

**ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БИОХИМИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ ДЛЯ АНАЛИЗА  
ФОРМООБРАЗОВАТЕЛЬНОГО ПРОЦЕССА ПРИ СОЗДАНИИ  
СИБИРСКОГО ТИПА МЯСОШЕРСТНОЙ ПОРОДЫ ОВЕЦ  
И ЕЕ ПОСЛЕДУЮЩЕГО РАЗВЕДЕНИЯ**

**В.И. ГЛАЗКО, А.В. КУШНИР\*, А.В. ЛАПШИН,  
Д.А. ЗАЛЕПУХИН, Н.О. РОЖДЕСТВЕНСКАЯ**

**Впервые с использованием оценок полиморфизма генетико-биохимических систем выполнен анализ динамики генетической структуры при формировании новой мясошерстной породы овец от начальных этапов двух- и трехпородных скрещиваний до ее консолидации и утверждения, а также последующего разведения. Обнаружены локус-специфические особенности генетических взаимоотношений между поколениями новой породы и исходными родительскими породами.**

Интенсификация животноводства, перевод его на коммерческую основу требуют новых подходов для совершенствования существующих и выведения новых пород. Новые породы и улучшенные старые должны соответствовать условиям зональной селекции и иметь высокий уровень продуктивности. Это возможно при комплексном решении биологических и зоотехнических проблем, одна из которых — анализ изменений генетической структуры селекционируемых популяций. Если отбираемые признаки качественные (окраска меха, завиток у каракуля, гены казеина, лактоглобулина и др.), то обоснование схемы селекционного процесса не представляет особых затруднений. Но, как известно, большинство хозяйственно полезных признаков — количественные, обусловленные действием большого числа генов и их сложным взаимодействием. Результатом этого является непрерывная фенотипическая изменчивость большинства хозяйственно полезных признаков, зависящая от факторов окружающей среды, не позволяющая прямо выявлять изменения генофонда селекционируемых популяций.

В овцеводстве широко проводятся работы по созданию мясошерстного типа овец с кроссбредным характером шерстного покрова путем сложного воспроизводительного скрещивания. На основе этого метода, наиболее эффективного для получения новых форм животных, создаются новые породы и породные группы [8]. При этом выявляются наиболее целесообразные варианты скрещивания, разрабатываются программы и схемы их создания с учетом необходимого их превосходства по своим продуктивным особенностям над исходными породами.

Особое внимание уделяется мясошерстному типу овец с кроссбредной шерстью, что достигается при скрещивании тонкорунных овец с производителями скороспелых мясошерстных пород, таких, например, как линкольн и ромни-марш. На преимущества кроссбредных овец указывали в своих работах многие авторы (в частности, [4-6]). Показано, что для условий интенсивного земледелия такие овцы по своим продуктивным особенностям экономически более выгодны. Многими авторами установлено, что импортные овцы мясошерстного направления, в

\* Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск, Россия

частности, ромни-марш и линкольн, при чистопородном разведении плохо акклиматизируются в большинстве районов России. Это относится и к Сибири [4-6].

Для интенсивной зоны с развитым полевым кормопроизводством Институтом цитологии и генетики СО РАН была поставлена задача создания высокопродуктивного типа овец, хорошо приспособленных к экологическим особенностям Западной Сибири и обладающих высокой мясной и шерстной продуктивностью.

Выведение нового сибирского типа мясошерстных овец осуществлялось методом сложного воспроизводительного скрещивания с использованием алтайской тонкорунной и двух мясошерстных пород — линкольн и ромни-марш.

Выбор этого метода обусловлен, с одной стороны, трудностями размножения импортных мясошерстных пород овец при разведении их «в чистоте» в сибирских условиях, когда смертность животных доходила до 70% [5-6]; с другой — необходимостью создания больших массивов мясошерстных овец с кроссбредной шерстью. Последнее возможно только при массовом скрещивании мясных тонкорунных и тонкорунно-грубошерстных помесей с баранами скороспелых мясошерстных пород.

В результате многолетней работы учеными института был создан сибирский тип мясошерстных овец с кроссбредной шерстью, который утвержден в 1989 г., ему было присвоено название «сибирский внутривидовый тип советской мясошерстной породы» (Приказ №115 от 10.02.1989 г. Госагропрома СССР).

Создание новой породы всегда связано с преобразованием исходного генетического материала под влиянием традиционных методов селекции — отбора, подбора животных для скрещиваний и формирования групп животных с желательным сочетанием

фенотипических признаков. Применение молекулярно-генетических маркеров для описания генетической структуры на ранних этапах породообразовательного процесса наряду с контролем комплекса фенотипических характеристик способствовало выявлению ассоциированных с ними сочетаний генотипов и позволило сократить время селекционного процесса [1-3]. В дальнейшем их применение позволило оценить изменения генетической структуры и их направленность при воспроизводстве новой породы в ряду поколений, контролировать степень консолидированности породы и изменения генетических взаимоотношений относительно той или иной исходной породы.

В задачи настоящего исследования входила оценка внутривидовой генетической гетерогенности в поколениях, определение дальнейшей консолидированности сибирского типа мясошерстной породы овец, ее дальнейшей адаптации и сравнение внутривидовых групп с исходными породами.

#### **Материалы и методы**

Работа по созданию мясошерстных овец начата в Институте цитологии и генетики в 1963 г. в экспериментальном хозяйстве института и совхозе «Медведский» Черепановского района Новосибирской обл. под руководством д.б.н. Г.А. Стакан.

Сибирь — один из многих районов овцеводства. В ее западных лесостепных районах с интенсивным земледелием и полевым кормопроизводством планировалось разведение овец мясошерстного направления с кроссбредной шерстью. Многочисленные наблюдения за состоянием чистопородных овец английских пород линкольн и ромни-марш в условиях Западной Сибири показали, что животные этих пород слабо акклиматизируются, в связи с чем их использование для преобразовательного скрещивания не дает положительных результатов [5-6]. Для

успешного развития в Сибири мясошерстного направления необходима была собственная племенная база, что возможно лишь при создании пород, хорошо приспособленных к местным экологическим условиям. Поэтому целью являлось создание стада кроссбредных овец, сочетающих высокую шерстную и мясную продуктивность с приспособленностью к климатическим условиям Сибири, на основе использования наследственных особенностей трех пород: алтайской тонкорунной (А) и двух полутонкорунных — ромни-марш (Р) и линкольн (Л). Наша задача заключалась в анализе всех стадий породообразовательного процесса и всех возможных вариантов скрещивания, используя молекулярно-генетические маркеры, что могло способствовать сокращению времени селекционного процесса и поиска гетерозисных сочетаний. И эта задача была выполнена. В последнее десятилетие после утверждения породы мы провели сравнительный анализ генетической структуры исходных родительских пород, промежуточных вариантов скрещивания и 4 групп кроссбредных овец сибирской мясошерстной породы. Первая группа представлена матками 1997 г.р., вторая — матки 1998 г.р., третья — матки 2000 г.р. и 2002 г.р. Образцы крови у всех групп взяты в совхозе «Медведский».

