

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего профессионального образования

«КУБАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

КОНСПЕКТ ЛЕКЦИЙ

по дисциплине
(модулю)

Мировой генофонд животных и его использование в селекции

Код и направление
подготовки

36.06.01 – Ветеринария и
зоотехния

Наименование профиля / программы
подготовки научно-педагогических
кадров в аспирантуре/магистерской
программы / специализация

06.02.07 – разведение,
селекция и генетика с.-х.
животных

Квалификация
(степень) выпускника

Исследователь.
Преподаватель-
исследователь

Факультет

Зоотехнологии и
менеджмента

Кафедра – разработчик

Разведения с/х животных и
зоотехнологий

Ведущий преподаватель

Щербатов В.И.

Краснодар 2015

Лекция №1

«Происхождение, эволюция и формирование генофонда домашних животных»

Около 40 видов домашних животных (включая домашнюю птицу) обеспечивают приблизительно 40% потребностей современного человечества в мясе, молоке, яйце, волокне, тягловой силе, коже, удобрениях и формируют необходимый компонент для многих смешанных систем сельского хозяйства. Чтобы полнее удовлетворить эти потребности не только существующего, но и будущего человечества, необходимо создать устойчивую структуру, способствующую увеличению производительности, повышению эффективности производства и улучшению качества продукции животноводства.

Разновидности домашних животных, созданные в процессе domestikации за 12 000 лет, являются основой производства продовольствия и ведения сельского хозяйства. Благодаря управляемому размножению животных и расширению земледелия были одомашнены разные виды животных и создано множество пород, позволяющих обеспечить увеличивающиеся человеческие потребности и гарантировать жизнеспособность человеческих общин. В результате взаимодействия двух факторов — отбора и использования лучших генотипов среди доступных животных и влияния окружающей среды через дифференциальное воспроизводство и выживание родительских животных — были созданы породы, приспособленные к местным климатическим и экономическим условиям.

На современном этапе важнейшим условием устойчивого экономического развития стран, обеспечения их населения продовольствием и сырьем, защиты среды обитания и здоровья людей являются сохранение и мобилизация генетического разнообразия животного и растительного мира. Однако вследствие отрицательного воздействия многочисленных антропогенных факторов в настоящее время наблюдается массовая потеря

генетических ресурсов как представителей дикой флоры и фауны, так и культивируемых видов животных и растений.

Генетическое разнообразие животных позволяет животноводам выбирать и создавать новые породы в ответ на изменение условий окружающей среды, угрозы болезней, новые знания в области требований к пище, изменения рыночных условий и социальных потребностей, причем некоторые из них в значительной степени непредсказуемы. Предсказуемым является спрос человечества на продовольствие. По текущей норме прироста населения в течение второго десятилетия этого столетия потребление продовольствия и изделий сельского хозяйства будет эквивалентно показателю за прошлые 10 000 лет. Эту потребность будут чувствовать наиболее остро в развивающихся странах.

В сложившейся ситуации проблемы дефицита продовольствия и сырья для обеспечения потребностей стремительно увеличивающегося населения Земли можно решать за счет широкого использования селекционно-генетических и биотехнологических достижений.

Бурно развивающаяся биотехнология будет способствовать разработке новых методик сохранения генов. Использование рекомбинантной ДНК, манипуляции с эмбрионами, клонирование нужных генов той или иной породы станут когда-нибудь рутинными методами. При этом можно не сомневаться в важности консервации генетических ресурсов, если представить себе использование в будущем хотя бы одной методики — создание трансгенных животных. Банки генов будут играть важную роль, если гены, отвечающие за такие признаки, как способность к адаптации, устойчивость к местному климату и паразитам, можно будет использовать для создания таких животных. И тогда лишь те страны, которые обеспечили охрану своих национальных генетических ресурсов, смогут создавать трансгенных животных, отвечающих их специфическим потребностям.

Усовершенствование домашних животных для удовлетворения потребностей человечества зависит от наличия генетического разнообразия видов.

Критерием этого разнообразия является наличие разных пород, которые представляют основной материал для селекционеров и являются основой для приспособления домашних животных к нашим потребностям. Потеря разнообразия ограничит выбор для удовлетворения непредсказуемых требований будущего и сузит возможности восстановления и приспособления новых популяций к мутациям. Каждая порода отличается уникальным набором генов и является продуктом мутации и генетического дрейфа, адаптации и эволюции в течение многих столетий с различным давлением отбора в сочетании с климатом, местными паразитами и болезнями, доступной пищей и критериями, применяемыми человеком.

В течение 1980-х гг. проблема сохранения и использования генетических ресурсов стала одной из важных в большинстве стран мира.

В 1990 г. 98-я сессия совета Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН (ФАО), состоявшаяся в Риме, рекомендовала подготовить на глобальном уровне детальную программу сохранения генетических ресурсов животных. Была создана экспертная комиссия по управлению и развитию глобальной программы генетических ресурсов животных с филиалами в Азии, Европе, Северной и Латинской Америке, в Карибском регионе, на Ближнем Востоке и в странах бывшего СССР. Созданы два мировых компьютерных банка данных, охватывающие 40 видов домашних животных: один под эгидой ФАО в Италии (Рим), другой — под патронажем Европейской ассоциации животноводов (ЕАЖ) в Германии (Ганновер). В последние годы к этому вопросу активно подключилась Международная организация по учету различных видов и пород животных (ICAR), накоплен определенный опыт в развитых странах, ведется большая организаторская работа и в развивающихся странах. В ряде государств собраны уникальные коллекции исчезающих пород животных на частной, государственной и смешанной основе.

Чем лучше мы узнаем внутреннюю биохимическую жизнь организмов и необычайную сложность взаимосвязей особей, видов между собой и с

окружающей средой, тем больше восхищаемся гармонией природных процессов и тем яснее понимаем, с какими трудностями связана их перестройка.

Согласно общепринятой теории эволюции род *Номо* появился в начале четвертичного периода в нескольких разнообразных формах гоминид, возможно следовавших одна за другой, хотя, может быть, иногда сосуществовавших. Подобно своему предполагаемому предку - австралопитеку гоминиды были крупными хищниками, не чуждыми каннибализма, и, следовательно, в биоценозах занимали верхнюю экологическую нишу. К концу последнего оледенения все ветви этого рода вымерли, за исключением только одного вида - *Номо sapiens*, т.е. современного человека. Однако, последний распространился по всей суше планеты, затем, в исторический период, освоил поверхность гидросферы и произвел на Земле такие изменения, что ныне всю ландшафтную оболочку Земли справедливо называют антропогенной.

Первоначально человек больше воздействовал на фауну. В интересной статье М.И.Будыко показано, что в степях Евразии мамонта истребили палеолитические охотники на крупных травоядных. Эскимосы расправились со стеллеровой коровой в Беринговом море; полинезийцы прикончили птицу моа в Новой Зеландии; арабы и персы путем постоянных охот вывели львов в Передней Азии; американские колонисты всего за полвека (1830-1880 гг.) перебили всех бизонов и голубей, а австралийские - несколько видов сумчатых. В XIX-XX веках истребление животных уже превратилось в бедствие, о котором пишут зоологи и зоогеографы столько, что нет необходимости подробно на нем останавливаться. Отметим, однако, что хищническое обращение человека имело место при всех исторических формациях и, следовательно, вряд ли может рассматриваться как результат особенностей социального прогресса.

Перенеся свои действия на флору, человек произвел ещё большие деформации природы. Оседлое скотоводство, при котором большое

количество скота скапливается на относительно небольшом пространстве, ведет к обеднению фитоценоза. Особенно радикально действуют козы. Они весьма помогли древним римлянам и эллинам уничтожить в Средиземноморье лес из жестколистного дуба и сосны, который заменился вечнозеленым кустарником - маквисом. В Аттике этот процесс завершился уже в V в. до н.э. Помимо коз также “свирепствовали” овцы. В Монголии XIII-XIV вв. овцы “съели” тунгусов-охотников, живущих на южных склонах Саян, Хамар-Дабана и на севере Большого Хингана. Монгольские овцы съедали траву и выпивали в мелких источниках воду, служившую пищей и питьем для диких копытных. Число последних уменьшалось, а вместе с тем охотничьи племена лишались привычной пищи, слабели, попадали в зависимость к степнякам-скотоводам и исчезали с этнографической карты.

Катастрофическое уменьшение численности многих видов животных, так же как и резкое сокращение площади лесов, стало очевидным в России к началу XX века. Бобры, соболи, каланы, лоси и многие другие, пушные и промысловые звери стали редкостью. Все меньше и меньше становилось водоплавающей и особенно степной дичи.

По этой причине я заинтересовалась данным вопросом, ведь самочувствие и собственное здоровье волнует нас больше всего, а окружающая среда и организм человека, составляющие науки экологии.

Наш окружающий мир – это наш организм, оберегая окружающую среду – мы оберегаем свое здоровье.

Генофонд – это многообразие генов и аллелей, имеющих в популяции. В каждой популяции, размножающейся половым путём, генофонд постоянно изменяется; популяция эволюционирует. Новые сочетания генов проходят непрерывный естественный отбор, определяющий в конечном итоге, какие гены будут переданы следующим поколениям.

Частотой аллели называют отношение количества данных аллелей у всех особей к общему количеству аллелей в популяции. Частоту доминантного аллели обычно обозначают буквой p , частоту рецессивного

аллели – буквой q . Если ген представлен двумя аллелями, то выполняется математическое равенство

$$p + q = 1.$$

Таким образом, зная частоту одного из аллелей, можно определить частоту и другого аллеля. Так, если частота доминантного аллеля равна 78 %, то частота рецессивного аллеля равняется

$$q = 1 - p = 1 - 0,78 = 0,22 \text{ (или 22 \%)}.$$

Для частот аллелей существует условие равновесия Харди–Вайнберга. Частоты доминантного и рецессивного аллелей остаются неизменными, если в популяции выполняются следующие условия:

- размеры популяции достаточно велики;
- спаривание и размножение особей происходит случайным образом;
- естественный отбор отсутствует (все генотипы одинаково приспособлены к внешним условиям);
- различные поколения не скрещиваются между собой;
- не возникает новых мутаций;
- отсутствует обмен генами с другими популяциями.

Невыполнение одного или нескольких из указанных условий может привести к изменению частоты аллелей и вызвать эволюционные изменения в данной популяции.

Используя символы p и q , можно по-новому записать схему моногибридного скрещивания.

Таким образом, при моногибридном скрещивании появляются три генотипа: AA с частотой p^2 (гомозиготные особи с доминантным аллелем), Aa с частотой $2pq$ (гетерозиготные особи) и aa с частотой q^2 (гомозиготные особи с рецессивным аллелем). Сумма частот аллелей равна единице:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1.$$

Эта зависимость называется уравнением Харди–Вайнберга. Используя совместно это уравнение с уравнением $p + q = 1$, можно вычислить частоту, например, особей, гомозиготных по доминантному аллели, зная количество

носителей рецессивного фенотипа (то есть частоту особей, гомозиготных по рецессивному фенотипу). Пусть $q^2 = 0,0004$. Тогда $q = 0,02$, $p = 1 - q = 0,98$, $p^2 = 0,9604$, $2pq = 0,0392$. Следствием уравнения Харди–Вайнберга является значительное превышение (часто на порядки) количества особей, в генотипе которых присутствует рецессивный аллель, над количеством особей с рецессивным фенотипом. Благодаря наличию значительного количества гетерозиготных особей в каждом поколении из генотипа исключается лишь малое количество рецессивных аллелей.

Многие рецессивные гены неблагоприятны для организма и исключаются из генотипа популяции. Другие, наоборот, полезны, благодаря чему частота гетерозиготного генотипа стабилизируется.

Как уже отмечалось, причиной изменений генофонда популяции являются половые рекомбинации генов (кроссинговер, независимое расхождение хромосом, случайное оплодотворение) и мутации. Половые рекомбинации не привносят в популяцию новые аллели; мутации вызывают появление новых аллелей и эволюционные изменения в популяциях.

Дарвин отметил относительный характер наследственной изменчивости: длинные конечности животных почти всегда сопровождаются удлинённой шеей, у бесшерстных собак наблюдаются недоразвитые зубы.

Это связано с тем, что один и тот же ген оказывает влияние на формирование не одного, а двух и более признаков. В основе всех видов наследственной изменчивости лежит изменение гена или совокупности генов. Поэтому, проводя отбор по одному, нужному признаку, следует учитывать возможность появления в потомстве других, иногда нежелательных признаков, относительно с ним связанных.

Неопределённая изменчивость, которая затрагивает хромосомы или гены, т.е. материальные основы наследственности, она обусловлена изменением генов или образованием новых комбинаций их в потомстве.

Существуют и другие причины генетической нестабильности.

- Небольшая численность популяции может привести к дрейфу генов. Носителей рецессивного аллеля может оказаться настолько мало, что они исчезнут по причинам, не вызванным естественным отбором (например, по причине гибели в результате природного бедствия). Может получиться и обратная ситуация, когда частота рецессивного аллеля случайно вырастет. Это может никак не сказаться на популяции, привести к её вымиранию или наоборот стать благоприятным фактором.

- Структурные и поведенческие особенности, благоприятствующие какому-либо признаку (так, брачные игры у животных выигрывает обычно более крупный и сильный самец, а более интенсивно опыляются более яркие и крупные цветки), приводят к неслучайному скрещиванию, то есть к подавлению некоторых аллелей.

- Обмен генами между популяциями приносит, с одной стороны, новые гены в популяции, но, с другой стороны, уменьшает общее генетическое разнообразие видов и мешает эволюционным изменениям. Прерывание обмена генами между популяциями является важной предпосылкой для появления нового вида.

