

лежности коров на их молочную продуктивность и воспроизводительную способность.

Линия, генетический потенциал, воспроизводительная способность, генотип, молочная продуктивность

VALUE OF LINES IN IMPROVEMENT OF UKRAINIAN BLACK AND WHITE DAIRY BREED. I. Rudyk, U. Sotnychenko

The efficiency of a lines breeding method is investigated at improvement the milk productivity of animals, influence of a line belonging of the cows on their milk productivity and fertility.

Line, genetic potential, fertility, genotype, milk productivity

УДК 575

В.Т. СМЕТАНИН

Институт животноводства ЦР УААН

ЛИНЕЙНОЕ РАЗВЕДЕНИЕ КАК МЕТОД СТРУКТУРИРОВАНИЯ И МЕХАНИЗМ СОХРАНЕНИЯ ВНУТРИПОПУЛЯЦИОННОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ В ПОРОДАХ

Популяция, аллель, микросателлитный локус, генеалогическая линия

Линейное разведение, являясь одним из основных эмпирических методов совершенствования чистопородных животных, на протяжении нескольких сот лет есть главным базовым путём в методическом арсенале селекционеров. Несмотря на огромное количество работ, выполненных за этот период, на современном этапе возникает необходимость вернуться, а может быть и пересмотреть некоторые теоретические аспекты, касающиеся линейного разведения. Необходимость этого обусловлена проникновением в практику племенного дела: как генетико-популяционных представлений, основанных на механизмах преобра-

© В.Т. Сметанин, 2005

Разведение и генетика тварин, 2005, Вып 39.

зования генофонда, осуществляющихся в соответствии с моделями, описанными в работах С. Четверикова [1], Н. Дубинина и Д. Ромашова [2], С. Райта [3], А. Малиновского [4], А. Колмогорова [5] и других, — так и возможности маркировать отдельные особи и группы внутри породы конкретными генами, детерминирующими те или иные полиморфные белки, выявляемые различными методами (иммуногенетическим, иммунохимическим, электрофоретическим и др.). А в последнее время также появилась возможность маркировать животных на уровне участков ДНК не только по конкретным аллелям, но и микросателлитным локусам. Всё это позволяет перевести традиционные представления о консолидированности, препотентности, изменчивости генеалогических и заводских линий и их соответствия основателям с описательных зоотехнических характеристик в конкретные количественные показатели для оценки объективных различий между линиями и изменений их генофонда, которые происходят под селекционным давлением.

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

Современные задачи, стоящие перед учёными, требуют нового, более глубокого осмысления процессов, связанных с качественным изменением стада. А освоение методов исследований, включающих в себя генетическое маркирование, тканевое клонирование, использование эмбриопересадок и искусственного осеменения, а также разработка прогрессивных методов разведения, таких как раздельная селекция родительских форм с последующей их гибридизацией и др., не только не сняли, но даже усугубили сложные вопросы тактики и стратегии преобразования генофондов пород, типов и линий сельскохозяйственных животных. Проводимая на протяжении десятков поколений селекция на отбор плюс-вариант по причине наличия отрицательных корреляций между некоторыми признаками, как известно, связана с ослаблением устойчивости попу-

ляций к факторам среды и снижением показателей признаков, не вовлечённых в селекцию.

Всё это, во-первых, ведёт к повышению затрат на поддержание таких животноводческих систем в функциональном состоянии, а во-вторых, снижает генетическое разнообразие вида. Этот вопрос становится всё более актуальным и остро ставится многими авторами [6-9 и др.]. Более того, сохранение генетического разнообразия животных признаю ФАО одной из глобальных проблем, стоящих перед человечеством в XXI в. [10].

Сегодня очень важно изучение механизмов управления популяциями при сохранении их генетических особенностей и разнообразия. Это также актуально для малочисленных популяций и стад, разводимых по закрытому типу "в себе" и называемых локальными.

Рассматривая породу как большую систему, легко увидеть, что преобразование её сложно, а может, и невозможно, если она не будет разделена на более мелкие структуры, в которых можно обнаруживать изменения, происходящие в генофонде сопряжённых и близких поколений. Это очень важно, так как позволяет обеспечивать желательные изменения в таких структурах при целевом отборе, а со временем, при благоприятных условиях, распространять их на всю популяцию — породу. В культурных стадах такими качествами как раз и обладают линии.