По группам 1997, 1998, 2000 и 2002 г.р. выполняли анализ полиморфизма и распределения аллельных вариантов с использованием методов электрофоретического разделения белков в крахмальных и полиакриламидных гелях с последующим гистохимическим окрашиванием по таким генетико-биохимическим системам: из группы транспортных белков — НВ (гемоглобин) и ХР (Х-белок), трансферрин (ТФ), отвечающий за транспорт железа, посттрансферин (РТФ-2), рецептор к витамину Д (ГС); из группы ферментов внутриклеточного энергетического метаболизма — LDR (регулятор активности лактатдегидрогена-

зы) и МЕ (малик-энзим), фермент пуринового обмена РН (пурипнуклеозидфосфорилаза), из группы ферментов, катализирующих восстановление метгемоглобина — ДР (диафораз), из группы ферментов метаболизма экзогенных субстратов — EST (эстераза) и фермент, гидролизующий карбоновые эфиры нафта — СА (карбоангидраза) и других оказавшихся мономерных систем [2-3]. Всего около сорока локусов.

Группы маток 1997, 1998, 2000 и 2002 г.р. сравнивали с исходными породами: алтайской (А), ромни-марш (Р) и линкольн (Л), с промежуточными вариантами скрещивания с исходными породами, поколением трехпородных скрещиваний F3 (после разведения «в себе»), утвержденное в качестве новой породной группы, породными группами НПГ-1 и НПГ-2, линиями, обозначенными как 2Е-100, 321, 79435 по следующим локусам: ТФ, НВ, LDR, ДР, EST и по СА.

Для статистической обработки полученных данных использовали стандартные компьютерные программы «BIOSIS-1» и «STATISTICA».

### Результаты и их обсуждение

До сих пор оценка и прогноз хозяйственной ценности животных делают только по количественным признакам с непрерывной изменчивостью, с оценкой вклада в эту изменчивость генотипической и паратипической компонент (например, [7]). Молекулярно-генетические маркеры полиморфизма отдельных участков ДНК, в частности, митохондриальных геномов, используются в исследованиях взаимосвязей и эволюции генофондов пород овец [11, 12]. Принцип использования биохимических маркеров полиморфизма кодирующих участков структурных генов для контроля и корректировки селекционного процесса был нами предложен и использован впервые. Главное достоинство его в том, что легко типизируемые аллельные варианты био-

химических маркеров с простым кодоминантным характером наследования при наличии связи с набором фенотипических признаков дают возможность предсказать будущие характеристики животных, что и определяет полезность и экономическое значение такого рода работ [1—3]. Надежда на успех в этой области была связана еще и с тем, что достаточно давно найдены некоторые положительные связи между полиморфизмом биохимических маркеров и отдельными хозяйственно полезными признаками у животных. Так, уровень активности фермента креатинфосфокиназы у свиней, реагирующих на галотановый тест, оказался в два раза выше, чем у резистентных животных. Получены данные о том, что животные, гомозиготные по некоторым аллелям трансферрина, относительно более устойчивы к климатическому стрессу и особенностям кормления. Овцы с генотипом гемоглобина AA и AB более плодовиты. Животные, гетерозиготные по бета-лактоглобулину, более устойчивы к маститу, чем гомозиготные коровы. Интересные корреляции найдены у овец между высоким уровнем активности фермента глутатионпероксидаза, жизнеспособностью ягнят и плодовитостью маток. Внедрение специальных программ, направленных на поиск таких связей, позволит анализировать не только биохимические маркеры, но и многие другие параметры: гормональный, иммунологический статусы и т.д. [3, 9-10].

Известно, что трех- и четырехпородные овцы по коммерческим показателям превосходят не только исходных чистопородных овец, но и двухпородных помесей [4]. Такие овцы характеризуются высокой скороспелостью, хорошей мясной продуктивностью и дают ценную кроссбредную шерсть, поэтому при создании пород важно не только контролировать развитие желательных хозяйственно полезных признаков продуктивности, но также выявлять и корректировать ре-

альную направленность формообразовательного процесса. Необходим такой метод, который позволял бы оценивать не только генетические различия исходных пород, но и дифференциацию промежуточных групп скрещиваний в процессе пороодообразования. Получаемые оценки должны быть количественными. Необходимо, чтобы материал, на котором основан расчет генетической близости, был дискретен, не зависел от факторов внешней среды, не менялся в течение онтогенеза, имел четкий генетический контроль. Этим требованиям удовлетворяют биохимические маркеры.

В этой связи при создании новой породной группы мясошерстных овец одновременно с анализом признаков продуктивности на ранних этапах пороодообразовательного процесса контролировали изменение генетической структуры разных вариантов скрещивания, используя биохимические маркеры. Вначале были проанализированы данные о развитии продуктивных признаков у особой разных типов скрещивания, что позволило наметить схему выведения мясошерстных овец. Потом с использованием метода АС. Серебровского были рассчитаны генетические расстояния между исходными родительскими породами, двух- и трехпородными кроссбрдами и группой животных желательного фенотипа, отобранных от разведения трехпородных «в себе» по комплексу хозяйственно полезных признаков (рис. 1). В результате была скорректирована и сокращена исходная схема скрещивания (рис. 2, 3). Было показано, что оценки генетических взаимоотношений, основанные на расчетах генетических расстояний по аллелям и генотипам генетико-биохимических систем, могут быть применены для коррекции селекционных программ. Например, между исходными родительскими породами были следующие взаимоотношения: наиболее близки по изученным маркерам между собой полутонкорун-

