

АНАЛИЗ ГЕНОТИПОВ ЖИВОТНЫХ В СИСТЕМЕ ИХ РАЗВЕДЕНИЯ ПО ЛИНИЯМ. Б.Е. Подоба

Освещены основы использования генетических маркеров и закономерностей индивидуального развития для анализа и оценки генотипов родоначальников и продолжателей линий в селекционируемых популяциях сельскохозяйственных животных. Развита концепция желательного типа и изложены принципы применения информационного и энергетического подходов к оценке генотипических особенностей животных.

Генотип, генетические маркеры, онтогенез, заводские линии, родословные, сельскохозяйственные животные

ANALYSIS OF ANIMAL GENOTYPES IN LINEBREEDING SYSTEM.

B. Podoba

Principles of use of genetic markers and animal individual development regularities for analysis and evaluation of genotypes of line ancestors and successors in selecting farm animal populations were elucidated. Also the conception of animal desirable type was developed and principles of application of informational and energetic approaches to evaluation of animal genotype peculiarities were stated.

Genotype, genetic markers, ontogenesis, lines of farm animal breeding, pedigrees, farm animals

УДК 575

В.Т. СМЕТАНИН

Институт животноводства центральных районов УААН

ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИЕ ЛИНИИ КАК НОСИТЕЛИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ ПОПУЛЯЦИИ

Рассмотрены вопросы анализа фенотипических и генетических особенностей генеалогических линий популяции свиней, длительно разводимой "в себе". Делается вывод о том, что, несмотря на идентичность в проявлении признаков, обнаруживаются генетические различия линий, что очень важно для дальнейшего развития популяции.

Популяция, аллель, микросателлитный локус, генеалогическая линия

Введение. Линейное разведение, являясь одним из основных эмпирических методов совершенствования чистопородных животных, на протяжении нескольких сот лет являлось главным базовым путем в методическом арсенале селекционеров. Несмотря на огром-

© В.Т. Сметанин, 2005

Разведения і генетика тварин. 2005. Вип. 38

ное количество работ, выполненных за этот период, на современном этапе возникает необходимость вернуться, а может быть и пересмотреть некоторые теоретические аспекты, касающиеся линейного разведения. Необходимость этого обусловлена проникновением в практику племенного дела как генетико-популяционных представлений, основанных на механизмах преобразования генофонда, осуществляющихся в соответствии с моделями, описанными в работах С. Четверикова [1], Н. Дубинина и Д. Ромашова [2], С. Райта [3], А. Малиновского [4], А. Колмогорова [5] и других, так и возможности маркировать отдельные особи и группы внутри породы конкретными генами, детерминирующими те или иные полиморфные белки, выявляемые различными методами (иммуногенетическим, иммунохимическим, электрофоретическим и др.). А в последнее время также появилась возможность маркировать животных на уровне участков ДНК не только по конкретным аллелям, но и микросателлитным локусам. Все это позволяет перевести традиционные представления о консолидированности, препотентности, изменчивости генеалогических и заводских линий и их соответствия основателям с описательных зоотехнических характеристик в конкретные количественные показатели для оценки объективных различий между линиями и изменений их генофонда, которые происходят под селекционным давлением.

Периодически возникающие и порой очень острые дискуссии по поводу сущности и значения линий при селекции домашних животных, которые, как правило, не ставят “точки над *i*”, а остаются открытыми, представляют собой не что иное, как попытки переосмысления этого, одного из основополагающих вопросов, разведения на каждом новом этапе знаний и теоретических представлений, а также адаптация теории к практике селекционной работы.

Методика исследований. В нашей работе, проведенной на популяции свиней селекции Днепропетровского СХИ, которая на протяжении нескольких десятков лет разводится “в себе”, изучались фенотипические и генетические особенности животных, принадлежащих к различным генеалогическим линиям. Для этого у них определялась продуктивность по основным, требуемым бонитировкой, показателям. Свиньи тестировались по эритроцитарным антигенам 9–11 локусов, детерминирующих группы крови, а также по микросателлитным локусам ДНК при помощи ISSR-ПЦР, праймер (AGC) 6G. Выявлено 27 локусов.

Результаты исследований и их обсуждение. Проведенное изучение 1080 опоросов указало на достаточно высокие репродуктивные качества свиней селекции ДСХИ. Многоплодие в целом по популяции составило $10,9 \pm 0,06$ головы; количество поросят в 2 месяца составило $10,1 \pm 0,03$ головы, а масса гнезда в 2 месяца — $168 \pm 0,57$ кг. Но по репродуктивным качествам не было обнаружено заметных различий между животными при кроссе линий и линейном разведении. Более того, ряд показателей при линейном разведении был несколько выше, чем при кроссировании. Все это свидетельствует о высокой консолидации наследственности в популяции, определяющей репродуктивные качества свиней.