Вопрос о структуре популяций и её оптимальности важен и актуален в селекции как в связи с поддержанием пород домашних животных длительное число поколений в функциональном состоянии, так и для раскрытия генетического потенциала разводимых особей через системы скрещиваний, использующих генетические эффекты. Значение её для теоретического понимания некоторых эволюционных аспектов было отмечено еще С. Четвериковым [1]. Он подчёркивал, что если общая численность (N) данного вида будет разбита на ряд изолированных колоний, то частота возникновения новых геновариаций в пределах всего вида не пострадает. Но вероятность проявления таких геновариаций будет значительно выше в зависимости от меньшей численности (n) колонии, в которой она возникла.

Н. Дубинин и Д. Ромашов [2] экспериментально подтвердили это при разработке своей теории генетико-автоматических

процессов в популяциях и показали, что в обширном населении (популяции) при его раздроблении на отдельные колонии создаются условия, исключительно благоприятные для фенотипической реализации огромного наследственного многообразия, первоначально заключенного внутри вида.

Следует отметить, что работы признанных популяционистов Р. Фишера [11] и С. Райта [3] в Америке были посвящены этой проблематике, из которой Райтом была сформирована концепция "дрейфа генов", которая, по сути, подтверждает выводы Н. Дубинина и Д. Ромашова и говорит об эволюционной роли генетических процессов в небольших колониях внутри популяций.

В дальнейшем А. Малиновский [4], разрабатывая проблему "оптимальной структуры популяции", сформулировал принципы существования оптимума частичной изоляции для отбора рецессивных генов и предложил две модели, ограниченные изоляцией скрещивания. Одна из них рассматривала большую популяцию, разбитую на частные субпопуляции, и предполагала слабую связь между этими структурами. Другая моделировала ситуацию, когда величина популяции очень велика и она не структурирована. В таком случае особи, составляющие её, равномерно распределены на плоскости, и скрещивание происходит только между непосредственными соседями. А. Колмогоров [5] математически подтвердил первую модель Малиновского, а вторая была исследована значительно позже, с появлением ЭВМ, В. Бабковым [12, 13].

На основе рассмотренных исследований сформулирована "островная модель" популяции, включающая её подразделение с частичными миграциями. Следует отметить, что не все восприняли эту модель, ведь в ней большое значение отводилось рецессивным аутосомным мутациям, накапливающим в популяции рецессивные аллели. Так В. Бабков [14] пишет, что С. Гершензон критиковал представление о подразделённой популяции как эволюционно более выгодной, так как это не соответствует мнению Дарвина о том, что "наилучшей обстановкой для прогрессивной эволюции (устойчивости популяции) является, напротив, большая территория с многообразными условиями среды, обуславливающими возникновение адаптивного полиморфизма популяции".

Но в подтверждение "островной" модели автор приводит работу Р. Берга и др., в которой наблюдавшаяся высокая доминантность вредных мутаций, повышающая интенсивность отбора, рассматривается как приспособление, противостоящее отрицательному действию высокой мутабельности. Р. Берг и соавторы отмечают, что "процесс повышения формирования вредных мутантных генов может совершаться только в популяциях, имеющих определённую структуру" [цит. по 14, с. 151]. А элиминация их естественным отбором является важным фактором поступательного развития популяций.

Предложенные концепции являются мощной теоретической базой рассматриваемого сегодня вопроса и указывают на важное значение структуры популяций, сложность и многоуровневость реализации этой структуры в эволюционном или селекционном процессе.

Перенос теоретических представлений о структурной организации популяций в практику селекции через наличие в них линий позволяет более эффективно формировать не только архитектуру пород, но и композицию генофонда самих структурных единиц — линий.

В наших исследованиях по изучению и совершенствованию племенных и продуктивных качеств свиней в популяции селекции Днепронетровского СХИ (ныне ДГАУ), разводимой "в себе" более 20 лет, были получены интересные результаты, которые удалось объяснить при помощи генетико-популяционных представлений.

Прежде всего следует отметить высокую продуктивность по всем изученным признакам животных этой популяции и их хорошую адаптированность к условиям Центральной Степи Украины. Достаточно сказать, что среднее многоплодие по 1080 опоросам составило $10,9 \pm 0,06$ гол., количество поросят при отъёме — $10,1 \pm 0,03$ гол., а масса гнезда — $168 \pm 0,57$ кг. Ремонтные подсывки в хозяйственных условиях легко достигают массы 100 кг в возрасте 180 дней и ранее. О высокой приспособленности этих животных говорит тот факт, что многие свиноматки эксплуатируются в хозяйствах более 10 опоросов, давая за жизнь более 150 деловых поросят. Есть особи, от которых получено более 200 гол. полноценного потомства.