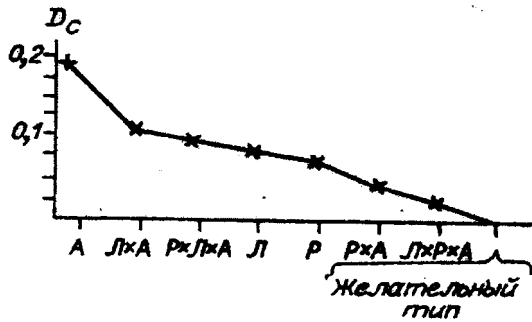


Рис. 1. Динамика генетических расстояний, рассчитанных по аллелям генетико-биохимических систем по методу А.С. Серебровского, между группой овец нового породного типа, исходными родительскими породами и различными вариантами скрещиваний

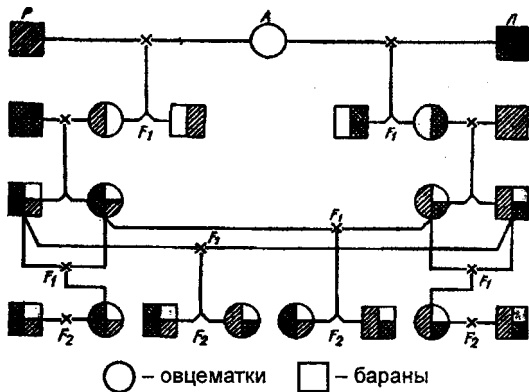


Рис. 2. Запланированная схема скрещиваний для получения нового типа мясошерстных овец

ные породы ромни-марш и линкольн; алтайская тонкорунная по генетической структуре наиболее удалена от линкольн (табл. 1, 2). Это соответствует данным, полученным при анализе морфологии и истории создания этих пород, т.е. генетические расстояния отражали реальные взаимоотношения, сложившиеся между породами. Животные, отобранные по желательному фенотипу на начальной стадии породообразовательного процесса, оказались по генетической структуре наи-

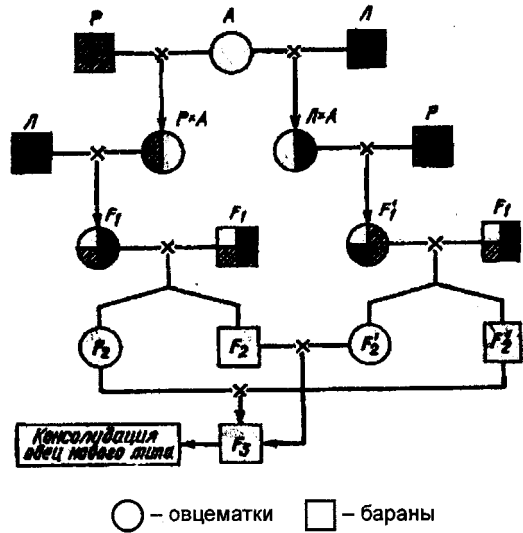


Рис. 3. Реализованная схема скрещиваний по созданию нового типа мясошерстных овец, скорректированная на основании оценок генетических расстояний между вариантами межпородных скрещиваний, рассчитанных по аллельным частотам генетико-биохимических систем

более близкими к варианту скрещивания ЛхРхА, чем к типу скрещивания РхЛхА [1-3]. Полученные данные позволили после анализа оценок признаков продуктивности отказаться от запланированного варианта скрещивания РхЛхАхРхЛхА, т.е. провести коррекцию схемы получения новой породной группы. В связи с тем, что как по морфологическим признакам, так и по генетической структуре тип скрещивания РхЛхА удален от желательного типа, был запланирован вариант скрещивания ЛхРхА с овцами типа РхЛхА, с последующим скрещиванием полученного потомства с типом скрещивания ЛхРхАхЛхРхА для получения овец желательного типа (F3), новой породной группы.

Анализ развития признаков продуктивности показал, что животных группы F3 можно отнести к овцам нового типа мясошерстного направления с кроссбредным характером шерстного

Распределение аллельных частот у исследованных групп овец: исходные породы алтайская (А), ромни-марш (Р) и линкольн (Л); породные группы 1980 г.р. (новая породная группа НПГ-1) и 1982 г.р. (новая породная группа НПГ-2), 1987 г.р. (поколение трехпородных скрещиваний F<sub>3</sub>, утвержденное в качестве новой породной группы); линии, полученные из F<sub>3</sub> и обозначенные как 2E-100, 321, 79435; группы маток 1997, 1998, 2000 и молодняк 2002 г.р.

Аллели	Алтай- ская	Ромни- марш	Линк- ольн	Р х А	Л х А	3 Р	3 Л	3 Р х 3 Л	3 Л х 3 Л	F <sub>3</sub>	НПГ-1	НПГ-2	1997	1998	2000	2002	79435	321	2E-100
TfA	0,506	0,496	0,308	0,451	0,457	0,379	0,325	0,424	0,266	0,264	0,516	0,434	0,370	0,37	0,237	0,317	0,343	0,363	0,385
TfB	0,082	0,339	0,275	0,235	0,215	0,504	0,272	0,235	0,190	0,284	0,175	0,234	0,196	0,261	0,184	0,200	0,343	0,165	0,231
TfC	0,167	0,089	0,400	0,118	0,259	0,164	0,285	0,223	0,285	0,256	0,206	0,238	0,217	0,239	0,237	0,217	0,088	0,253	0,192
TfD	0,206	0,059	0,017	0,176	0,060	0,035	0,109	0,118	0,253	0,188	0,088	0,086	0,217	0,130	0,342	0,250	0,216	0,212	0,192
TfE	0,027	0,000	0,000	0,010	0,000	0,000	0,000	0,000	0,006	0,004	0,011	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,010	0,000	0,000
TfF	0,012	0,017	0,000	0,010	0,009	0,017	0,009	0,000	0,000	0,000	0,004	0,006	0,000	0,000	0,000	0,017	0,000	0,007	0,000
Ldr1-A	0,564	0,477	0,425	0,475	0,392	0,456	0,423	0,460	0,409	0,417	0,514	0,516	0,524	0,646	0,556	0,633	0,532	0,551	0,544
Ldr1-B	0,436	0,553	0,575	0,525	0,608	0,544	0,577	0,540	0,591	0,583	0,486	0,484	0,476	0,354	0,444	0,367	0,468	0,449	0,456
Est1-A	0,326	0,193	0,056	0,152	0,241	0,076	0,095	0,172	0,221	0,280	0,180	0,176	0,477	0,429	0,579	0,552	0,186	0,292	0,139
Est1-B	0,674	0,807	0,944	0,848	0,759	0,924	0,905	0,828	0,779	0,720	0,820	0,824	0,523	0,571	0,421	0,448	0,814	0,708	0,861
Dp1-A	0,402	0,613	0,644	0,740	0,651	0,587	0,700	0,712	0,721	0,755	0,590	0,654	0,413	0,520	0,711	0,583	0,467	0,700	0,714
Dp1-B	0,598	0,387	0,356	0,260	0,349	0,413	0,300	0,288	0,279	0,245	0,410	0,346	0,587	0,480	0,289	0,417	0,533	0,300	0,286
HbA	0,142	0,053	0,000	0,077	0,077	0,034	0,053	0,017	0,031	0,012	0,059	0,070	0,068	0,050	0,083	0,019	0,029	0,101	0,139
HbB	0,858	0,947	1,000	0,923	0,923	0,966	0,947	0,983	0,969	0,988	0,941	0,930	0,932	0,950	0,917	0,981	0,971	0,899	0,861