Распределение этих показателей у представителей различных линий также не различалось и было близко к нормальному. Таким образом, генеалогические различия не проявились фенотипически, но их удалось выявить при помощи кластерного анализа по коэффициентам корреляции многоплодия с другими репродуктивными признаками у свиноматок различной генеалогической принадлежности (рис. 1). Данный анализ показал, что линии Ореха и Борца образуют плотный кластер по этому коэффициенту со всем стадом и двухлинейными кроссами, полученными от тех же линий. Двухлинейные кроссовые свиноматки, полученные от различных линий, находятся относительно недалеко друг от друга, но в кластере, значительно отличающемся от образованного линейными животными Ореха и Борца.

Свиноматки:	
Отец	Отец
-	матери
Все стадо	
Орех	Орех
Борца	Орех
Борца	Борца
Кросс линий (все)	
Быстрый	Орех
Линейные (все)	
Орех	Быстрый
Орех	Борца
Быстрый	Быстрый
Борца	Быстрый

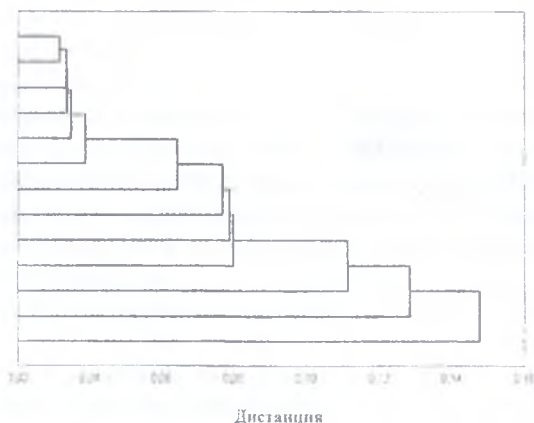


Рис. 1. Кластерный анализ свиноматок различной генеалогической принадлежности по коэффициентам корреляции репродуктивных качеств

Более того, заметные популяционные различия были обнаружены при регрессионном анализе репродуктивных качеств линейных и кроссовых свиноматок. На графиках прямолинейной регрессии практически по всем сравниваемым признакам отмечается более высокая плотность распределений значений вариант вокруг прямой (рис. 2) у линейных животных.

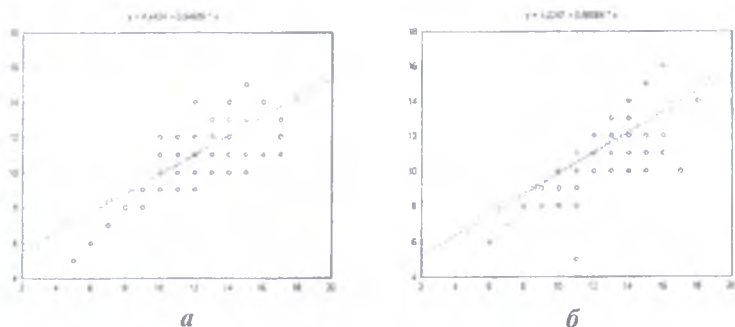


Рис. 2. График прямолинейной регрессии между многоплодием (x) и количеством поросят в 21 день (y):

a — линейные свиноматки ($n = 492$); b — кроссовые свиноматки ($n = 588$)

Изучение криволинейной регрессии подчеркнуло установленные между линейными и кроссовыми свиноматками различия по коэффициентам регрессии разных признаков репродуктивности.

Проведенный мониторинг по иммуногенетическим показателям популяции свиней селекции ДСХИ подтвердил незначительные отличия генофонда ее различных генеалогических линий: Ореха, Быстрого, Борца. Генетическое расстояние между ними по Нею составило 0,02...0,04, в то время как генетические дистанции между специализированными внутри популяции свиней селекции ДСХИ структурами: отцовской и материнской генетическими линиями, разводимыми по различным селекционным векторам, — были выше более чем в два раза. Коэффициент дивергенции, рассчитанный по Б. Подобе между линиями Ореха и Борца, Ореха и Быстрого, Борца и Быстрого, составил 0,44; 0,60 и 0,59 соответственно.