Признаки в популяции (совокупности свободно скрещивающихся особей, длительное время существующих на более-менее обособленной территории) могут изменяться как непрерывно, так и дискретно. К дискретно изменчивым признакам относится, например, группа крови у человека. В этом случае признак может принимать лишь некоторые формы; промежуточные формы отсутствуют. Дискретная изменчивость возникает по признакам, контролируемым одним или двумя генами.

В природе постоянно происходит колебание численности популяций: число особей в популяции то сокращается, то увеличивается. Эти процессы сменяют друг друга более или менее регулярно, поэтому их называют волнами жизни или популяционными волнами. В одних случаях они связаны с сезоном года (у многих насекомых, у однолетних растений). В других случаях волны наблюдаются через более длительные сроки и связаны с

колебаниями климатических условий или урожаев кормов (массовое размножение белок, зайцев, мышей, насекомых). Иногда причиной изменения численности популяций являются лесной пожар, наводнение, очень сильные морозы или засухи.

Волны эти совершенно случайно и резко изменяют в популяции концентрации редко встречающихся генов и генотипов. В период спада волн одни гены и генотипы могут исчезнуть полностью, притом случайно и независимо от их биологической ценности. А другие также случайно останутся и при том новом нарастании численности популяции резко повысят свою концентрацию. Популяционные волны, как и мутационный процесс, поставляют случайный, ненаправленный наследственный материал для борьбы за существование и естественного отбора.

Признаки, контролируемые множеством генов, обычно меняются непрерывно, причём их крайние проявления (большие отклонения от среднестатистического значения признака) наблюдаются у относительно небольшого количества особей. У большинства же особей рассматриваемый признак не очень сильно отличается от его среднего значения. Примерами непрерывной изменчивости являются изменения массы или длины, а также формы тела. Непрерывная изменчивость в значительной мере обусловлена влиянием на фенотип внешней среды.

Каждая популяция животных или растений состоит из особей разного пола и различного возраста. Соотношение численности этих особей может быть различно в зависимости от времени года и природных условий. Численность популяции определяется соотношением рождаемости и смертности составляющих ее организмов. Если на протяжении достаточно длительного периода времени эти показатели равны, то численность популяции не изменяется. Изменить численность могут факторы среды и взаимодействие с другими популяциями.

Эволюционисты утверждают, что эволюция происходит именно за счет процесса такого типа. Но что происходит с генетической точки зрения? В

первоначальной популяции существовали гены, определяющие черную, темно-серую, светло-серую и белую окраску. На черном острове популяция утратила все гены, кроме управляющих черной и темно-серой окраской, поскольку гены светло-серой и белой окраски оказались утраченными за счет гибели светлых птиц. Таким образом, естественный отбор привел к тому, что генофонд стал беднее. Теперь в нем меньше форм генов, а не больше, чего требует эволюция (так как в случае, если популяция не приобретает новых генов, она никогда не может стать более сложной).

Поскольку такая новая популяция темных птиц генетически беднее, она более склонна к вымиранию. Незначительное изменение окружающей среды, например, посветление этого острова, будет способствовать истреблению этой породы хищниками.

Если бы такой процесс происходил в крупных масштабах, можно было бы ожидать вымирания многих видов, и именно это демонстрирует история. Иными словами, естественный отбор определяет тенденцию в направлении к генетической смерти, а не в направлении развития новых видов.

Лекция №2

«Значение генетических ресурсов в жизни общества.

Современное состояние генетических ресурсов основных видов домашних животных».

Ресурсы биологические — организмы, которые являются или могут быть объектами промысла; все живые средообразующие компоненты биосферы (продуценты, консументы, редуценты). Они относятся к категории исчерпаемых возобновимых природных ресурсов. Различают растительные ресурсы, ресурсы животного мира, охотничьи, пастбищные и др. Так, тайга богата охотничьи-промысловыми ресурсами (пушнина, мясо, шкуры ценных животных), лесными (тайга только европейской части России имеет запасы древесины около 5,0 млрд м³), а также пищевыми ресурсами (ягоды, грибы,

кедровые орехи и др.). Особо выделяют генетические ресурсы, т. е. наследственная генетическая информация, заключенная в генетическом коде живых существ.

Генетические ресурсы — генетический материал, т. е. любой материал растительного, животного, микробиологического или иного происхождения, содержащий функциональные единицы наследственности и представляющий фактическую или потенциальную ценность.

Биологические ресурсы — генетические ресурсы, организмы или их части, популяции или любые другие биотические компоненты экосистем, имеющие фактическую или потенциальную полезность либо ценность для человечества.

Биологические ресурсы — это все живые средообразующие компоненты биосферы: продуценты, консументы и редуценты с заключенным в них генетическим материалом (Реймерс, 1990). Они являются источниками получения людьми материальных и духовных благ. К ним относятся промысловые объекты, культурные растения, домашние животные, живописные ландшафты, микроорганизмы, т. е. сюда относятся растительные ресурсы, ресурсы животного мира и др. Особое значение имеют генетические ресурсы.

Идею сохранения ресурсов в животноводстве впервые выдвинул А. С. Серебровский в конце 20-х годов и только на симпозиуме в 1959 г. было выдвинуто официальное предложение о консервации генетических ресурсов, а в 1969 г. на конгрессе Европейской ассоциации животноводов (БАЖ) эта проблема обсуждалась особенно остро. По современным представлениям, «генофонд» — это совокупность генов (аллелей) одной популяции, в пределах которой они характеризуются определенной частотой. Генофонд популяции, являясь составной частью генетического потенциала вида, служит основой селекционного процесса создания новых и совершенствования старых пород сельскохозяйственных животных [4].

Охране подлежат также генетические ресурсы животного мира — часть биологических ресурсов, включающая генетический материал животного происхождения, содержащий функциональные единицы наследственности. Это обусловлено тем, что животный мир является достоянием народов РФ, неотъемлемым элементом природной среды и биологического разнообразия Земли, возобновляющим и стабилизирующим компонентом биосферы, всемерно охраняемым и рационально используемым для удовлетворения духовных и материальных потребностей граждан РФ.

Кроме генофондных ферм, хозяйств и т. д., генетические ресурсы сосредоточены в банках спермы, значительно сокращающих расходы на сохранение генофондов. Банки спермы организованы при ВНИИРГЖ, ЭстиЖ и других НИИ. В настоящее время проводится большая работа по разработке методов консервации эмбрионов и создания банков. Возможности этого метода пока находятся на уровне 50 % выживаемости размороженных эмбрионов. Этот показатель вполне достаточен для восстановления породы. Кроме того, разрабатываются методы генной инженерии для создания банков соматических клеток.

Наибольшее биологическое разнообразие, богатство генетических ресурсов сосредоточено в тропических лесах, в прибрежных водах тропических морей, в зонах коралловых рифов, т. е. там, где расположены в основном экономически слабые развивающиеся страны. А генетические лаборатории и биотехнологические мощности, использующие эти ресурсы, принадлежат процветающим компаниям развитых стран. Поскольку в связи с угрозой исчезновения многих генетических форм ставится глобальная задача сохранения биологического разнообразия, развивающиеся страны полагают справедливым передачу им части прибыли биотехнологических компаний для проведения мер по сохранению видов или передачу им на льготных условиях новых технологий и созданных на их основе материалов, нужных для охраны природной среды, биоиндикации и биологических методов борьбы с вредителями.

Ценность биоразнообразия тесно связана с экономической ценностью генетических ресурсов, биологических видов, экосистем и ландшафтов, а также ценностью так называемых экосистемных услуг.

Другое дополнение касается сохранения экосистем и геосистем. В принципе в отличие от генетических ресурсов они условно восстановимы, но без них нереально сохранить эти ресурсы. Можно сколько угодно решительно охранять виды, но если утеряна их среда обитания, они в конечном счете погибнут. А с их исчезновением станет невозможной и реанимация экосистем.

Главными предпосылками успешной организации коллекционного дела и создания коллекции генетических ресурсов являются соблюдение высокого уровня агро- и зоотехники и правильный учет сортового и породного материала в промышленных и экспериментальных хозяйствах. Научные же принципы формирования генетических коллекций, заложенные Н. И. Вавиловым, остаются неизменными.

Дискуссионным моментом в развитии банков семян является вопрос о том, кто владеет и контролирует генетические ресурсы культурных растений [Brush, Stabinsky, 1996]. Гены местных сортов культурных растений и диких родственников культурных видов являются теми “строительными блоками”, которые необходимы для создания “элитных” высокоурожайных сортов, пригодных для современного сельского хозяйства. По имеющимся оценкам, 96% генетического разнообразия, необходимого для современного сельского хозяйства, приходит из таких развивающихся стран, как Индия, Эфиопия, Перу, Мексика, Индонезия и Египет, а селекционные программы для элитных сортов часто разрабатываются в индустриально развитых странах Северной Америки и Европы. Раньше международные банки семян бесплатно собирали семена и ткани растений в развивающихся странах и передавали их исследовательским станциям и семенным компаниям. Но, создав с помощью селекционных программ и полевых опытов элитный сорт, семенная компания ради получения максимальной прибыли продаёт его

семена по высоким ценам. Одно из решений проблемы - это соглашения в рамках Конвенции по биологическому разнообразию, в которой страны договорились делиться своими генетическими ресурсами в обмен на получение новых продуктов и части прибыли [Vogel, 1994]. Такие соглашения обеспечивали бы защиту биологического разнообразия.

Для выполнения этой задачи необходимо издавать периодические информационные сведения о разнообразных генетических ресурсах; организовать службу генофонда.

В ГДР, например, кроме чистопородного разведения немецкой чернопестрой породы, с целью использования мировых генетических ресурсов лучших зарубежных пород проводится чистопородное разведение джерсейской, голштинской пород. Чистопородное разведение ю (ГДР — основной метод разведения племенных животных.

Все известные методы сохранения видового разнообразия — от создания новых заповедников до развития системы криобанков генетических ресурсов планеты — должны быть мобилизованы для предотвращения угрозы потери биоразнообразия.

В 1976 г. секция птицеводства ВАСХНИЛ и Птицепром СССР приняли решение о разработке в кратчайшие сроки методики экспедиционного обследования генетических ресурсов.

Согласно традиционной концепции изменение окружающей среды под воздействием человека — это определенный этап естественного эволюционного процесса — превращения биосферы в новую глобальную биосистему, а природное биоразнообразие — генетический ресурс человека, который следует сохранять лишь в заповедниках, зоопарках и генных банках. При этом безостановочный экономический рост возможен лишь за счет непрерывного расширения использования ресурсов биосферы.

Сохранение биологического разнообразия. В настоящее время из-за деградации природной среды, загрязнения, разрушения биоценозов биосфера ежегодно теряет 10—15 тыс. биологических видов, преимущественно

простейших организмов. Быстрая утрата генетических ресурсов происходит как раз в то время, когда благодаря достижениям микробиологии, генетики, молекулярной биологии, геной инженерии существенно расширились возможности использования различных новых микроорганизмов и другого генетического материала для биохимических процессов, биотехнологии, получения ценных препаратов. Перспективы этих отраслей применительно к задачам медицины и сельского хозяйства огромны.

Виды эгилопса в настоящее время не рассматриваются как находящиеся под угрозой исчезновения, тем не менее, из-за растущей антропогенной нагрузки на природные экосистемы такая угроза реальна для отдельных ценозов, их компонентов, внутривидовых единиц. Лучшим способом хранения генетических ресурсов эгилопсов следовало бы считать сохранение *in situ* - в природе. Наиболее полно методика *in situ* сохранения генетических растительных ресурсов разработана и представлена в работах зарубежных исследователей (Maxted, Ford-Lloyd, Hawkes, 1997). Сотрудниками гербария ВНИИР им. Н.И. Вавилова была предложена методика *in situ* сохранения генетических растительных ресурсов для территории России, которая учитывает природные и экономические особенности нашей страны (Смекалова, Лунева, Чухина, 2001). Примером такой деятельности является организация природного заповедника-резервата Эребуни в 1981 г. в Армении по инициативе академика П.А. Гандиляна. Однако организация заповедников сопряжена со значительными, часто непреодолимыми в настоящий период трудностями. Кроме того, даже в действующих заповедниках ценозы подвержены экстремальным воздействиям природных факторов, в результате чего не исключается элиминация отдельных форм. Все это обуславливает необходимость сохранения генофонда эгилопсов *ex situ* - в коллекциях. В рамках СНГ, да и в мировом масштабе наиболее полная коллекция видового и внутривидового разнообразия рода *Aegilops* L., по данным на 2004-2005 гг. - свыше 4000

образцов, сосредоточена во Всероссийском НИИ растениеводства им. Н.И. Вавилова (ВИР).

Программа ООН по окружающей среде (ЮНЕП) создана в декабре 1972 г. ЮНЕП имеет Совет управляющих. Совет по координации и Фонд окружающей среды. К первоочередным направлениям деятельности ЮНЕП относятся: 1) здоровье человека; 2) охрана земель и пресных вод; 3) защита мирового океана; 4) охрана животных и генетических ресурсов; 5) энергетические ресурсы; 6) образование; 7) торговля, экономика, технология. В рамках ЮНЕП работают и другие международные организации.

По оценкам, лесистость суши на нашей планете сократилась с 50 -60% 10 тыс. лет назад до 30 - 40% 100 лет назад. В настоящее время лесистость составляет 23 - 30%, что примерно соответствует площади пустынь [54]. За последние 40 лет уничтожено около половины влажных тропических лесов, где сконцентрировано биоразнообразие - генетические ресурсы планеты. Высокие темпы обезлесивания отмечаются в Бразилии (только в 1987 г. здесь погибло от пожаров 8 млн га лесных угодий), Камеруне, Коста-Рике, Индии, Индонезии, Филиппинах, Таиланде и Вьетнаме. В начале 80-х гг. ежегодно вырубалось 11,1 млн га тропических лесов [301]. Однако последние исследования показывают, что темпы глобального тропического обезлесивания гораздо выше - они составляют порядка 14 - 20 млн га в год [303]. Если сохранятся существующие темпы эксплуатации лесов, то через 15 лет леса Юго-Восточной Азии полностью исчезнут.