Таблица 2

Эвклидовы расстояния, рассчитанные на основании оценок аллельных частот по генетико-биохимическим системам между овцами исходных пород алтайская (А), ромни-марш (Р) и линкольн (Л); породных групп 1980 г.р. (новая породная группа НПГ-1) и 1982 г.р. (новая породная группа НПГ-2), 1987 г.р. (поколение трехпородных скрещиваний F<sub>3</sub>, утвержденное в качестве новой породной группы); линий, полученных из F<sub>3</sub> и обозначенных как 2E-100, 321, 79435; групп маток 1997, 1998, 2000 и молодняка 2002 г.р.

Группа овец	Алтайская	Ромни-марш	Линкольн	Р х А	Л х А	3 Р	3 Л	3 Р х 3 Л	3 Л х 3 Л	F <sub>3</sub>	НПГ-1	НПГ-2	1997	1998	2000	2002	79435	321	2E100
1997	0,31	0,57	0,76	0,67	0,54	0,72	0,71	0,63	0,61	0,60	0,53	0,57	0,00	0,26	0,48	0,32	0,47	0,49	0,65
1998	0,38	0,50	0,67	0,58	0,50	0,64	0,63	0,53	0,56	0,53	0,45	0,45	0,26	0,00	0,45	0,25	0,43	0,38	0,54
2000	0,66	0,73	0,87	0,69	0,65	0,89	0,76	0,67	0,56	0,52	0,70	0,66	0,48	0,45	0,00	0,26	0,71	0,45	0,67
2002	0,51	0,65	0,82	0,68	0,62	0,81	0,75	0,64	0,60	0,56	0,61	0,61	0,32	0,25	0,26	0,00	0,60	0,44	0,66
Алтайская	0,00	0,51	0,71	0,59	0,51	0,68	0,66	0,58	0,62	0,66	0,40	0,49	0,31	0,38	0,66	0,51	0,42	0,47	0,55
Ромни-марш	0,51	0,00	0,43	0,26	0,25	0,28	0,34	0,25	0,43	0,41	0,22	0,22	0,57	0,50	0,73	0,65	0,32	0,39	0,33
Линкольн	0,71	0,43	0,00	0,43	0,36	0,35	0,19	0,31	0,38	0,42	0,39	0,32	0,76	0,67	0,87	0,82	0,51	0,49	0,42
Р х А	0,59	0,26	0,43	0,00	0,28	0,40	0,26	0,16	0,31	0,32	0,27	0,21	0,67	0,58	0,69	0,68	0,43	0,30	0,17
Л х А	0,51	0,25	0,36	0,28	0,00	0,42	0,27	0,20	0,30	0,30	0,23	0,20	0,54	0,50	0,65	0,62	0,45	0,31	0,33
3 Р	0,68	0,28	0,35	0,40	0,42	0,00	0,33	0,37	0,51	0,49	0,40	0,35	0,72	0,64	0,89	0,81	0,36	0,55	0,42
3 Л	0,66	0,34	0,19	0,26	0,27	0,33	0,00	0,18	0,26	0,30	0,33	0,23	0,71	0,63	0,76	0,75	0,45	0,37	0,26
3 Р х 3 Л	0,58	0,25	0,31	0,16	0,20	0,37	0,18	0,00	0,24	0,25	0,23	0,14	0,63	0,53	0,67	0,64	0,42	0,28	0,23
3 Л х 3 Л	0,62	0,43	0,38	0,31	0,30	0,51	0,26	0,24	0,00	0,16	0,40	0,32	0,61	0,56	0,56	0,60	0,48	0,27	0,32
F <sub>3</sub>	0,66	0,41	0,42	0,32	0,30	0,49	0,30	0,25	0,16	0,00	0,43	0,33	0,60	0,53	0,52	0,56	0,50	0,29	0,36
НПГ-1	0,40	0,22	0,39	0,27	0,23	0,40	0,33	0,23	0,40	0,43	0,00	0,14	0,53	0,45	0,70	0,61	0,35	0,31	0,28
НПГ-2	0,49	0,22	0,32	0,21	0,20	0,35	0,23	0,14	0,32	0,33	0,14	0,00	0,57	0,45	0,66	0,61	0,37	0,25	0,19
79435	0,42	0,32	0,51	0,43	0,45	0,36	0,45	0,42	0,48	0,50	0,35	0,37	0,47	0,43	0,71	0,60	0,00	0,45	0,42
321	0,47	0,39	0,49	0,30	0,31	0,55	0,37	0,28	0,27	0,29	0,31	0,25	0,49	0,38	0,45	0,44	0,45	0,00	0,24
2E100	0,55	0,33	0,42	0,17	0,33	0,42	0,26	0,23	0,32	0,36	0,28	0,19	0,65	0,54	0,67	0,66	0,42	0,24	0,00

покрова. Это следовало из данных следующих признаков продуктивности: живой массы, качества шерстного покрова, длины шерсти [4]. Был представлен суммарный профиль продуктивности среди изученных групп животных. Максимальное значение развития каждого признака у исходных пород принято за единицу, у остальных групп животных величина развития отдельного признака выражалась через отношение его значения к величине его максимального развития у исходных пород [1]. Сопоставление суммарной оценки развития признаков с данными по генным частотам показало близкое соответствие между изменениями генетической структуры популяций (оцененной по биохимическим маркерам) и фенотипическим проявлением полигенных признаков [1]. Такие же данные получены при сопоставлении генетических и морфологических расстояний. Хотя отбор и подбор при создании породной группы осуществляли только по полигенным признакам, косвенно захватывали и просто наследуемые биохимические маркеры. Все это позволило заключить, что на самом деле биохимический маркер не просто маркер определенного структурного гена, но и маркер определенной полигенной комбинации, а также маркер определенного метаболического статуса. А это при достаточном количестве молекулярных маркеров позволяет менять сам принцип селекционной работы.

