

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации  
Красноярский государственный аграрный университет

# ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ

МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ  
К ПРАКТИЧЕСКИМ ЗАНЯТИЯМ

Ворона / Ткачёвы  
ДРЕВО РОДА

Красноярск 2014

*Рецензент*

*О.В. Злотникова, канд. биол. наук, доцент кафедры экологии  
и естествознания ФГБОУ ВО «КрасГАУ»*

*Четвертакова, Е.В.*

**Теоретические основы селекции:** метод. указания к практ. занятиям / Е.В. Четвертакова; Краснояр. гос. аграр. ун-т. – Красноярск, 2014. – 74 с.

Содержатся разработки практических занятий, словарь, приложения.

Предназначено для студентов и магистрантов Института ПБиВМ очной и заочной форм обучения. Может быть использовано в процессе подготовки студентов по направлению 36.03.02 «Зоотехния» и магистрантов по направлению 36.04.02 «Зоотехния» по курсу «Теоретические основы селекции».

Печатается по решению редакционно-издательского совета  
Красноярского государственного аграрного университета

© Четвертакова Е.В., 2014  
© Красноярский государственный  
аграрный университет, 2014

## ОГЛАВЛЕНИЕ

Введение	5
МОДУЛЬ 1. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ	7
<i>МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 1. ВВЕДЕНИЕ В ТЕОРИЮ СЕЛЕКЦИИ</i>	7
Практическое занятие № 1 Применение вариационно-статистического метода при обработке массовых данных количественных и качественных признаков	7
<i>МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 2. ОТБОР И ЕГО ВЛИЯНИЕ НА СТРУКТУРУ ПОПУЛЯЦИИ</i>	23
Практическое занятие № 2. Сцепленное наследование	23
Практическое занятие № 3. Наследование признаков, сцепленных с полом	25
<i>МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 3. ФАКТОРЫ СЕЛЕКЦИИ</i>	29
Практическое занятие № 4. Построение вариационного ряда	29
Практическое занятие № 5. Коэффициент корреляции	33
Практическое занятие № 6. Коэффициент корреляции для альтернативных признаков $r_a$ .	38
Практическое занятие № 7. Коэффициент связи $\rho$ между качественными признаками	39
Практическое занятие № 8. Ранговый коэффициент корреляции	43
Практическое занятие № 9. Коэффициент регрессии	46
<i>МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 4. СЕЛЕКЦИЯ СКОТА ПО ВОСПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫМ СПОСОБНОСТЯМ</i>	48
Практическое занятие № 10. Применение популяционного метода в практике селекции	48
Практическое занятие № 11. Анализ результатов скрещиваний при взаимодействии аллельных генов и множественном аллелизме	57
Глоссарий	61
Литература	72
Приложения	73

## ВВЕДЕНИЕ

Современная селекция базируется на достижениях генетики и является основой эффективного высокопродуктивного сельского хозяйства и биотехнологии.

Поставленные задачи интенсификации животноводства требуют применения более современных методов племенной работы, позволяющих полнее реализовать не только генетические возможности наследственности, но и комбинативный эффект генотипов мировых ресурсов домашних животных. В основу системы генетического совершенствования пород сельскохозяйственных животных, наряду с селекцией по фенотипу, должна быть положена углубленная оценка генотипа, целенаправленный поиск удачных сочетаний пар и пород при скрещивании. Создание особей с новыми генотипами накладывает очень большую ответственность на селекционеров, которые должны уметь делать прогнозы. Для успешного решения этих задач необходимо освоение логики генетического анализа.

Понимание принципов генетического анализа основано, с одной стороны, на знании закономерностей наследования признаков и свойств наследственности, с другой – биологии объекта. Поэтому курс «Теоретические основы селекции» читается после курсов «Генетика с основами биометрии», «Биотехнология», «Разведение сельскохозяйственных животных» и, опираясь на них, свободно оперирует всеми генетическими понятиями.

Курс знакомит студентов и магистрантов с методами и направлениями селекционной работы в животноводстве.

Цель курса – ознакомиться с принципами и методами анализа генотипа отдельных особей и генотипической структурой популяций (пород), выработать логику при анализе результатов генетического эксперимента, освоить арсенал современной теории племенного дела, уметь практически использовать теоретические знания в племенной работе со стадом.

Задачи дисциплины:

- глубокое освоение принципов наследования хозяйственно-полезных признаков у животных;
- обобщение и оценка классических методов селекции;
- изучение статистических закономерностей изменчивости варьирующих признаков у животных;

- упрочнение знаний техники расчетов статистических характеристик количественной и качественной изменчивости;
- ознакомление с методом корреляционно-регрессионного анализа и использование его в племенной работе;
- выявление количественных связей между продуктивностью животных и факторами среды;
- использование генетического анализа в практике селекции разных видов животных.

В издании уделяется большое внимание генетике количественных признаков. Студенты и магистранты знакомятся с гибридологическим, генетико-статистическим (популяционным) анализом количественных признаков.

# МОДУЛЬ 1

## ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ

### *МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 1*

#### *ВВЕДЕНИЕ В ТЕОРИЮ СЕЛЕКЦИИ*

#### **Практическое занятие № 1**

### **Применение вариационно-статистического метода при обработке массовых данных количественных и качественных признаков**

**Цель работы** – научиться применять вариационно-статистические методы при обработке массовых данных количественных и качественных признаков.

В селекции признаки делятся на простые (1 категории), строго дифференцированные действием одного или нескольких генов, и сложные (2 категории), обусловленные влиянием большого числа генов.

Признаки первой категории носят название качественные, или моногенные, например, окраска волоса, рогатость и комолость, полиморфные системы белков и ферментов, группы крови, некоторые наследственные уродства и т. д., а второй категории – количественные, или полигенные, например, яйценоскость, молочная продуктивность, состав молока, промеры тела, показатели воспроизводительной способности и т. д.

Принципиальных различий между качественными и количественными признаками нет, если не считать того, что в случае качественного описания есть хорошо различимые альтернативы, а в случае количественной оценки, как правило, выстраивается непрерывный ряд фенотипических проявлений признака.

Количественным признакам невозможно дать точной качественной характеристики. По таким признакам между индивидуумами наблюдаются постепенные малозаметные переходы, а при расширении не образуются четко выделяемые фенотипические классы. Другими словами, изменчивость подобных признаков является непрерывной. Непрерывная вариация количественного признака в популяции объясняется, прежде всего, действием многих генов, которые носят название полигены. Каждый из полигенов оказывает незначительное влияние на изменчивость количественного признака.

Среди полигенных признаков выделяют пороговые признаки,

которые проявляются лишь при достижении минимального порога действия генов.

При обработке массовых данных количественных признаков применяют вариационно-статистический метод. Он позволяет систематизировать и обрабатывать данные специальных экспериментов, первичные данные учета в животноводстве и других областях сельского хозяйства.

Математический анализ массовых данных находит широкое применение при решении теоретических и практических вопросов генетики, селекции и племенного дела.

### Средняя арифметическая ( $\bar{X}$ )

Средняя арифметическая – показатель средней величины признака данной группы особей. При  $n < 30$  особей в группе  $\bar{X}$  вычисляется по следующей формуле:

$$\bar{X} = \frac{x_1 + x_2 + x_3 + \dots + x_p}{n},$$

где  $\bar{X}$  – средняя арифметическая;

$x_1, x_2, x_3$  и т. д. – величина признака (вариант);

$n$  – численность вариантов.

Например, высота в холке у коров симментальской породы составляет в сантиметрах: 131, 135, 138, 140, 139, 141.

$$\bar{X} = (131 + 135 + 138 + 140 + 139 + 141) \div 6 = 135,5 \text{ см.}$$

Если выборка многочисленна, то есть  $n > 30$ , то сначала составляют вариационный ряд, а вычисление средней арифметической производят методом отклонения от условной средней по формуле

$$\bar{X} = A + K \times \frac{\sum fa}{n},$$

где  $A$  – условная средняя;

$a$  – отклонение классов от класса, в котором находится условная средняя;

$fa$  – поправка или величина, на которую отличается условная средняя ( $A$ ) от средней арифметической ( $\bar{X}$ );

$K$  – классовый промежуток;

$n$  – число вариантов.

## Средний удой на фуражную корову

В некоторых случаях при вычислении средней арифметической, например при расчете среднего удоя на одну фуражную корову, общая сумма значений признака делится не на число слагаемых признаков, а на другие величины.

*Пример.* От 16 коров, закрепленных за одной дояркой в сумме за год получили 86387 кг молока. При этом одна первотелка переведена в группу коров 1 октября и за год была в ней всего 92 дня, другая первотелка переведена в группу коров 1 августа и была в группе 163 дня, две старые коровы выбракованы: одна из них была в группе 35, а другая – 107 дней. Средний удой на фуражную корову в данном случае рассчитывают следующим образом:

$$\bar{X} = \frac{86387}{(365 \times 12 + 92 + 163 + 35 + 107) \div 365} = \frac{86387}{13,08} = 6604,5.$$

В подобных случаях при вычислении средних общую сумму дат (весь удой от группы коров за год) делят не на число коров, давших это молоко, а на пересчетную величину: на число фуражных коров. Для разобранный примера число корово-дней равно:  $365 \times 12 + 92 + 163 + 35 + 107 = 4777$ , а число фуражных коров:  $4777 : 365 = 13,08$ .

## Средний выход продуктов

*Пример.* На мясокомбинате за сутки переработано 1000 овец. Требуется определить фактический выход мяса. Для этой цели суммарный вес туш относят к суммарному весу животных переработанной группы. Оказалось, что первая сумма  $\sum V_1 = 45\ 862$  кг, вторая сумма  $\sum V_2 = 102\ 781$  кг. Средний выход в данном случае рассчитывают как отношение сумм:

$$\bar{X} = \frac{\sum V_1}{\sum V_2} \times 100 = \frac{45862}{102781} \times 100 = 44,62\%.$$

*Пример.* При переработке десяти подопытных свиней получены данные, указанные в таблице 1.

При проведении экспериментов индивидуальный выход продукции можно рассматривать как показатель качества отдельных подопытных животных. Чтобы выявить среднее качество группы, надо сумму индивидуальных показателей разделить на их число, то есть получить среднюю арифметическую обычным способом:

$$\bar{X} = \frac{\sum \left( \frac{V_2}{V_1} \times 100 \right)}{n} = \frac{10,2 + 6,1 + 7,0 + 11,9 + 10,7 + 7,4 + 6,3 + 9,9 + 6,4 + 9,2}{10} \times 100 = 8,51.$$

Таблица 1 – Выход сала-сырца от группы свиней

Показатель	Номер животного										Итого
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Приемный живой вес, $V_1$	121	135	128	124	127	132	130	123	129	124	1274
Вес сала-сырца, $V_2$	12,4	8,2	9,0	14,9	13,6	9,8	8,2	12,2	8,3	11,4	108,0
Выход сала, %	10,2	6,1	7,0	11,9	10,7	7,4	6,3	9,9	6,4	9,2	-

Если же требуется выход продукции, полученный в эксперименте, сравнить с выходом, получаемым в производстве, или с плановым, то средний выход должен быть рассчитан так, как это делается в производстве, то есть как отношение сумм:

$$\bar{X} = \frac{\sum V_2}{\sum V_1} \times 100 = \frac{108}{1274} \times 100 = 8,48\%.$$

### Средние для неизмеряемых признаков

Средний ранг (непараметрическую среднюю) определяют для тех признаков, для которых еще не найдены способы количественного измерения. По степени проявления признаков особи могут быть ранжированы, то есть расположены в порядке усиления (или ослабления) выраженности признака. Порядковый номер объекта в таком ряду называется его рангом.

*Пример.* В звероводческом хозяйстве, разводящем голубых но-

рок, получено от двух самцов и одной группы самок 20 щенков с различной окраской меха – от почти белого до темно-голубого. Требуется выяснить, какой из самцов дает в потомстве более темную окраску меха. Затруднением при этом является то обстоятельство, что нет способа измерения интенсивности окраски волоса у норок.

Все потомки оцениваемых самцов были распределены в ранжированный ряд в порядке усиления серого цвета, причем при каждом порядковом номере (ранге) такого ряда был поставлен номер отца (I, II).

Ранг	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Но- мер отца	I	II	I	II	I	I	II	I	I	I	II	I	II	II	II	II	I	II	II	II

На основании такого ряда можно рассчитать средние ранги окраски в потомстве каждого производителя и по этим показателям сравнить их:

$$\bar{X}_1 = \frac{1+3+5+6+8+9+10+12+17}{9} = \frac{71}{9} = 7,9,$$

$$\bar{X}_2 = \frac{2+4+7+11+13+14+15+16+18+19+20}{11} = \frac{139}{11} = 12,6.$$

Таким образом, потомство второго производителя имело в среднем более темную окраску.

### **Взвешенная средняя арифметическая**

Обычно, чтобы рассчитать среднюю арифметическую, складывают все значения признака и полученную сумму делят на число дат. В этом случае каждое значение входит в сумму одинаковым образом, увеличивая ее на полную свою величину. Однако это не всегда возможно. Иногда значения признака должны входить в сумму с неодинаковой поправкой. Эта поправка, выраженная определенным множителем, называется математическим весом значения. Средняя, рассчитанная для значений признака с неодинаковыми весами, называется взвешенной средней. Взвешенную среднюю арифметическую рассчитывают по следующей формуле:

$$\bar{X}_{\text{взв}} = \frac{\sum V_p}{\sum P} = \frac{V_1 P_1 + V_2 P_2 + \dots + V_n P_n}{P_1 + P_2 + \dots + P_n},$$

где  $V$  – значение признака, дата;

$p$  – математический вес усредняемого значения.

Чтобы рассчитать взвешенную среднюю арифметическую, необходимо каждое значение признака помножить на его вес, все эти произведения сложить и полученную сумму разделить на сумму весов.

*Пример.* В 100 кг кормовой смеси содержится следующее количество отдельных кормов:

Корм	Количество корма, кг	Содержание переваримого протеина, %
Сено	50	3
Резаная солома	10	1
Жмых подсолнечниковый	20	33
Отруби пшеничные	20	11

Требуется определить содержание переваримого протеина в смеси.

Для решения этой задачи необходимо рассчитать взвешенную среднюю арифметическую. Значениями признака будет содержание переваримого протеина в каждом корме: 3, 1, 33 и 11%, а их математическими весами – физические веса кормов, входящих в смесь: 50, 10, 20 и 20 кг. Содержание в смеси переваримого протеина:

$$\bar{X}_{\text{взв}} = \frac{3 \times 50 + 1 \times 10 + 33 \times 20 + 11 \times 20}{50 + 10 + 20 + 20} = \frac{1040}{100} = 10,40\% .$$

Таким образом, в каждом килограмме смеси содержится 10,4% или 104 г переваримого протеина. Так же рассчитывают средний выход продукта по нескольким партиям сырья.

## Определение среднего процента жира в молоке

В качестве индивидуальной характеристики жирномолочности каждой коровы принята взвешенная средняя арифметическая из измерений процента жира в молоке в пробах за два смежных дня в каждом месяце лактации. Определение этой характеристики можно показать на следующем примере.

*Пример.* Лактация коровы началась 20 марта 2011 года и закончилась 17 февраля 2012 года. Продолжительность лактации 334 дня. Удой за всю лактацию составил 4160 кг, за последние 34 дня надоено 190 кг, поэтому удой за 300 дней лактации равен  $4160 - 190 = 3970$  кг. Удой по месяцам и процент жира в молоке показаны в таблице 2.