Вопросы организации коллекционного дела в карповодстве. Анализ ведения коллекций в различных отраслях сельского хозяйства показал, что лишь в растениеводстве существует продуманная система ведения коллекционного дела. Это является результатом крупномасштабной задачи, поставленной Н. И. Вавиловым при создании коллекции растительных ресурсов как безграничного резерва генов. Одна из причин отставания коллекционного дела в птицеводстве и животноводстве — это необходимость вложения больших материальных средств. Тем не менее

коллекции существуют, и форма консервации генетических ресурсов совершенствуется.

Конвенция ООН о биологическом разнообразии. Необходимость особой заботы о биоразнообразии возникла в связи с тем, что на Земле отчетливо проявился негативный процесс исчезновения видов животных и растений под влиянием человеческой деятельности. Целями Конвенции являются сохранение биологического разнообразия, устойчивое использование компонентов и совместное получение на справедливой и равной основе выгод, связанных с использованием генетических ресурсов. Следует отметить, что данная Конвенция, хотя и не называется рамочной, в действительности является таковой, так как содержит главным образом общие положения для реализации которых потребуются более конкретные соглашения, протоколы и иные договоренности.

Для выхода из экологического кризиса человечество должно решить сложный комплекс глобальных проблем, обостряющихся с каждым годом. Оно должно направить достаточные усилия на уменьшение загрязнения воздушного бассейна, вод, почв; активно разрабатывать экологически безопасные технологии, в том числе предотвращающие разрушение озонового слоя, уменьшить тепловое загрязнение среды. Обеспечить благополучное будущее человечества на Земле можно, только сохранив генетические ресурсы биосферы, ее видовое разнообразие. Все эти проблемы могут быть решены лишь при условии, что человечество найдет достойные пути ограничения рождаемости и стабилизации собственной численности на оптимальном для взаимодействия с природой уровне.

Важно определить экономическую эффективность и издержки смягчения глобальных экологических проблем на планетарном и страновом уровнях. Эти проблемы могут быть разделены на две группы. Глобальные общественные блага имеют прямое отношение к сохранению и поддержке главных компонент биосферы Земли, которые подвергаются негативному воздействию: глобальное изменение климата, истощение озонового слоя,

потеря элементов биоразнообразия (особенно мигрирующих через национальные границы видов) и глобально важных генетических ресурсов, загрязнение океанов и морей. Часто такого рода блага называют “глобальным достоянием” человечества. Для отдельных стран мероприятия по охране этого достояния могут быть экономически невыгодными, особенно в кратковременной перспективе. Поэтому охрана климата, озонового слоя, биоразнообразия требуют международной кооперации, глобальных соглашений.

В СССР за годы Советской власти выведено 87 новых пород в том числе крупного рогатого скота—13, лошадей—11, овец и коз — 29, свиней — 16, птицы — 7. В большинстве своем это породы комбинированного направления продуктивности (молочно-мясные и мясо-молочные породы крупного рогатого скота, мясо-сальные породы свиней, мясо-шерстные породы овец). Специализированных пород мясного типа крупного рогатого скота, беконных свиней создано мало. Поэтому главным направлением в пороодообразовании на ближайшие годы будет создание высокопродуктивных специализированных пород, приспособленных для промышленной технологии. В целях реконструкции породного состава в СССР разработана программа качественного совершенствования сельскохозяйственных животных, предусматривающая широкое использование лучших отечественных и мировых генетических ресурсов.[\[...\]](#)

Как отмечалось выше, Конвенция о биологическом разнообразии и другие акты современного экологического права расширяют рамки и изменяют содержание правовых и организационно-управленческих мер, да и сам объект правовой охраны. Например, ст. 8 и 9 указанной Конвенции перечисляют следующие меры и направления сохранения, поддержки и восстановления жизнеспособных популяций в их естественной среде, а применительно к одомашненным или культивируемым видам — в той среде, в которой они приобрели свои отличительные признаки: 1) создание систем охраняемых природных территорий и районов, в которых необходимо

принимать специальные меры для сохранения биологического разнообразия на основе разработки руководящих принципов отбора, создания и рационального использования таких территорий и районов; 2) содействие защите экосистем, естественных мест обитания и сохранению жизнеспособных популяций видов в естественных условиях; 3) предотвращение интродукции чужеродных видов, которые угрожают экосистемам, местам обитания или видам животных, особые меры должны приниматься для защиты животных вне естественных мест обитания, т. е. благодаря: а) созданию и поддержанию банков генов и геномов, семенных банков, банков спермы, банков яйцеклеток; б) созданию и поддержанию условий для сохранения и исследования культур; клеток и тканей растений, культивируемых *in-vitro*, коллекций микробных культур; в) созданию и поддержанию условий для сохранения и исследования *ex-situ* растений, животных и микроорганизмов, предпочтительно в стране происхождения генетических ресурсов.

Лекция №3.

«Система оценки, изменений и прогноза состояния генофонда домашних животных. Пути и методы сохранения генофонда домашних животных».

Мировая тенденция индустриализации сельского хозяйства несет в себе множество рисков. Один из них – это сокращение национальных генетических ресурсов или генофондов животных и растений (доктрина продовольственной безопасности РФ, 2010). Включение в мировое сельское хозяйство транснациональных животноводческих индустрий создает опасность сокращения национальных генетических ресурсов сельскохозяйственных видов, зависимость от импорта продовольствия и селекционных достижений, а также угрозу глобализации распространения инфекций и скрытых генетических дефектов. Отсюда следует все

возрастающая важность сохранения генофондов локальных сельскохозяйственных видов животных. Впервые вопрос о сохранении редких и исчезающих пород сельскохозяйственных животных поднял отечественный генетик А.С. Серебровский (1928). Международное признание проблемы датируется 1946 г., когда первая сессия Консультативного комитета по сельскому хозяйству FAO (международная продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединенных Наций) взяла на себя ответственность по оценке и консервации фонда животных и растений.

В настоящее время проблемы контроля и управления породами сельскохозяйственных животных приобрели международное значение, поскольку затрагивают многие страны мира, особенно обладающие большой территорией, различными агроэкологическими и экономическими условиями. Сохранение генетических ресурсов местных пород животных мировое сообщество тесно связывает с биологизацией и устойчивым развитием сельского хозяйства: необходимостью сохранения культурных традиций и агроэко- ландшафтов в мире и его отдельных регионах, а также здоровьем нации и качеством жизни в целом. В научном мире аргументы в пользу сохранения генофонда локальных пород делятся на экономико-биологические, культурно-исторические и научные. Последние связаны с исследованиями в области генетики, физиологии, биохимии, иммунологии, морфологии и т. д. Изучение местных пород с древним происхождением может вскрыть механизмы эволюции и Основы сохранения генофондов domesticированных видов животных 901 коэволюции, онтогенеза, поведения, естественного и искусственного отбора. Отдельные ученые и научные коллективы отмечали опасность все ускоряющегося процесса эрозии генофонда и оскудения видового состава биосферы. Для того чтобы предотвратить исчезновение видов, в том числе пород животных и сортов растений одомашненных видов, и сохранить возможность их восстановления или использования в будущем, началось формирование проектов по

созданию хранилищ семян растений, соматических и половых клеток различных животных и растений.

Сегодня генные банки, преимущественно растений, имеют 140 стран мира; наиболее известный среди них международный арктический генбанк на о. Шпицберген. Если генетические ресурсы растений относительно легко сохраняются в генбанках, то задача сохранения ресурсов животноводства значительно более трудная, прежде всего из-за биологических и технических условий. В 2007 г. международное сообщество приняло первый план глобальных действий и Интерлакенскую декларацию (ИД) о генетических ресурсах животных. ИД включает в себя 23 стратегических приоритета, направленных на борьбу с эрозией генетического многообразия животных и устойчивое использование их генетических ресурсов.

Наиболее полная информация о генетическом разнообразии domesticiрованных видов на глобальном уровне собрана в базах данных. На сегодняшний день известны данные о 7616 породах, из них 6536 определены как местные, а 1080 – как трансграничные. Среди всех пород domesticiрованных видов 38 % находятся вне зоны риска, 9 % исчезли, 20 % находятся в «состоянии опасности», т. е. численность самок находится в пределах 100–1000, а самцов 5–20 голов, не известно состояние у 36 % пород. Очевидно, для того чтобы сохранить породы животных, фундаментальным условием становится определение методов и принципов выявления их генетического своеобразия. Исследования генетической структуры локальных пород различных видов сельскохозяйственных животных с помощью популяционно-генетических Генофонд – совокупность всех генов скрещивающейся популяции Термин «генофонд» введен А.С. Серебровским (1928 г.). Генетические ресурсы – генетическое разнообразие, которое сохраняется внутри вида, включая разнообразие на уровне ДНК. Генетические ресурсы сельскохозяйственных животных – это породы, породные группы, популяции, сформированные в процессе одомашнивания внутри каждого вида, используемого для производства продуктов питания, а

также в сельском хозяйстве, вместе с их ближайшими дикими родственниками. Понятие «Устойчивое развитие» введено в 1989 г. (sustainable development). Главный смысл этого термина заключается в обеспечении такого развития, которое не ставит под угрозу жизнеобеспечение будущих поколений, природные системы, водные ресурсы, почву и живые организмы, т. е. все системы, от которых зависит жизнь на Земле. Впервые понятие о породе животных возникло в XII в., когда человек стал сознательно прибегать к скрещиванию животных. Породой следует называть целостную группу животных одного вида, созданную трудом человека в определенных социально-экономических условиях, имеющую общую историю развития и происхождения, общность к требованиям технологии производства и природным условиям и отличающуюся от других пород характерными признаками продуктивности, экстерьера, интерьера и стойко передающую свои качества потомству. Методы необходимы для создания генетически обоснованных программ по выявлению генетической изменчивости в целях дальнейшего сохранения и использования, в том числе для нужд как современного агропромышленного комплекса, так и традиционного животноводства. Мировой и отечественный опыт показывают, что потеря породного разнообразия оказывается не только утратой уникального и бесценного генетического разнообразия, но и сужением генетического потенциала, принципиально ограничивающего возможности селекционной работы, породообразовательного процесса в настоящем и будущем.

Наиболее общими критериями при сохранении локальных пород являются: жизнеспособность, адаптивность, состояние здоровья, воспроизводительные способности, а также уникальный генетический полиморфизм на молекулярном и морфологическом уровнях. При сохранении породы в качестве потенциального материала для последующего использования в селекции необходимо сберечь весь ее генофонд, поскольку мы либо не знаем, либо лишь предполагаем, какими именно генами или их сочетаниями

определяются хозяйственно важные свойства породы, и тем более, что окажется полезным при появлении новых селекционных задач или при изменении технологических условий. На рис. 1 представлен результат работы международных экспертов Продовольственной организации ООН (ФАО), посвященной сохранению и управлению генетическими ресурсами животных в отдельных государствах.

Основателем современных представлений о центрах доместикации растений и животных, зарождения аграрной цивилизации является Н.И. Вавилов. Он впервые определил как глобальную задачу необходимость мобилизации генетических ресурсов всех культурных растений и их сородичей для нужд селекции (Вавилов, 1935, 1965). В настоящее время на территории Российской Федерации разводится более 400 пород. Официально в МСХ РФ на 01.01.2011 зарегистрировано 412 пород, 126 типов, 162 кросса, 177 линий, относящихся к 44 видам сельскохозяйственных животных – млекопитающих, птиц, рыб и насекомых (Государственный реестр ..., 2011). Наибольшее число пород в виде на территории России зарегистрировано у собак (56 пород), далее по убыванию: кур (53), лошадей (44), овец (44), рыб (36), крупного рогатого скота (35), гусей (25), свиней (22), американских норок (15). Доля исконно российских пород, 1981–2009.

Отсутствие фундаментальных знаний, стратегий и законов о сохранении генетических ресурсов животных препятствует согласованным действиям на региональном, федеральном и международном уровнях, формированию надежных и современных механизмов сохранения и управления породным разнообразием и пороодообразовательным процессом в мире и Российской Федерации в частности. Главными условиями устойчивого сохранения национальных генетических ресурсов являются: наличие организационной структуры, отвечающей за сохранение отечественного породного разнообразия, федеральных законов, программы о генофондах пород животных и сортов растений. К основным задачам относятся: проведение генетического мониторинга, каталогизация и

паспортизация, создание компьютерных баз данных, генофондных и коллекционных хозяйств, генетических банков, генетико-селекционных планов сохранения и управления породами, а также учреждение зон традиционного аграрного хозяйствования. Современная стратегия при селекции местных (локальных, аборигенных, эндемичных, национальных, аутохтонных) пород животных сводится к двум направлениям. 1. Селекция на улучшение локальных пород с использованием различных вариантов скрещивания с коммерческими (заводскими) породами: вводное (грединг и апгрединг), межпородное (фесткроссинг, беккросс), породно-линейное (топкроссинг) создание синтетических популяций планируемой кровности. 2. Селекция, направленная на сохранение и поддержание генофонда породы с широкой изменчивостью. Основным методом при сохранении местных пород – чистопородное разведение.