Для решения вопроса поиска объективного критерия консолидации мы использовали данные о генных концентрациях исследованных биохимических маркеров у овец новой породной группы F3, НПП-1, НПП-2. Проведенный анализ показал, что существенных отличий по исследованным генным системам выявить не удалось. Это свидетельствовало о стабильности генетической структуры новой породной группы, ее объективной консолидации. Далее, после утверждения породы, ис-

следования были продолжены. Выполнен анализ аллельных частот и генотипов у групп овец новой породы различных годов рождения.

В результате получены следующие данные. Все группы овец (1997-2002 г.р.) имели свои особенности распределения аллельных вариантов по большинству исследованных локусов. По локусам NB, ME и GC межгрупповые отличия отсутствовали и индекс сходства равнялся 1,0.

По локусу XP молодняк 2002 г.р. (частота аллеля  $X^+$  — 0,793) наиболее близок к маткам 1998 г.р. ( $X^+$  — 0,739) с показателем индекса идентичности 1,0, а матки 1997 г.р. ( $X^+$  — 0,652) и 2000 г.р. ( $X^+$  — 0,632) незначительно отличаются, при этом показатель индекса идентичности соответственно составил 0,986 и 0,979.

По локусу TF незначительные различия наблюдаются между матками 1998 и 2000 г.р. с индексом идентичности 0,937. Следует отметить у молодняка 2002 г.р. наличие такого редкого аллельного варианта, как Tf - F с частотой — 0,017. По локусу PTF2 группы маток 1998 (pTf-2<sup>a</sup> — 0,500) и 1997 (pTf-2<sup>a</sup> — 0,348) г.р. имеют незначительные отличия от индекса идентичности 0,977.

По локусу LDR мы наблюдали следующее распределение аллельных вариантов: у овцематок 1997 г.р. частота аллеля Ldr-l<sup>a</sup> составила 0,524, у маток 1998 г.р. — 0,646, при этом индекс сходства между ними равняется 0,993, у маток 2000 г.р. частота этого аллеля составляла 0,556, а у молодняка 2002 г.р. частота этого аллельного варианта была 0,633, что обусловило их сходство с группой маток 1998 г.р.

Наибольшие различия между группами животных выявлены по локусу DP. Частота аллеля Dp-l<sup>a</sup> у маток 1997 г.р. составила 0,413, а у маток 1998 г.р. и молодняка 2002 г.р. — 0,520 и 0,583 с индексом идентичности соответственно 0,998 и 0,961. Группа овцематок 2000 г.р., которым на момент взятия



образцов крови было около полутора лет, существенно ( $\chi^2=7,7$ ;  $P<0,01$ ) отличалась от овцематок 1997 г.р. по распределению аллельных вариантов в локусе DP (Dp-1<sup>a</sup> — 0,711).

По локусу PN незначительные различия по распределению аллельных вариантов отмечались между молодняком 2002 г.р. (NpH — 0,833) и матками 1997 (NpH — 0,957) и 2000 г.р. (NpH — 0,947) с значениями индекса идентичности соответственно 0,993 и 0,995. По локусу EST наблюдали небольшие различия между матками 1998 г.р. (Est-1<sup>a</sup> — 0,429) и матками 2000 г.р. (Est-1<sup>a</sup> — 0,579) и 2002 г.р. (Est-1<sup>a</sup> — 0,552) с значениями индекса идентичности соответственно 0,980 и 0,990.

Локус CA у этих животных оказался мономорфным; обнаружен только медленный аллельный вариант (Ca-S).

Показатели средней гетерозиготности по локусам составили соответственно: 1-я группа — 0,345; 2-я — 0,362; 3-я — 0,385; 4-я группа — 0,376.

Наиболее низкие показатели гетерозиготности отмечались по локусам HB и ME, а наиболее высокие показатели были выявлены по локусам EST, LDR, TF и PTF.

По результатам проведенных исследований были рассчитаны евклидовы расстояния (см. табл. 2) и построена дендрограмма, на которой группы овец 1997-2002 гг. образовали общий кластер (рис. 4).

Далее выполнен сравнительный анализ полиморфизма по ряду молекулярно-генетических маркеров у исследованных групп 1997-2002 гг.р. и у ранее исследованных исходных пород (алтайская, ромни-марш и линкольн) и породными группами 1978, 1980 и 1982 гг. р., по 5 локусам [3].

Локус CA оказался мономорфным и фиксированным по аллельному варианту Ca S у всех исследованных групп, кроме представителей алтайской породы, у которых выявлялся аллельный вариант Ca F с частотой 0,01. Частоты встречаемости аллельных вари-

