

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 групп крови необходимо знать точное количество теоретически возможных фенотипов по отдельным сочетаниям уже изученных антигенов в каждой конкретной системе групп 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 подтипами 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 запрограммировать 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 —  $A_1$  и  $A_2$ , причем  $A_1$  доминирует над  $A_2$ , т. е. сочетание  $A_1A_2$  проявляется фенотипически как  $A_1$ . В

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>а) Без распада на подтипы</i>				
* —	0	1	а	
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	$2^{N-1}$		$2^N$
<i>б) При распаде одного типа (A) на <math>K_1 (K_1=2)</math> подтипов (<math>A_1 &gt; A_2 &gt; \dots &gt; A_{K_1}</math>)</i>				
—	0	1	а	
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; $CBA_1 \dots CBA_2$	
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 <math>K_1</math> и <math>K_2</math> подтипов (<math>K_1=2; K_2=2</math>)</i>				
—	0	1	а	
A	1	$2^0 K_1$	$A_1; A_2$	
B	2	$2^0 (K_1 + 1)$	B; $BA_1 \dots BA_2$	
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	$2^1 (K_1 + 1) * (K_2 + 1)$		
⋮	⋮	⋮		
P		$2^{N-3} * (K_1 + 1) (* K_2 + 1)$		$2^{N-2} * (K_1 + 1) (* K_2 + 1)$

\* — 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  $A_2$  и т. д.

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

$\Pi$  — 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.