Основы сохранения генофондов domesticированных видов животных 903 т. е. выведенных в России, среди общего количества разводимых в РФ (2010 г.) колеблется от 27 % (куры) до 70 % (овцы, лошади) и 85–91 % (козы и карпы) (см. рис. 2). С 1990 г. по 2010 г. в России численность сельскохозяйственных животных уменьшалась. Так, поголовье крупного рогатого скота сократилось на 36 млн 21 тыс., или на 63,2 %, лошадей на 1 млн 269 тыс., или 49,5 %, свиней на 22 млн 151 тыс., или на 57,9 %, овец и коз на 36 млн 651 тыс., или на 63 %, птицы на 322 млн, или на 49 %. Снижение численности привело к сокращению породного разнообразия: исчезли как малочисленные ранее завезенные импортные, так и отечественные породы, а также повысилась вероятность генетической эрозии за счет снижения внутри- и межпородного генетического разнообразия. Для выявления отечественных центров пороодообразования проанализировано происхождение 198 пород российской селекции 33 сельскохозяйственных видов, представленных в Государственном реестре селекционных достижений, допущенных к использованию ФГУ «Государственная комиссия Российской Феде- рации по испытанию и охране селекционных достижений»

МСХ Российской Федерации. Это позволило оценить географические закономерности распределения отечественных пород по 66 регионам Российской Федерации (см. рис. 3). В результате анализа сформированных пород на территории Российской Федерации выделено 5 основных центров с наибольшим количеством выведенных пород: – Северно-европейский (Ленинградская область); Рис. 1. Информация, необходимая для определения стратегии контроля над генетическими ресурсами животных (ФАО, 2007). Генетический банк или банк генов: 1) набор генов определенного организма, полученных в составе рекомбинантных ДНК; 2) коллекция клеточных культур, замороженной спермы, яйцеклеток, эмбрионов, ДНК и т. д., в наибольшей степени представляющая генотипы определенного вида и сохраняемая с этой целью. Два основных метода сохранения: Первый – криогенное хранение спермы, ооцитов, эмбрионов, ДНК, а также животных, содержащихся в лабораторных условиях или зоопарках. Второй – поддержание живущего поголовья локальных животных, главным образом в первоначальных условиях их среды обитания. 904 Ю.А. Столповский – Центрально-европейский (Московская, Воронежская, Кировская области); – Южно-европейский (Краснодарский, Ставропольский края, Ростовская область); – Кавказский (Дагестан, кавказские республики РФ); – Западно-сибирский (Алтай и Тыва). Уникальность российского генофонда местных пород обусловлена тем, что среди 33 видов одомашненных животных 198 пород представлено породами российской селекции – около 2,5 % мирового породного разнообразия. В настоящее время доля российских местных пород среди всех доместифицированных Рис. 2. Соотношение российских (местных) и иностранных (международных) пород, зарегистрированных в Госреестре РФ (%), 2011 г. Центры пороодообразования в России на основании данных по 33 доместифицированным видам животных. Основы сохранения генофондов доместифицированных видов животных 905 видов, разводимых в РФ, составляет 49 %, международных трансграничных – 51 %. Выявленные условные центры пороодообразования являются исторически сложившимися

«точками роста и сохранения» как породного разнообразия, так и скрытой генетической изменчивости.

МОНИТОРИНГ И УПРАВЛЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИМИ РЕСУРСАМИ ЖИВОТНЫХ

Сегодня нет достаточной информации относительно истинного уровня генетической изменчивости внутри большинства видов домашних животных, что затрудняет определение генетической ценности многочисленных популяций, поиск центров «скрытой» генетической изменчивости, а также принятие научно обоснованных решений по сохранению внутри- и межпородной изменчивости среди генофондов пород domesticированных видов. К наиболее распространенным методам и способам мониторинга генетических ресурсов животных относятся: а) зоометрический; б) селекционный; в) генетический; г) популяционный. Рис. 4. Разнообразие мастей сельскохозяйственных животных на примере эфиопских коз. Местные (локальные) породы – породы, которые встречаются только в одной стране Трансграничные породы – породы, которые встречаются более чем в одной стране. Они подразделяются на: региональные трансграничные породы: трансграничные породы, которые встречаются только в одном из 7 регионов, определенных в SoW-AnGR международные трансграничные породы: трансграничные породы, которые встречаются в нескольких регионах по классификации SoW- AnGR Регионы по классификации SoW-AnGR Африка, Азия, Европа и Кавказ, Латинская Америка и Карибский бассейн, Ближний и Средний Восток, Северная Америка, юго-западная часть Тихого океана (7 регионов). Генетический мониторинг – долговременное слежение за состоянием популяционных генофондов вида (породы), оценка и прогнозирование их динамики во времени и пространстве, определение пределов допустимых изменений. Генетическая изменчивость – изменчивость, обусловленная взаимодействием и различным проявлением генетических факторов. Изменчивость в генетическом составе особей между породами и видами; наследуемая

генетическая изменчивость внутри и между популяциями. Биохимические маркеры – маркеры определенного структурного гена, выявляемые с помощью методов гистохимического окрашивания. 906 Ю.А. Столповский

Мониторинг генетической изменчивости занимает центральное место в проектах по сохранению пород одомашненных видов в течение длительного времени. Стада сельскохозяйственных животных обладают значительной изменчивостью. Морфологическая изменчивость (дискретная и непрерывная) по масти, телосложению, росту, массе и т. п. характеризуется огромным размахом. Особенно это разнообразие заметно у локальных животных, у которых индивидуальная изменчивость очень высока (рис. 4). Если исследования метрических признаков имели широкое распространение, то исследования фенотипической изменчивости (фенов) не так популярны в животноводстве, но становятся весьма актуальными в программах сохранения. Для учета и первичного анализа генетически детерминированных альтернативных дискретных признаков (фенов) Н.В. Тимофеев-Ресовский, А.В. Яблоков (1973) предложили фенетический подход, который активно используется при изучении различных обитающих в природе видов, и может быть применен на сельскохозяйственных животных. Фены носогубного зеркала, краниологические, экстерьерные, окраски, этологические, биохимические и т. п. позволяют оценить генетические особенности группы особей, выявить изменчивость популяции на различных уровнях, реконструировать микрофилогенез популяций (Фенетика ..., 1988), что в конечном счете помогает эффективнее контролировать сохранение фенотипической и генетической структуры генофонда. Значительное количество данных по генетической изменчивости сельскохозяйственных животных получено на молекулярном уровне. Выявлен полиморфизм поверхностных антигенов эритроцитов, сывороточных белков и ферментов тканей, эритроцитов (биохимические маркеры) и др.

В настоящее время только у крупного рогатого скота описано 13 эритроцитарных систем групп крови, только в одной В-системе различают около 1000 феногрупп, 17 полиморфных белков и ферментов сыворотки крови и 23 полиморфных локуса в эритроцитах и лейкоцитах. Итого 40 полиморфных систем, не считая локусов главного комплекса гистосовместимости, белков молока, ферментов тканей, антигенов, белков, ферментов спермы, аллотипов сывороточных гликопротеинов, иммуноглобулинов, полиморфизма ДНК.

Перечисленные полиморфные системы успешно применяли для генетической паспортизации, контроля происхождения, при анализе генетической структуры и изменчивости популяции, оценке степени генетического сходства или различия пород, стад, линий животных, изучении их филогенеза. Важно подчеркнуть, что информация о генетической изменчивости существенна для разработки стратегий по оптимизации сохранения и использования генофондов животных. Принято считать, что новые молекулярные инструменты могут дать возможность идентифицировать гены, участвующие в формировании многих признаков, включая адаптивные признаки и полиморфизм, приводящий к функциональным генетическим вариантам (QTN – нуклеотиды количественных признаков – Quantitative Trait Nucleotides). Фенотипическое описание животных обеспечивает достаточно грубую оценку средних значений по функциональным вариантам генов, присутствующих у данных индивидуумов или популяций. При отсутствии для большинства пород надежных фенотипических и QTN данных, наиболее быстрой и рентабельной оценкой генетического разнообразия является генотипирование полиморфных участков. Изофермент фосфоглюкомутаза (серого степного (украинского) скота. Фенотипы: 1 – ВХ; 2 – АВ; 3 – АА; 4 – АА; 5 – ВХ; 6 – АВ; 7 – ВВ; 8 – АА. Основы сохранения генофондов domesticiрованных видов животных 907 ДНК одновременно по многим локусам. Такой подход оказывается полезным при исследовании происхождения

доместицированных видов, их последующей миграции, так же, как при получении информации по эволюционным взаимосвязям между их различными группами (филогенетические деревья) и установления географических областей скрещиваний между популяциями, имеющими разное генетическое происхождение. В связи с вышесказанным мониторинг сельскохозяйственных популяций должен отвечать трем основным требованиям. Во-первых, способствовать сохранению качественного разнообразия и структуры генофондов пород (популяций). Во-вторых, иметь дело с генетическими системами, данные по изменчивости которых можно использовать при подборе генотипов таким образом, чтобы добиться их репрезентативности при минимальной численности. В-третьих, методы мониторинга должны дополнять друг друга, сочетать в себе относительную простоту и воспроизводимость с наибольшей результативностью. Сочетания фенов, аллелей структурных генов, полилокусных спектров последовательностей ДНК позволяют надежно дифференцировать породы, выделять породоспецифические признаки, породоспецифические аллели структурных генов, отслеживать изменения генетического разнообразия во времени и пространстве.

ДНК-МАРКЕРЫ В ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ Новый класс генетических маркеров появился в середине 80-х годов XX столетия после разработки методов прямой оценки полиморфизма участков ДНК благодаря развитию методов выделения, клонирования и рестрикции генов. Решающую роль в становлении и развитии ДНК-маркеров сыграло открытие полимеразной цепной реакции (ПЦР – PCR). В популяционной генетике широкое использование получили методы прямого исследования полиморфизма различных участков ДНК. Совокупность этих методов, получивших название ДНК фингерпринтинг, широко используется для решения задач в различных областях биологии. В ДНК фингерпринтинге предусматриваются две основные стратегии: 1) «классический»

фингерпринтинг, основанный на ДНК гибридизации; 2) ПЦР-анализ, заключающийся в амплификации специфичных ДНК последовательностей *in vitro* помощью специфичных или неспецифичных олигонуклеотидов (праймеров) и термостабильной ДНК-полимеразы с последующим электрофоретическим разделением амплифицированных фрагментов и определением молекулярного полиморфизма посредством различных методов окрашивания полученных ДНК фрагментов. Для оценки уровня полиморфизма генома, генетического разнообразия и паспортизации сельскохозяйственных животных используют мультилокусные и монолокусные ДНК-маркеры. К последним относятся микросателлиты и маркеры, основанные на тестировании однонуклеотидных замен, в частности: STS (меченый сайт последовательности – Sequence Tagged Site) является ДНК последовательностью, которая встречается в геноме только один раз в известном месте. Они не обязательно бывают полиморфными и используются для построения физических карт. Полимеразно-цепная реакция – метод получения большого числа копий (порядка миллиона) небольшого фрагмента матричной ДНК (размером от 5 до нескольких тысяч нуклеотидов). ДНК-фингерпринтинг, или геномная дактилоскопия – идентификация на основе молекулярного генотипирования гипервариабельных участков генома. Генетический потенциал – в селекции сельскохозяйственных животных под данным термином подразумевают способность особи проявлять высокий уровень развития признака в благоприятных условиях среды. Секвенирование – расшифровка нуклеотидных последовательностей ДНК. Генетический маркер – детерминирует фенотипический признак, используемый для генетического картирования и индивидуальной идентификации организмов или клеток. 908 Ю.А. Столповский Микросателлиты или SSR (Simple Sequence Repeats), или STR (Simple Tandem Repeats) состоят из участков ДНК длиной в 2–6 нуклеотидов (пар оснований – п.о., или base pairs – bp), повторенных много раз по типу тандема (например САСАСАСАСАСАСА). Они распространены по

всему эукариотическому геному. Полиморфизмы могут быть визуализированы на секвенирующем геле и при наличии автоматического ДНК секвенатора, позволяющего анализировать с высоким выходом большое количество образцов. Микросателлиты гипервариабельны; они часто имеют десятки аллелей по одному локусу, отличающихся один от другого по количеству повторов. Они еще остаются маркерами выбора для изучения разнообразия, так же, как и для анализа происхождения и картирования локусов количественных признаков (QTL), хотя в настоящее время микросателлиты могут быть заменены в результате развития методов микроматриц (или чипов) для анализа SNP. ФАО опубликовала рекомендации по ряду микросателлитных локусов для их использования в целях изучения изменчивости главных сельскохозяйственных видов, которые были разработаны ISAG–FAO Консультативной группой по генетическому разнообразию животных. Минисателлиты обладают теми же характеристиками, что и микросателлиты, но повторы по своей длине содержат от десяти до нескольких сотен пар оснований (bp). Микро- и минисателлиты известны также, как VNTR (варьирующее количество tandemных повторов – Variable Number of Tandem Repeats). Согласно принятому определению (Brookes, 1999), SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), это однонуклеотидные позиции в геномной ДНК, для которых в популяции имеются различные варианты последовательностей (аллели). SNP являются вариантами по одному нуклеотиду, которые не меняют общую длину ДНК последовательности в этом регионе. SNP возникают по всему геному. Они находятся в изобилии и представлены с частотой один SNP на каждые 1000 п.о. в геноме человека. Большинство SNP локализуется в некодирующих областях и не имеют прямого влияния на фенотип индивидуума. Однако некоторые SNP, располагающиеся в экспрессирующихся последовательностях или областях, влияющих на экспрессию генов (промоторы, энхансеры), могут индуцировать изменения в структуре белка или регуляции. Внедряя в практику животноводства ДНК-маркеры данного

типа, можно проводить точную идентификацию генотипов животных, несущих желательные фенотипические особенности, и на их основе вести селекцию. Таким образом возможно более рационально использовать генетический потенциал сельскохозяйственных животных. Большинство известных на сегодня молекулярно-генетических маркеров продуктивности выявлено у крупного рогатого скота (КРС). Многие из них связаны с показателями молочной продуктивности. С помощью ПЦР- ПДРФ, наиболее распространенного метода типирования SNP, анализируется полиморфизм генов: каппа-казеина (CSN3), пролактина (PRL), соматотропина (GH), бета-лактоглобулина (BLG), диацетил-глицерин О-ацилтрансферазы (◆◆◆ DGAT1), гена релизинг фактора (гипоталамического фактора транскрипции – PIT-1) и других генов у различных пород КРС. В Польше подобные работы проводились на черно-пестрой и джерсейской породах, в Германии – на немецкой голштинской породе КРС), в Италии – на нескольких итальянских породах. В России изучается связь полиморфизма генов гормона роста и пролактина с содержанием жира в молоке (Лазебная и др., 2011), а также аллельный полиморфизм гена каппа-казеина CSN3. В Индии исследовали местный скот по генам DGAT1 и ABCG2. Bos indicus был генотипирован в Бразилии по генам DGAT1 и LEP. Подобные работы по генотипированию различных пород проводятся учеными других стран: Бельгии, Иордании, Ирана, Словацкой Республики, Турции. Ген лептина исследуют на взаимосвязь с мясной продуктивностью и репродуктивными показателями. Также в связи с ассоциацией с показателями качества мяса у различных сельскохозяйственных животных изучаются гены RORC, SCD, GH, TG. Основы сохранения генофондов domesticiрованных видов животных 909 зйственных животных изучаются гены RORC, SCD, GH, TG. С помощью данного типа маркеров ведутся исследования широко распространенного заболевания КРС – комплексного порока позвоночника проявление которого связано с миссенс-мутацией в гене SLC 5A крупного рогатого скота, и VLAD -синдрома КРС, проявляющегося при наличии точечной мутации в кодирующей части аутосомного гена CD 1.