*Таблица 2 – Определение среднего процента жира в молоке*

Показатель	Месяц					
	III	IV	V	VI	VII	VIII
Число дойных дней	11	30	31	30	31	31
Процент жира в молоке, $V$	3,8	3,9	3,9	3,9	4,0	4,0
Удой (кг), $p$	180	570	510	480	450	420
Однопроцентное молоко, $Vp$	684	2223	1989	1872	1800	1680

Окончание табл. 2

Показатель	Месяц					
	IX	X	XI	XII	I	$\Sigma$
Число дойных дней	30	31	30	31	14	300
Процент жира в молоке, $V$	4,1	4,1	4,2	4,4	4,5	-
Удой (кг), $p$	390	330	300	240	100	3970
Однопроцентное молоко, $Vp$	1599	1353	1260	1056	450	15966

В данном случае значением признака был процент жира в молоке по месяцам, математическим весом – месячные удои. Средний процент жира в молоке за 300 дней лактации вычисляют делением количества однопроцентного молока (сумма произведений процента жира по месяцам на месячные удои) на удой за 300 дней:

$$\bar{X}_{\text{взв}} = \frac{\sum V_p}{\sum p} = \frac{15966}{3970} = 4,02\%.$$

Таким образом, средний процент жира в молоке составил 4,02%.

## **Показатели изменчивости признака в совокупностях**

Средняя величина характеризует одним общим показателем всю группу в целом и поэтому совершенно не учитывает разнообразия особей по изучаемому признаку.

Всякая группа состоит из неодинаковых особей, отличающихся друг от друга по каждому признаку. Различия эти иногда очень велики, иногда они почти незаметны; практически невозможно найти даже двух абсолютно одинаковых особей. Поэтому объединение неодинаковых особей – основное групповое свойство, называемое разнообразием.

Степень разнообразия животных далеко не безразлична для зооинженера.

В начале создания новых пород, породных групп, линий важно знать степень разнообразия исходного материала, так как чем разнообразнее племенные группы, тем больше имеется возможности для отбора и подбора.

При завершении этих работ наряду с повышением среднего качества хозяйственно полезных признаков требуется уменьшение разнообразия, создание однородных групп по экстерьерным признакам, по качеству шерсти и т. д. Поэтому зооинженеру совершенно недостаточно одних средних показателей при изучении групп скота, необходимы еще и показатели разнообразия.

В зоотехнии используются три показателя разнообразия: лимиты, среднее квадратическое отклонение и коэффициент вариации.

### **Лимиты**

Лимиты показывают размах значений и тем самым характеризуют разнообразие признака в группе. Они отмечают наивысший показатель продуктивности, имеющийся в исследуемой группе, что представляет значительный интерес при обследовании животных с точки зрения хозяйственно полезных признаков: обильномолочности, жирномолочности, мясности, шерстности и т. д. В то же время лимиты отмечают и наличие наименее продуктивных животных, нерентабельных для хозяйства. Поэтому лимиты представляют боль-

шой интерес даже при наличии других, более точных показателей разнообразия.

Предположим, в двух хозяйствах имеется по пять быков, живой вес (кг) которых указан ниже:

1-е хозяйство	640	645	650	655	660	$\bar{X}_1=650$
2-е хозяйство	610	630	650	670	690	$\bar{X}_2=650$

Средний живой вес быков в обоих хозяйствах одинаков:  $\bar{X}_1=650$  и  $\bar{X}_2=650$  кг, но в первом хозяйстве разнообразие по этому признаку гораздо меньше, чем во втором. В приведенном примере лимиты таковы:  $\text{lim}=640-660$ ;  $\text{lim}=610-690$ .

### Среднее квадратическое отклонение

Среднее квадратическое отклонение ( $\sigma$ ) служит основным показателем разнообразия значений признака в группе. Используется сигма и как самостоятельный показатель и как основа для конструирования многих других показателей биометрии – коэффициента вариации, ошибок репрезентативности, различных показателей распределения, коэффициентов корреляции и регрессии, элементов дисперсионного анализа, формул регрессии.

Сигма – показатель именованный и выражается в тех же единицах, что и средняя величина.

Чем больше сигма, тем выше изменчивость признака. Сигма имеет два знака «+» и «-». Это свидетельствует об отклонении вариант от средней арифметической как в положительную, так и в отрицательную сторону. При небольшом числе вариант сигма вычисляется по формуле

$$\sigma = \pm \sqrt{\frac{\sum (x - \bar{x})^2}{n - 1}}$$

*Пример.* Вычислить квадратическое отклонение по данным о живой массе при рождении десяти поросят из помета одной свиноматки (табл. 3).

Таблица 3 – Вычисление среднего квадратического отклонения прямым способом (при  $n < 30$ )

Живая масса поросят, кг x	Отклонения $X - \bar{X}$	Квадраты отклонений $(X - \bar{X})^2$
1,2	-0,15	0,0225
1,5	+0,15	0,0225
1,1	-0,25	0,0625
1,3	-0,05	0,0025
1,4	+0,05	0,0025
1,3	-0,05	0,0025
1,4	+0,05	0,0025
1,4	+0,05	0,0025
1,3	-0,05	0,0025
1,6	+0,25	0,0625
$\bar{X} = 13,5/10 = 1,35$	$\sum (X - \bar{X}) = 0$	$\sum (X - \bar{X})^2 = 0,1850$

В первую графу вписывают варианты (массу поросят при рождении). Суммировав их и разделив сумму на число вариантов, получают среднюю арифметическую массу поросенка ( $\bar{X}$ ):

$$\bar{X} = \sum x/n = 13,5/10 = 1,35 \text{ кг.}$$

Затем надо вычесть  $\bar{X}$  из каждой варианты и разности ( $X - \bar{X}$ ), т. е. отклонения вариант от средней, вписать во вторую графу. Для проверки правильности вычисления суммируют все разности ( $X - \bar{X}$ ): сумма должна равняться нулю. Затем каждое отклонение возводят в квадрат и вписывают квадраты отклонения  $(X - \bar{X})^2$  в третью графу и суммируют. Находим сигму по вышеприведённой формуле.

$$\sigma = \pm \sqrt{\frac{0,1850}{10 - 1}} = \pm 0,143 \text{ кг.}$$

Сигма является показателем разнообразия, поэтому согласно правилу трех сигм, почти все варианты укладываются в интервал от  $-3\sigma$  до  $+3\sigma$ . В данном примере масса поросят в генеральной совокупности должна находиться в пределах:  $x \pm 3\sigma = 1,35 \pm 3 \times 0,14$  или  $1,35 - (3 \times 0,14)$  и  $1,35 + (3 \times 0,14)$ , т. е. между 0,92 и 1,78 кг, что соответствует действительности.

## Определение среднего квадратического отклонения в больших выборках

Среднее квадратическое отклонение при больших выборках ( $n > 30$ ) определяют с помощью вариационного ряда по формуле

$$\sigma = \pm K \sqrt{\frac{\sum fa^2}{n} - \left(\frac{\sum fa}{n}\right)^2},$$

где  $K$  – классовой промежуток;

$f$  – число особей (частот) в каждом классе;

$a$  – условное отклонение классов от среднего (нулевого) класса;

$n$  – число особей (вариант) в выборке.

*Пример.* Вычислить среднее квадратическое отклонение суточных удоев (кг) 100 коров черно-пестрой породы. Вычисление среднего квадратического отклонения производится аналогично вычислению средней арифметической, дополнительно необходимо произвести определение  $\sum fa^2$ , поэтому к записанным уже при вычислении  $\bar{X}$  столбцам частот ( $f$ ), отклонений ( $a$ ), их произведений ( $fa$ ), следующим столбцом записываются произведения частот на квадраты отклонения ( $fa^2$ ).

*Таблица 4 – Вычисление среднего квадратического отклонения суточных удоев (кг) 100 коров черно-пестрой породы*

Класс по суточному удою	Класс (середина)	Разноска	Частота (f)	Отклонение (a)	fa	fa <sup>2</sup>
11–12,9	12		3	–4	–12	48
13–14,9	14		6	–3	–18	54
15–16,9	16		10	–2	–20	40
17–18,9	18		15	–1	–15	15
19–20,9	A=20		24	0	0	0
21–22,9	22		19	+1	19	19
23–24,9	24		14	+2	28	56
25–26,9	26		6	+3	18	54
27–28,9	28		2	+4	8	32
29–31,0	30		1	+5	5	25
			n=100		$\sum fa=+13$	$\sum fa^2=343$

Затем производится их суммирование, то есть определяется  $\sum fa^2$ . В данном примере  $\sum fa^2=343$ . Теперь имеются все необходимые данные для вычисления сигмы в больших выборках.

$$\sigma = \pm 2 \sqrt{\frac{343}{100} - \left(\frac{13}{100}\right)^2} = \pm 3,68 \text{ кг.}$$

Среднее квадратическое отклонение равно  $\sigma \pm 3,68$  кг молока. Вычисления показывают, что в пределах  $\bar{x} \pm 1\sigma$  находится 68% вариант совокупности, в пределах  $\bar{x} \pm 2\sigma$  – 95,5% вариант, а в пределах  $\bar{x} \pm 3\sigma$  – 99,7%, то есть практически все варианты.

Крайние значения – лимиты – в генеральной совокупности будут находиться в пределах  $\bar{x} \pm 3\sigma$ , то есть для нашего примера:

$$\bar{x} + 3\sigma = 20,26 + 3 \times 3,68 = 20,26 + 11,04 = 31,30 \text{ кг;}$$

$$\bar{x} - 3\sigma = 20,26 - 3 \times 3,68 = 20,26 - 11,04 = 9,22 \text{ кг.}$$

### **Определение коэффициента изменчивости**

Поскольку среднее квадратическое отклонение – величина именованная, а не относительная, то по ней можно судить о величине изменчивости лишь одноименных признаков. При сравнении же изменчивости различных признаков используют относительный показатель изменчивости (коэффициент вариации) –  $C_v$ , определяемый путем деления  $\sigma$  на среднюю величину  $\bar{x}$ :

$$C_v = \frac{\sigma}{\bar{x}} \times 100\%.$$

Коэффициент вариации выражает степень изменчивости признака в процентах от величины средней арифметической.

### **Ошибки средних величин**

Исследование больших групп животных может быть разным. Можно использовать всех животных данного массива или изучить лишь небольшую отобранную часть животных – выборочное исследование.

Количество интересующих исследователей особей (вариант) называется генеральной совокупностью. Объем генеральной совокупности определяется задачами исследования. Если требуется изучить какую-нибудь породу, то генеральной совокупностью будет весь скот

этой породы, если же надо изучить, например, живую массу бычков этой породы в возрасте одного года, то генеральной совокупностью будут только годовалые бычки данной породы.

В производственных условиях чаще всего проводится выборочное исследование, например, надо определить удои дочерей быка и сделать заключение, получают ли от данного производителя потомство с более высокой молочной продуктивностью по сравнению с потомством, полученным от другого быка-производителя, и решить вопрос о дальнейшем его использовании в данном хозяйстве. Практически произвести сплошное обследование всех дочерей этого быка невозможно. В данном случае применяется выборочное исследование. По отношению к имеющимся дочерям вычисленные средние величины будут точными, но, характеризуя этими средними всех дочерей данного быка, с учетом рождения, допускаем определенную ошибку.

Эти ошибки называются ошибками выборочного метода, так как они свойственны только выборочному биометрическому методу исследования.

Вычисление этих ошибок необходимо для правильного суждения о средних величинах  $\bar{X}$ ,  $\sigma$ ,  $C_V$  при характеристике ими всего массива особей.

Вариационной статистикой установлено, что средняя арифметическая генеральной совокупности  $\bar{X}$  лежит в пределах  $\pm m$  от средней арифметической  $\bar{X}$ , то же для  $\sigma$  и  $C_V$ .

Ошибка средней арифметической  $m_{\bar{X}}$  вычисляется по формуле

$$m_{\bar{X}} = \pm \frac{\sigma}{\sqrt{n}}.$$

Ошибка зависит от изменчивости и численности вариантов. Чем больше изменчивость, тем больше ошибка, и наоборот, чем больше численность, тем меньше ошибка указанных величин.

Ошибка среднего квадратического отклонения вычисляется по формуле

$$m_{\sigma} = \pm \frac{\sigma}{\sqrt{2 \times n}}.$$

### **Ошибка выборочной разности**

В биометрических исследованиях исключительное значение имеет разность – результат вычитания одной величины из другой. По раз-

ности производится сравнение отдельных животных или групп между собой и намечается дальнейшее их использование. По разности между признаками потомков и признаками матерей (или других групп) определяют качество производителей. По разности между контрольной и опытной группами судят об эффективности опыта и т. д.

Вопрос достоверности разности не возникает там, где сравниваются две генеральные совокупности, но он необходим, когда сравнение проводят между двумя выборками.

Для правильного суждения о разности необходимо вычислить ошибку выборочной разности:

$$m_d = \pm \sqrt{m_1^2 + m_2^2},$$

где  $m_d$  – ошибка выборочной разности;

$m_1^2$  – ошибка средней арифметической признака одной группы;

$m_2^2$  – ошибка средней арифметической признака другой группы.

Затем устанавливают критерий достоверности разности  $t_d$ :

$$t_d = \frac{d}{m_d},$$

где  $t_d$  – критерий достоверности разности;

$d$  – разность между средними арифметическими;

$m_d$  – ошибка выборочной разности.

Достоверность разности определяется по таблице Стьюдента (приложение А), в которой приведены значения числа степеней свободы ( $\nu$ ),  $\nu = n_1 + n_2 - 2$ .

За минимальный порог достоверности принимается первый порог. Если критерий достоверности разности равен или превышает первый порог, то это значит, что надежность не менее 0,95 (то есть разность достоверна в 95 случаях из 100). Если критерий равен или превышает второй или третий порог, то надежность равна 0,99 и 0,999 (то есть разность достоверна в 99 случаях из 100 или достоверна в 999 случаях из 1000).

### Задачи

1. Вычислить ошибку средней арифметической по следующим данным:

$X_1 = 450$	$\sigma_1 = 75$	$n_1 = 90$
$X_2 = 450$	$\sigma_2 = 40$	$n_2 = 90$
$X_3 = 450$	$\sigma_3 = 120$	$n_3 = 90$

2. Живая масса десяти телят при рождении составила: 35,0; 29,0; 31,0; 36,5; 28,7; 30,5; 29,5; 31,0; 34,0 кг. Вычислите среднюю живую массу этих телят, ее ошибку и среднюю генеральной совокупности.

3. При обработке данных опыта по изучению эффективности микроэлементов при откорме свиней получены следующие результаты: средняя живая масса свиней опытной группы – 101 кг, контрольной – 94 кг. Средние ошибки соответственно:  $m_1 = 4,5$  кг,  $m_2 = 6,0$  кг. Достоверно ли влияние микроэлементов на интенсивность прироста живой массы свиней?

4. Вычислите  $\bar{x}$ ,  $m$ ,  $\sigma$ ,  $C_v$  скорости молокоотдачи (кг/мин.) коров красно-пестрой породы.