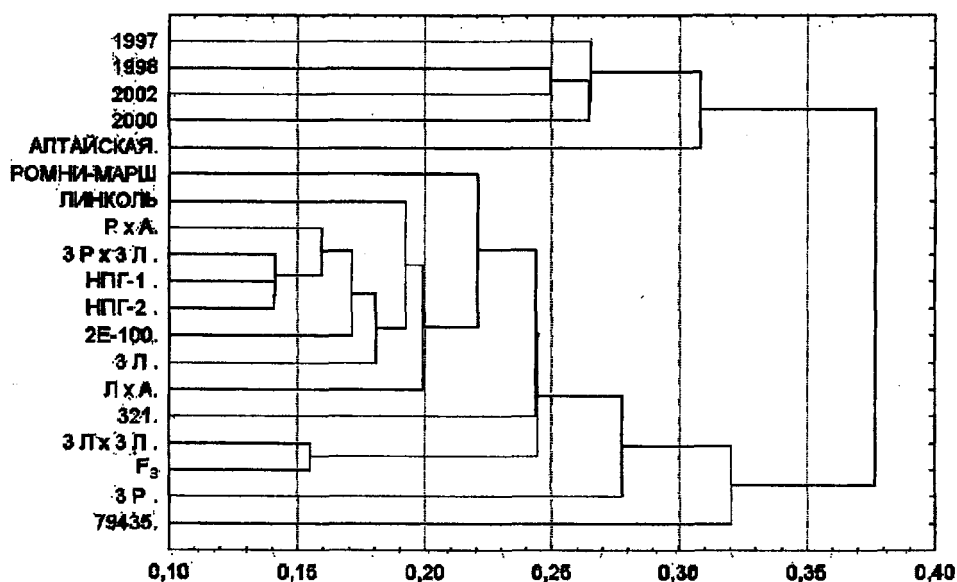


Рис. 4. Дендрограмма генетических взаимоотношений между исследованными группами овец, рассчитанная на основании оценки распределения частот аллелей и генотипов по генетико-биохимическим системам

антов по другим локусам у всех десяти исследованных групп представлены в таблице 1.

По локусу TF у алтайской, ромни-марш и маток 1980 г.р. частота встречаемости аллеля Tf A составляла соответственно 0,506, 0,496 и 0,517, тогда как у овец породы линкольн в этом локусе значительно чаще встречался аллель Tf C (с частотой 0,408). В то же время по этому локусу значительных различий между исходными породами и полученными кроссбредными овцами всех поколений не выявлено, за исключением того, что у маток 2000 г.р. проявляется тенденция к увеличению частоты встречаемости аллельного варианта Tf D (0,342). Статистически достоверные различия по распределению аллельного варианта Tf A наблюдались между группами 2000 г.р. и 1980 г.р. ( $\chi^2=11,7$ ;  $P<0,05$ ). Достоверные различия наблюдались между алтайской и линкольн, алтайской и матками 1987 г.р. ( $\%^2=14,5$  при  $P<0,01$  и  $\chi^2=36,1$  при  $P<0,001$ ), ромни-марш и линкольн, ромни-марш и матки 1987 г.р. ( $\%^2=11,8$  при  $P<0,01$  и  $\chi^2=28,3$  при  $P<0,001$ ), линкольн и матки 1980 г.р. ( $\%^2=15,6$  при  $P<0,01$ ), матки 1987 г.р. и матки 1980 г.р., а также матки 1987 г.р. и 1982 г.р. ( $\%^2=37,4$  и  $\%^2=19,4$  соответственно при  $P<0,001$ ). Интересно отметить у представителей исходных пород (кроме овец породы линкольн) и у следующих поколений (1987—1982 гг. р.) присутствие редко встречающихся аллельных вариантов Tf-E и Tf-F, которые практически отсутствуют у овец последующих поколений (1997-2002).

По локусу NB у всех групп овец отмечали низкую частоту встречаемости аллельного варианта NB A, а у овец породы линкольн он оказался мономорфным с наличием только аллельного варианта NB B. При этом матки 1997 г.р. достоверно отличались от маток породы линкольн и маток 1987 г.р. ( $\chi^2=9,0$  и  $\%^2=9,2$  соответственно при  $P<0,01$ ). Необходимо отметить, что овцы по-

роды линкольн имели достоверные различия с группами маток 1998 г.р. ( $\chi^2=6,2$  при  $P<0,05$ ), маток 2000 г.р. ( $\chi^2=9,6$  при  $P<0,01$ ), овцами алтайской породы ( $\chi^2=54,4$  при  $P<0,001$ ), овцами породы ромни-марш ( $\%^2=17,8$  при  $P<0,001$ ), матками 1987 г.р. ( $\chi^2=4,0$  при  $P<0,05$ ), а также матками 1980 и 1982 гг.р. ( $\%^2=16,5$  и  $\chi^2=21,3$  соответственно при  $P<0,001$ ). В свою очередь, овцы алтайской породы по этому локусу имели достоверные различия с овцами породы ромни-марш ( $\chi^2=13,4$  при  $P<0,001$ ), матками 1987 г.р. ( $\%^2=44,2$  при  $P<0,001$ ) и матками 1980 и 1982 гг.р. ( $\%^2=8,3$  и  $\chi^2=6,8$  соответственно при  $P<0,01$ ).

По локусу LDR значительные отличия от остальных групп отмечены у овец представителей породы линкольн (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,415) и группы овец 1987 г.р. (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,425), индекс сходства между ними равен 1,0. В то же время матки 1998 г.р. (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,646) и молодняк 2002 г.р. (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,633) достоверно отличались от овец породы ромни-марш (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,471,  $\chi^2=4,9$  и  $\chi^2=5>0$  при  $P<0,05$ ), породы линкольн (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,415,  $\chi^2=7,2$  и  $\chi^2=7,4$  при  $P<0,01$ ) и новой породной группы 1987 г.р. (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,425,  $\chi^2=6,8$  и  $\%^2=1,1$  при  $P<0,01$ ). Следует отметить, что овцы алтайской породы (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,564) по распределению аллельных вариантов по этому локусу близки к овцам 1997 (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,524), 1998 (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,646) и 2002 (Ldr-I<sup>a</sup> — 0,633) гг.р. с индексом сходства соответственно 1,000, 0,999 и 1,000 и имеют достоверные отличия от овец породы линкольн и маток 1987 г.р. ( $\chi^2=6,4$  и  $\chi^2=6,0$  соответственно при  $P<0,05$ ).