Изучается полиморфизм ДНК-маркеров и их влияние на показатели мясной продуктивности у свиней различных пород. Изучаются гены гамма-субъединицы протеинкиназы А (PRKAG3), гипофизарного транскрипционного фактора (POU1F1), рецептора меланокортина 4 (MC4R), инсулиноподобного фактора роста 2, гены наследственных заболеваний. Значимым показателем при разведении сельскохозяйственных животных являются их репродуктивные качества, которые оцениваются генотипированием по гену ESR. У овец породы австралийский меринос был выявлен однонуклеотидный полиморфизм на 10-й хромосоме, коррелирующий с комолым фенотипом. С помощью другого метода детекции SNP – SSCP, эффективного, в частности, для поиска новых однонуклеотидных замен в ДНК, изучался ген лептина у овец и азиатского буйвола. В 2004 г. в США стартовал проект по геномной селекции крупного рогатого скота. С помощью генетического анализатора был осуществлен ресиквенс геномов 392 животных 14 пород КРС. В результате ресиквенса было выявлено 444792 s, из которых отобрали 54000 Ps с высокой степенью детектирования. С 2007 г. началось практическое использование P-чиповой технологии, после того как удалось сконструировать чип под названием SNP50 BeadChip.

Так, с использованием вышеуказанного микрочипа был проведен анализ 14 пород лошадей и 18 эволюционно родственных видов, было выявлено более 54000 полиморфных SNP. За последние пять лет опубликован обширный материал по геномной селекции. Мировой тренд – замена существующих P-чипов на чипы, включающие каузальные P, что повысит точность и упростит методы геномной селекции. Микросателлитные последовательности окружают многие гены и могут быть использованы как якорные последовательности к этим генам. AFLP и SSR маркеры не требуют предварительного клонирования и секвенирования фрагментов для подбора праймеров, сочетают в себе высокую информативность, относительную простоту и оперативность анализа. Использование мультилокусного

межмикросателлитного анализа совместно с методом к-кластеризации популяционных структур стало основой для создания ряда тестов молекулярно-генетической экспертизы и исследования популяционной структуры domestцированных видов животных. С помощью I R -маркеров показаны возможности анализа сходства и различия генофондов видов, пород (внутрипородных групп), их идентификации и наглядной оценки консолидированности, чистопородности и генеалогических связей (Столповский и др., 2010). На рис. 6 показаны полилокусные спектры ISSR маркеров с использованием двух праймеров, (AG)₉C и (GA)₉C, у 9 отечественных пород крупного рогатого скота. Информацию о популяционных частотах фрагментов ДНК изученных пород можно использовать в целях выяснения филогении пород. Согласно принципу популяционных систем, сформулированному в работах Ю.П. Алтухова и Ю.Г. Рычкова (1970), генетическое разнообразие современных популяций соответствует некоторой предковой «прапопуляции», генофонд которой можно условно назвать «протогенофондом». Для реконструкции протогенофонда предложено использовать усреднение частот генов по всем изученным популяциям. В со- 910 Ю.А. Столповский Рис. 6. ISSR-фингерпринт 9 пород крупного рогатого скота. 1 – бестужевская; 2 – бурая швицкая (кавказский тип); 3 – голштинофризская; 4 – калмыцкая; 5 – костромская; 6 – черно-пестрая; 7 – серый степной скот; 8 – ярославская; 9 – якутская. Рис. 7. Полигоны, построенные на основании полиморфизма, выявленного по праймеру (AG)₉C у 19 пород и одного селекционного типа крупного рогатого скота. Основы сохранения генофондов domestцированных видов животных 911 ответствии с этим принципом был построен протогенофонд крупного рогатого скота, куда включены породы *Bos taurus* и *Bos indicus*. На рис. 7 показаны полигоны изученных пород крупного рогатого скота, полученные на основании полиморфизма, выявленного по AG-SSR маркерам. Из всех исследуемых популяций наибольшее сходство с протогенофондом имеют породы: фризская (0,015),

черно-пестрая (0,015) и монгольская порода хогорого (0,016). Полученный результат соответствует филогенезу вышеуказанных пород. Сравнительный анализ полиморфизма ISSR -маркеров позволил обнаружить группы фрагментов ДНК, дифференцирующие виды одомашненных животных (рис. 8). Совокуп- Рис. 8. Межвидовые различия по ISSR-маркерам у 6 сельскохозяйственных видов. Приведены результаты, полученные с помощью праймеров (AG) 9C и (GA)9C. ность выделенных фрагментов может рассматриваться как ДНК «штрихкод» геномов шести видов domesticiрованных животных (верблюдов, коз, овец, свиней, яков, крупного рогатого скота), а также использоваться для описания генофондов видов, их внутривидового разнообразия. На основании данных по I R -маркерам с помощью программы rev2.2. была показана возможность для проведения кластеризации 6 одомашненных видов: верблюда (тувинский верблюд), козы (советская мясо- шерстная порода), овцы (романовская), яка (тувинский сарлык), крупного рогатого скота (серая украинская), свиньи (дюрок), а также 4 пород крупного рогатого скота (рис. 9) 912 Ю.А. Столповский

Каждая особь представлена на гистограмме единственным вертикальным столбиком. Во всех случаях особь или группа животных после анализа rev2.2 присоединялась к попу- ляционной структуре своего вида и породы. Предложенный метод оценки популяционной структуры имеет универсальный характер при условии выявления достаточно информативно- го мультилокусного спектра ДНК-маркеров. На примере ISSR - фингерпринтинга показано, как можно использовать полилокусные ДНК- маркеры для молекулярно-генетической экспертизы, оценки популяционной структуры, идентификации, установления сходства и сохранения генофондов domesti- цированных видов животных. ЗАКЛЮЧЕНИЕ Сохранение и управление биоразнообрази- ем, в том числе генофондами одомашненных видов, требует системного контроля определен- ных популяционно- генетических параметров. На примере сельскохозяйственных животных показан алгоритм действий для анализа меж- и внутривидовой популяционной

генетической изменчивости, который позволяет осуществлять: – проведение молекулярно-генетической экспертизы по видовой и породной принадлежности животных; – определение характеристик генетических структур породы, популяции: их однородности, консолидированности, «чистоты», а также соответствия отдельных особей генофонду породы; – выявление совокупности животных, наиболее близких как к «прагенофонду», так и к современному генофонду породы; – определение генеалогических связей между популяциями, оценка их внутри- и межпопуляционных взаимоотношений; – проведение генетической оценки для различных признаков продуктивности. Сохранение многообразия пород, внутрипородной генетической изменчивости сельскохозяйственных животных связано с проблемой продовольственной безопасности как отдельного государства, так и всего мира в целом. На современном этапе развития общества формируется международная система защиты, контроля, исследования и управления ресурсами генофондов domesticiрованных видов животных. Потеря генетического разнообразия и снижение адаптивной пластичности – два краеугольных камня Рис. 9. Результаты анализа генофондов на основе популяционно-статистической обработки данных I R - фингерпринтинга с использованием программы ge v2.2. а – на межвидовом уровне, для 5 domesticiрованных видов животных; б – на межпородном уровне, для 4 пород крупного рогатого скота. Основы сохранения генофондов domesticiрованных видов животных 913 при сохранении локальных пород животных. Теоретическое и практическое решение этой научно-социальной проблемы связано с необходимостью использования методов различных научных дисциплин, от молекулярной и популяционной генетики до зоотехнии геномной и традиционной селекции.

Лекция №4

« Система разведения генофондных стад».

Генетическое усовершенствование подразумевает изменения. Для того, чтобы изменения приводили к улучшению, их совместный эффект должен

приносить выгоду владельцам рассматриваемых животных или их сообществу. Более того, чтобы изменения действительно могли рассматриваться как улучшения, необходимо, чтобы они приносили пользу как в краткосрочном, так и в долгосрочном масштабе, или, по крайней мере, краткосрочная польза не приводила бы к долгосрочному вреду. Поэтому необходимо, чтобы разработка программ по генетическому улучшению проводилась с особым вниманием к социальному, экономическому и экологическому контекстам, в которых они будут реализовываться. Легче всего этого можно достичь, если селекционные программы станут неотъемлемой частью национальных планов развития животноводства, в которых будут определены цели развития для каждой среды производства.

Традиционно разведение домашнего скота представляло интерес только для небольшого количества профессионалов: служащих племенных компаний, фермеров и некоторых исследователей животных. Однако продовольственная продукция изменяется на пути от производителя до потребителя. Во многих странах утрачено доверие покупателя к промышленному животноводству. Различные кризисы последних лет усилили опасения по поводу качества и безопасности продукции животноводства: в частности, губчатая энцефалопатия КРС (BSE), диоксин, и, совсем недавний, высоко патогенный птичий грипп (HPAI). Рост благосостояния также стал важным элементом в повышении требований потребителей к качеству продуктов, особенно в Европе (экологические продукты и животные, выращенные на свободном выгуле). В то же время, большинство потребителей не связано с селом и мало знает о сельском хозяйстве. Появился растущий спрос на «натуральную» продукцию, но часто без ясного понимания, что, собственно, под этим подразумевается.

Устойчивые системы производства должны быть организованы таким образом, чтобы учитывались физические, социальные и рыночные условия.

Для племенных организаций возникает вопрос о том, должны ли они разнообразить свои селекционные задачи, или должны и дальше разводить

животных, чувствующих себя хорошо в широком диапазоне требований окружающей среды (физическая среда, система управления и рыночная ситуация). Однако до сих пор не имеется достаточного количества знаний о генетических основах адаптации к окружающей среде.

Для ведения селекционной работы с сельскохозяйственными животными требуется определенный уровень изменчивости как внутри, так и между популяциями. Генетическое разнообразие важно для обеспечения текущих запросов, но особенно значимо для соответствия будущим требованиям. Например, смена приоритетов в экономике сельского хозяйства с высокзатратных систем производства на низкзатратные будет способствовать сохранению различных пород и поддержанию разных характеристик внутри пород. Растущее значение, которое придается таким факторам, как защита животных, охрана окружающей среды, разнообразие продуктов, здоровье человека и изменения климата, требует включения в селекционные программы более широкого диапазона критериев. Этим требованиям часто соответствуют местные породы. Поэтому возможно, что наиболее правильная стратегия управления этими породами заключается в том, чтобы вносить в них как можно меньше генетических изменений. Например, может быть более важным повышение приспособленности к среде и устойчивости к болезням, даже за счет сдерживания дальнейшего роста продуктивных характеристик, таких как размер тела или молочная продуктивность, если они в настоящее время соответствуют или близки к оптимальному уровню.

Развитие методов генетического улучшения

Генетика количественных признаков. Цель селекции заключается в генетическом усовершенствовании путем отбора и подбора животных, которые произведут следующее поколение. Направление селекции отражают признаки, которые животновод хотел бы улучшить путем отбора. Темпы генетического улучшения (ΔG) по племенным целям зависят от генетической

изменчивости популяции, точности селекционных критериев, интенсивности отбора и генерационного интервала.