Также изучение продуктивности свиней селекции ДСХИ,

принадлежащих к трём различным генеалогическим линиям — Борца, Ореха и Быстрого — не обнаружило заметных различий у них в уровне продуктивности большинства признаков. Более того, такие различия не были установлены и при тривиальном двухлинейном кроссировании животных.

Проведённый мониторинг по 9-13 локусам эритроцитарных антигенов свиней селекции ДСХИ подтвердил лишь незначительные отличия генофондов названных линий. Генетическое расстояние между ними по Нею составило 0,02-0,04, в то время как генетические дистанции между специализированными внутри этой популяции структурами — отцовской и материнской генетическими линиями, разводимыми по различным селекционным векторам, — были выше более чем в два раза.

Приведённые данные свидетельствуют о высокой фенотипической консолидации исследуемых животных. Сказанное очень важно для понимания генетических процессов, происходящих в культурном селекционируемом стаде. То есть, при достаточно высоком уровне наследственной консолидации, вызванной однонаправленным отбором, возникает ситуация, когда его генеалогические структуры фенотипически не проявляют своих различий ни при линейном разведении, ни при кроссе линий. Поэтому появляется соблазн прибегнуть к привлечению внешнего источника “новых” — “чужих” для популяции генов. Но это может разрушить структуру как самой популяции, так и коадативные блоки генов, сложившиеся в результате длительной селекции. В этом случае необходим поиск резервов генетической изменчивости для дальнейшего развития популяции, что и было обнаружено при корреляционном и регрессионном анализе продуктивности животных при линейном разведении и кроссе линий, когда характер отношений показателей менялся в зависимости от метода разведения. Более того, кластерный анализ, проведённый по уровню корреляции между признаками различных структур популяции, показал на различную степень дивергентности её генеалогических линий. Но ещё более интересно то, что кластерный анализ частот 27 молекулярно-генетических маркеров, выявленных при помощи ISSR-PCR, праймер (AGC)6G, подтвердил эту степень.

Таким образом, более тонкими методами анализа были обнаружены генетические различия внешне идентичных структур

стада, что соответствует основным теоретическим положениям концепции генетико-автоматических процессов о достаточно длительном сохранении популяцией с частично/или изолированными структурами (применительно к культурным стадам — линиями) резерва изменчивости, который можно реализовать при соответствующей селекции.

Здесь необходимо сослаться ещё на одну очень интересную теоретическую работу, опубликованную А. Базыкиным в 1973 г. [15], в которой при помощи математического моделирования показана возможность устойчивого состояния локальной популяции как при дивергентном, так и стабилизирующем отборе, состоящей из двух или нескольких сопредельных генетически различных субпопуляций, но не различающихся фенотипически.

Аллогенез — развитие родственной группы особей внутри одной адаптивной зоны — традиционных генеалогических линий свиней селекции ДСХИ, идёт параллельно. Аллогенез, по словам А. Яблокова и А. Юсуфова [16], происходит на общих особенностях строения организмов — членов группы. А в нашем случае, наверное, как и во всех селектируемых популяциях, — на основе общих генеалогии (происхождения) и вектора отбора, а также генетического полиморфизма, когда различные аллели, являясь продуктами отбора одной экологической ниши, адаптивно равны.

Развитие, так же, как и стабилизация такой группы, может продолжаться длительный период, ограниченный сроком существования самой адаптивной зоны. А параллелизм, как одна из вторичных форм филогенеза, свидетельствует о селекционной консолидации стада, но, естественно, не может запретить первичной её формы — дивергенции, основанной на генотипических изменениях. Следует отметить важность сказанного для племенной работы не только для выбора конкретных методов совершенствования каких-либо качеств животных, но и для определения стратегического направления дальнейшего развития пород, типов и линий.

Так признание специалистами высоких продуктивных и племенных качеств свиней селекции Днепрпетровского СХИ позволило создать племенной репродуктор — ООО "Луговское" в Солонянском районе Днепрпетровской области. По-

ставлена задача довести в нём маточное поголовье животных этой селекции с 40 ремонтных свинок, приобретённых в племязаводе-учхозе "Самарский" ДГАУ, до 500 свиноматок, с формированием на их основе нового заводского типа свиней.