2,1	1,8	2,4	2,6
1,6	1,9	2,0	2,4
2,4	2,8	2,5	2,1
1,9	1,6	2,5	1,8
2,5	1,6	1,5	2,7

5. Вычислите  $\bar{x}$ ,  $\sigma$ ,  $m$ ,  $C_v$  по данным яйценоскости кур за месяц.

26	27	25	25
27	25	25	24
23	23	27	20
27	27	24	19
24	25	28	19
23	26	22	30

6. На основе правила трех сигм определите величину среднего квадратического отклонения по показателям живой массы поросят при рождении (в кг):

1,20	1,30	1,10
0,95	1,35	1,60
1,10	1,40	1,55
0,90	1,20	1,65

7. Сопоставьте однородность двух групп животных по живой массе:  $\bar{x}_1 = 450$  кг,  $\bar{x}_2 = 540$  кг; лимиты первой –  $\lim_{\min} = 450$  и  $\lim_{\max} = 670$  кг, второй –  $\lim_{\min} = 380$  и  $\lim_{\max} = 610$  кг.

8. Определите и сопоставьте коэффициенты вариации живой массы взрослых коров ( $\bar{X}_1 = 450$  кг,  $\sigma_1 = 52$  кг) и телят при рождении ( $\bar{X}_2 = 28$  кг,  $\sigma_2 = 2,5$  кг).

9. По суточным удоям оцените двух первотелок. Первая на втором месяце дает 12,5 кг молока, вторая на шестом – 5,5 кг. Среднесуточный удой всех первотелок за первый месяц лактации составляет  $\bar{X}_1 = 9$  кг ( $\sigma_1 = 2,5$  кг), за шестой –  $\bar{X}_2 = 4,6$  кг ( $\sigma_2 = 1,5$  кг). Путем сравнения нормированного отклонения дайте оценку обильномолочности.

10. Используя нормированное отклонение, сделайте заключение о качестве трех дочерей одного быка-производителя, сравнив их со сверстницами.

Группа	Удой за лактацию, кг		Содержание жира в молоке, %	
	$\bar{X}$	$\sigma$	$\bar{X}$	$\sigma$
Сверстницы	3750	480	3,80	0,4
Дочери быка				
Первая	3910	-	3,85	-
Вторая	4900	-	3,90	-
Третья	4390	-	3,91	-

11. Используя нормированные отклонения, сопоставьте удой за лактацию и жирномолочность помесных голштино-симментальских коров со средними показателями симментальских коров стада, удой которых равен 3150 кг,  $\sigma = 910$  кг, содержание жира в молоке 3,95%,  $\sigma = 0,25\%$ .

Кличка коровы	Удой за лактацию, кг	Жирномолочность, %
Липа	3820	3,86
Верба	4140	3,71
Сметанка	3110	4,10
Лада	4615	3,68

*МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 2*  
*ОТБОР И ЕГО ВЛИЯНИЕ НА СТРУКТУРУ ПОПУЛЯЦИИ*

**Практическое занятие № 2**

**Сцепленное наследование**

**Цель занятия** – научиться анализировать результаты скрещиваний при сцепленном наследовании.

Группу генов, локализованных в одной хромосоме, называют *группой сцепления*. Тип наследования генов, принадлежащих одной группе сцепления, называют *сцепленным*.

Установление факта сцепленного наследования двух генов свидетельствует о том, что они принадлежат одной группе сцепления.

Число групп сцепления у организмов равно гаплоидному числу хромосом. Исключение составляют высшие формы, у которых есть гетерогаметный пол, имеющий XY-хромосомы. X и Y хромосомы представляют собой две разные группы сцепления. Так, у человека  $2n=46$  хромосом, а групп сцепления 24:22 соответствуют 22 аутосомам и 2 – X- и Y-хромосомам.

**Задача.** При скрещивании кур, различающихся по окраске оперения (бурое-полосатое) и цвету ног (черные-желтые), получены следующие результаты.

P ♀ бурые, черные × ♂ полосатые, желтые	
F <sub>1</sub> ♀ полосатые, желтые : ♂ полосатые, желтые	
♀ полосатые, желтые × ♂ бурые, черные F <sub>2</sub> ♀ бурые, черные ♂ полосатые, желтые	♀ бурые, черные × ♂ полосатые, желтые ♀ и ♂ одинаковые: полосатые, желтые 35 % бурые, черные 35 % полосатые, черные 15 % бурые, желтые 15 %

Чем можно объяснить полное сцепление в наследовании признаков в одном из направлений реципрокных анализирующих скрещиваний?

Прежде всего обращает на себя внимание различие результатов

таких скрещиваний, следовательно, признаки сцеплены с полом. Если это так, то остается обозначить гены исходя из результатов, полученных в  $F_1$ : А – полосатое оперение, а – бурое, В – желтые ноги, в – черные, и записать скрещивание, используя символы половых хромосом.

$$\begin{array}{l}
 P \quad \text{♀ } Z^{ab}W \times \text{♂ } Z^{AB}Z^{AB} \\
 F_1 \quad \text{♀ } Z^{AB}W : \text{♂ } Z^{AB}Z^{ab} \\
 \\
 \begin{array}{l}
 \text{♂ } Z^{ab}Z^{ab} \times \text{♀ } (F_1) \\
 F_b \quad \text{♂ } Z^{AB}Z^{ab} \\
 \text{♀ } Z^{ab}W
 \end{array}
 \end{array}$$

$$\begin{array}{l}
 \text{♂ } (F_1) \times \text{♀ } Z^{ab}W \\
 \text{♂ } Z^{AB}Z^{ab}; \text{♂ } Z^{Ab}Z^{ab} \\
 \text{♂ } Z^{ab}Z^{ab}; \text{♂ } Z^{aB}Z^{ab} \\
 \text{♀ } Z^{AB}W; \text{♀ } Z^{Ab}W \\
 \text{♀ } Z^{ab}W \text{ (некроссоверные)} \\
 \text{♀ } Z^{aB}W \text{ (кроссоверные)}
 \end{array}$$

Согласно теоретически ожидаемым результатам, в одном из направлений должно быть полное сцепление, так как у самок гены Z-хромосом находятся в гемизиготном состоянии, рекомбинировать им не с чем, а потому в  $F_b$  образуется только две группы особей, различающихся по фенотипу. Иное дело в реципрокных скрещиваниях другого направления: у гетерозиготного самца пойдет кроссинговер.

Таким образом, причиной полного сцепления послужило гемизиготное состояние генов у особей ZW.

### Вопросы

1. Какое наследование называют сцепленным?
2. Чему равно число групп сцеплений у крупного рогатого скота, свиней, овец?
3. Какой процесс может нарушить сцепление генов?

### Задачи

12. В анализирующем скрещивании гибридного кролика (темного длинношерстного) получено потомство: темных длинношерстных – 244, белых длинношерстных – 24, темных короткошерстных – 27, белых короткошерстных – 254. Как наследуются признаки? Каковы генотипы родителей? Каково расстояние между локусами?

13. Скрещены две линии мышей: животные одной линии имеют извитую шерсть нормальной длины, другой – длинную, прямую. У гибридов шерсть нормальная прямая. В анализирующем скрещивании гибридов получено потомство: с нормальной прямой шерстью 27 мы-

шат, с нормальной извитой – 99, длинной прямой – 98, длинной извитой – 24. Как наследуются признаки? Каковы генотипы родителей?

14. У дрозофилы есть рецессивные мутаций – черное тело и редуцированные крылья. Вы имеете линию нормальных мух (серое тело, нормальные крылья) и линию с обоими рецессивными признаками. Какие скрещивания нужно произвести, чтобы узнать, сцеплены эти признаки или нет?

### **Практическое занятие № 3** **Наследование признаков, сцепленных с полом**

**Цель занятия** – научиться анализировать наследование признаков, сцепленных с полом.

Большинство высших организмов двуполые, они несут одинаковые хромосомы – аутосомы, и хромосомы, по которым различаются, – половые хромосомы. Причем один пол имеет одинаковые половые хромосомы (XX) и называется гомогаметным, а другой – разные (XY), называется гетерогаметным.

Половые хромосомы гетерогаметного пола, а им может быть и самка (птицы, бабочки), и самец (двукрылые насекомые – дрозофила, большинство млекопитающих), неодинаковы. Они различаются морфологически и очень часто Y-хромосома бывает короче X-хромосомы. Обе половые хромосомы богаты гетерохроматином, но особенно Y-хромосома. Гены половых хромосом можно разделить на три группы.

К первой относятся гены, которые локализованы только в Y-хромосоме. Это – голландрические (целиком мужские) или гологенетические (целиком женские) гены, что зависит от того, какой пол гетерогаметен. Признаки, детерминированные этими генами, наследуются только от отца к сыну или от матери к дочери. Примером может служить ген NY, определяющий пол (мужской у человека и женский у птиц). Обнаружив такой тип наследования признака, сразу же можно считать задачу локализации гена выполненной. Так, у некоторых рыб пятно на плавнике есть только у самцов и передается от отца к сыну; можно сразу постулировать, что ген, детерминирующий этот признак, локализован в Y-хромосоме. У человека описан признак – волосатые уши, который бывает лишь у мужчин и передается только от отца к сыну. Следовательно, ген, его обуславливающий, локализован в Y-хромосоме.

Гены второй группы локализованы только в X-хромосоме и отсутствуют в Y-хромосоме. Признаки, детерминируемые этими генами, называют «сцепленные с полом». К детерминации пола эти гены не имеют отношения, а признаки получили свое название только за то, что гены, их определяющие, локализованы в половой хромосоме. Характер наследования признаков, сцепленных с полом, отличается от всех других:

1) реципрочные скрещивания дают разные результаты;

2) в одном направлении скрещивания в  $F_1$  имеет место единообразие, а в другом – расщепление, причем дочери похожи на отца, а сыновья на мать (наследование крест-накрест, или крисс-кросс);

3) во втором поколении в том направлении скрещивания, где в  $F_1$  было единообразие, расщепление будет 3:1, по Менделю, с той только разницей, что 1/4 рецессивов составят особи одного пола; в другом направлении скрещивания в  $F_2$  расщепление по изучаемому признаку будет 1:1 среди самок и самцов. Если признак наследуется таким образом, то можно утверждать, что ген, детерминирующий его, локализован в X-хромосоме, а в Y-хромосоме такой аллели нет. К числу таких признаков относятся, например, гемофилия и дальтонизм у человека, узкие листья у дремы.

Третья группа генов, локализованных в половых хромосомах, не отличается от аутосомных, так как их аллели имеются и в X- и в Y-хромосоме. Как правило, между ними идет кроссинговер. Признаки, детерминируемые этими генами, называются частично сцепленными с полом. Характер их наследования также специфичен, что позволяет их легко локализовать в половых хромосомах. Наследование частично сцепленных с полом признаков отличается от наследования аутосомных (менделирующих) только тем, что в  $F_2$  при расщеплении по учитываемому признаку 3:1 1/4 особей с рецессивным признаком будет всегда одного пола, причем того, который обладал в исходном скрещивании рецессивным признаком (или внук будет таким, как дедушка, или у внучки проявится признак бабушки). Это значит, что результаты реципрочных скрещиваний будут различаться только в  $F_2$ . Примером может служить общая цветная слепота у человека.

Знание этих особенностей наследования дает возможность легко выявить признаки, детерминируемые генами, локализованными в половых хромосомах, то есть установить группу сцепления без каких-либо дополнительных скрещиваний.

*Пример.* При скрещивании кошек с разной окраской шерсти было получено следующее потомство.

P ♀ черные × ♂ рыжие	♀ рыжие × ♂ черные
F <sub>1</sub> ♀ черепаховые, ♂ черные	♀ черепаховые, ♂ рыжие
F <sub>2</sub> ♀ черепаховые и черные	♀ черепаховые и рыжие
♂ черные и рыжие	♂ черные и рыжие

Определите генотипы скрещиваемых форм и локализацию генов.

Если сравнить результаты реципрокных скрещиваний, то их различия не оставляют сомнения. Это свидетельствует о том, что гены, детерминирующие признаки, локализованы не в аутосомах. Следующая гипотеза – гены локализованы в половых хромосомах. Но, как известно, существует три группы таких генов. С каким из них имеем дело в этом случае? В первом скрещивании в F<sub>1</sub> и F<sub>2</sub> появились самки черепаховой окраски, которая определяется смесью черных и рыжих волос. Можно считать, что в этом случае в гетерозиготе проявляются признаки обоих родителей, то есть имеет место кодоминирование. Если это так, то результаты скрещивания легко объяснить, предположив, что аллели, детерминирующие черную и рыжую окраску, локализованы в X-хромосоме, отсутствуют в Y-хромосоме, т. е. признак окраски шерсти у кошек сцеплен с полом. Усложнение анализа: расщепление в F<sub>1</sub> связано с тем, что обе аллели проявляются в гетерозиготном фенотипе. Действительно, будь доминирование полным можно было бы ожидать единообразия в F<sub>1</sub> (все черные), в F<sub>2</sub> – расщепления 3:1, и рецессивные формы – только самцы, т. е. внуки в деда. Учитывая сказанное, можно записать генотипы: А – черная окраска; а – рыжая, обозначить половые хромосомы.

	P ♀ X <sup>A</sup> X <sup>A</sup>	×	♂ X <sup>a</sup> Y	
	черная		рыжий	
	F <sub>1</sub> ♀ X <sup>A</sup> X <sup>a</sup> ;		♂ X <sup>A</sup> Y	
	черепаховая		черный	
F <sub>2</sub> ♀ X <sup>A</sup> X <sup>A</sup> ;	♀ X <sup>A</sup> X <sup>a</sup> ;		♂ X <sup>a</sup> Y;	♂ X <sup>A</sup> Y
черные	черепаховые		рыжие	черные

Если наше предположение верно, то в другом направлении реципрокных скрещиваний можно записать ожидаемые результаты и сверить с полученными в опыте.

	P ♀ X <sup>a</sup> X <sup>a</sup>	×	♂ X <sup>A</sup> Y	
	рыжие		черные	
	F <sub>1</sub> ♀ X <sup>A</sup> X <sup>a</sup> ;		♂ X <sup>a</sup> Y	
	черепаховые		рыжие	
F <sub>2</sub> ♀ X <sup>A</sup> X <sup>a</sup> ;	♀ X <sup>a</sup> X <sup>a</sup> ;		♂ X <sup>a</sup> Y;	♂ X <sup>A</sup> Y
черепаховые	рыжие		черные	рыжие

Полное совпадение с условием задачи.

Следовательно, высказанная нами гипотеза о сцепленном с полом наследовании признака – окраска шерсти, была справедлива, а ген *A*–*a* локализован в X-хромосоме. Так, без дополнительных скрещиваний можно определить локализацию генов в половых хромосомах.

### Задачи

15. При скрещивании аквариумных рыбок *Oryzias latipes*, различающихся по окраске, получено следующее потомство.

P ♀ белые × ♂ розовые;  
 F<sub>1</sub> ♀ белые : ♂ розовые;  
 F<sub>2</sub> ♀ белые : ♂ розовые.

Розовых самок, как правило, не бывает. Какой тип наследования имеет место?

16. При скрещивании кур, различающихся окраской оперения, надо определить характер наследования, генотипы.