Поддержание генетической изменчивости является необходимым условием для текущего генетического улучшения. Генетическая изменчивость снижается в результате генетического дрейфа и возрастает за счет мутаций. Следовательно, минимальный популяционный размер для поддержания генетической изменчивости определяется скоростью мутаций. Селекционные эксперименты на лабораторных животных показали, что значительный прогресс может поддерживаться во многих поколениях, даже в популяциях с эффективной численностью до 100 особей, но селекционный ответ растет с увеличением численности популяции. Утрата породой генетического разнообразия связана со степенью инбридинга (ΔF). В отсутствие отбора ΔF прямо связана с количеством самцов и самок. В селекционируемой популяции это предположение не соответствует действительности из-за неравноценного вклада родителей в следующие поколения. Недавно была разработана общая теория, предсказывающая степень инбридинга в селекционируемой популяции. Этот подход облегчает направленную оптимизацию краткосрочных и долгосрочных ответов в схемах разведения. Исследования по оптимизации селекционных схем первоначально основывались на генетическом улучшении, мало внимания уделяя инбридингу. В настоящее время хорошо известно, что важным элементом селекционных схем является ограничение инбридинга. Метод позволяет сформировать из имеющегося набора отобранных животных такие группы родителей, в которых максимизируется генетическая ценность при сдерживаемом коэффициенте общих предков. В рамках этой программы число родителей и число потомков на одного родителя могут изменяться в зависимости от размера селекционируемой группы в конкретном поколении. Точность селекции в большей степени зависит от качества и количества данных о животных. Генетическое улучшение может быть достигнуто только в том случае, если имеются данные по продуктивности и родословным. На

основании этого может быть предсказана генетическая ценность, и животные с наилучшими прогнозами могут быть отобраны в группу родителей. Разработка алгоритмов и программного обеспечения на сегодня свидетельствует о том, что в большинстве стран и для большинства видов животных BLUP-AM обычно используется селекционными компаниями или национальными селекционными программами. Ограничения, связанные с применением упрощенных моделей одного признака, привели к развитию оценок BLUP по комплексу признаков, основанных на сложных моделях (включая, например, материнские эффекты, взаимодействий стадо x производитель или доминантные генетические эффекты). Такое развитие было ускорено ростом компьютерных возможностей и большими достижениями в компьютеризированных методах. Сегодняшняя тенденция заключается в использовании всей доступной информации, включая записи ежедневных тестов, записи по кроссбредным животным в широком географическом диапазоне (по разным странам). Существенные трудности, связанные с использованием все более и более сложных моделей, обусловлены отсутствием надежности (особенно, когда популяционная численность ограничена) и вычислительными проблемами. Проблема сегодня состоит в необходимости развития инструментов для систематической проверки достоверности используемых моделей. BLUP оптимален только тогда, когда известны истинные генетические параметры. Разработаны методы несмещенных оценок (гетерогенных) компонентов варианты для большого набора данных.

Предпочтительным методом, применимым к моделям для животных, является метод ограниченного максимального правдоподобия. Важных признаков, которые не могли бы быть корректно описаны линейными моделями, немного (например, признаки, основанные на выигрышах и выживании). Предложен широкий набор нелинейных смешанных моделей: пороговые модели, модели выживания, модели, основанные на рангах,

пуассоновские модели и т.д. Однако преимущества использования этих нелинейных моделей остается еще доказать.

Интенсивность селекции отражает долю животных, используемых в качестве родителей следующего поколения. Репродуктивные возможности и методики оказывают влияние на число родителей, необходимых для получения следующего поколения, и, следовательно, на степень генетического улучшения. У птиц высокая репродуктивная способность означает, что около 2% самцов и 10% самок, становятся родителями следующего поколения. У крупного рогатого скота использование метода искусственного осеменения привело к значительному уменьшению количества самцов. В настоящее время быки и коровы, входящие в племенное ядро, составляют менее 1% всей популяции.

Генерационный интервал – промежуток времени между двумя поколениями. В большинстве популяций число животных разных возрастов различается.

Количество информации о разновозрастных животных также отличается - о молодых животных данных меньше, чем о старших. Следовательно, точность оценок по молодым животным ниже. Однако средний уровень племенной ценности (EBV) молодых животных выше, чем у более старших в связи с непрерывным генетическим улучшением популяции. Рекомендуется вести отбор по возрастным классам для того, чтобы получить наибольший селекционный дифференциал. Доля животных, отобранных в каждом возрастном классе, зависит от различий в точности EBV между возрастными классами. Использование репродуктивных технологий позволяет значительно расширить объем информации о сибсах, и, следовательно, увеличивать точность EBV молодых животных. Это будет увеличивать долю животных, в раннем возрасте отобранных в группу родителей следующего поколения, и, следовательно, изменять протяженность генерационного интервала. Таким образом, интервал между

поколениями является, прежде всего, результатом отбора среди возрастных классов.

Молекулярная генетика

Использование молекулярной генетики в животноводстве расширяется на протяжении последних двух десятков лет. Эти исследования связаны с селекцией по генотипу менделирующих признаков (главным образом болезней и генетических дефектов), селекцией с помощью маркеров и интрогрессией. Более того, растет использование молекулярной генетики в программах по сохранению пород и для улучшения понимания происхождения и одомашнивания сельскохозяйственных видов животных.

Селекция по генотипу. Расширение знаний о геноме животных увеличивает перспективы отбора и создает новые возможности для повышения здоровья животных. Исходно метод селекции по генотипу основан на менделирующих признаках. У крупного рогатого скота, например, ДНК-диагностика обычно используется для элиминации некоторых генетических заболеваний, таких как нарушение адгезии лейкоцитов у КРС (BLAD), недостаточность уридинмонофосфат-синтетазы (DUMPS) и комплексный порок развития позвоночника (CVM), а так же в селекции таких признаков, как молочный каппа-казеин и двойная мускулатура.

У свиней известен ген, достаточно давно использующийся в коммерческой селекции - «галотановый» ген. Известно, что свиньи являются стрессонеустойчивыми животными (например, не выдерживают перевозки на скотобойню). Этот дефект обусловлен спонтанной мутацией - рецессивным геном, названным «галотановым». Используя ДНК-тест, который позволяет выяснять, несет ли свинья «дефектную форму» этого гена, возможно полностью удалить этот ген из популяции свиней. Скрепи, прионовое заболевание овец, наиболее простая естественная форма трансмиссивной губчатой энцефалопатии (TSE), группы заболеваний, которая также включает болезнь Крейтцфельда–Якоба у человека и BSE – у

крупного рогатого скота. Генетическая чувствительность к скрепи сильно меняется аллельными вариантами трех различных кодонов в PrP гене овец. Селекция на резистентность к скрепи, таким образом, может быть достаточно успешным методом контроля над этим заболеванием. Это может быть сделано повышением частоты аллеля, ассоциированного с наибольшей устойчивостью к скрепи (аллель ARR). Как описано в разделе 1, часть E: 4, селекционные программы по элиминации скрепи могут нести угрозу для редких пород, у которых резистентный генотип встречается с низкой частотой.

Селекция с помощью маркеров.

Большинство экономически важных признаков продуктивности животных имеют количественную природу и контролируется большим количеством генов (локусов), и лишь некоторые из них оказывают выраженное влияние на проявление признаков, в то время как большинство генов имеют небольшие эффекты действия. Если главный ген (локус) может быть идентифицирован, и если молекулярный тест может быть разработан, генотипированные по этому локусу животные могут далее использоваться в селекции. В других случаях хромосомный участок, близкий к гену, представляющему интерес (ген интереса), может быть идентифицирован и использован как маркер.

Разработана смешанная модель наследования, предполагающая сегрегацию одного или нескольких идентифицированных локусов и дополнительных полигенных компонент. Когда генотипы каждого идентифицированного локуса известны, они могут рассматриваться как фиксированные эффекты в методе стандартной смешанной модели. Если известны только генотипы по сцепленным маркерам, необходимо принимать во внимание возможность появления неожиданных результатов от неизвестных гаплотипов и рекомбинации.

Обычно ожидается дополнительный генетический прогресс, если в генетическую оценку включается информация о генах со средним и большим

эффектом действия. В последние годы по этой проблеме выполнено большое количество исследований. Результаты оказываются не всегда сопоставимыми, поскольку в разных исследованиях селекционные критерии отличаются, однако все они указывают на то, что наличие информации по генотипам локусов количественных признаков, в общем, улучшает краткосрочный ответ на селекцию. Более заметные расхождения были получены по долгосрочному ответу на отбор. В менее благоприятных ситуациях, где известны только генотипы сцепленных маркеров, результаты в большей степени зависят от специфических обстоятельств. Можно ожидать большего успеха, если на популяционном уровне имеются данные о неравновесии по сцеплению, или когда признаки трудноизмеримы (например, устойчивость к заболеваниям), ограничены полом (например, признаки яичной и молочной продуктивности), проявляются на поздних этапах жизни животных (например, продолжительность жизни и сохранность приплода) или измеряются после забоя (например, признаки качества мяса). В других случаях применимость селекции с помощью маркеров может быть сомнительна.

Гены одного или различных локусов взаимодействуют друг с другом, что приводит к фенотипическим последствиям. Механизм этого взаимодействия пока еще мало изучен. При использовании статистических моделей, когда очевидный эффект относится к определенному гену, межгенные взаимодействия не принимаются во внимание. Это объясняет, хотя бы частично, такие ситуации, когда включение в селекционную программу идентифицированных главных генов (или их маркеров) не приводит к желаемому результату. Именно из-за таких взаимодействий часто возникают разногласия между различными исследованиями, связанными с использованием генетических маркеров. Чтобы правильно оценить эффект гена, нужно рассматривать средний эффект по возможным генотипам в той популяции, где планируется использование этих результатов (взвешенный в соответствии с их частотами).

Внесение нового генетического материала в популяцию выполняется главным образом для увеличения устойчивости к заболеваниям. Если существуют маркеры для гена(ов) резистентности или генные зонды, то селекция на их основе может быть использована для облегчения процесса введения генов. Обсуждается возможность использования бэккроссов для внесения генов в популяцию. Если в качестве реципиентной используется неустойчивая порода, а порода, несущая ген устойчивости, рассматривается как порода-донор, введение желательного гена от породы-донора в реципиентную породу достигается многократными возвратными скрещиваниями на реципиентную породу, сопровождающиеся одним или более поколениями интеркроссных скрещиваний. Целью бэккроссных скрещиваний является создание индивидуумов, несущих одну копию донорского гена при сохранении остальной части генома породы – реципиента. Цель интеркроссной фазы заключается в фиксации донорского гена. Маркерная информация может усилить эффективность бэккроссовой фазы введения генов путем идентификации носителей интересующих генов (прямая селекция) и усилением восстановления реципиентного генетического фона (фоновая селекция). Более удобны для выполнения и экономически оправданы скрещивания чистопородных самок реципиентной породы с кроссбредными самцами донорской, чем наоборот.

Если ген устойчивости доминантен, его введение в популяцию может быть результативным даже без его молекулярного маркирования. Если ген резистентности рецессивен (или кодоминантен), маркер необходим. В тех случаях, когда резистентность является полигенным признаком, введение генов в популяцию без генетического маркирования вряд ли может быть эффективным; к тому времени, когда генетическое влияние донорской породы станет достаточно высоким для того, чтобы поддерживать высокий уровень устойчивости, желательные характеристики реципиентной породы, вероятно, будут утрачены. Фактически, было бы легче создать синтетическую породу, чем внести многочисленные гены в реципиентную

породу путем возвратных скрещиваний, даже когда доступны генетические маркеры. Исследования показали, что в некоторых из предполагаемых QTLs, связанных с трипанотолерантностью, аллель, связанный с толерантностью, пришел из нетолерантной породы. Было сделано заключение о том, что: «отбор на трипанотолерантность в F2 скрещиваний между породами ндама и боран может привести к созданию синтетической породы с более высоким уровнем трипанотолерантности, чем существующий в родительских породах».

Концептуально, введение генов с помощью маркерной селекции может быть достигнуто даже без проверки животных на устойчивость к болезнетворному агенту, однако такая проверка все же желательна.

Молекулярный анализ генетического разнообразия необходим при разработке программ по сохранению генетического разнообразия и при изучении происхождения и одомашнивания различных видов сельскохозяйственных животных. Лучшее понимание генетической изменчивости, вместе с развитием новых методов количественной генетики, может обеспечить связь маркерной информации с функциональной изменчивостью. Например, сочетание молекулярных методов и анализа родословных оказалось полезным для оценки степени генетического разнообразия основателей современной популяции чистокровной верховой породы лошадей.

Достижения в репродуктивных технологиях

Репродуктивные технологии оказывают прямой эффект на скорость генетического улучшения. Для существующего популяционного размера более высокая скорость воспроизводства подразумевает необходимость меньшего количества племенных животных и, следовательно, более высокую интенсивность селекции. Большое количество потомков, полученных от одного племенного животного, также позволяет более точно оценить его селекционное значение.

Другое преимущество повышенной скорости репродукции заключается в более быстром распространении выдающегося генетического материала.

Поскольку репродуктивные технологии достаточно подробно обсуждались в других разделах этого издания, в настоящем подразделе рассматриваются только использование в селекционных программах искусственного осеменения (ИО), множественной овуляции и трансплантации эмбрионов (МОТЭ). По другим методам здесь будет представлено только краткое описание.

Искусственное осеменение. Использование ИО приводит к высокой интенсивности селекции, более строгому отбору самцов на основании оценки по потомству и более точной оценке племенной ценности в стаде (последнее является результатом обмена спермой между различными нуклеусными стадами), которая облегчает установление между ними генетических связей. ИО используется племенными организациями для большинства видов сельскохозяйственных животных. Для видов с низкой скоростью репродукции, таких как крупный рогатый скот, использование ИО дает возможность более точной оценки племенной ценности по признакам с низкой наследуемостью. Применение ИО позволяет быстрее внедрять достижения генетики в коммерческих популяциях. От шестидесяти до восьмидесяти процентов всех проводимых ИО принадлежат крупному рогатому скоту. Самец, признанный выдающимся, может оставить тысячи потомков в различных популяциях по всему миру. ИО требует технических навыков как в центре по искусственному осеменению, так и на фермах, и кроме того, эффективных связей между ними. Однако во многих странах большинство животноводов - мелкие фермеры, квалификация которых и инфраструктура могут быть недостаточными для успешного использования ИО. Фермер должен быть в состоянии определить течку и иметь возможность связаться с центром распределения семени, работники которого должны в течение нескольких часов обслужить животных.

Для экстенсивных систем производства этот процесс требует больших затрат труда, следовательно, вряд ли будет использован в пастбищных системах по производству говядины. Точно так же искусственное осеменение трудно использовать и в овцеводстве, и естественная случка с использованием выдающихся самцов остается все еще основным способом распространения генетического усовершенствования.

Использование ИО меняет организационную структуру сектора племенного животноводства.

В регионах применения ИО собственники племенных животных обычно объединяются в крупные племенные организации, такие как кооперативы или частные племенные компании. За последние двадцать лет в развитом мире центры по искусственному осеменению отвечают за организацию оценки быков по качеству потомства и за распространение семени выдающихся производителей.

