди-Вайнберга.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Инге-Вечтомов, С.Г.* Генетика с основами селекции: учебник для студентов вузов / С. Г. Инге-Вечтомов. -2-е издание, перераб. и доп. -СПб.: Изд-во Н-Л, 2010. — 720 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. *Бакай, А.В.* Практикум по генетике. /А.В. Бакай, И.И.Кочиш, Г.Г. Скрипниченко, Ф.Р. Бакай. –М.: «КолосС», 2010 - 301 с.
2. *Крюков, В.И.* Генетика. Статистические методы изучения изменчивости. Учебное пособие для сельскохозяйственных вузов. Орел: Изд-во Орел ГАУ. 2006. – 208 с.
3. Правила генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота.– М.;ФГНУ «Росинформагротех», 2003. – 48 с.

СТАТИСТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ

Абсолютные и относительные величины

В результате сводки и группировки статистического материала в руках исследователя оказывается самая разнообразная информация об изучаемых явлениях и процессах. Однако, останавливаться на полученных результатах было бы большой ошибкой, потому что, даже сгруппированные по заданным признакам и отраженные в табличной или графической форме, эти данные пока являются только своего рода иллюстрацией, промежуточным результатом, который должен быть подвергнут анализу - в данном случае, статистическому. Статистический анализ - это представление изучаемого объекта в качестве расчлененной системы, т.е. комплекса элементов и связей, образующих в своем взаимодействии органическое целое.

В результате такого анализа должна быть построена модель изучаемого объекта, причем, поскольку речь идет о статистике, при построении модели должны быть использованы статистические значимые элементы и связи.

Собственно, на выявление таких значимых элементов и связей и направлен статистический анализ.

Абсолютные показатели (величины) - величины суммарные, подсчитанные или взятые из сводных статистических отчетов без всяких преобразований. Абсолютные показатели всегда именные и отражаются в тех единицах измерения, которые были заданы при составлении программы статистического наблюдения.

Абсолютные показатели являются базовыми для любых дальнейших статистических операций, однако сами они для анализа малопригодны.

Относительные величины в статистике представляют собой обобщающие показатели, которые раскрывают числовую форму соотношения двух сопоставляемых статистических величин. При исчислении относительных величин наиболее часто сравнивают две абсолютные, но можно сопоставлять и средние, и относительные величины, получая новые относительные показатели. Самый простой пример вычисления относительной величины - ответ на вопрос: во сколько раз одно число больше другого?

Важнейшее условие для плодотворного вычисления относительных величин можно сформулировать следующим образом:

1. единицы измерения сравниваемых величин должны быть одними и теми же или вполне сопоставимыми.
2. Сопоставляемые данные обязательно должны соответствовать друг другу по времени или территории их получения либо по тому и другому параметрам вместе.

Абсолютная величина, с которой сравниваются другие величины, называется основанием или базой сравнения, а сравниваемый показатель - величиной сравнения.

В статистике применяются следующие виды относительных величин:

1. отношения, характеризующие структуру совокупности, или отношения распределения;
2. отношения части к целому, или отношения интенсивности;
3. отношения, характеризующие динамику;
4. отношения степени и сравнения.

Относительная величина распределения - это относительная величина, выражаемая в процентах отдельных частей совокупности изученных явлений к их общему итогу,

принимается за 100%. Это - самый распространенный (и простой) вид относительных данных, применяемых в статистике.

Отношение интенсивности (отношение части к целому) - обобщающая относительная величина, которая отражает распространенность определенного признака в наблюдаемой совокупности.

Средние величины и их применение в статистике

Результатом обработки абсолютных и относительных показателей является построение рядов распределения. Ряд распределения - это упорядоченные по качественным или количественным признакам распределения единиц совокупности. Анализ этих рядов лежит в основе любого статистического анализа, каким бы сложным в дальнейшем он не оказался.

Ряд распределения может быть построен на основании качественных или количественных признаков. В первом случае он называется атрибутивным, во втором - вариационным. При этом различия количественного признака называется вариацией, а сам этот признак - вариантой. Именно с вариационными рядами чаще всего приходится иметь дело в статистике.

Вариационный ряд всегда состоит из двух колонок (граф). В одной указывается значение количественного признака в порядке возрастания, которые, собственно, и называют вариантами, которые обозначаются x . В другой колонке (графе) указывается число единиц, которые свойственны той или иной варианте. Они называются частотами и обозначаются латинской буквой f .

Частота проявления того или иного признака очень важна при вычислении других значимых статистических показателей, а именно - средних и показателей вариации.

Вариационные ряды, в свою очередь, могут быть дискретными или интервальными. Дискретные ряды, как следует из названия, построены на основании дискретно варьирующих признаков, а интервальными - на основании непрерывных вариаций.

Самый первый показатель, описывающий вариационные ряды - это средние величины. Они играют важную роль в статистике, поскольку только с их помощью можно охарактеризовать совокупности по количественному варьирующему признаку, по которому можно их сравнивать. С помощью средних величин можно сравнивать интересующие нас совокупности значимых явлений по тем или иным количественным признакам и делать из этих сравнений необходимые выводы.

Средние величины отражают самую общую тенденцию (закономерность), присущую всей массе изучаемых явлений. Она проявляется в типичной количественной характеристике, т.е. в средней величине всех имеющихся (варьирующих) показателей.