P ♀ золотистые × ♂ серебристые  
 F<sub>1</sub> серебристые

♀ золотистые × ♂ (F <sub>1</sub> ) серебристые	♀ (F <sub>1</sub> ) серебристые × ♂ золотистые
F <sub>b</sub> ♂, ♀ серебристые и золотистые	♀ золотистые; ♂ серебристые

17. Что получится при скрещивании самца гибрида F<sub>1</sub> (см. предыдущую задачу) с серебристым оперением с негибридной самкой той же окраски?

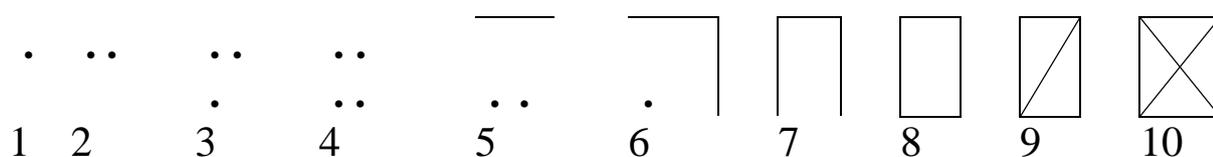
18. Если гибридную курицу F<sub>1</sub> (полученную от скрещивания самки с серебристым и самца с золотистым оперением) скрестить с петухом с золотистым оперением, то все потомство будет с золотистой окраской. Почему нет расщепления в F<sub>b</sub>?

19. Скрещивается белая курица с бурым петухом. В F<sub>1</sub> все цыплята черные, а в F<sub>2</sub> получено следующее расщепление: среди петухов



4. Определить границы классов. Минимальная величина признака в выборке ( $\lim_{\min}$ ) будет являться нижней границей первого класса ее можно округлить в сторону уменьшения до удобной величины. Прибавив к  $\lim_{\min}$  классовой промежуток, уменьшенный на 0,1 или 1, получим верхнюю границу первого класса. Затем к нижней границе первого класса прибавляем классовой промежуток, получим границу второго класса. Прибавив к нижней границе второго класса классовой промежуток, уменьшенный на 0,1 или 1, получим верхнюю границу второго класса и т. д.

5. Произвести разnosку вариант по классам и определить частоты по каждому классу –  $f$ . Разnosку вариант по классам производят по порядку их записи, ставя в классы вначале точки, а когда соберется четыре, соединяя их черточками в виде конверта.



Полученные отметки переводятся в числа, составляющие в таблице значение частот –  $f$ . Строка классов и строка частот образуют вариационный ряд, который подвергается обработке. Чтобы проверить, не пропущены ли при разnosке отдельные варианты, надо суммировать все показатели графы «частоты». Их сумма должна быть равна общему числу вариант в выборке –  $\sum f = n$ .

*Пример.* Определить среднюю арифметическую суточных удоев коров черно-пестрой породы по следующим данным ( $n=100$ ) (табл. 5).

Таблица 5 – Суточные удои коров черно-пестрой породы, кг

31,0	17,0	20,9	19,4	21,6	20,3	17,0	21,2	21,7	17,0
25,9	19,0	11,0	16,0	18,0	22,9	22,5	12,5	21,4	19,4
14,5	17,5	15,0	19,0	25,2	24,5	18,5	22,1	22,0	20,5
19,4	16,0	18,5	16,5	23,9	19,0	21,5	20,5	22,0	19,3
15,5	15,0	15,0	20,7	16,5	13,5	21,0	13,5	23,1	17,5
23,1	26,4	16,5	16,9	12,0	21,4	24,7	23,5	21,7	20,1
13,0	13,5	19,2	26,5	18,0	24,0	19,5	23,5	28,0	19,7
25,0	17,3	21,5	14,5	17,6	22,5	24,3	24,7	21,0	19,4
23,7	20,8	27,0	21,0	23,0	24,5	23,0	22,0	20,7	19,8
20,5	19,6	20,4	20,0	21,0	19,5	18,4	19,0	19,6	18,0

Находим, что  $\lim_{\min} = 11$  кг и  $\lim_{\max} = 31$  кг. Отсюда размах изменчивости суточного удоя составит:  $31 - 11 = 20$  кг. Эту разницу делят на число намеченных классов вариационного ряда  $K = 20/10 = 2$  кг. Составляют вариационный ряд.

Первым классом вариационного ряда будет класс, в который должны входить члены совокупности, имеющие минимальное значение признака (в примере – 11 кг; табл. 6). Последним будет класс, включающий максимальное значение признака (в примере – 31 кг). Нижней границей 1-го класса будет число 11, к нему прибавляем классовый промежуток 2 уменьшенный на 0,1; получим 12,9 – это будет верхняя граница 1-го класса, затем к нижней границе 1-го класса прибавляем классовый промежуток 2, получим 13 – это нижняя граница 2-го класса, прибавляем к ней классовый промежуток 2, уменьшенный на 0,1, получим 14,9 – это верхняя граница 2-го класса, аналогично составляем остальные классы.

По этим классам делают разnosку всех членов совокупности. Полученные отметки переводят в числа – графа 4 «частота». Подсчитывают сумму частот, она должна быть равна числу выборки, то есть 100.

Для обработки вариационного ряда методом произведений, вычисляем класс, включающий условную среднюю ( $A$ ). В данном примере таким классом удобно взять класс с величиной признака 19–20,9 при  $f = 24$ . Условная средняя в этом случае будет равна 20 ( $(19+20,9)/2$ ). Выделив класс условной средней ( $A$ ), принимаем его за нулевой, выделив его жирной чертой.

Классы, идущие от него в сторону уменьшения признака, перечисляем по порядку, ставя знак «–», то есть –1, –2, –3 и т. д. В сторону увеличения признака перечисляем классы со знаком «+», то есть +1, +2, +3 и т. д.

Затем заполняем столбец  $fa$ . Для этого в каждом классе умножаем соответствующую величину  $f$  на условное отклонение  $a$ . Произведение  $fa$  записываем согласно правилу знаков. Поэтому значение  $fa$  получают вверх от нулевого класса с минусом, а вниз от нулевого класса со знаком плюс. Суммируя произведения  $fa$ , получаем алгебраическую сумму:  $\sum fa = -65 + 78 = +13$ .

Таблица 6 – Вычисление средней арифметической суточных удоев коров черно-пестрой породы, кг

Классы по суточному удою	Классы (середина)	Разноска*	Частота (f)	Отклонение (a)	Произведение отклонения на частоту fa
11–12,9	12		3	–4	–12
13–14,9	14		6	–3	–18
15–16,9	16		10	–2	–20
17–18,9	18		15	–1	–15
19–20,9	A=20		24	0	0
21–22,9	22		19	+1	19
23–24,9	24		14	+2	28
25–26,9	26		6	+3	18
27–28,9	28		2	+4	8
29–31,0	30		1	+5	5
	-	-	n=100	-	∑ fa=+13

\*в графе «разноска» – произвести разноску согласно правилу на стр. 29, пункт 5.

Проведенная обработка дает все необходимые величины для формулы средней арифметической  $A = 20$ ,  $K = 2$ ;  $\sum fa = +13$ ;  $n = 100$ . Находим среднюю арифметическую:

$$\bar{X} = A + K \times \left( \frac{\sum fa}{n} \right) = 20 + 2 \times \left( \frac{13}{100} \right) = 20,26 \text{ кг.}$$

Таким образом, средняя арифметическая суточного удою равна 20,26 кг молока.

### Задачи

21. Определить среднюю арифметическую удоев за лактацию коров симментальской породы по следующим данным ( $n = 60$ ).

3546	4536	4645	3456	3465	3456
4536	3984	4572	3546	3526	3312
3546	4003	3048	3524	4532	3721
4536	3748	3954	3984	3984	3845
3748	3944	3874	2736	3894	3625
3746	4093	3847	2908	3981	3721
3984	4932	4937	4093	3893	3821
3594	3849	2383	4273	3782	3675
4000	3947	3938	4283	3651	4098
4364	3645	3456	4120	3567	4210

22. Определить среднюю арифметическую живой массы коров симментальской породы по следующим данным (n=50)

456	467	525	490	500	534	523	495	499	503
467	536	511	423	456	462	473	484	491	452
435	512	490	490	567	500	413	456	489	435
398	475	480	512	500	490	535	498	546	534
543	498	491	474	390	423	457	478	489	523

23. Определить среднюю арифметическую живой массы коров красно-пестрой породы по следующим данным (n=50)

400	567	520	499	522	534	523	495	507	509
460	576	531	493	466	462	473	484	509	492
445	582	498	490	497	500	413	456	480	485
390	575	487	500	502	490	535	498	556	514
600	598	498	470	490	423	457	478	489	509

## Практическое занятие №5 Коэффициент корреляции

**Цель занятия** – научиться устанавливать взаимосвязь между признаками.

Термин «корреляция» был введен в науку английским естествоиспытателем Френсисом Гальтоном в 1886 году. Однако точную формулу для подсчета коэффициента корреляции разработал его ученик Карл Пирсон.

Связь между признаками принято выражать в виде коэффициента корреляции ( $r$ ). Коэффициент корреляции измеряет степень и направление прямолинейных связей от 0 до  $\pm 1$ . Чем ближе величина  $r$  к единице, тем выше связь между признаками. Если  $r$  близка к нулю, то это указывает на отсутствие связей.

Степень, сила или теснота корреляционной связи определяется по величине коэффициента корреляции. Общая классификация корреляционных связей (по Ивантер Э.В., Коросову А.В., 1992): сильная, или тесная при коэффициенте корреляции  $r > 0,70$ ; средняя при  $0,50 < r < 0,69$ ; умеренная при  $0,30 < r < 0,49$ ; слабая при  $0,20 < r < 0,29$ ; очень слабая при  $r < 0,19$ .

Коэффициент корреляции может быть величиной положительной и отрицательной. Знак плюс означает, что связь между признаками прямая, то есть увеличение одного признака сопровождается увеличением другого, сопряженного с ним признака. Если коэффициент корреляции имеет знак минус, то связь между признаками обратная, то есть увеличение одного признака сопровождается уменьшением другого. Некоторые коэффициенты корреляции между признаками у сельскохозяйственных животных приведены в приложении Б.

### Определение коэффициента корреляции методом произведений в больших выборках

При большой выборке коэффициент корреляции определяют методом произведений по формуле

$$r = \frac{\frac{\sum f a_x \times a_y}{n} - \frac{\sum f_x a_x}{n} \times \frac{\sum f_y a_y}{n}}{\sigma_x \times \sigma_y}.$$

Для вычисления коэффициента корреляции в больших выборках строится корреляционная решетка. Чтобы определить связь между признаками, каждая варианта должна иметь два показателя.

*Пример:* вычислить коэффициент корреляции между живой массой коров (у) и телят при рождении (х), кг по следующим данным (табл. 7).

*Таблица 7 – Показатели живой массы коров (у) и телят (х) при рождении*

у	х	у	х	у	х	у	х
520	28	553	31	525	38	605	37
610	34	550	41	530	34	510	23
580	37	510	34	570	39	545	35
540	24	500	26	510	29	580	33
480	25	505	23	562	28	559	38
560	33	640	37	564	38	645	42
695	38	490	30	600	37	-	-
615	40	575	32	516	27	-	-

Порядок вычисления:

1. Условно обозначить признаки:

$y$  – живая масса коров, кг;

$x$  – живая масса телят, кг.

2. Подсчитать количество вариантов по каждому признаку:

$$n_y = 30 \text{ голов,}$$

$$n_x = 30 \text{ голов.}$$

3. По каждому признаку определить лимиты:

$$y_{\max} = 695 \text{ кг}$$

$$x_{\max} = 42 \text{ кг}$$

$$y_{\min} = 480 \text{ кг}$$

$$x_{\min} = 23 \text{ кг.}$$

4. Найти величину классового промежутка по каждому признаку:

$$K = \max - \min / l,$$

$$K_y = \frac{695 - 480}{5} = 43 ,$$

$$K_x = \frac{42 - 23}{5} = 3,8 \approx 4 .$$

5. Определить границы классов по каждому из признаков и вписать в решетку (табл. 8).

6. Разнести попарно варианты  $x$  и  $y$  в квадратики на пересечении соответствующих классов.

7. Суммировать значение частот по признакам  $x$  и  $y$ .

8. По каждому из признаков найти условные классы и выделить их жирными линиями.

9. Определить отклонения классов от условных классов ( $a_x$  и  $a_y$ ).

10. По каждому из признаков подсчитать произведения  $fa$  и определить их суммы.

11. По каждому из признаков подсчитать произведение  $fa^2$  и определить их суммы  $\sum f_x a_x^2 = 77$  и  $\sum f_y a_y^2 = 39$ .

12. Подсчитать сумму произведений  $\sum f a_x a_y$ . Это выражение получают путем умножения частот  $f$  в каждой клетке корреляционной решетки на оба условных отклонения  $a_x$  и  $a_y$ , соответствующих каждому классу по признакам  $x$  и  $y$ . Это делается только для тех классов, которые не входят в графу средних (нулевых). Участки решетки образуют четыре квадрата: I – левый верхний; II – правый верхний; III – левый нижний; IV – правый нижний. Сумма частот, умноженных на условное отклонение по обоим признакам в четырех квадратах, равна  $\sum f a_x a_y = 20 + (-4) + 5 = 21$ .

Таблица 8 – Корреляционная решетка

y \ x	23–26	27–30	31–34	35–38	39–43	f <sub>y</sub>	a <sub>y</sub>	f <sub>y</sub> a <sub>y</sub>	f <sub>y</sub> a <sub>y</sub> <sup>2</sup>
480–522	5	2	1			8	-1	-8	8
523–565	1	1	3	5	1	11	0	0	0
566–608			2	3	1	6	+1	6	6
609–651			1	1	2	4	+2	8	16
652–695				1		1	+3	3	9
f <sub>x</sub>	6	3	7	10	4	n=30		∑f <sub>y</sub> a <sub>y</sub> =+9	∑f <sub>y</sub> a <sub>y</sub> <sup>2</sup> =39
a <sub>x</sub>	-3	-2	-1	0	+1				
f <sub>x</sub> a <sub>x</sub>	-18	-6	-7	0	+4	∑f <sub>x</sub> a <sub>x</sub> = -27			
f <sub>x</sub> a <sub>x</sub> <sup>2</sup>	54	12	7	0	4	∑f <sub>x</sub> a <sub>x</sub> <sup>2</sup> = 77			

I квадрат f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub>	II квадрат f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub>	III квадрат f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub>	IV квадрат f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub>
5×(-1)×(-3) = +15 2×(-1)×(-2) = +4 1×(-1)×(-1) = +1	–	2×(-1) ×(+1) = -2 1×(-1) ×(+2) = -2	1×(+1) ×(+1) =1 2×(+2) ×(+1) =4
∑ f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub> =20	∑ f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub> = 0	∑ f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub> = -4	∑ f a <sub>x</sub> a <sub>y</sub> =+5

13. Вычислить сигмы ( $\sigma_x$  и  $\sigma_y$ ), которые выражаются в относительных цифрах, то есть без умножения на величину классового промежутка.

$$\sigma_x = \pm \sqrt{\frac{\sum f_x a_x^2}{n} - \left(\frac{\sum f_x a_x}{n}\right)^2} = \pm \sqrt{\frac{77}{30} - \left(\frac{-27}{30}\right)^2} = \pm \sqrt{2,57 - 0,81} = \pm \sqrt{1,76} = \pm 1,33,$$

$$\sigma_y = \pm \sqrt{\frac{\sum f_y a_y^2}{n} - \left(\frac{\sum f_y a_y}{n}\right)^2} = \pm \sqrt{\frac{39}{30} - \left(\frac{9}{30}\right)^2} = \pm \sqrt{1,3 - 0,09} = \pm \sqrt{1,21} = \pm 1,1.$$

14. Вычислить коэффициент корреляции по формуле

$$r = \frac{\frac{\sum f a_x \times a_y}{n} - \frac{\sum f_x a_x}{n} \times \frac{\sum f_y a_y}{n}}{\sigma_x \times \sigma_y} = \frac{\frac{21}{30} - \left(\frac{-27}{30}\right) \times \frac{9}{30}}{1,33 \times 1,1} = \frac{0,7 - (-0,9) \times 0,3}{1,463} = \frac{0,7 - (-0,27)}{1,463} = +0,66.$$

Ошибка коэффициента корреляции:

$$m_r = \pm \frac{1 - r^2}{\sqrt{n}} = \pm \frac{1 - 0,66^2}{\sqrt{30}} = \frac{1 - 0,5644}{\sqrt{30}} = 0,104.$$

Критерий достоверности корреляции вычисляется по формуле

$$t_d = \frac{r}{m_r} = \frac{0,66}{0,104} = 6,35.$$

Полученная величина указывает на высокую связь между живой массой коров и массой телят при рождении.

