

## АХОНДРОПАЗИЯ – СЕЛЕКЦИОННЫЙ ПУТЬ ОТ ЛЕТАЛЬНОСТИ К ИСПОЛЬЗОВАНИЮ В МЯСНОМ СКОТОВОДСТВЕ

Вся история развития животноводства свидетельствует, что путем domestikации диких животных методами ступенчатой селекции человек стремится получить максимальную прибыль при минимальных затратах. В этом направлении накоплен более чем тысячелетний опыт. Основываясь на современных достижениях науки и техники эффективность использования, ранее накопленного опыта, существенно возрастает.

Важно учитывать, что процесс успешного коадаптирования в сбалансированный метаболизм вновь создаваемых пород запрещенных мутаций весьма сложен. В качестве примера анализируем возможные пути внедрения в геном мясных пород. Главной причиной является широкий плейотропизм нарушения нормальной функции организма. Тем не менее селекционный поиск продолжается.

Эволюционно-запрещенная мутация ахондроплазии – наследственное заболевание костной системы. Характеризуется задержкой хондриального остеогенеза, приводящей к развитию карликовости – коротких ног и нормального туловища. Обычно наследуется по аутосомно-доминантному типу с рецессивным проявлением. В селекционной практике данная мутация широко используется при выведении собак породы такса, овец и других домашних животных. В селекции мясных пород крупного рогатого скота методами ступенчатой селекции настойчиво проводится подбор генов–модификаторов, снижающий негативный эффект действия мутации заболевания костной системы на жизнеспособность и плодовитость организма.

**Основная селекционная цель** – получить фенотипы мясного скота с короткими ногами и нормальным туловищем, характерным для крупных пород. Селекционеры предполагают, что успешная «модернизация» генома различных мясных пород крупного рогатого скота позволит существенно повысить процент выхода мясной

туши. Подобные попытки были сделаны ирландскими животноводцами еще в 19 в. при выведении породы декстер (низкорослого ирландского скота).

### **Современные предпосылки в создании коротконогого мясного скота.**

На протяжении направленной работы по поиску позитивного решения поставленной задачи постоянно углубляются знания в области структурно-функциональной геномики локуса ахондроплазии. Проведя анализ научной литературы (более 150 источников) периода 1920–2010 гг. пришли к выводу, что наиболее наглядно динамику интереса к данной мутации возможно отразить на примерах совершенствования международных номенклатур летальных мутаций у крупного рогатого скота.

**1 тип – номенклатуры** наследственных аномалий развития крупного рогатого скота основан на результатах гибридологического анализа (действует с 1950 г. по настоящее время). Особенностью этого типа номенклатуры является сложность отражения имеющегося полиморфизма развития аномалии дефектов (Визнер Э. и др.). Дефект развития ахондроплазии отражен символами A1, A2, A3. Фенотип (бульдоговидные телята – тип декстер). Гомозиготы рождаются на 5–6 мес. стельности и нежизнеспособны. Мопсовидная голова, скелет туловища в основном нормален, конечности укорочены, как при карликовости). Тип наследования: доминантный с рецессивным летальным действием. Мутация должна системно элиминироваться из генофонда породы.

**2 тип – номенклатуры** наследственных аномалий развития крупного рогатого скота основан на результатах гибридологического и кариотипического анализа хромосом (действует с 1970 г. по настоящее время) (Millar P.) Этот тип номенклатуры позволяет более точно регистрировать многообразие форм развития патологии ахондроплазии.

В данной системе присваивается номер и краткое обозначение дефекта: № 2004–АСН-1; 2005–АСН-2; 2006–АСН-3; 2007–АСН-4; 2008–АСН-5; 2009–АСН-6; 2010–АСН-1. Нормальные аллели (доминантные) обозначаются: Ach1, Ach2, Ach3, Ach4, Ach5, Ach6, Ach7. Анормальные аллели обозначаются: ach1, ach2, ach3, ach4, ach5, ach6, ach7 (рецессивные).