Статистикой разработано много видов средних величин: средняя арифметическая, геометрическая, кубическая, гармоническая и т.д. Однако в статистике они практически не применяются, поэтому мы будем рассматривать только два вида средние - среднюю арифметическую и среднюю геометрическую.

Самая распространенная и хорошо известная средняя - это средняя арифметическая. Для ее расчета высчитывается сумма показателей и делится на общее число показателей.

Для того, чтобы при расчете средней арифметической учитывать частоту проявлений изучаемого признака, используется так средняя арифметическая взвешенная или средняя для дискретных вариационных рядов.

Средняя арифметическая взвешенная (средняя взвешенная) не имеет принципиальных отличий от простой средней арифметической. В ней суммирование

одного и того же значения заменено умножением этого значения на его частоту, т.е. в этом случае каждое значение (варианта) взвешивается по частоте встречаемости.

Популяционно-статистический метод

Одним из важных направлений в современной генетике является популяционная генетика. Она изучает генетическую структуру популяций, их генофонд, взаимодействие факторов, обуславливающих постоянство и изменение генетической структуры популяций. Под популяцией в генетике понимается совокупность свободно скрещивающихся особей одного вида, занимающих определенный ареал и обладающих общим генофондом в ряду поколений. (Генофонд — это вся совокупность генов, встречающихся у особей данной популяции).

В медицинской генетике популяционно-статистический метод используется при изучении наследственных болезней населения, частоты нормальных и патологических генов, генотипов и фенотипов в популяциях различных местностей, стран и городов. Кроме того, этот метод изучает закономерности распространения наследственных болезней в разных по строению популяциях и возможность прогнозировать их частоту в последующих поколениях.

Популяционно-статистический метод используется для изучения:

- а) частоты генов в популяции, включая частоту наследственных болезней;
- б) закономерности мутационного процесса;

Вопросы для самоконтроля

1. Абсолютные и относительные величины.
2. Популяционно-статистический метод
3. Относительная величина распределения.
4. Средняя арифметическая взвешенная.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Основная

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. - 5-е изд., перераб. и доп. - М. : КолосС, 2006. - 424 с. : ил.

Дополнительная

1. *Бакай, А.В.* Практикум по генетике. /А.В. Бакай, И.И.Кочиш, Г.Г. Скрипниченко, Ф.Р. Бакай. –М.: «КолосС», 2010 - 301 с.
- 2.. *Крюков, В.И.* Генетика. Статистические методы изучения изменчивости. Учебное пособие для сельскохозяйственных вузов. Орел: Изд-во Орел ГАУ. 2006. – 208 с.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. *Бакай, А.В.* Генетика. Учебник для вузов /А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипниченко.- М.: КолосС, 2007.-408 с.
2. *Бакай, А.В.* Практикум по генетике. /А.В. Бакай, И.И.Кочиш, Г.Г. Скрипниченко, Ф.Р. Бакай. –М.: «КолосС», 2010 - 301 с.
3. *Красота, В.Ф.* Разведение сельскохозяйственных животных. / В.Ф. Красота, Т.Г. Джапаридзе, Н.М. Костомахин. – М.: Колос - 2005. – 424 с.
4. *Крюков, В.И.* Генетика. Статистические методы изучения изменчивости. Учебное пособие для сельскохозяйственных вузов. Орел: Изд-во Орел ГАУ. 2006. – 208 с.
5. Правила генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота.– М.;ФГНУ «Росинформагротех», 2003. – 48 с.
6. *Саммигуллина, Н.С.* Практикум по генетике: Учебное пособие Мичуринск. /Н.С. Саммигуллина, И.Б. Кирина,- издательство МичГАУ, 2008,-211с.

СОДЕРЖАНИЕ

Введение.....	3
Лекция 1. Роль селекции и генетики в повышении продуктивности сельскохозяйственных животных.....	4
Вопросы для самоконтроля.....	8
Список литературы.....	8
Лекция 2. Методы исследований в селекции и генетике сельскохозяйственных животных, их значение для теории и практики животноводства.....	9
Вопросы для самоконтроля.....	12
Список литературы.....	13
Лекция 3. Значение групп крови и полиморфных белковых систем в генетике и селекции сельскохозяйственных животных.....	14
Вопросы для самоконтроля.....	19
Список литературы.....	19
Лекция 4. Использование групп крови в практике животноводства.....	20
Вопросы для самоконтроля.....	22
Список литературы.....	22
Лекция 5. Анализ кариотипов животных.....	24
Вопросы для самоконтроля.....	26
Список литературы.....	26
Лекция 6. Анализ ДНК.....	28
Вопросы для самоконтроля.....	32
Список литературы.....	32
Лекция 7. Гибридологический анализ.....	33
Вопросы для самоконтроля.....	35
Список литературы.....	36
Лекция 8. Генеалогический анализ.....	37
Вопросы для самоконтроля.....	39
Список литературы.....	39
Лекция 9. Популяционный анализ.....	40
Вопросы для самоконтроля.....	44
Список литературы.....	44
Лекция 10. Статистический анализ.....	45
Вопросы для самоконтроля.....	47
Список литературы.....	47
Библиографический список.....	48
Содержание.....	49