По локусу DP наиболее близкими друг другу оказались группы маток 2000 г.р. (Dp-I<sup>a</sup> — 0,711) и матки 1987 г.р. (Dp-I<sup>a</sup> — 0,755) с индексом сходства 1,000, при этом матки 2000 г.р. имели достоверные различия с овцами алтайской породы ( $\chi^2=12,7$  при  $P<0,001$ ) и матками 1997 г.р. ( $\chi^2=7,7$  при  $P<0,01$ ). В то же время матки 1997 г.р. достоверно отличались от овец породы ром-

ни-марш (Dp-1<sup>a</sup> — 0,613, X<sup>2</sup>=6,1 при P<0,05), линкольн (Dp-1<sup>a</sup> — 0,644, X<sup>2</sup>=7,0 при P<0,01), маток 1987 г.р. (Dp-1<sup>a</sup> — 0,755, %<sup>2</sup>=19,1 при P<0,001) и маток 1982 г.р. (Dp-1<sup>a</sup> — 0,654, %<sup>2</sup>=8,8 при P<0,01). Молодняк 2002 г.р. достоверно отличался от овец алтайской породы и маток 1987 г.р. (%<sup>2</sup>=6,1 и %<sup>2</sup>=6,3 соответственно при P<0,05). В свою очередь, овцы алтайской породы имели достоверные отличия от овец пород ромни-марш (x<sup>2</sup>=18,3 при P<0,001), линкольн (x<sup>2</sup>=16,2 при P<0,001), маток 1987 г.р. (x<sup>2</sup>=55,1 при P<0,001), маток 1980 г.р. (%<sup>2</sup>=7,7 при P<0,01), маток 1982 г.р. (%<sup>2</sup>=24,9 при P<0,001). У групп алтайской породы (Dp-1<sup>a</sup> — 0,402), маток 1997 г.р. (Dp-1<sup>a</sup> — 0,413) и 1998 г.р. (Dp-1<sup>a</sup> — 0,520) индекс идентичности соответственно составляет 1,000 и 0,985.

По локусу EST следует отметить высокие частоты встречаемости аллеля Est-1<sup>a</sup> практически у всех ранее исследованных групп овец, за исключением овец алтайской породы, по сравнению с данными, полученными на поколениях 1997-2002 гг.р.: у овец породы линкольн — 0,944, породы ромни-марш — 0,803 и у первых представителей кроссбредных овец маток 1980 и 1982 гг.р. — соответственно 0,818 и 0,825, тогда как у овец алтайской породы, маток 1997 и 1998 гг.р. этот показатель соответственно составляет: 0,674, 0,429 и 0,477. При этом матки 1997 и 1998 гг.р. достоверно отличались от овец алтайской породы (%<sup>2</sup>=6,3 при P<0,05 и %<sup>2</sup>=9,4 при P<0,01), ромни-марш (%<sup>2</sup>=18,1 и x<sup>2</sup>=22,7 при P<0,001), линкольн (%<sup>2</sup>=42,0 и %<sup>2</sup>=47,8 при P<0,001), маток 1978 г.р. (%<sup>2</sup>=9,4 при P<0,01 и %<sup>2</sup>=12,9 при P<0,001), 1980 г.р. (x<sup>2</sup>=20,6 и x<sup>2</sup>=25,4 при P<0,001), 1982 г.р. (x<sup>2</sup>=22,1 и X<sup>2</sup>=27,1 при P<0,001). Матки 2000 г.р. и молодняк 2002 г.р., в свою очередь, также имели достоверные отличия от вышеперечисленных групп овец: ромни-марш (x<sup>2</sup>=8,0 при P<0,01 и x<sup>2</sup>=14,1 при P<0,001), линкольн (x<sup>2</sup>=25,3 и x<sup>2</sup>=38,5 при P<0,001), маток 1980 г.р. (x<sup>2</sup>=9,5

при P<0,01 и x<sup>2</sup>=16,6 при P<0,001), маток 1982 г.р. (x<sup>2</sup>=10,3 при P<0,01 и X<sup>2</sup>=18,1 при P<0,001). Овцы алтайской породы имели достоверные отличия от других исходных пород: ромни-марш (X<sup>2</sup>=12,5 при P<0,001) и линкольн (X<sup>2</sup>=49,2 при P<0,001).

По результатам проведенного анализа построена дендрограмма (см. рис. 4), на которой матки 1997, 1998 гг.р., молодняк 2002 г.р. и матки исходной алтайской породы образовали кластер. При этом матки 1998 г.р. и молодняк 2002 г.р. образовали подкластер, к которому поочередно присоединились матки 1997 г.р. и матки исходной алтайской породы. В основу другого кластера вошли все остальные исследованные группы овец, включая породы линкольн, ромни-марш, промежуточные варианты скрещивания, а также линии 2E-100, 321, 794-35, заложенные в новой породной группе F3 (см. рис. 4).

Обращает на себя внимание тот факт, что поколения овец новой породной группы 1997-2002 гг.р. сближаются с родительской алтайской породой по распределению аллельных вариантов таких локусов, как LDR, DP, EST.

Основное достоинство генетических дистанций заключается в том, что они могут быть рассчитаны по одним и тем же признакам у разных групп особей в отличие от других способов сравнения на основании кариотипа или морфологии и, таким образом, являются более адекватным показателем взаимоотношений генофондов, чем другие методы анализа. Это позволяет предполагать дальнейшее широкое их использование.

#### Заключение

Полученные данные позволили прийти к заключению о продолжающейся популяционно-генетической адаптации поколений групп овцематок 1997 и 1998 гг.р., а также близости к ним овец 2002 г.р. Образование в дальнейшем одного кла-

стера с исходной алтайской полутонкорунной породой свидетельствует о сближении этих групп животных с высокоадаптированной к местным условиям отечественной породой. Очевидно, что в поколениях новой породы продолжают процессы эволюции генетической структуры, связанные, по-видимому, с популяционно-генетическим ответом на меняющиеся соотношения искусственного и естественного отборов.

Тем не менее, в общем, на основе работы в племзаводе «Медведский» создано высокопродуктивное стадо мясошерстных овец сибирского типа. Они приспособлены к суровым климатическим условиям Сибири, характеризуются скороспелостью, сочетанием высокой мясной и шерстной продуктивности, превосходящей в 1,5—2 раза исходных тонкорунно-грубошерстных помесей. Высокая разносторонняя продуктивность овец нового сибирского типа в сочетании с хорошей адаптивной способностью к условиям Сибири, при стойкой передаче потомству присущих им продуктивных качеств позволяет использовать их как для преобразования низкопродуктивных стад Новосибирской области и других регионов Сибири и Алтая в скороспелое мясошерстное направление овцеводства, так и для промышленного скрещивания с целью увеличения производства продукции овцеводства [4].