### Задачи

24. Определите, какая связь по корреляции имеется между суточным удоем и процентным содержанием молочного жира по данным таблицы:

Суточный удой, кг (x) и молочный жир, % (y)									
x	y	x	y	x	y	x	y	x	y
10,2	3,45	10,0	3,44	12,2	4,00	12,0	3,66	10,3	4,00
9,0	3,87	14,5	3,89	8,1	3,89	12,1	3,90	10,0	4,00
8,9	3,90	13,2	4,00	9,7	3,90	10,0	4,00	9,7	4,20
11,5	4,00	11,7	3,89	13,6	3,78	8,9	4,11	7,9	3,99
10,5	4,12	14,2	4,11	15,0	3,44	14,0	3,78	12,3	3,76
12,0	3,78	9,8	4,00	10,4	3,90	9,0	3,98	11,4	3,90

25. Вычислите коэффициент фенотипической корреляции  $r$  между живой массой (x) и годовой яйценоскостью (y) у кур русской белой породы.

x	y	x	y	x	y	x	y	x	y
2,1	225	1,9	191	2,1	170	2,2	215	2,3	207
2,0	193	2,0	201	2,3	232	2,2	180	2,3	205
2,4	271	2,0	200	2,0	208	1,9	193	2,0	213
2,2	208	2,1	210	1,9	189	2,3	241	1,9	190
2,2	201	2,1	220	1,8	179	2,0	207	2,0	200
1,7	212	2,3	246	1,9	163	2,4	241	2,2	203
2,0	189	2,2	219	2,0	201	2,1	199	2,1	221
1,8	200	1,8	175	1,8	181	2,5	220	2,2	230
1,9	183	2,1	213	1,7	165	2,1	200	2,2	212

26. Определите наличие связи  $r$  между длиной шерсти ( $x$ ) и активностью ( $y$ ) щитовидной железы (мг/%) у овец по следующим показателям.

x	9	10,2	11,5	9,5	10	10,5	9,5	10	10,5	12	11,5	13
y	6	4,5	4,3	4,7	4,8	5,8	5,1	5,0	5,0	4,4	4,7	4,3
x	11	12	11,5	11,2	9,5	9,0	12	9,0	13	10	9,0	12
y	4,7	4,6	5,5	4,7	5,6	6,3	4,5	5,6	4,1	5,5	5,8	6,0
x	15,5	15	15,2	14	13	9	12,5	11,5	10	13	14,5	14,5
y	2,1	3,6	4,0	4,2	5,5	7,1	3,9	5,2	5,0	5,6	4,3	4,0

27. Вычислите коэффициент корреляции  $r$  между количеством молочного жира (в кг) в молоке коров – матерей и их дочерей – и сделайте селекционные выводы:

Матери	170	190	90	120	150	80	200	180	140	160
Дочери	170	190	100	130	150	100	180	170	150	160

## Практическое занятие №6

### Коэффициент корреляции для альтернативных признаков $r_a$

**Цель работы** – научиться рассчитывать коэффициент корреляции для альтернативных признаков.

Установление связей между альтернативными признаками имеет большое значение в генетических исследованиях. Известна, например, связь у овец породы прекос крипторхизма со степенью развития рогов; размера «галстука» у романовских овец с восприимчивостью к бронхопневмонии; серой масти каракульских овец с недоразвитием (аномалией) рубца; у кур – окраски оперения с полом цыплят и т. п.

Признаки, имеющие только два противоположных состояния (здоровых – больной, самец – самка и т. д.), называют *альтернативными*. Для расчетов коэффициента корреляции у каждой особи учитывают два альтернативных признака, по которым и строятся классы (табл. 8).

*Рассмотрим пример.* От 300 матерей, имеющих красную масть, родилось 260 красных и 40 палевых телят, от 200 палевых матерей – 50 красных и 150 палевых (табл. 9). Установить, имеется ли связь между мастью матерей и их потомками.

Таблица 9 – Масть матерей и их потомков

Масть потомков	Масть матерей		$\Sigma$
	Красные	Палевые	
Красные	$P_1=260$	$P_2=50$	$(P_1 + P_2)=310$
Палевые	$P_3=40$	$P_4=150$	$(P_3 + P_4)=190$
	$P_1+P_3=300$	$P_2+P_4=200$	$n = 500$

$P_1, P_2, P_3, P_4$  – частоты, распределившиеся в четырех клетках альтернативных признаков корреляционной решетки.

Величина  $r_a$  может находиться в пределах от  $-1$  до  $+1$ .

Величину связи рассчитываем по формуле

$$r_a = \frac{P_1 \times P_4 - P_2 \times P_3}{\sqrt{(P_1 + P_2)(P_1 + P_3)(P_2 + P_4)(P_3 + P_4)}} = \frac{260 \times 150 - 50 \times 40}{\sqrt{310 \times 300 \times 200 \times 190}} = 0,62.$$

$$\text{Ошибка } m = \frac{1 - r_a^2}{\sqrt{n}} = \frac{1 - 0,62^2}{\sqrt{500}} = \frac{0,3844}{22,36} = 0,017.$$

$$\text{Критерий достоверности } t = \frac{r_a}{m} = \frac{0,62}{0,017} = 36,47.$$

Полученный коэффициент корреляции (0,62) достоверно показывает, что большая часть потомков имеет масть своих матерей.

### Задачи

28. Из 220 цыплят после заражения пало 105, выжило 115, из 618 цыплят селекционного стада пало 58, выжило 560 голов. Вычис-

лите  $r_a$  между устойчивостью цыплят к белому поносу и степенью отселекционированности их на резистентность.

29. Определите влияние метода разведения на соотношение доминантных и рецессивных генотипов в потомстве, если от скрещивания получено 45 доминантов и 5 рецессивов; от инбридинга – 1 доминант и 49 рецессивов.

### Практическое занятие №7

#### Коэффициент связи $\rho$ между качественными признаками

**Цель работы** – научиться рассчитывать коэффициент связи  $\rho$  между качественными признаками.

**Полихорический показатель связи** ( $\rho - \rho_0$ ) используется для определения силы связи между качественными признаками, имеющими различные градации: порода коров – форма вымени; тип рациона – кондиции животных; тип конструкции овец – тип завитка у ягнят; доза вакцины – показатели выздоровления и др.

*Пример.* Определить направление и величину связи между типом завитка смушек у каракульских овец по данным таблицы 10.

Таблица 10 – Типы конституции и завитка у каракульских овец

Тип завитка	Тип конституции		
	Нежная	Рыхлая	Крепкая
Валек	5	2	15
Боб	20	5	20
Гривка	5	15	5
Штопор	–	8	–

Методика расчета показана в таблице 11.

Вычислим  $\rho$ :

$$\rho = \frac{\alpha - 1}{\sqrt{(l_x - 1)(l_y - 1)}},$$

$$\text{где } \alpha = \sum \left[ \frac{\sum (P^{xy} : P_y)}{P_x} \right] - \frac{(l_x - 1)(l_y - 1)}{n};$$

Таблица 11 – Расчетные показатели

Тип конституции	Тип завитка				P <sub>y</sub>	$\frac{\sum P^2_{xy}}{P_x}$	$\frac{\sum P^2_{xy}}{P_x} : P_y$
	Валек	Боб	Гривка	Штопор			
Нежная	$\frac{5^2}{25} = 25$ 25:22 =1,14	$\frac{20^2}{45} = 8,89$	$\frac{5^2}{25} = 1$	—	30	10,93	0,36
Рыхлая	$\frac{2^2}{22} = 0,18$	$\frac{5^2}{45} = 0,55$	$\frac{15^2}{25} = 9$	$\frac{8^2}{8} = 8$	30	17,73	0,59
Крепкая	$\frac{15^2}{22} = 10,2$	$\frac{20^2}{45} = 8,89$	$\frac{5^2}{25} = 1$	—	40	20,2	0,50
P <sub>x</sub>	22 (5+2+15)	45 (20+5+20)	25 (5+15+5)	8	n = 100	$\sum =$ 48,86	$\sum =$ 1,45

$l_x$  и  $l_y$  – число классов;  $\alpha = 1,45 - \frac{(4-1)(3-1)}{100} = 1,45 - 0,06 = 1,39$ ;

$$\rho = \frac{1,39 - 1}{\sqrt{(4-1)(3-1)}} = \frac{0,39}{2,45} = 0,16.$$

Ошибка:

$$m = 2 \times \sqrt{\frac{\alpha(\alpha-1)}{n(l_x-1)(l_y-1)}} = 2 \sqrt{\frac{1,39 \times (1,39-1)}{100 \times (4-1) \times (3-1)}} = 0,06.$$

Критерий достоверности:

$$t_p = \frac{\rho}{m} = \frac{0,16}{0,06} = 2,67,$$

где  $\rho = 0,16$  показывает, что тип конституции в незначительной степени определяет тип завитка.

## Коэффициент связи между количественными и качественными признаками $r_b$

Наличие многообразных связей между различными признаками и процессами приводит к необходимости установления связи между количественными и качественными признаками, например, типом конституции и уровнем продуктивности животных; длительностью эмбриогенеза и полом потомства; типом белков, группами крови и уровнем продуктивности или резистентности животных к заболеваниям.

*Пример.* Определим связь  $r_b$  между генотипами по локусу гемоглобина  $H_B$  и живой массой телят при рождении.

Генотип	Класс по живой массе, кг					$\Sigma$
	18–20	21–23	24–26	27–29	30–32	
$H_B AA(p^+)$	10	20	30	40	20	$\Sigma p^+ = 120$
$H_B AB(p^-)$	10	20	30	10	10	$\Sigma p^- = 80$
$P_x$	20	40	60	50	30	$\Sigma P_x = 200$
$a$	-2	-1	0	1	2	
$P^+ a$	-20	-20	0	40	40	$\Sigma P^+ a = 40$
$P_{xa}$	-40	-40	0	50	60	$\Sigma P_{xa} = 30$
$P_{xa}^2$	80	40	0	50	120	$\Sigma P_{xa}^2 = 290$

$$r_b = \left[ \frac{\Sigma P^+ a}{\Sigma P^+} - \frac{\Sigma P_x a}{\Sigma P_x} \right] : \sqrt{\frac{C}{\Sigma P^+} - \frac{C}{\Sigma P_x}}$$

$$C = \Sigma P_x a^2 - \frac{(\Sigma P_x a)^2}{\Sigma P_x}$$

$$1. C = 290 - \frac{30^2}{200} = 285,5.$$

$$2. \frac{\Sigma P^+ a}{\Sigma P^+} = \frac{40}{120} = 0,33.$$

$$3. \frac{\Sigma P_x a}{\Sigma P_x} = \frac{30}{200} = 0,15.$$

$$4. r_b = 0,33 - 0,15 : \sqrt{\frac{285,5}{120} - \frac{285,5}{200}} = 0,18 \div 0,97 = 0,185.$$

Между типами генотипа и живой массой телят связь низкая. Отсюда следует, что тип гемоглобина практически не влияет на живую массу телят при рождении.

### Задачи

30. Выявите степень связи  $\rho$  между типами трансферрина и лейкоустойчивостью коров по следующим данным:

Трансферрин	x		
	устойчивый	малоустойчивых	восприимчивых
TfA	23	34	16
TfД	10	24	19

31. Определите величину связи  $\rho$  между методом разведения кроликов – родителей и характером шерстного покрова у потомков по результатам расщепления.

Тип скрещивания родителей (x)	Тип шерсти у потомков (y)			
	Агути грубошерстный	Агути пуховой	Альбинос грубошерстный	Альбинос пуховой
Анализирующее	12	13	13	12
F <sub>1</sub> ×F <sub>2</sub>	26	10	10	4
Чистопородное разведение грубошерстных агути	50	–	–	–
Чистопородное разведение альбиносов пуховых	–	–	–	50

32. Выявите наличие и степень связи  $r_b$  между формой вымени и удоем за лактацию у коров симментальской породы.

Форма вымени	Удой, кг				
	2200–2500	2501–2800	2801–3100	3101–3400	3401–3700
Ваннообразная (p <sup>+</sup> )	3	11	9	12	15
Округлая (p <sup>-</sup> )	9	8	13	9	11

## Практическое занятие №8

### Ранговый коэффициент корреляции

**Цель работы** – научиться применять ранговый коэффициент корреляции, рассчитывать коэффициент генетической корреляции.

Для установления связи между признаками, не имеющими точных измерений или выраженными в разных единицах измерения, используют ранговый коэффициент связи. Каждая особь по степени развития признака обозначается порядковым номером – рангом. Поэтому в обработке применяют порядковые номера (ранги) членов совокупности по каждому из коррелирующих признаков. Обработка по рангам определяет различные связи: между содержанием жира и белка в молоке дочерей разных быков; качеством спермы (густотой, подвижностью) и кондицией производителей; окраской волос и характером поведения зверей при одомашнивании; резвостью и породностью лошадей и др.

*Пример.* Определите связь  $r_s$  окраски меха с агрессивностью поведения лисиц при клеточном содержании (табл. 12).

*Таблица 12 – Расчетные показатели*

Номер лисицы	Ранг		$x - y$	$(x - y)^2$
	Агрессивность, $x$	Пигментация окраски, $y$		
1	2	3	-1	1
2	2	1	+1	1
3	3	2	+1	1
4	4	5	-1	1
5	5	4	+1	1
6	6	8	-2	4
7	7	8	+1	1
8	8	7	+1	1
$n = 8$	–	–	–	$\sum = 11$

Ранги агрессивности: 1 (тихий) ... 8 (буйный).

Ранги по окраске: 1 (плохо пигментирован) ... 8 (хорошо пигментирован). Формула вычисления

$$r_s = 1 - \frac{6 \times \sum (x - y)^2}{n(n^2 - 1)};$$

$$r_s = 1 - \frac{6 \times 11}{8 \times (8^2 - 1)} = \frac{66}{504} = 0,13;$$

$$t = r_s \sqrt{\frac{n-2}{1-r^2}} = \sqrt{\frac{8-2}{1-0,13^2}} = 2,47.$$

Низкая связь (0,13) между агрессивностью лисиц и окраской их меха обнаружена достоверно ( $t = 2,47$ ).