Множественная овуляция и трансплантация эмбрионов. Увеличение скорости репродукции путем использования МОТЭ применимо, главным образом, для видов с низкой скоростью размножения, таких, как, например, крупный рогатый скот. Успех обеспечивается высокой интенсивностью селекции со стороны самок и более точной оценкой их племенной ценности. Чем больше количество потомков, тем больше доступно информации о сибсах. Это позволяет получать обоснованные надежные оценки племенной ценности в раннем возрасте, особенно, когда признаки характерны только для одного пола (самки).

Практически, это означает, что нет необходимости ждать оценки самцов по потомству – они могут быть отобраны в раннем возрасте на основании информации об их полусибсах - сестрах. Наличие длительного генерационного интервала компенсируется повышением точности оценки путем замены проверки по потомству оценкой по полусестрам. Возможность отбора в раннем возрасте, даже среди эмбрионов, главное обоснование применения МОТЭ в разведении свиней. Эмбриотрансплантация используется

также для распространения желательных генов от выдающихся самок с минимальным риском заболеваний, так как животные не нуждаются в транспортировке.

Использование МОТЭ дорого и требует высоко развитых технических навыков. Дополнительной проблемой является то, что для проведения этой процедуры должна иметься группа коров-реципиентов, и они должны быть синхронизированы по фазам полового цикла. Это можно сделать только в большом централизованном нуклеусном стаде. Во многих случаях было бы лучше инвестировать ресурсы в базовые требования – регистрацию и обработку данных по признакам продуктивности, их расширение и распространение. Это тем более справедливо, поскольку МОЭТ, по-видимому, менее эффективно, чем ИО в усилении генетического прогресса. Тем не менее, использование ИО и/или МОТЭ достаточно эффективно и может применяться некоторыми фермерами.

Криоконсервация спермы и эмбрионов дает возможность племенным организациям создавать генные банки как резервный запас генетического разнообразия для племенных программ. Более того, это облегчает обмен и транспортировку генетического материала у жвачных и является основной предпосылкой для широкого применения ИО и МОТЭ в мировом масштабе.

Клонирование (соматических клеток) является новой технологией, которая в настоящее время еще не имеет коммерческого использования. Частично это из-за технических и экономических причин, и частично потому, что в настоящее время широкое использование не приветствуется общественностью. Клонирование потенциально может быть использовано для сохранения, поскольку ткани могут быть легче сохранены, чем эмбрионы.

Определение пола у эмбрионов или семени может способствовать получению большого количества животных определенного пола. Например, предпочтение в потомстве самцов или самок очевидно у крупного рогатого скота – самки для производства молока, и самцы для производства мяса.

Большое количество усилий делается для развития соответствующих технологий. В настоящее время идентификация эмбрионов мужского и женского пола возможна при использовании разных методов. Однако, за небольшим исключением, эти технологии селекционерами или фермерами широко не используются. Делались различные попытки разделить сперму на основе характеристик, связанных с полом. Однако требуются дальнейшие разработки для того, что бы эта технология могла быть применена в большом масштабе.

Использование выше описанных методов по репродукции и сохранению означает, снижение необходимости в транспортировке племенных животных.

Более того, эти технологии открывают возможность контролировать здоровье отар и стад, даже когда эмбрионы происходят из стран с радикально отличающимися требованиями к этому показателю.

Лекция №5

«Возможности использования и восстановления генофонда исчезающих пород».

Скрещиваться для получения коммерческих животных. Эта стратегия используется в селекции свиней и птиц.

Разработка селекционной программы включает определение ее главной цели и создание схемы, позволяющей продвигать генетический прогресс в направлении этой цели. На практике это включает управление людьми и ресурсами, так же как применение принципов генетики и селекции животных.

Каждый аспект селекционной программы включает множество процессов, индивидуумов и некоторых институтов.

Успех зависит от того, насколько хорошо все организовано и как используются доступные ресурсы для достижения целей заинтересованных лиц.

Лицами, заинтересованными в селекционной программе, являются все те, на которых ее успех может тем или иным путем оказать влияние. Они включают конечных пользователей программы (например, производителей животноводческой продукции), коммерческие компании и всех других, кто прямо или косвенно инвестирует эту программу, государственные структуры, ассоциации по породам, и тех, кто работает для осуществления программы. Другие заинтересованные лица включают вспомогательные службы, такие как поставщики, дистрибьюторы и продавцы побочных продуктов.

Большинство программ имеет пирамидальную структуру, с разным количеством рядов в зависимости от сложности. На вершине пирамиды находится ядро, где сконцентрированы селекция и разведение потомства элитных животных.

Размножение этих животных происходит в средних рядах. Это необходимо, когда количество животных в ядре недостаточно для удовлетворения запросов коммерческих фермеров. Нижний ряд включает коммерческие единицы, которые распространяют конечный продукт.

Деятельность по построению селекционной программы может быть подразделена на восемь главных шагов:

- выбор цели селекции;
- выбор селекционных критериев;
- разработка схемы селекции;
- регистрация животных;
- генетическая оценка животных;
- отбор и разведение;
- мониторинг прогресса; и
- распространение генетического усовершенствования.

Эти шаги будут описаны в следующих подразделах. Однако читатель должен знать, что, планирование, выполнение и оценка образуют непрерывный процесс – к этим элементам необходимо обращаться постоянно и в интерактивном режиме. Следующим важнейшим элементом является необходимость подробной документации в деталях всей области селекционного плана и его выполнения в течение долгого времени.

Селекционные цели

Цель селекции заключается в определении признаков, подлежащих генетическому улучшению. Эти действия должны лежать в русле национальных задач развития сельского хозяйства, соответствовать системам производства продукции и породам, подходящим для данных систем. Задачи развития сельскохозяйственного производства традиционно включают экономические переменные, но при этом обязательно должны охватываться этические и социальные аспекты благосостояния человека. Эти задачи учитываются и при формулировании селекционных целей. Для их реализации существует множество инструментов, из которых наиболее общим является функция прибыли.

В теории, получение прибыли является непосредственной целью, особенно в случае селекционных программ в пределах породы, поскольку это линейная функция относительно улучшаемых экономически ценных признаков. На практике же, однако, не так легко получить эту экономическую значимость, частично потому, что признаки могут варьировать во времени и в пространстве, и частично из-за недостатка времени, экспертизы, знания, ресурсов, и т.д. Таким образом, селекционеры управляют направлением изменения методом проб и ошибок, основанным на воспринятых ими рыночных требованиях и предпочтениях.

Улучшение домашних животных определяется в данном наборе признаков, в целом рассматриваемых как «признаки экономической важности». В реальности признаки и их экономическая важность варьируют также широко, как и программы селекции. Для большинства

сельскохозяйственных видов признаками экономической важности являются те, которые влияют на продуктивность, продолжительность жизни, здоровье и воспроизводство животных.

Для большинства признаков основной задачей является постоянное улучшение, но для некоторых целью является достижение промежуточных значений. Примером последней является вес яиц у кур. Рынок предпочитает яйца в пределах определенного диапазона веса – например, между 55 и 70 граммами. Яйца меньше этого диапазона плохо продаются, и нет дополнительной прибыли от яиц большего веса. Учитывая, что размер яиц отрицательно коррелирует с их количеством, прочностью скорлупы и высиживаемостью, отбор на увеличение веса яиц не только снижает селекционную интенсивность, но и также противоположен продуктивности. Другой пример – размер тела. Для мясных животных размер при забое является важной определяющей стоимости. Размер тела является главным фактором, определяющим рацион кормления, влияя на потребность в питательных веществах для поддержания жизни.

Это также может влиять на плодовитость. Последняя (сохранность телят или ягнят к отъему) является главным фактором, определяющим биологическую эффективность и доходность. Так как размер тела связан и с затратами, и с прибылью, трудно определить оптимальную ценность, особенно при пастбищной системе из-за трудностей при адекватном учете потребленного корма. Другой вопрос заключается в том, что большинство рынков мяса по-разному относится к животным, выходящим за желательный диапазон убойной массы (или живой массы). Например, на европейских рынках требуется минимальная масса туши, которую невозможно встретить у некоторых пород (например, породы санга из Намибии). Даже если имеющийся размер тела этого скота оптимален относительно биологической эффективности, более крупные животные могут быть более выгодными.

Цель селекции может быть поставлена однократно, или время от времени пересматриваться. Решение принимается селекционерами, с

обратной связью на всех этапах селекционной программы. В селекции свиней и птиц это решение принимается руководством селекционных компаний (научные руководители в согласии с техническими и коммерческими директорами). В селекции крупного рогатого скота решение принимается на уровне нуклеусов, но обычно при консультациях с людьми во всех других уровнях программы, включая коммерческий, на котором отражаются особенности собственности программы.

Результат селекционных программ, особенно в молочном и мясном скотоводстве, может быть получен спустя многие годы после принятия решения. Даже для птицы, у которой генерационный интервал короче, генетическое изменение, осуществленное в ядре, будет замечено на коммерческом уровне не ранее, чем через три года.

Это подчеркивает необходимость оценки будущих требований при определении целей селекции.

На конкурентном рынке, таком как индустрия разведения птиц, определение признаков интереса и направления селекционной работы зависит не только от рыночных запросов, но также и от характеристик продуктов конкурирующих программ.

Селекционные критерии

Селекционные цели отличаются от селекционных критериев, которые используются при решении вопроса о том, какие животные будут выбраны в качестве родителей следующего поколения. Обычно решение включает создание «селекционного индекса».

Измерения проводятся у животных-кандидатов и их родственников и распределяются согласно коэффициентам индекса, рассчитанным таким образом, чтобы максимизировать связь между селекционным индексом и целью селекции. Нужно подчеркнуть, что некоторые из признаков селекционных целей могут отличаться от тех, которые используются для построения селекционного индекса. Например, свиньи селекционируются на толщину шпика – это признак селекционной цели. Однако его невозможно

оценить у отобранных кандидатов, поскольку для этого животное необходимо забить. Признак, который может быть использован для оценки - это толщина подкожного жира, его можно измерить ультразвуком и зарегистрировать. Там, где трудно или дорого получить информацию о взаимосвязях между животными, а признаки достаточно наследуемы, селекция может быть основана на индивидуальной продуктивности (массовая селекция). Построение селекционного индекса - техническая проблема, требующая высокой квалификации исполнителей.

Имеется множество обстоятельств, из-за которых в процессе селекции не учитываются многие признаки, не отнесенные к признакам селекционной цели. Это может серьезно уменьшить фактическую интенсивность отбора и, следовательно, ограничивать генетическое усовершенствование.

Иногда это приемлемо (например, генетический дефект является существенным основанием для выбраковки). В других случаях такие критерии сомнительны (например, «объем тела» как индикатор продуктивности) или не рекомендуются (например, общий вид или «молочный тип»).

Планирование селекционной схемы

Планирование программы разведения требует принятия определенных решений в логическом порядке.

Создатель программы должен знать, что сам процесс эволюционирует во времени – от простого до растущего уровня сложности, по мере развития организации и возможностей. Большинство действий требуют решения, как лучше всего использовать имеющуюся популяционную структуру для надежного проведения улучшения и/или необходимого реструктурирования.

Экономическая оценка - неотъемлемая часть этого процесса, она должна выполняться и на предварительной стадии, и для оценки реализуемых изменений в процессе выполнения программы.

Инвестиционные решения в селекционной программе должны оцениваться относительно трех условий, способствующих ускорению

генетических изменений: интенсивность селекции, точность селекции и генерационный интервал. Основываясь на этих условиях, необходимо оценивать альтернативные сценарии. Важно использовать теоретическое знание количественной генетики для предсказания прибыли, ожидаемой от различных сценариев. Для этих целей должны быть рассчитаны популяционно-генетические параметры, такие как наследственность и фенотипическая изменчивость признаков, необходимые для построения селекционных.

Затем составляется план соответствующих скрещиваний. Это должно позволить получить достаточное количество данных для генетической оценки, выявления элитных животных для нуклеуса и для размножения на нижних уровнях селекционной пирамиды. Надо отметить, что при выполнении этих действий, программа уже должна уточняться для ее оптимизации.

Разрабатывая селекционную программу, нельзя забывать, что множество аспектов прямо влияют на скорость репродукции животных. Более высокая скорость репродукции означает, что необходимо меньшее количество племенных животных. Большее количество потомков позволяет более точно оценивать селекционную ценность животного.

Учет данных и управление

Регистрация данных по признакам продуктивности и родословных - главная движущая сила для генетического улучшения. Полные и точные измерения определяют эффективность селекции, однако, на практике возможности для этого ограничены.

Вопрос заключается в следующем: какие признаки подлежат измерению и у каких животных? В первую очередь, должны быть измерены признаки, включенные в цель селекции, но это будет зависеть от трудоемкости и стоимости измерений. По крайней мере нуклеусные животные должны быть оценены по признакам продуктивности и родословным.

Коллекция данных о признаках продуктивности, на которых основываются принятие селекционных решений, является жизненно важным компонентом любой селекционной программы, и это так и должно рассматриваться, а не как вторичный продукт системы регистрации, исходно запланированный для помощи краткосрочному управлению.

Задача сбора, сопоставления и использования данных для генетической оценки требует хорошей организации и значительных ресурсов. Во многих случаях, вероятно, необходимо создание специальных структур и схем на местах для создания и регистрации необходимых данных. Стоимость и сложность таких схем варьирует в зависимости от типа селекционной организации, типа признаков и методов тестирования.

Тип селекционной организации.

Компании по селекции свиней и птиц имеют внутренние услуги для сбора и хранения всех необходимых данных, тогда как другие селекционные организации могут полагаться на ресурсы, принадлежащие более чем одному заинтересованному лицу.

Например, такая ситуация типична для селекционных программ по молочному скотоводству у крупного рогатого скота.