Полученные данные свидетельствуют о наличии связей между разными уровнями изменчивости — количественных морфологических признаков и моногенных биохимических систем. Но для использования таких связей необходимы накопление и систематизация данных о закономерностях полиморфизма отдельных белков с известной функцией у пород овец с различной историей выведения; селекционируемых по разным признакам продуктивности; воспроизводимых в разных эколого-географических условиях; в процессах многопородной гибридизации при создании новых форм. Никакие теоретические построения не заменят перечисленного выше необходимого экспериментального материала. Разработка селекционных

приемов и поиск признаков, которые можно использовать для получения животных желательного фенотипа, принципиально отличаются от общетеоретических обсуждений селекционно-племенных проблем полной зависимостью от наличия информации о конкретной генетической структуре группы селекционируемых животных, о ее связи с реальными экологическими условиями, об уникальных для каждого данного случая взаимоотношениях между признаками продуктивности и звеньями метаболической сети организма.

Таким образом, кажется очевидной необходимость как можно более полной «инвентаризации» генотипов по структурным генам, генетико-биохимическим системам у сельскохозяйственных животных в различных экологогеографических регионах у одних и тех же пород, у разных пород, при специфических условиях отбора и т.д. не только для решения вопросов правильной паспортизации и выявления маркеров, вовлекаемых в отбор, но и для изучения возможных механизмов формообразовательных процессов, биохимических основ взаимосвязей различных физиологических систем.

Наблюдаемая генетическая изменчивость, как правило, является следствием сложного полифакторного отбора. В большинстве случаев отбор ведется не по отдельному гену, а по определенному сочетанию состояний ряда полигенных систем, по биохимическому статусу отдельных метаболических цепей. При этом полиморфизм конкретного белка не только отражает состояние соответствующего структурного гена с соответствующей метаболической активностью его продукта, но и маркирует наличие связи между изменчивостью ряда полигенных систем, прямо контролируемых отбором. Рисунок изменчивости по определенному набору биохимических маркеров в отдельных популяциях животных, вероятно, отражает специфические условия отбора, в которых находится данная популяция. Поиск принципиальных различий между действием искусственного и естественного отбора на

генофонд популяций, видимо, следует искать в различиях между биохимическими маркерами — маркерами сложных полигенных комбинаций, вовлекаемых в закономерную изменчивость у животных в условиях естественного и искусственного отборов.

#### Библиографический список

1. Глазко В.И., Крутовский К.В. Изучение генетических взаимоотношений между породными и кроссбредными группами овец с использованием многомерного анализа генетических расстояний по биохимическим признакам // Докл. АН СССР, 1991. Т. 317. № 3. С. 728-732. — 2. Глазко В.И., Серое О.И. Использование полиморфизма ферментов и белков крови как генетических маркеров при создании кроссбредных животных // В кн.: Генет. основы создания кроссбредного овцеводства. Новосибирск, 1976. С. 124—128. — 3. Глазко В.И., Созинов И.А. Генетика изоферментов животных и растений / Под ред. А.А. Созинова. К: Урожай, 1993. — 4. Минина Е.К. Фенотипическая и генотипическая изменчивость признаков продуктивности нового сибирского типа советской мясошерстной породы овец // Генетика, 2000. Т. 36. № 7. С. 947-951. — 5. Стакан Г.А., Минина Е.К., Глазко В.И., Рымарев И.В. Создание для Западной Сибири новой мясошерстной породы овец с кроссбредной шерстью. // В кн.: Результаты научных исследований — в практику сельского хозяйства. М.: Наука, 1982. С. 120-130. — 6. Стакан Г.А., Соскин А.А., Минина Е.К., Багаишвили Д.А. Генетические основы создания кроссбредного овцеводства. Новосибирск: Наука. Сиб. отд-ние, 1976. — 7. Cammack K.M., Leymaster K.A., Jenkins T.G., Nielsen M.K. // J. Anim. Sci., 2005. Vol. 83. P. 777-785. — 8. Casas E., Freking B.A., Leymaster K.A. // J. Anim. Sci., 2005. Vol. 83. P. 2743-2751. — 9. Glazko V.I., Owen J.B., Dewi Ap I., Ax ford R.F. // Animal Science, 1997. Vol. 64. P. 279-282. — 10. Hochereau-de Reviers M.T., Perreau C., Pisselet C., Fontaine I., Monet-Kuntz C. // Domest Anim Endocrinol, 1990. Vol 7. P. 63-73. — 11. Meadows J.R.S., Cemal I., Karaca O. et al. // Genetics, 2007. Vol. 175. P. 1371-1379. — 12. Pereira F., Davis S.J.M., Pereira L. et al. // Mol. Biol. Evol., 2006. Vol. 23. P. 1420-1426.

#### SUMMARY

For the first time it is analysed formation of genetic structure of sheep of beef-wool breed with use of biochemical markers from the initial stages of crossing till its consolidation and the establishment, and also next breeding. Locus-specific features of genetic mutual relations between generations of new breed and initial parental breeds are found out. Obtained data testify the presence of communications between different levels of variability — quantitative morphological attributes and monogenic biochemical systems. But for use of such communications there is a necessity of accumulation and systematization of data about laws of polymorphism of separate protein with known function in breeds of sheep with various history of breeding; selected according to different attributes of efficiency; generating in different ecology-geographical conditions; in processes of multi pedigree hybridization at creation of new forms. Development of selection methods and search of attributes which can be used for selection of animals of a desirable phenotype, essentially differ from general-theoretical discussions of selection-breeding problems by full dependence on presence of the information on concrete genetic structure of group of selected animals, on its communication with real ecological conditions, on unique mutual relations for each given case between attributes of efficiency and parts of a metabolic network of an organism. Observable genetic variability, as a rule, is a consequence of complex polyfactorial selection. In most cases selection is conducted not on a separate gene, but on the certain combination of conditions of some polygenic systems, on the biochemical status of separate metabolic circuits. At that polymorphism of certain fiber not only reflects a condition of a corresponding structural gene with corresponding metabolic activity of its product, but also marks presence of communication between variability of some polygenic systems directly controllable by selection. Figure of variability on the certain set of biochemical markers in separate populations of animals, possibly, reflects specific conditions of selection in which a given population is. The search of basic distinctions between action of artificial and natural selection on a genofound of populations, probably, has to be looked for in differences between in differences between biochemical markers — markers of the complex polygenic combinations involved in natural variability of animals in conditions of natural and artificial selections.