

УДК 636:612.11

ФОРМУЛА ДЛЯ РАСЧЕТА КОЛИЧЕСТВА ВОЗМОЖНЫХ ФЕНОТИПОВ В ОТДЕЛЬНЫХ СИСТЕМАХ ГРУПП КРОВИ У СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

Г. П. АНТИПОВ

(Кафедра генетики и разведения с.-х. животных)

В практических приложениях иммуногенетики к отдельным задачам селекции (происхождение и эволюция пород, уточнение племенной ценности животных и др.), а также в решении чисто генетических задач об определении количества генов в серии множественных аллелей той или иной системы группы крови необходимо знать точное количество теоретически возможных фенотипов по отдельным сочетаниям уже изученных антигенов в каждой конкретной системе группы крови. Использование в этих целях известной формулы бинома Ньютона, исходя из которой общее количество всех возможных сочетаний антигенов определяется как 2^N , где N — количество типов антигенов (факторов), позволяет решать эту задачу только в простых случаях, при выполнении двух условий.

1. Отсутствие антигена является рецессивом по отношению к любому возможному гену, ответственному за антиген или группу антигенов.

2. Все остальные гены в серии множественных аллелей действуют кодоминантно по отношению друг к другу.

Для более сложных случаев, которые встречаются в реальных ситуациях чаще, чем простые, адекватной формулы расчета теоретически возможных фенотипов нет.

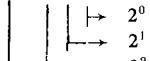
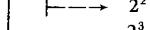
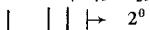
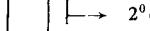
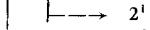
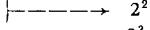
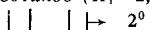
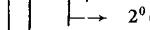
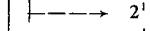
В связи с этим предлагаются форма обработки материалов и формула для расчета общего количества теоретически возможных различных фенотипов в любой системе групп крови (таблица).

Схемы и формула позволяют обобщить случаи, когда в системе любой тип антигена или несколько типов представлены двумя или несколькими подтипами с последовательным порядком доминирования внутри каждого типа и кодоминированием их во взаимодействии с другими типами или подтипаами других типов. Такие случаи являются типичными для большинства известных систем групп крови животных, в том числе и сельскохозяйственных, например, для С-системы, А-системы, В-системы групп крови у крупного рогатого скота и др.

Другими словами, формула позволяет рассчитать количество теоретически возможных фенотипов в любой системе групп крови и запrogramмировать на ЭВМ нахождение каждого фенотипа для тех случаев, когда в результате углубления исследований будет установлено, что какой-либо тип, например А, интерпретируемый как единый, на самом деле представляет собой два подтипа — А₁ и А₂, причем А₁ доминирует над А₂, т. е. сочетание А₁А₂ проявляется фенотипически как А₁. В

Таблица 1

Схема определения количества различных теоретически возможных фенотипов в отдельных системах групп крови

Тип антигенов (факторов) в системе	Условный порядковый номер	Фенотип с данным антигеном		Всего фенотипов
		количество	вид	
<i>a) Без распада на подтипы</i>				
*	0	1	a	
A	1	2^0	A	
B	2	2^1	B; BA	
C	3	2^2	C; CA; CB; CBA	
D	4	2^3		
.	.	.		.
.	.	.		.
P	N	2^{N-1}		
<i>б) При распаде одного типа (A) на K_1 ($K_1=2$) подтипов ($A_1 > A_2 > \dots > A_k$)</i>				
*	0	1	a	
A	1	$2^0 K_1$	$A_1; A_2; \dots A_{K_1}$	
B	2	$2^0 (K_1+1)$	B; BA ₁ ; BA ₂	
C	3	$2^1 (K_1+1)$	C; CB; CBA ₁ ...CBA ₂	
D	4	$2^2 (K_1+1)$	CA ₁ ; CA ₂	
.	.	.		.
.	.	.		.
P	N	$2^{N-2}(K_1+1)$		$2^{N-1}(K_1+1)$
<i>в) При распаде двух типов (A и C) на K_1 и K_2 подтипов ($K_1=2$; $K_2=2$)</i>				
*	0	1	a	
A	1	$2^0 K_1$	$A_1; A_2$	
B	2	$2^0 (K_1+1)$	B; BA ₁ ...BA ₂	
C	3	$2^1 (K_1+1) K_2$	$C_1; C_2; C_1 A_1; C_1 A_2; C_2 A_1;$ $C_2 A_2; C_1 B; C_2 B; C_1 A_1 B;$ $C_1 A_2 B; C_2 A_1 B; C_2 A_2 B$	
D	4	$2^1 (K_1+1) *$ * (K_2+1)		$2^2 (K_1+1) (K_2+1)$
.	.	.		.
P		2^{N-3}		2^{N-2}
		$* (K_1+1) (\overset{*}{K}_2+1)$		$* (K_1+1) (\overset{*}{K}_2+1)$

* — Отсутствие антигена.

случае трех и более подтипов подразумевается ряд последовательного доминирования $A_1 > A_2 >$

$A_3 > \dots > A_k$, т. е. сочетания $A_1 A_2$, $A_1 A_3 \dots A_1 A_k$ проявляются как A_1 , а сочетания $A_2 A_3$, $A_2 A_4 \dots A_2 A_k$ —

фенотипически как А₂ и т. д.

Из таблицы следует, что при распаде m типов ($m \leq N$) на К₁, К₂... К _{m} соответственно для первого, второго и третьего распавшегося типа общее количество фенотипов составит: $n = 2^{N-m}(K_1+1) (K_2+1) \times (K_3+1) \dots (K_m+1)$; или в общем виде

$$n = 2^{N-m} \prod_{i=1}^m (K_i+1),$$

- N — количество типов антигенов (факторов), или порядковый номер последнего типа;
- m — количество типов антигенов, представленных несколькими подтипами;
- K — количество подтипов в каждом из m типов;
- Π — знак произведения;
- n — теоретически возможное количество разных фенотипов.

Например, для С-системы (группы крови) крупного рогатого скота расчет общего количества теоретически возможных фенотипов будет выглядеть так:

Тип и подтип антигенов	Порядковый номер	Количество подтипов, K_i
C—	0	
C ₁ , C ₂	1	K ₁ =2 (C ₁ ; C ₂)
E	2	
W	3	
X ₁ , X ₂	4	K ₂ =2 (X ₁ ; X ₂)
C	5	
L	6	
R ₁ , R ₂	7	K ₃ =2 (R ₁ ; R ₂)

Всего $N=7$ $m=3$

$$n = 2^{N-m}(K_1+1) (K_2+1) (K_3+1) = 2^{7-3} \cdot 3 \cdot 3 \cdot 3 = 432.$$

Разумеется, не все из 432 теоретически возможных фенотипов встречаются в действительности, а лишь те, которые могут сочетаться в силу аллельности определенных генов или их сцепления. Данные о количестве теоретически возможных фенотипов могут быть использованы при оценке возможностей определения аллельности генов и количества аллелей в локусе при условиях последовательного доминирования в подтипах и кодоминирования типов. Предложенный подход позволяет решить задачу и в более сложных случаях.

Статья поступила 2 марта 1992 г.