Обратите внимание – дефект (ахондроплазия) представлен уже не тремя, а семью формами. Этот факт свидетельствует о том, что проявляемый полиморфизм есть «следствие выхода биологических систем из критических ситуаций». Подобное явление наглядный

пример адаптационного полиморфизма и свидетельствует о том, что любое мутационное изменение имеет свои границы изменчивости. Мутации постоянно эволюционируют от своих крайних форм летальности к более ослабленным формам своего выражения. Считаем, что именно это свойство мутационного процесса и обеспечивает резерв для селекционного успеха в создании нового типа украинского коротконового мясного скота (Mendelian Inheritance in Animals – <http://omia.angis.org.au>). Однако, пока еще выведение на генетической базе абердинов, шароле и т. д. коротконогих мясных пород с высокой плодовитостью, жизнеспособностью и высоким среднесуточным привесом задерживается.

**3 тип – номенклатуры** наследственных аномалий развития крупного рогатого скота основан на результатах ДНК-маркирования (действует с 1990 г. по настоящее время) (Коновалов В.С. и другие).

**Новые тенденции.** Современный исторический период развития молекулярной биологии и генетики позволяет методами секвенирования генов открыть новые возможности ускорения селекционного процесса.

**Использование метода «сравнительного картирования».** Основываясь на знании, что гены, одинаковые по эволюционному происхождению и выполняемой функции (гомологичные) часто оказываются сцепленными с одними и теми же гомологичными генами у разных видов, для поиска интересующего нас ответа использовали различные генетические базы. В частности, – Online Mendelian Inheritance In Animals (OMIA) по геномам более 135 видов и MGD homology query – по локализации гомологичных генов у более чем 60 видов млекопитающих. Учитывая, что в этих базах нами не обнаружена интересующая нас информация о структурно-функциональной геномики локуса ахондроплазии у крупного рогатого скота использовали код мутации ахондроплазии человека в системе OMIA № 000187. **FGFR3, EVC2**-гены ассоциируемые с мутацией ахондроплазии.

Показано, что место локализации мутации **FGFR3** находится в 4-й хромосоме. Эта хромосома содержит более 191 млн пар нуклеотидов, что примерно составляет – 6,5 % ДНК – клетки. Допускаем, что нахождение в 4-й хромосоме порядка 1000 генов и обуславливает широкий плеiotрапизм действия мутации ахондроплазии.

Считаем, что перспектива продвижения в понимании структурно-функциональной геномики локуса ахондроплазии в дальнейшем бу-

дет облегчаться в связи с тем, что уже в настоящее время создатели геномных баз данных стремятся выработать максимально удобный для пользователя единый тип интерфейса. Важно, что для генетических баз данных для сельскохозяйственных животных этот тип интерфейса уже создан в семействе **ARKbd**.

Учитывая, что метод компьютерного моделирования «искусственной эволюции» молекул белков и РНК с заданными свойствами «уже дышит в затылок» генно-инженерным биотехнологам очевидно, что человечество входит в новую эру направленного использования мутаций в селекционном прогрессе. У нас нет сомнения в том, что «ходячие бифштексы» на коротких ногах будут созданы. Однако, пока еще неясно – как население будет относиться к подобному «генетическому мясу». Ведь известна общая неприязнь населения ко всему, что «не нормально».

**УДК 636.2.082 : 575.113**

**К. В. КОПИЛОВ**

*Институт розведення і генетики тварин НААН України*

## **ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА РІЗНИХ ПОРІД ВЕЛИКОЇ РОГАТОЇ ХУДОБИ ЗА ЛОКУСАМИ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК**

Розвиток тваринництва України в даний час потребує впровадження нових методів та підходів, що ґрунтуються безпосередньо на аналізі спадкової інформації на рівні генів чи груп зчеплення генів, в основі яких лежить використання поліморфізму ДНК для виявлення специфічних послідовностей. ДНК-діагностика (генна діагностика) дає можливість управляти генетичною структурою популяції, підтримуючи її аделофонд, а також проводити аналіз генотипу тварин на рівні генів, асоційованих, у тому числі, і з господарськи корисними ознаками. Такі локуси отримали назву – локуси кількісних ознак, QTL (Quantitative Trait Loci's).

Оцінку поліморфізму генів капа-казеїну (CSN3), бета-лактоглобуліну (BLG), гормону росту (GH), гіпофізарно-специфічний фактор транскрипції (Pit 1) проводили за методом ПЛР-ПДРФ. На основі отриманих результатів щодо аналізу особливостей генетичної структури чотирьох основних порід великої рогатої худоби, а саме україн-