Тип признака. Если признаком интереса является масса тела живого животного, все, что нужно – это весы. Однако, чтобы измерить оплату корма у отдельных животных, необходимо более сложное оборудование, позволяющее регистрировать индивидуальное потребление корма.

Признаки продуктивности против оценки по потомству или оценки по боковым родственникам. При оценке признаков продуктивности, признаки интереса учитываются непосредственно по каждому животному. Например, масса тела и рост часто регистрируются за определенный период в течение всей жизни мясного скота, свиней, цыплят бройлеров или индеек. Чаще всего животные находятся в сходных условиях содержания в течение того периода времени, за который учитывают отдельные признаки продуктивности.

Это может выполняться на ферме или на станции оценки признаков продуктивности, где крупный рогатый скот или свиньи из различных стад или ферм содержатся вместе для непосредственного сравнения при одинаковых условиях содержания.

Иногда необходимая информация не может быть получена путем прямого измерения у отобранных кандидатов, или проявление признака ограничено полом, как в случае молочной и яичной продукции, или из-за того, что признак может быть зарегистрирован только после смерти животного (например, состав туши). В таких ситуациях требуется не прямой анализ путем тестирования потомства и/или родственников. Это также необходимо в случае низкой наследуемости признака, что требует повторных учетов для точной оценки каждого животного. Проверка по потомству основывается на схеме, в которой индивидуум оценивается на основе данных продуктивности его потомков. Это главным образом связано с самцами, поскольку легче получить большое число потомков от одного самца, чем от самки. Обычно не все самцы тестируются по потомству, а только те, которые рождены от «элитных спариваний». Тестирование по потомству необходимо для повышения точности отбора у видов с низким уровнем репродукции и для тестирования взаимодействий «генотип–среда».

Для многих видов жвачных ограничивающей может быть стоимость централизованных услуг оценки по потомству. Поэтому обычной практикой является вовлечение в этот процесс максимально возможного числа фермеров или товарных производителей. Для фермеров выгодно получать сперму от проверяемых производителей, для использования на части их самок. Поскольку у молодых самцов отсутствуют доказанные данные об их генетических преимуществах, для фермеров часто это является хорошим стимулом для участия в проверке по потомству. При таких обстоятельствах основную стоимость тестирования (несколько сотен тысяч долларов США) часто берут на себя владельцы проверяемых производителей.

Информация о родословной. В дополнение к регистрации признаков продуктивности, генетическая оценка в селекционных программах требует информации о происхождении животных.

Качество информации о родословной зависит от ее глубины и полноты. Является ли задачей селекции генетическое улучшение или сохранение генетического разнообразия, в любом случае родословные всех селекционируемых животных должны регистрироваться и поддерживаться.

Информационные системы. При наличии ресурсов централизованная база данных с общим доступом выгодна и экономически оправдана. Обеспечение всесторонней информацией от такой системы, связанной с управлением, часто служит стимулом для дальнейшего участия в схемах регистрации данных.

Для небольших селекционных программ может быть достаточным наличие одного персонального компьютера с необходимым программным обеспечением, в то время как программы национального уровня могут потребовать специализированных структур, использующих современные информационные технологии.

Лекция №6

«Использование мировых генетических ресурсов в дальнейшем пороодообразовании и совершенствовании племенных и продуктивных качеств животных».

Селекционный прогресс требует, чтобы животные с выдающимися генотипами по признакам интереса использовались для получения следующего поколения.

Идентификация этих животных требует выявления вклада факторов окружающей среды в наблюдаемые фенотипические проявления. Это достигается определением предварительной племенной ценности или

генетической оценкой. Такая процедура обязательна для каждой селекционной программе.

Генетическая оценка должна быть надежной.

Методология BLUP, применяемая ко множеству моделей, в зависимости от признаков и доступности данных, стала стандартным методом для почти всех видов сельскохозяйственных животных. Оценка необходима для лучшего использования вложений в базу данных и управления базами данных. Оценка племенных качеств, основанная на BLUP, зависит от точности измерения первичных данных и их структуры.

Если исходные требования выполняются, вложения в BLUP обычно оказываются высоко рентабельными.

Оценка по разным стадам имеет преимущества, поскольку позволяет обоснованно сравнивать прогнозируемую племенную ценность (PBV) животных в разных стадах, что приводит к отбору большего количества животных из генетически продвинутых стад.

Для использования информации по разным стадам необходима правильная организационная структура.

Это может достигаться путем тесного взаимодействия между селекционерами, их ассоциациями и университетскими или исследовательскими центрами. Очень важным является индивидуальная идентификация всех животных, по которым собираются данные для селекционной схемы. Аналитики данных, под руководством и при помощи членов породной ассоциации, разделяют животных на относительно однородные

группы (группы животных приблизительно одного и того же возраста, которые подвергались одним и тем же воздействиям). Такое распределение является очень важным для точности генетической оценки.

Заводчики представляют данные в ассоциацию, и после проверки очевидных ошибок информация отправляется для анализа, проводимого экспертной комиссией. Для жвачных оценки проводятся один или два раза в

год, однако для программ по мясу свиней и птицы, где отбор проводится на месячной, недельной или двухнедельной основе, оценки должны проводиться постоянно.

Результаты генетических предсказаний (PBV и составные индексы) обычно печатают в племенном сертификате животного. Принято печатать PBV в каталогах продажи животных и их семени. Это означает, что конечные пользователи (фермеры) должны понимать и принимать полученные EBV и знать, как их использовать. Нет смысла в проведении генетических оценок, если их результаты не используются конечными пользователями.

Типичное подразделение, в чьи обязанности входит генетическая оценка, требует наличия квалифицированного штата сотрудников и достаточных материальных ресурсов для анализа данных и выдачи соответствующего заключения, облегчающего селекционное решение. Многие крупномасштабные селекционные программы имеют специализированные внутренние подразделения для генетической оценки. Однако и внешнему учреждению также легко выполнить такую оценку, многие университеты и исследовательские центры предлагают услуги по генетической оценке для национальных и ненациональных селекционных программ. Такие услуги могут применяться для различных пород или видов, поскольку принципы генетической оценки и используемое программное обеспечение сходны. Вероятно, наиболее известной организацией по генетической оценке с международной репутацией является Служба международной оценки быков (INTERBULL). Центр, который базируется в Шведском аграрном университете (г. Уппсала), был основан как постоянная подкомиссия Международного комитета по регистрации животных (ICAR), и обеспечивает международную генетическую оценку для облегчения сравнения и отбора молочных быков в международном масштабе. Другим примером является BREEDPLAN, коммерческая служба генетической оценки мясного крупного рогатого скота, базирующаяся в Австралии и имеющая клиентов во многих странах.

Селекция и спаривание

Отбор прежде всего должен быть основан на селекционных критериях. Должно быть отобрано как можно меньше животных каждого пола для того, чтобы максимизировать интенсивность отбора, и только с тем ограничением, чтобы количество животных соответствовало требуемому для минимального размера популяции и было достаточным для репродуктивных целей. Поскольку степень размножения самцов в общем много выше, чем самок, обычно самцов отбирается много меньше, чем самок.

Значение выдающихся индивидуумов невелико, если они эффективно не способствуют улучшению генного пула (генофонда) популяции в целом. Ширина генетического улучшения зависит от распространения генетического материала. В этой связи особую важность имеют репродуктивные технологии, особенно ИО. Однако их значимость различна для разных видов сельскохозяйственных животных. В селекции овец и коз обмен генетическим материалом зависит от продажи живых животных. В случае крупного рогатого скота, ИО позволяет быка, отобранного в нуклеусе, использовать достаточно широко. В принципе, нет никаких ограничений для использования выдающегося быка в целях получения большого количества потомства по всей популяции. Однако, интенсивное использование ИО спермой быков, находящихся друг с другом в родстве, в конечном счете приведет к инбридингу.

Необходимо применять описанные выше элементы, способствующие уменьшению вероятности инбридинга, даже при стандартных условиях. Структура селекционной работы не всегда требует сложных систем регистрации данных и генетической оценки, и при этом изначально не требуется использование репродуктивных технологий. Структура селекционной работы должна определяться в соответствии с возможностями и ее оптимальностью для конкретных условий. При планировании селекционной программы необходимо учитывать средовые или

инфраструктурные ограничения, традиции, социально-экономические условия.

Сохранение через селекцию

Задачи программ сохранения могут включать не только обеспечение выживаемости и целостности сохраняемой популяции, но также и улучшение ее степени репродукции и признаков продуктивности при поддержании ее специфических черт адаптивности.

Большая часть обсуждавшихся выше селекционных стратегий для низкозатратных систем, по-видимому, применима к этим обстоятельствам.

Этот подраздел сфокусирован на потенциальном риске, связанном с перекрестными скрещиваниями в контексте сохранения породы.

Один вариант сохранения породы состоит в том, чтобы использовать ее как один из компонентов программы перекрестных скрещиваний. Однако любое использование чистопородных самок для получения межпородных кроссов уменьшит эффективную численность популяции, если не будет репродуктивного избытка самок. Во многих случаях условия среды и управления препятствуют наличию такого существенного репродуктивного избытка – особенно у крупного рогатого скота с низкой скоростью воспроизводства. В таком случае большинство разводимых самок должны сохраняться как племенные животные для поддержания численности популяции. Фактически, наибольший эффект происходит от требования меньшего количества местных племенных самцов, который определяется меньшим количеством местных самок, используемых для получения чистокровного потомства. Следовательно, логической отправной точкой для обсуждения программы перекрестных скрещиваний является оценка величины репродуктивного избытка у самок. Это может быть измерено как доля молодых самок, которые могут быть забиты или проданы по программе (или по области). Как пример, у довольно хорошо управляемых мясных стад в умеренных областях, необходимо приблизительно 40 процентов телок для поддержания размера стада.

Зная репродуктивный избышек самок и долю общей популяции, которую в настоящее время составляют кроссбреды, можно вычислить долю чистопородных животных, которые могут быть использованы для получения F1 без дальнейшего уменьшения популяционного размера чистой породы. Например, если есть 20-процентный репродуктивный избышек самок и текущая популяция состоит из 50% чистопородных животных и 5% кроссбредов (включает любых чистокровных самок, которые в настоящее время используются для получения кроссбредов), популяция могла бы изменить свой состав на немного больше, чем 50% чистопородных животных, а также на не-много больше, чем 20% чистопородных животных, участвующих в производстве F1, и немного меньше чем 30% самок F1, без дальнейшего сокращения размера чистокровной популяции, которая поставляет чистопородных животных. Эти оценки означают, что ни одна из самок, произведенных самкой F1, не сохраняется как племенное животное; в реальности, вероятно, такое никогда не происходит.

Методы селекции и организации сильно варьируют между индустриальными коммерческими системами производства и системами, ориентируемыми на пропитание с низкими внешними поступлениями. Современная организация сектора разведения является результатом длинного эволюционного процесса. Последнее достижение основано на распространении модели селекции, характерной для сектора птицеводства, на другие виды.

Индустриализованная модель селекции использует состояние созданных приемов для генетического улучшения. Программы селекции основаны, главным образом, на прямой селекции и варьируют в соответствии с характеристиками видов.

Селекционные компании продают своих животных по всему миру. Эта тенденция, которая хорошо отработана «коммерческими» селекционерами в свиноводстве и птицеводстве, нарастает в случае молочного и мясного крупного рогатого скота. Для того, чтобы выбрать надежных животных,

которые в состоянии адаптироваться к различной окружающей среде, заводчики проводят селекционные программы через различные окружающие среды и системы управления. Однако невозможно получить животных, которые хорошо воспроизводятся где угодно и при всех условиях. Также могут быть созданы различные породы или линии для удовлетворения требований высокотратных систем. До настоящего времени мало что известно о генетических аспектах адаптации. Предполагается, что исследователи и селекционные компании будут разведывать эти вопросы далее в своих исследованиях и в своих селекционных программах в ближайшие годы.

В низкотратных системах производства животные, сохраненные мелкими фермерами, представляют важный элемент продовольственной безопасности для хозяйства и социальной основы деревенских сообществ. В наибольшей степени местные породы содержатся мелкими фермерами и крестьянами.

Генетическое улучшение в этих условиях является задачей проблематичной, но не невозможной.

Развиваются и утверждаются детальные руководства для проектирования и выполнения устойчивого использования породы и программ улучшения для низкотратных систем. Прямая селекция для приспособления местной породы к изменяющимся потребностям производителей является самым жизнеспособным подходом не только для поддержания ее в производстве и, следовательно, ее сохранения, но также и для улучшения продовольственной безопасности и облегчения бедности. Другой выбор состоит в ее использовании как компоненты хорошо запланированной программы межпородных скрещиваний. Вместе с введением селекционной программы необходимо уделять внимание улучшению условий управления и практик ведения сельского хозяйства в целом.

Общей тенденцией в исследованиях, связанных с программами селекции для всех видов, является растущее внимание к функциональным признакам – в ответ на растущую важность, придаваемую таким факторам, как благополучие животных, защита окружающей среды, различные качества продуктов и здоровье человека. Примеры функциональных признаков включают выносливость, устойчивость к болезням и поведенческие черты, плодовитость, эффективность использования кормов, легкость родов и молочность. В общем, эти функциональные признаки, обсуждаемые как вторичные в высоко затратных системах, имеют огромную важность в низкозатратных системах. Регистрация функциональных признаков, однако, еще остается важным узким местом, которое препятствует их включению в селекционные схемы. Отсутствует информация о генетических основах устойчивости к болезням, благополучия, выносливости и адаптации к разным условиям окружающей среды. Тем не менее, в индустрии молочного скота и свиноводства началось использование типирования ДНК по одиночным генам и геномам (SNP) для генотипирования селекционируемых животных. Это будет способствовать ожидаемому сдвигу в сторону селекции по функциональным признакам и пожизненным характеристикам продуктивности.