### Задачи

33. Рассчитайте величину связи  $r_s$  между густотой спермы производителей и их кондицией (упитанностью).

Производитель	А	Б	В	Г	Д	Е	Ж
Густота спермы (ранг)	1	2	3	4	5	6	7
Упитанность (ранг)	5	4	6	7	2	1	3

34. Определите ранговый коэффициент корреляции между годовой яйценоскостью кур – матерей ( $x$ ) и их дочерей ( $y$ ).

$x$	250	235	232	229	228	220	218	215	214	213
$y$	240	220	230	215	235	260	218	220	226	216

35. Сопоставьте величину связи  $r_s$  между содержанием жира ( $x$ ) и белка ( $y$ ) в молоке дочерей проверяемых быков и сделайте селекционные выводы о ценности каждого быка.

Дочери	1		2		3		4		5		6		7		8	
Быки	$x$	$y$														
Март	3,5	3,2	3,4	3,0	3,3	3,3	3,2	2,9	3,1	3,2	3,0	3,1	3,0	2,9	2,9	2,8
Юпитер	3,8	3,5	3,7	3,6	3,7	3,6	3,6	3,4	3,5	3,3	3,3	3,3	3,3	3,2	3,1	3,0

### Коэффициент генетической корреляции

Генетическая (наследственная) доля изменчивости складывается из аддитивного (суммарного) действия генов, доминирования, сверхдо-

минирования и неаллельного взаимодействия генов (эпистаза). Коэффициент генетической корреляции  $r_G$  оценивает долю аддитивного действия генов и эпистаза. Его используют для вычисления селекционных индексов, позволяющих эффективно сочетать желательные признаки, прогнозировать изменения одного признака при отборе животных по другому; наряду с  $h^2$  применяют для прогноза ожидаемого эффекта селекции.

Коэффициент генетической корреляции рассчитывают на основе фенотипических корреляций по формуле Л. Хейзеля:

$$r_G = \sqrt{\frac{r_{xy} \times r_{yx}}{r_{xx} \times r_{yy}}},$$

где  $xx'$  – два признака матерей;  $yy'$  – два признака дочерей;  $r_{xy}'$  и  $r_{yx}'$  – коэффициенты фенотипических корреляций между одним признаком дочерей и другим признаком матерей;  $r_{xx}'$  и  $r_{yy}'$  – то же по другому признаку.

*Пример.* Коэффициенты фенотипических корреляций у овец таковы: между складчатостью кожи матерей и настригом шерсти дочерей +0,38 ( $r_{xy}$ ); складчатостью и настригом шерсти матерей +0,21 ( $r_{yx}'$ ); складчатостью и настригом у матерей +0,42 ( $r_{xx}'$ ); складчатостью и настригом у дочерей + 0,37 ( $r_{yy}'$ ).

$$r_G = \sqrt{\frac{0,33 \times 0,21}{0,42 \times 0,37}} = \sqrt{\frac{0,0693}{0,1554}} = +0,45.$$

Коэффициент генетической корреляции между складчатостью кожи матерей и настригом шерсти дочерей равен +0,45, что свидетельствует о достаточно высокой генетической обусловленности развития этих признаков.

## Практическое занятие №9 Коэффициент регрессии

**Цель работы** – научиться рассчитывать коэффициент регрессии при малых и больших выборках.

Коэффициенты корреляции  $r$ ,  $r_a$ ,  $r_s$ ,  $r_b$  и  $\rho$  показывают направле-

ние и степень связи между признаками лишь в относительных величинах (от 0 до  $\pm 1$ ). Коэффициент регрессии дает более широкую и конкретную информацию об изменении величин сопряженных признаков. Он находит широкое применение в генетических и селекционных исследованиях и используется для вычисления коэффициента наследуемости. С его помощью можно предвидеть конкретное изменение одних признаков в зависимости от изменения других, что имеет важное значение при планировании и оценке эффективности селекционной работы.

### Вычисление коэффициента регрессии при $n < 30$

*Пример.* Определим R между плодовитостью матерей (свиноматок)  $x$  и плодовитостью их дочерей  $y$  (табл. 13)

Таблица 13 – Расчетные показатели

Плодовитость		xy	x <sup>2</sup>	y <sup>2</sup>
матерей (x)	дочерей (y)			
10	11	110	100	121
9	10	90	81	100
12	12	144	144	144
10	12	120	100	144
8	9	72	64	81
10	8	80	100	64
9	9	81	81	81
7	8	56	49	64
15	10	150	225	100
10	10	100	100	100
$\sum x = 100$	$\sum y = 99$	$\sum xy = 1003$	$\sum x^2 = 1044$	$\sum y^2 = 999$
$x = 10,0$	$y = 9,9$	–	–	–

#### 1. Регрессия матерей по дочерям

$$R_{xy} = \frac{\sum xy - (\sum x \times \sum y) : n}{\sum y^2 - (\sum y)^2 : n} = \frac{1003 - (100 \cdot 99) : 10}{999 - (99)^2 : 10} = \frac{13}{18,9} \approx 0,69.$$

С увеличением плодовитости матерей на одного поросенка плодовитость дочерей в среднем увеличивается на 0,69 поросенка.

## 2. При регрессии дочерей по показателям матерей

$$R_{yx} = \frac{\sum xy - (\sum x \times \sum y) : n}{\sum x^2 - (\sum x)^2 : n} = \frac{1003 - (100 \times 99) : 10}{1044 - (100)^2 : 10} = \frac{13}{44} = 0,29.$$

С увеличением плодовитости дочерей на одну голову увеличение плодовитости их матерей в среднем должно составлять 0,29 поросенка.

## Вычисление коэффициента регрессии при $n > 30$

При большом числе наблюдений используют формулы:

$$1) R_{xy} = r \times \frac{\sigma_x}{\sigma_y},$$

$$2) R_{yx} = r \times \frac{\sigma_y}{\sigma_x}.$$

Первая определяет величину  $x$  при изменении  $y$  на единицу; вторая – величину  $y$  при изменении  $x$  на единицу. Для вычисления  $R$  необходимо определять коэффициент фенотипической корреляции  $r_{xy}$  и среднее квадратическое отклонение.

*Пример.* При изучении связи между живой массой и настригом определены показатели:  $\sigma_x = 0,5$ ;  $\sigma_y = 5,0$ ;  $r = 0,79$ . Регрессия живой массы на настриг шерсти

$$R_{xy} = 0,79 \times \frac{0,5}{5,0} = 0,79 \times 0,1 = 0,079 \text{ кг.}$$

С увеличением живой массы овец на 1 кг настриг шерсти увеличивается на 0,079 кг. Регрессия настрига шерсти на живую массу

$$R_{yx} = 0,79 \times \frac{5,0}{0,5} = 0,79 \times 10 = 7,9 \text{ кг.}$$

С увеличением настрига шерсти на 1 кг живая масса овец в среднем должна возрасти на 7,9 кг.

*МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 4  
СЕЛЕКЦИЯ СКОТА  
ПО ВОСПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫМ СПОСОБНОСТЯМ*

**Практическое занятие №10**

**Применение популяционного метода в практике селекции**

**Цель работы** – научиться применять популяционный метод в селекции.

Популяционный метод удобен тем, что позволяет осуществить генетический анализ без проведения специальных скрещиваний.

Популяция характеризуется большим генетическим разнообразием. Разнообразие генотипов – результат непрерывно идущих мутаций и обмена генов при свободном скрещивании и кроссинговере. Вся совокупность генов популяции называется генофондом и определяется как  $2N$ , где  $N$  – число особей. Таким образом, в каждом рассматриваемом локусе имеется  $2N$  генов, когда речь идет о популяции диплоидных организмов. Это выражение справедливо для всех генов, кроме тех, которые находятся в X-хромосоме при гетерогаметности одного пола. Каждая популяция имеет определенную генетическую структуру (соотношение генотипов).

**Наследование в панмиктической популяции. Законы популяции.** Один из путей изучения панмиктической популяции – исследование частоты распространения в ней особей различных генотипов, то есть изучение ее структуры по отдельным генам или локусам.

Каждое поколение в популяции воспроизводится за счет сочетания гамет родителей. Поэтому численность особей определенного генотипа ( $AA$ ,  $Aa$  и  $aa$ ) будет обусловлена частотой разных типов гамет родителей. Представим, что в какой-то популяции встречаются гомозиготы:  $AA$  (черные) и  $aa$  (красные) и их число одинаковое. Такая группа особей будет производить равное число мужских и женских гамет, содержащих гены  $A$  и  $a$  ( $0,5 A$  и  $0,5 a$ ).

При свободном спаривании будут осуществляться следующие комбинации:

Гаметы	0,5 A	0,5 a
0,5 A	0,25 AA	0,25 Aa
0,5 a	0,25 Aa	0,25 aa

Доминантные гомозиготы  $AA$  возникают с частотой 0,25, гетерозиготы  $Aa$  – 0,5 и рецессивные гомозиготы  $aa$  – 0,25. Отсюда относительная частота различных генотипов в популяции:  $0,25 AA + 0,5 Aa + 0,25 aa = 1$ , или  $25 \% AA + 50 \% Aa + 25 \% aa = 100 \%$ .

При полном доминировании признака, вызываемого геном  $A$ , популяция распадается на две группы: одна с доминирующим признаком –  $0,25 AA + 0,5 Aa$  (черные), другая – с рецессивным –  $0,25 aa$  (красные). Наследование данного признака идет в отношении 3/75% : 1/25%.

Каким будет характер наследования в следующем поколении? Частота гамет с аллелью  $A$  будет равна 0,5 ( $0,25 AA + 0,25 A$  от гетерозигот  $Aa$ ), с аллелью  $a$  – также 0,5 ( $0,25 aa + 0,25 a$  от гетерозигот  $Aa$ ), т. е. соотношение гамет будет таким же, как и в предыдущем поколении. Популяция вновь приобретает структуру:  $0,25AA + 0,5Aa + 0,25aa$ , а соотношение доминантов к рецессивам 3:1.

Однако в популяциях чаще наблюдается разная численность гомозигот: одних больше, других меньше. Например, в популяции крупного рогатого скота численность сплошь окрашенных животных составляет 100, а пегих 180 голов. Их соотношение – 1,0:1,8, а соотношение частот аллелей –  $0,2A : 0,8a$ .

При свободном спаривании следует ожидать:

Гаметы	0,2 A	0,8 a
0,2 A	0,04 AA	0,16 Aa
0,8 a	0,16 Aa	0,64 aa

На каждые 100 зигот: 4% гомозиготных ( $AA$ ), 32% гетерозиготных ( $Aa$ ) сплошь окрашенных, 64% гомозиготных пегих ( $aa$ ).

В следующем поколении гаметы с аллелью  $A$  будут возникать с частотой 0,2 ( $0,04$  от гомозигот  $AA + 0,16$  от гетерозигот  $Aa$ ), а гаметы с аллелью  $a$  – 0,8 ( $0,64$  от гомозигот  $aa + 0,16$  от гетерозигот  $Aa$ ). Отсюда следует, что в данной популяции поддерживается одинаковое соотношение частот генотипов ( $0,2A : 0,8a$ ) и фенотипов (64% пегих и 36% сплошь окрашенных). Подобное соотношение будет повторяться в каждой последующей генерации.

Таким образом, в популяциях каждого поколения свободного скрещивания частота генотипов с доминантной и рецессивной аллелями при любой их концентрации всегда сохраняется на одном ис-

ходном уровне.

Это свойство популяции было выявлено в 1908 г. английским математиком Дж. Харди и немецким врачом-генетиком Г. Вайнбергом, сформулировавшими закон, отражающий частоту распределения гомозигот и гетерозигот в свободно скрещивающейся популяции. Закон Харди-Вайнберга выражается формулой

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1,$$

где частота (соотношение) генотипов и фенотипов в популяции соответствует формуле биннома Ньютона  $(p+q)^2$ ;

$p$  – частота доминантного гена (А);

$q$  – частота рецессивного гена (а);

$p^2$  – частота гомозигот по аллели А (генотип АА);

$2pq$  – частота гетерозигот (генотип Аа);

$q^2$  – частота гомозигот по аллели а (генотип аа).

Формулу Харди-Вайнберга можно воспроизвести по решетке Пеннета, если концентрацию доминантного гена А обозначить через  $p$  ( $pA$ ), а рецессивного гена а – через  $q$  ( $qa$ ):

Концентрация генов	$pA$	$qa$
$pA$	$p^2AA$	$pqAa$
$qa$	$pqAa$	$q^2aa$

Полученные в квадратах генотипы, как результат свободного соединения гамет, отражают численное соотношение гомо- и гетерозигот по доминантному гену А и гомозигот-рецессивов (а):  $p^2AA + 2pqAa + q^2aa = 1$ . Данное выражение и представляет формулу Харди-Вайнберга, из которой следует:

- число гомозигот-доминантов (АА) равно квадрату частоты доминантного гена ( $p^2$ );

- число гомозигот-рецессивов (аа) равно квадрату частоты рецессивного гена ( $q^2$ );

- число гетерозиготных особей равно удвоенному произведению частоты обеих аллелей ( $2pq$ ).

Согласно закону Харди-Вайнберга в свободно скрещивающейся популяции исходное соотношение генотипов (АА, Аа и аа) из поколения в поколение остается постоянным. Эту закономерность сво-

бодно размножающейся популяции называют генетическим равновесием – первым законом структуры панмиктической популяции.

Рассмотрим применение формулы Харди-Вайнберга для различных случаев генетического анализа популяций.

1. Предположим, что группа особей состоит из 80% гомозигот  $AA$  (черная масть) и 20% гомозигот  $aa$  (красная масть). Требуется установить численность гомо- и гетерозигот следующего поколения при свободном скрещивании.

Частота аллелей в исходной группе животных равна:

$$A = \frac{n_1}{N} = \frac{80}{100} = 0,8, \quad a = \frac{n_2}{N} = \frac{20}{100} = 0,2.$$

Согласно  $p^2 + 2pq + q^2$  ожидаемое соотношение генотипов будет:

$$AA = p^2 = (0,8)^2 = 0,64 = 64 \text{ (черная масть);}$$

$$Aa = 2pq = 2 \times (0,8 \times 0,2) = 0,32;$$

$$aa = q^2 = (0,2)^2 = 0,04.$$

2. Закон Харди-Вайнберга позволяет определить соотношение генотипов в популяции и в случае, если доминантные гомозиготы ( $AA$ ) фенотипически неотличимы от гетерозигот ( $Aa$ ). Так, наследственно обусловленная летальная бесшерстность телят у крупного рогатого скота вызывается рецессивным геном ( $c$ ). Бесшерстные телята гомозиготны по этому гену ( $cc$ ), здоровые – могут быть гомозиготными ( $CC$ ) или гетерозиготными ( $Cc$ ).

В стаде из 864 родившихся телят шесть были бесшерстными. Вычисляем частоту известных гомозигот ( $cc$ ):

$$c = \frac{n_1}{N} = \frac{6}{864} = 0,0069.$$

Частота генотипа  $cc=q^2$  соответствует формуле Харди-Вайнберга, откуда частота рецессивной аллели бесшерстности будет равна

$$q = \sqrt{q^2} = \sqrt{0,0069} = 0,0833.$$

При двухаллельной системе  $p + q = 1$ , тогда  $p = 1 - q = 1 - 0,0833 = 0,9167$ .