За два года работы в ООО "Луговское" поголовье основных свиноматок доведено до 130 голов (класса элита и первого), которые жестко структурированы по линейной принадлежности. К линейным относим только тех животных, в генеалогии которых представители данной линии заполняют не только все отцовские ячейки в отцовской половине родословной, но и не менее трех рядов предков с материнской стороны. Доля таких свиней в репродуктивной части стада достигает 40%, хотя при отсутствии расширенного воспроизводства она может быть значительно меньше. Проводится активная работа по оценке животных, на основании чего выявляются перспективные особи для использования в качестве родоначальников новых структур популяции. В стаде ООО "Луговское" на инбредной основе заложены три такие линии, в том числе одна инбредная. Племенная работа с животными осуществляется под генетическим контролем иммуно- и молекулярно-генетических маркеров. В хозяйстве выполняются организационные и селекционные мероприятия, необходимые для получения статуса племенного завода.

Естественно, что для принятия решения, расширенного в несколько раз собственного воспроизводства стада из ограниченного числа особей, необходимо было убедиться в наличии существования резерва генетической изменчивости в стаде, а только затем разрабатывать селекционную и хозяйственную программы его развития.

Проведённые нами исследования подтверждают мнение многих авторов, что без генетико-популяционных методов сложно качественно преобразовать структуры разводимых пород — типы и линии [17-20]. А Ю. Мельник, В.П. Буркат и И.В. Гузев возводят эту проблему в ранг наиболее важных среди вопросов биотехнологической селекции [21].

Современные представления и методы, основанные на возможности использования в селекции генетических маркеров, позволяют получать сходные, даже гомезиготные генотипы, по исследуемым локусам, не прибегая к родственному или ли-

нейному разведению, путём отбора конкретных аллельных форм генов.

С другой стороны, из генеалогически однородного, консолидированного по зоотехническим понятиям массива особей — линии, отбирая различные аллели, можно формировать фенотипически и генетически дифференцированные группы животных с заданной степенью дивергенции.

Всё это при поверхностном взгляде якобы даёт право думать о снижении значения линейного разведения и самих линий в практике селекционной работы. На самом деле, как мне кажется, важность линейного разведения при генетико-популяционном подходе не только не уменьшает, а даже переводит эту проблему на качественно другой, более глубокий уровень. И если традиционная зоотехния достаточно подробно изучила и освоила методы формирования линий с определённым уровнем консолидации, изменчивости, препотентности и другими отношениями внутри линий, то популяционные представления рассматривают значение этих отношений и механизмы их формирования для существования и устойчивости самой популяции — породы как макросистемы.

В ней линии являются подсистемами с более узким спектром изменчивости, а значит, и устойчивости. Но зато в силу меньшего генофонда линии более лабильны. Поэтому, используя названные методы, удаётся управлять процессом их преобразования. Таким образом, устойчивость и развитие породы опираются на неустойчивость её структурных подсистем — линий, что является лишь частным случаем диалектики природы в приложении к существованию больших систем.

Отказ от линейного структурирования пород может привести к различного рода негативным явлениям. Ряд проблем, обнаруживаемых при реализации крупномасштабной селекции и внутривидовой гибридизации, таких как стихийный инбридинг, неповторяемость результатов при переносе селекционных схем из опытных хозяйств в товарные, постоянный и сложный, не всегда удачный поиск новых родительских форм для скрещивания и др., являются, на мой взгляд, платой за пренебрежительное отношение к значению и формированию внутривидовых, дифференцированных друг от друга структур.

В большинстве современных, в том числе и зарубежных

системах разведения под различными названиями и с разной степенью интенсивности идёт структурирование разводимых культурных популяций домашних животных. Признавая бесспорное значение линейного разведения при совершенствовании пород, хочется обратить внимание на одно противоречие, которое носит методологический характер.

Как известно, при традиционном понимании линии, как группы особей, берущей начало от выдающегося предка, рассматривается максимальное проявление его качеств у потомков на протяжении близких к нему поколений (как правило, до 3-5). По мере удаления от основателя влияние его сходит на нет.

При генетико-популяционном подходе, наоборот, можно говорить о формировании линии, как структурной единицы породы, лишь после достаточно "закрытого" и длительного её разведения в ряду поколений (наверное, более 3-5).

По всей видимости, это противоречие обусловлено тем, что мы пытаемся различные совокупности животных, относящиеся к различным структурным уровням наших популяций и обладающие разной степенью интеграции наследственного материала, вместить в одно определение — линия. Наверное, настало время принять более широкую терминологическую базу рассматриваемого вопроса. Понятие о линии, возникнув во времена эмпирической зоотехнии, выполнило и до сих пор выполняет свое важное методологическое предназначение. Но сегодня, когда имеется возможность описывать породы и сами линии на различных уровнях, оно становится узким для исследователей.

1. *Четвериков С.С.* О некоторых моментах эволюционного процесса с точки зрения современной генетики // Журн. эксперим. биологии. 1926. — Т. 2., Вып. 1. — С. 3-54.