Сказанное очень важно для понимания генетических процессов, происходящих в культурном, селекционируемом стаде. То есть, при достаточно высоком уровне наследственной консолидации, вызванной однонаправленным отбором, возникает ситуация, ког-

да генеалогические структуры стада фенотипически не проявляют своих различий ни при линейном разведении, ни при кроссе линий. Поэтому возникает соблазн прибегнуть к привлечению внешнего источника “новых” — “чужих” для популяции генов. Но как показывают проведенные исследования, более тонкими методами анализа обнаруживаются генетические различия внешне идентичных структур стада, что соответствует основным теоретическим положениям концепции генетико-автоматических процессов [2].

Говоря об этом в терминах, принятых для описания эволюционных и микроэволюционных процессов, можно сказать, что аллогенез — развитие родственной группы особей внутри одной адаптивной зоны — традиционных генеалогических линий идет параллельно. Но этот параллелизм не мешает первичной форме филогенеза — скрытой генетической дивергенции, основанной на постоянных генотипических изменениях.

Важно подчеркнуть, что анализ генофонда различных генеалогических структур стада по микросателлитным локусам ДНК подтвердил степень генетических отношений, обнаруженных при помощи корреляций. Как известно, сложный характер корреляций обусловлен двойственной их природой. С одной стороны, это плейотропное действие ряда генов, отвечающих за изучаемые признаки, а с другой — селекционный эффект, обусловленный отбором.

Установлено также значительное отличие генофонда популяции селекции ДСХИ по микросателлитным локусам ДНК от стада животных, включающего в себя чистопородных представителей украинской мясной породы (харьковского заводского типа) и их помесей со свиньями селекции ДСХИ.

Сказанное подчеркивает одно из основных теоретических положений [1–3], что популяция с частично/или изолированными структурами, а применительно к культурным стадам — линиями, сохраняет свой резерв генетической изменчивости достаточно долго и который при использовании соответствующих методов можно эффективно реализовать.

Таким образом, проведенный анализ обнаруживает генетически обусловленные различия между линиями, которые подтверждены кластерным анализом микросателлитных локусов ДНК. И хотя эти различия невелики, они очень важны для дальнейшего развития популяции.

Выводы. Несмотря на фенотипическую идентичность генеалогических линий, в популяции свиней, длительно разводимых “в се-

бе”, обнаружено генетическое разнообразие, проявляющееся в различном характере корреляционных отношений признаков, которое подтверждено кластерным анализом микросателлитных локусов ДНК. Это разнообразие является потенциальной основой для дальнейшего развития популяции.

Автор выражает искреннюю благодарность и признательность В. Балацкому и сотрудникам возглавляемой им лаборатории генетики Института свиноводства УААН за помощь в проведении исследований ДНК.

1. Четвериков С.С. О некоторых моментах эволюционного процесса с точки зрения современной генетики // Журн. эксперим. биологии. — 1926. — Вып. 1. — С. 3–54.

2. Дубинин Н.П., Ромашов Д.Д. Генетическое строение вида и его эволюция. I. Генетико-автоматические процессы и проблема экогенотипов // Биол. журн. — 1932. — Т. 1. — Вып. 5–6. — С. 52–95.

3. Wrigth S. Evolution in Mendelian populations // Genetics. — 1931. Vol. 6. — P. 97–159.

4. Малиновский А.А. Роль генетических и фенотипических явлений в эволюции вида. I. Плейотропия // Изв. АН СССР. Отд. биол. — 1939. — № 4. — С. 575–614.

5. Колмогоров А. Уклонение от формул Харди при частичной изоляции // ДАН. — 1935. — Т. 3 (8), № 3(63). — С. 129–132.

ГЕНЕАЛОГІЧНІ ЛІНІЇ ЯК НОСІЇ ГЕНЕТИЧНОЇ МІНЛИВОСТІ ПОПУЛЯЦІЇ. В.Т. Сметанін

Розглянуто питання аналізу фенотипічних та генетичних особливостей генеалогічних ліній популяцій свиней, яких тривалий час розводять “у собі”. Не зважаючи на ідентичність у прояві ознак, виявляються генетичні різниці ліній, що є дуже важливим для подальшого розвитку популяції.

Популяція, алель, микросателітний локус, генеалогічна лінія

GENEALOGICAL LINES LIKE CARRIERS OF GENETIC CHANGES IN POPULATION. V. Smetanin

In the article the problems concerning analysis of phenotypical and genetic peculiarities in swine genealogical lines of population, which has being pure breeding during long term are solved. There is the conclusion that in spite of identify in traits reflection the genetic differences are discovered in lines. This is very important for further development of population.

Population, allele, microsatellite locus, genealogic line