По формуле  $p^2 + 2pq + q^2$  вычисляем частоты генотипов:

$$CC = p^2 = (0,9167)^2 = 0,840 = 84,0\%;$$

$$Cc = 2pq = 2 \times (0,9167 \times 0,0833) = 0,153 = 15,3\%;$$

$$C = q^2 = (0,0833)^2 = 0,007 = 0,7\%.$$

Общая сумма всех частот равна  $1,00 = 100\%$ .

В изученном стаде 15,3% животных оказались гетерозиготными (Сс) носителями гена бесшерстности, при спаривании которых может рождаться до 0,7% телят с дефектом кожи и волосяного покрова.

3. Закон Харди-Вайнберга может быть использован для установления относительного числа генотипов в популяции, когда неизвестны частоты аллелей ни доминантного, ни рецессивного гена. Так, предположим, что в стаде имеется 100 животных черной масти, от которых в небольших количествах всегда рождаются телята красной масти. Следовательно, среди этих 100 голов какая-то часть гомозиготна (АА), какая-то – гетерозиготна (Аа). Для установления относительной частоты доминантного (А) и рецессивного аллеля (а) в данном стаде можно использовать схемы возможных вариантов спаривания: АахАА, АахАа, АахАа, которые позволят ориентировочно установить частоту аллелей. Частота аллеля А будет в три раза больше, чем аллеля а (9 : 3 = 3 : 1), т.е. 0,75% А и 0,25% а.

Отсюда частоты генотипов можно определить по формуле Харди-Вайнберга:

$$\begin{aligned} AA &= p^2 = (0,75)^2 = 0,5625 = 56,2 \%, \\ Aa &= 2pq = 2 \times (0,75 \times 0,25) = 0,3750 = 37,5 \%, \\ aa &= q^2 = (0,25)^2 = 0,0625 = 6,3 \%. \end{aligned}$$

Общая сумма всех частот равна 1,00 = 100%.

В изученных нами трех стадах подобной исходной структуры действительно рождалось 6,3% телят красной масти.

*Рассмотрим пример.* В овчарне среди 844 овец насчитывается 729 длинноухих каракульских, 111 короткоухих и 4 безухих. Какова частота генов, детерминирующих различия по длине ушей?

Прежде всего надо сказать, что этот признак наследуется по типу неполного доминирования. Определить частоту рецессивной аллели можно следующим образом:

$$q = \sqrt{\frac{4}{844}} = \sqrt{0,005} = 0,07, \text{ тогда } p = 1 - 0,07 = 0,93.$$

$$\text{Частота } AA = p^2 = 0,93^2 \times 844 = 730.$$

$$\text{Частота } Aa = 2pq = 2 \times 0,93 \times 0,07 \times 844 = 110.$$

$$\text{Частота } aa = q^2 = 0,07^2 \times 844 = 4.$$

До сих пор речь шла об учете в популяции признаков, которые детерминируются аутосомными генами и каждый представлен двумя аллелями. Можно ли рассчитать частоту аллелей если ген представ-

лен серией множественных аллелей? В этом случае расчет надо начинать с той группы особей, которая представлена индивидами одного гомозиготного типа.

Например, группа крови человека системы АВ0 определяется геном  $I$ , представленным системой из трех аллелей ( $I^A$ ,  $I^B$ ,  $I^0$ ). Частоты фенотипов по группам крови в популяции следующие: А – 0,45; В – 0,13; АВ – 0,06; 0 – 0,36. Рассчитаем частоту аллелей.

Прежде всего следует определить, какие генотипы возможны в каждой группе. В группе А могут быть люди двух генотипов:  $I^A I^A$  и  $I^A I^0$ , так как имеет место полное доминирование, то же в группе В –  $I^B I^B$   $I^B I^0$  (полное доминирование). В группах АВ – один генотип  $I^A I^B$ , но две аллели, которые могут встречаться с разной частотой, и в группе 0 – тоже один  $I^0 I^0$ . Следовательно, для определения частоты аллели подходит только группа 0. Обозначим частоты аллелей:  $I^0$  –  $r$ ,  $I^A$  –  $p$ ,  $I^B$  –  $q$ . Рассчитать частоту аллели  $I^0$  можно по формуле  $r = \sqrt{0,36} = 0,60$ .

Суммарная частота групп крови В и 0 равна  $(q + r)^2$ , то есть  $0,13 + 0,36 = 0,49$ . Следовательно,  $q + r = \sqrt{0,49} = 0,70$ . Отсюда  $q = (q + r) - r = 0,70 - 0,60 = 0,10$ . Теперь легко определить  $p$ :  $p = 1 - q - r = 1 - 0,60 - 0,10 = 0,30$ . Суммарная частота групп крови А и 0 равна  $(p + r)^2$ , откуда  $p = \sqrt{0,45 + 0,36} - 0,60 = 0,90 - 0,60 = 0,30$ , то есть результаты совпадают.

Чтобы проверить, находится ли популяция в равновесии, надо выяснить, равна ли частота людей с группой крови АВ произведению  $2pq$ . Исходя из полученных значений частот  $2pq = 2 \times 0,30 \times 0,10 = 0,06$ . Именно с такой частотой встречаются люди с группой крови АВ, следовательно, популяция находится в равновесии.

### Задачи

36. Исходная частота рецессивной аллели 0,01. К какому поколению она уменьшится в 10 раз?

37. Частота аллели, определяющей дальтонизм, 0,08. Во сколько раз чаще встречается дальтонизм у мужчин, чем у женщин?

38. Частота встречаемости аллели гемофилии 0,0001. Во сколько раз чаще должны встречаться гемофилики среди мужчин, чем среди женщин?

39. Определить частоту встречаемости альбинизма среди населения географического района, где это заболевание было обнаружено

у 22 человек из 200 000 обследованных.

40. Фенилкетонурия представляет собой заболевание обмена веществ с аутосомно-рецессивным типом наследования. В одном из обследованных районов это заболевание обнаружилось у новорожденных детей с частотой 1:10 000. Определите генетическую структуру популяции.

41. В одном из районов тропической Африки частота серповидно-клеточности среди взрослого населения составила 20%.

1) Определить частоту нормальной и мутантной аллели в этой группе населения, имея в виду, что все лица, являющиеся гомозиготными по мутантной аллели, погибают в раннем детском возрасте от серповидно-клеточной анемии.

2) Рассчитать частоту возможных генотипов (и фенотипов) среди новорожденных детей, которые могут появиться в этой группе населения.

42. Определить частоты аллелей церулоплазмينا  $Cp^A$  и  $Cp^B$  (церулоплазмин (Cp) – компонент  $\beta$ -глобулиновой фракции сыворотки крови, металлопротеин), карбоангидразы  $Ca^F$  и  $Ca^S$  (карбоангидраза (Ca) – фермент, содержащийся в эритроцитах, выполняет важные функции клеточного и тканевого дыхания), амилазы  $Am^B$  и  $Am^C$  у зебувидного, швице-зебувидного, швицкого и бурого карпатского скота (табл.14). Соответствует ли распределение фенотипов теоретически ожидаемым?

Таблица 14 – Распределение фенотипов полиморфных белков

Распределение фенотипов полиморфных белков										
Популяция	n	Cp			Ca			Am		
		A/A	B/B	A/B	F/F	S/S	F/S	B/B	C/C	B/C
Зебувидная	145	2	135	8	133	4	8	126	7	12
Швице-зебувидная	190	10	161	19	146	19	25	153	15	22
Швицкая	18	-	14	4	17	-	1	15	-	3
Бурая карпатская	107	5	97	5	88	7	11	80	10	17

43. При изучении трансферринового локуса сыворотки крови у сибирского марала установлено следующее распределение фенотипов (Tf): A/B – 50, A/C – 140, B/C – 190, B/D – 20, C/D – 40. Определить

частоту генов  $Tf^A$ ,  $Tf^B$ ,  $Tf^D$  и  $Tf^C$  и частоту генотипов. Соответствует ли наблюдаемое распределение теоретически ожидаемым генотипам?

44. Контрактура мышц у крупного рогатого скота обусловлена аутосомным рецессивным геном  $c$ . У родившихся телят ноги согнуты в суставах и лишены подвижности. В одном стаде из 376 родившихся за год телят у 9 была контрактура мышц. Определить частоту заболевания контрактурой мышцы в стаде. Определить частоты рецессивного гена  $c$ , вызывающего болезнь, и его аллели  $C$ . Какова частота гетерозиготных телят  $Cc$ ? Какова вероятность появления больных телят в следующем поколении при свободном спаривании животных фенотипически здоровых?

45. У крупного рогатого скота мозговая грыжа обусловлена аутосомным рецессивным геном  $c$ . Доминантная аллель  $C$  контролирует нормальное развитие черепного свода. В стаде швицкого скота среди рожденных 520 телят оказалось два теленка с мозговой грыжей. Особи с такой аномалией нежизнеспособны. Определить частоту мозговой грыжи в стаде. Какова частота доминантных, рецессивных аллелей и гетерозигот  $Cc$  – носителей гена мозговой грыжи? Какова вероятность появления телят с мозговой грыжей в следующем поколении при случайном спаривании фенотипически здоровых животных?

46. У крупного рогатого скота карликовость (ахондроплазия) обусловлена рецессивным аутосомным геном  $a$ , его аллель  $A$  контролирует нормальное развитие организма. В стаде черно-пестрого скота из 900 телят 2 были карликовыми. Каковы частоты гена карликовости и гетерозиготных животных в стаде? Какова частота карликовых телят ожидается при случайном спаривании фенотипически здоровых животных?

47. Рецессивный аутосомный летальный ген вызывает паралич задних ног. У красной датской породы при обследовании выявлено 234 теленка с параличом задних ног и 1634 нормальных. Какова частота нормальных, больных и носителей болезней ожидается при спаривании гетерозиготных животных? Какое соотношение генотипов ожидается и будет ли оно соответствовать теоретически ожидаемому по формуле Харди-Вайнберга?

48. На кролиководческой ферме среди молодняка кроликов породы шиншилла из 5437 особей 19 оказались альбиносами. Определить частоты альбинизма и шиншилла по формуле Харди-Вайнберга. Какова частота гетерозигот, если допустить, что популяция находится

ся в состоянии равновесия?

49. У норок серебристо-соболиная окраска (бос) контролируется доминантным геном  $F$ , но в гомозиготном состоянии этот ген имеет летальное действие. Стандартная (коричневая) окраска обусловлена рецессивной аллелью  $f$ . На ферме имеется 920 голов коричневых и 80 серебристо-соболиных норок. Определить частоту генов  $F$  и  $f$ . Определить частоту возможных генотипов при условии случайного спаривания лисиц с окраской «бос» и коричневых.

50. При обследовании населения одного из городов выявлено людей с группами крови:  $M$  – 11163;  $MN$  – 15207,  $N$  – 5134. Определить частоты аллелей  $M$  и  $N$  и всех генотипов.

51. В течение охотничьего сезона на заготовительный пункт охотники сдали 15 720 шкурок лисиц. Среди них оказалось 7 альбиносов. Определить генетическую структуру популяции лисиц по альбинизму.

## Практическое занятие №11

### Анализ результатов скрещиваний при взаимодействии аллельных генов и множественном аллелизме

**Цель работы** – научиться анализировать результаты скрещиваний.

Анализ  $F_1$  позволяет не только сформулировать закон единообразия гибридов первого поколения, но и поставить вопрос о взаимодействии аллелей. Результаты многочисленных скрещиваний у различных объектов свидетельствуют о полном доминировании, если у гибрида преобладает признак одного из родителей, например, желтая окраска семян у гороха, красная окраска глаз у дрозофилы, праворукость у человека. Но бывают случаи неполного доминирования, когда признак у гибрида имеет промежуточное выражение.

Кроме того, возможно проявление у гибрида и признаков обоих родителей, например, если у матери группа крови  $A$  ( $I^A I^A$ ), а у отца  $B$  ( $I^B I^B$ ), у ребенка будет группа крови  $AB$  ( $I^A I^B$ ). В этом случае говорят о кодоминировании.

Иногда наблюдают превосходство гибридов над родительскими формами по некоторым признакам – явление, которое получило название гибридной мощности или гетерозиса. При этом говорят о сверхдоминировании ( $AA < Aa > aa$ ), хотя механизм взаимодействия

аллелей не известен.

Если ген представлен серией множественных аллелей, в компунде две аллели взаимодействуют по тем же принципам, о которых уже шла речь, но при этом определенная аллель может быть доминантной по отношению к одной, но рецессивной по отношению к другой аллели. Например, у многих животных наличие окраски определяется геном (C), детерминирующим фермент тирозиназу. Он представлен серией аллелей, контролирующих окраску волос, глаз и кожи. Аллель C определяет сплошную (полную) окраску (дикий тип), а другие аллели – лишь частичную окраску, или ее полное отсутствие (альбинизм). По степени доминирования аллели можно расположить в следующем порядке: C (полная окрашенность) > c<sup>ch</sup> (частичная, типа шиншиллы) > c<sup>h</sup> (частичная, типа горностаевой) > c (альбинизм). Могут наблюдаться более сложные типы взаимодействия генов, такие как эпистаз, комплементарность.

*Пример.* При скрещивании пестрых петуха и курицы было получено 38 цыплят: 9 – белых, 11 – черных, 18 – пестрых. У каких по окраске птиц при скрещивании будут только пестрые цыплята и почему?

В потомстве, полученном от скрещивания одинаковых по фенотипу родителей (пестрых), наблюдается расщепление по окраске. Это позволяет сделать вывод о том, что родители были гетерозиготны по этому признаку. Если гипотеза о гетерозиготности родителей справедлива, то в потомстве следовало ожидать расщепления по генотипу: 1 AA : 2 Aa : 1 aa, причем Aa должны иметь фенотип родителей, то есть пестрое оперение. Полученные результаты полностью соответствуют ожидаемым. Тогда белые и черные цыплята должны быть гомозиготами. Именно при их скрещивании и можно получить пестрое потомство. Пестрые цыплята – гетерозиготы с промежуточным выражением признака, так как взаимодействие аллелей окраски оперения осуществляется по типу неполного доминирования.

### Задачи

52. Птицевод подозревает, что некоторые из кур виандоттов, имеющих розовидный гребень, гетерозиготны по этому признаку (простой листовидный гребень – рецессив). Доминирование полное. Каким образом это можно проверить?

53. Если у матери группа крови А, а у отца – В, то какая группа

крови должна быть у их ребенка, если родители гомозиготны ( $I^A I^A$  и  $I^B I^B$ ) по этому признаку? Если оба родителя или один из них гетерозиготен ( $I^A I^O$  и  $I^B I^O$  или  $I^A I^O$ )?

54. При скрещивании норок с разной окраской шерсти были получены следующие результаты:

P ♀ бежевая × ♂ серый  
F<sub>1</sub> коричневые

F<sub>2</sub> 14 серых : 46 коричневых : 5 кремовых : 16 бежевых

Определить, по какому числу генов различались скрещиваемые формы?