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

3. *Wright S.* Evolution in Mendelian populations. — Genetics. — 1931. — Vol. 16. — P. 97-159.

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

5. Колмогоров А. Уклонение от формул Харди при частичной изоляции // ДАН. – 1935. – Т. 3(8). № 3(63). – С. 129-132.
6. Агтурхов Ю. П. Генетические процессы в популяциях. – М.: ИКЦ “Академкнига”, 2003. – 431 с.
7. Буркат В. П. Селекция і генетика у тваринництві: стан, проблеми, перспективи // Вісн. УТГіС. – 2003. – № 1. – С. 37-54.
8. Генетичні механізми системних процесів популяційного рівня // Фактори експерим. еволюц. організмів / В.В. Кириченко та ін. – К.: Аграрна наука, 2003. – С. 154-157.
9. Глазко В. И., Созинов А. А. Генетика изоферментов животных и растений. – К.: Урожай, 1993. – 527 с.
10. Учебный пакет. Состояние мировых генетических ресурсов животных. – FAO, 2001 (без стр.).
11. Fisher R. F. The genetics theory of natural selection // Oxford Clar. Press. – 1930. – 2nd ed. – N. Y. – Dover, 1958. – 368 page.
12. Бобков В. В. Модель генетической эволюции популяции с пространственной изоляцией // Пробл. кибернетики. – М.: Наука, 1972. – Вып. 25. – С. 77-80.
13. Бобков В. В. “Шахматная” модель популяции // Биометр. методы. – М.: МГУ, 1975. – С. 103-111.
14. Бобков В. В. Московская школа эволюционной генетики – М.: Наука, 1985. – 216 с.
15. Базыкин А. Д. Популяционно-генетический анализ понятий дизруптивного и стабилизирующего отбора. Сообщение I // Генетика. – 1973. – Т. IX., № 2. – С. 156 – 166.
16. Яблоков А. В., Юсуфов А. Г. Эволюционное учение. – М.: Высшая школа, 1989. – 335 с.
17. Шемигон А. И., Сирацкий И. З., Подоба Б. Е. Сравнение сходства генетической структуры популяций бурого скота // Молек.-генет. маркеры животи. – К.: Аграрна наука, 1996. – С. 104.
18. Использование полиморфных систем крови в качестве модельной генетической структуры при создании новой линии свиней / А. А. Новиков, Н. И. Романенко, Н. А. Ломтев и др // Там же. – С. 65.
19. Семенова Э. М. Отражение векторных взаимоотношений отбора в структуре генофонда популяции и её качественных характеристиках // Там же – С. 99-100.
20. Буркат В. П., Сметанин В. Т. Генетические аспекты селекции // Генет. аспекты селекции. – К., 1992. – С. 3-7.
21. Мельник Ю. Ф., Буркат В. П., Гузев И. В. Селекционный процесс

и состояние генетических ресурсов животноводства в Украине // Матер. к докл. по пробл. сост. мировых ресурсов животн. — К.: Аграрна наука, 2002. — 67 с.

УДК 636.082.11:612.664

Л.В. ФЕРЕНЦ*

Інститут розведення і генетики тварин УААН

ЯКІСТЬ МОЛОКА ПРОТЯГОМ ЛАКТАЦІЇ У КОРІВ РІЗНИХ ГЕНОТИПІВ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ПОРОДИ

Викладено результати досліджень хімічного складу молока протягом лактації у корів різних генотипів української чорно-рябої молочної породи.

Молоко, якість, українська чорно-ряба молочна порода, лактація

Молоко є складною біологічною рідиною, яка містить в собі повноцінні білки, жир, цукор, мінеральні речовини, вітаміни та ферменти. За останнє десятиріччя світове виробництво коров'ячого молока стабілізувалося на рівні 460-470 млн т і основна увага звертається на його якісні показники [1, 14]. При широкому залученні генфонду голштинської породи для поліпшення існуючих і виведення нових порід селекційна робота з врахуванням якісних показників має важливе значення. Ряд дослідників відзначають, що цілеспрямовану селекцію корів необхідно вести одночасно з урахуванням трьох основних ознак — надою, жирності та білковості молока, — які, як доведено, успадковуються незалежно один від одного [5, 10]. Установлено, що взаємозв'язки між складовими компонентами молока і надоєм у високопродуктивних корів української чорно-

* Науковий керівник — П.З. Сірацький, доктор тваринно-господарських наук, професор.

© Л.В. Ференц, 2005

Розведення і генетика тварин, 2005, Вип. 39.