55. Селекционер скрещивал кроликов шиншилловой окраски с гималайскими. Все первое поколение было светло-серым. Полученные гибриды скрещивались между собой. При этом были получены крольчата светло-серые, гималайские и шиншилловые. Составьте генотипы родителей и потомков первого и второго поколений.

56. На резус-отрицательного ребенка, имеющего группу крови MN, претендуют две родительские пары:

а) мать резус-отрицательная с группой крови M и отец резус-положительный с группой крови M;

б) мать резус-положительная с группой крови N и отец тоже резус-положительный с группой крови M. Какой паре принадлежит ребенок?

57. Перед судебно-медицинской экспертизой поставлена задача выяснить: мальчик, имеющийся в семье супругов Ивановых, является родным или приемным. Исследование крови мужа, жены и ребенка показало: жена – Rh<sup>-</sup>Rh<sup>-</sup>, AB(IV) группа крови с антигеном M, муж – Rh<sup>-</sup>Rh<sup>-</sup>, 0 (I) группа крови с антигеном N; ребенок – Rh<sup>+</sup>Rh<sup>-</sup>, 0 (I) группа крови с антигеном M. Какое заключение должен дать эксперт, и на чем оно основано?

58. Среди 143 жеребят-потомков производителя Годвана 65 болели аниридией (отсутствие радужной оболочки глаз). Годван тоже страдал аниридией, но его отец и мать были здоровыми. Как объяснить появление этой наследственной болезни у 65 жеребят и у самого Годвана? Можно ли использовать на племя здоровых потомков Годвана?

59. В небольшом стаде чистопородных герефордов от быка Принца Ларри и 6 коров получено 6 телят, в том числе два карлика и три альбиноса. Две коровы были полными сестрами, а две-

полусестрами быка Принца Ларри. Фенотипы полученного потомства: от коровы 1 – альбинос, карлик; от коровы 2 – не альбинос, карлик; от коровы 3 – альбинос, не карлик; от коровы 4 – не альбинос, не карлик; от коровы 5 – альбинос, не карлик; от коровы 6 – не альбинос, не карлик. Как можно объяснить природу альбинизма и карликовости? Какие рекомендации можно дать в отношении дальнейшего использования быка?

60. У свиней и крупного рогатого скота наследственное заболевание порфирия, обусловленное аутосомным рецессивным геном  $p$ , вызывает накопление порфирина в крови и некоторых тканях. Больные животные чрезвычайно чувствительны к солнечному свету. Болезнь проявляется в виде изъязвлений вокруг глаз, носа и других частей тела, не защищенных волосяным покровом. Определите, как наследуется ген  $p$ , обуславливающий порфирию:

- а) если спариваются гетерозиготные по гену порфирии животные;
- б) если один из родителей здоров, а другой болен;
- в) если один из родителей болен, а другой гетерозиготен по гену порфирии.

## ГЛОССАРИЙ

**Аллели множественные** – серия аллелей одного гена. Локализуются в одном и том же локусе. Возникают друг от друга путем мутаций. Часто образуют последовательность, в которой каждый предыдущий член (слева направо) доминирует над последующим.

**Аллель** (*греч. аллелон – взаимно*), аллеломорфа, аллельный ген – различные формы одного и того же гена, расположенные в одинаковых участках (локусах) гомологичных (парных) хромосом. Аллель определяет варианты развития одного и того же признака. Распространенные в природе аллели, обуславливающие характерные для вида признаки, называются аллели «дикого типа», а происходящие от них аллели с измененной структурой гена – мутантными. В нормальной диплоидной клетке может присутствовать не более двух аллелей одного локуса одновременно. В одной гамете две аллели не могут находиться. Для большинства генов известны только две аллели (аллельная пара), однако иногда встречаются серии множественных аллель, возникающих путем мутаций состояний одного локуса хромосомы и отличающихся по своему проявлению. Наследование признаков, определяемых аллелями (как парными, так и множественными), подчиняется законам Менделя. Учение об аллелях имеет большое значение в генетике, медицине и селекции. Наличие нескольких аллелей каждого гена обеспечивает определенный уровень генетического разнообразия (например, три аллели обуславливают существование четырех основных групп крови у человека) и определяет существование разных форм одного и того же заболевания (например, анемии – «малокровия»), специфичных признаков у животных, в том числе влияющих на их хозяйственную производительность, устойчивость к болезням и т.д.

**Альбинизм** (*лат. альбус – белый*) – врожденное отсутствие нормальной для данного вида организмов пигментации. У животных и человека альбинизм выражается в отсутствии пигментации кожи, волосяного покрова и радужной оболочки глаз. Особи, частично или полностью лишенные пигментации («белые»), называют частичными или полными альбиносами.

**Амниоцентез** – метод пренатальной диагностики генетических аномалий.

**Анализирующее скрещивание** – 1. Скрещивание между гете-

розиготой (по одному или более локусам) и соответствующей рецессивной гомозиготой. 2. Скрещивание особи с доминантным фенотипом с рецессивной гомозиготой (анализатором). Позволяет выяснить генетическую структуру испытуемого организма гомо- или гетерозиготность.

**Андрогенез** (греч. *андрос* – мужчина + *генез*) – развитие яйцеклетки с ядром только мужского происхождения, образовавшегося в яйцеклетке в момент, когда материнское ядро уже почему-либо погибло, из ядер двух сперматозоидов (один сперматозоид, несущий гаплоидный набор хромосом, не может дать начало вполне жизнеспособному зародышу).

**Аномалия** (греч. *аномалия* – неровность) – любое отклонение от известной нормы, среднего состояния. В биологии слабая аномалия часто не отличима от нормальной изменчивости.

**Анэуплоидия** – геномная мутация, при которой в соматических клетках изменено число некоторых хромосом: имеются «лишние» или отсутствуют отдельные хромосомы.

**Аутбридинг** – скрещивание неродственных особей.

**Аутополиплоидия** – более чем кратное изменение числа хромосом у данного вида. В результате возникают полиплоидные особи, имеющие более двух гомологичных хромосом. Иногда вместо термина «аутополиплоидия» используется термин «аутоплоидия».

**Аутосома** (греч. *аутос* – сам + *сома*) – хромосома, морфологически идентичная со своей гомологичной парой. Все обычные – неполовые.

**Гамета** (греч. *гамете* – жена, *гаметес* – муж) – половые, или репродуктивные, клетки с гаплоидным (одинарным) набором хромосом – женские (яйца, или яйцеклетки) и мужские (сперматозоиды, спермии, живчики). Гаметы обеспечивают передачу наследственной информации от родителей потомкам. При слиянии разнополых гамет развивается новая особь (иногда группа особей) с наследственными признаками обоих родителей, распределяющимися по законам Менделя. Гаметы одинаковой величины называют изогаметами, неодинаковой – анизогаметами, более крупные – макрогаметами, более мелкие – микрогаметами. В результате слияния разнополых гамет образуется диплоидная зигота. Развитие организма из неоплодотворенной гаметы – партеногенез.

**Гаметогенез** (*гамета + генез*) – процесс образования и развития половых клеток – гамет – женских (оогенез) и мужских (сперматогенез). Гаметогенез происходит в результате многих перестроек, иногда (у растений) очень сложным способом, но всегда в конечном итоге образуются гаплоидные гаметы.

**Гаплоид** (греч. *гаплос – одиночный, простой + греч. эйдос – вид*) – клетка (ее ядро) или особь с одинарным (гаплоидным) набором непарных хромосом, образующимся в результате редукционного деления (мейоза). Гаплоидны половые клетки (гаметы), некоторые стадии развития организмов, обычно размножающихся бесполом путем (водоросли, грибы). У большинства животных и человека гаплоидны только половые клетки.

**Ген** (греч. *генос – род, происхождение*) – наследственный фактор, единица наследственного материала (генетической информации) – определенный участок молекулы ДНК у высших организмов и РНК у вирусов и фагов, – расположенная в определенном участке (локусе) данной хромосомы (у эукариот) или генетическом материале (у прокариот). Совокупность всех генов организма составляет генотип. Каждый ген, включающий от нескольких сотен до 1500 нуклеотидов, ответственен за синтез определенного белка (полипептидной цепи), фермента и т.п. контролируя их образование, гены управляют всеми химическими реакциями организма, а потому определяют его признаки. На ДНК-матрице гена синтезируется информационная РНК, которая затем сама служит матрицей для синтеза белка. Следовательно, ген служит основой системы ДНК – РНК – белок. Важнейшее свойство гена – сочетание их высокой устойчивости (неизменяемости в ряду поколений) со способностью к наследуемым изменениям – мутациям, служащим основой изменчивости организмов, дающей материал для естественного отбора. Дискретное наследование задатков было открыто в 1865 г. австрийским (чешским) естествоиспытателем Г. Менделем (1822–1884 гг.). В 1909 г. датский генетик В. Иогансен (1857–1927 гг.) назвал их генами.

**Ген мутационный** – ген, в котором произошли перестройки или нарушения порядка расположения нуклеотидов, то есть мутация. От гена мутационного следует отличать ген-мутатор, который увеличивает частоту мутаций других независимых генов. Ген мутационный может быть доминантным или рецессивным.

**Генетика** – дисциплина, изучающая механизмы и закономерности

сти наследственности и изменчивости организмов, методы управления этими процессами. Основы современной генетики заложены австрийским (чешским) естествоиспытателем Г. Менделем (1822–1884 гг.), открывшим законы наследственности (1865), и американской научной школой Т. Моргана (1866–1945 гг.), обосновавшей хромосомную теорию наследственности в течение первых двух десятилетий нашего века. Значительную роль в развитии генетики сыграли работы Н.И. Вавилова (1887–1943 гг.), Н.К. Кольцова (1872–1940 гг.), С.С. Четверикова (1880–1959 гг.), А.С. Серибровского (1892–1948 гг.) и др. советских ученых. Генетика включает ряд отраслей – по объектам исследования (Генетика микроорганизмов, растений, животных, человека) и практическому приложению (медицинская генетика и т. п.). Генетика тесно связана с молекулярной биологией, цитологией, эволюционным учением, селекцией. Данные генетики имеют большое значение для медицины, генной инженерии, биотехнологии-2 и других областей практики.

**Генетический анализ** – совокупность методов изучения наследственных свойств организма.

**Генетический груз** – генетические нарушения, уменьшающие приспособленность индивидуумов или популяций.

**Генокопия** (лат. *ген* + *копия* – *множество*) – возникновение внешне сходных фенотипических признаков под воздействием генов, расположенных в различных участках хромосомы или в различных хромосомах. Генокопия – следствие контроля признаков сразу многими генами. Многоэтапный биосинтез молекул в клетке может приводить к одинаковому результату – отсутствию конечного продукта реакций, вызванных мутацией, а следовательно, к одинаковому изменению фенотипа. Например, известны рецессивные аллели различных генов, расположенных в разных хромосомах дрозофилы, но каждый из них обуславливает одинаковую ярко-красную окраску глаз мушки. Строго говоря, изменения фенотипа отличаются друг от друга, поскольку исходные изменения происходят на разных этапах биосинтеза, но внешне разница не всегда заметна.

**Геном** (греч. *генос* – *рождение*): 1) совокупность генов, содержащихся в гаплоидном (одинарном) наборе хромосом данной клетки, данного вида организмов. В гаплофазе деления диплоидной клетки она содержит один геном, в диплофазе – два, один из которых введен в зиготу женской, а другой – мужской гаметой. Размер генома (моле-

кулярная масса ДНК, приходящаяся на одну гаплоидную клетку), растет соответствует эволюции (например, размеры молекулы ДНК, их молекулярная масса увеличиваются в последовательности: фаг –  $3,6 \times 10^6$ , кишечная палочка –  $2,5 \times 10^9$ , лилия –  $6,1 \times 10^{13}$ ), но у животных эти показатели меньше, чем у растений: дрозофила –  $1,1 \times 10^{11}$ , мышь –  $1,7 \times 10^{12}$ , человек –  $1,0 \times 10^{12}$  (при этом и у животных несколько растет число пар нуклеотидов – дрозофила  $1,7 \times 10^8$ , человек –  $2,9 \times 10^9$ ); 2) совокупность наследственных признаков, локализованных в ядре клетки.

**Генотип** (греч. *ген* + *типос* – *форма*) – совокупность (система) всех наследственных задатков особи, наследственная основа организма, составленная совокупностью генов (геномом), а также неядерных – цитоплазматических и пластидных (плазмон) – ее носителей. Каждый ген находится в сложном взаимодействии с остальными и с плазмоном; генотип – это сложно взаимодействующая система наследственных задатков данной клетки или организма, включая аллели генов, характер их сцепления в хромосомах и наличие хромосомных перестроек.

**Генофонд** (франц. *ген* + *фонд* – *основание*): 1) совокупность генов (аллелей) группы особей, популяций или вида, в пределах которых они характеризуются определенной частотой встречаемости (генет.); 2) вся совокупность видов живых организмов с их проявившимися и потенциальными наследственными задатками.

**Гены, сцепленные с полом** – гены, локализованные в половых хромосомах. Их наследование зависит (например, в случае X-сцепленных генов) от направления скрещивания.

**Гетерогаметный пол** – пол, у которого в процессе мейоза образуются два типа гамет, различающихся по составу половых хромосом. У человека и дрозофилы – это мужской пол; в гонадах мужских особей формируются X- и Y-содержащие сперматозоиды.

**Гетерозигота, гетерозиготность** (греч. *гетеро* + *зиготос* – *сопряженный*) – содержание в клетках тела разных генов данной аллельной пары, например, Aa, возникающее вследствие соединения гамет с разными аллелями, например, A и a. При размножении происходит расщепление на особи, несущие признаки, контролируемые аллелями A и a. Одна и та же особь может быть гетерозиготной в отношении одной или нескольких аллельных пар генов и гомозиготной в отношении других генов.

**Гетерозис** (греч. гетерозис – изменение, превращение) – «гибридная сила», или «гибридная мощь», – ускорение роста, увеличение размеров, повышение жизнестойкости и плодовитости гибридов первого поколения по сравнению с родительскими формами животных. Во втором и последующих поколениях гетерозис обычно затухает. Отличают гетерозис истинный – превосходство гибрида по какому-нибудь признаку над лучшим из родителей и гетерозис гипотетический – превосходство гибрида над некоторой средней величиной, характерной для обоих родителей. Различают также гетерозис соматический – более мощное развитие вегетативных органов (соматических признаков) у гибридных организмов, гетерозис репродуктивный – большее развитие репродуктивных органов, повышенная фертильность (способность к размножению), приводящая к более интенсивному размножению животных, и адаптивный – повышение приспособленности гибридных особей к условиям среды, их конкурентоспособности в борьбе за существование. Механизмы гетерозиса до сих пор недостаточно изучены. Наиболее популярны две теории гетерозиса: теория доминирования и теория сверхдоминирования. Теория доминирования исходит из представлений о том, что при скрещивании гомозигот у гибридов первого поколения неблагоприятные рецессивные аллели переводятся в гетерозиготное состояние:  $AAbb \times aaBB \rightarrow AaBb$ ; тогда  $AaBb > AAbb$ ,  $AaBb > aaBB$ . Теория сверхдоминирования предполагает повышенную конститутивную (общую) приспособленность гетерозигот по сравнению с любой из гомозигот:  $Aa > AA$  и  $Aa > aa$ . Существуют и более сложные представления о гетерозисе, например, теории гетерозиса В.А. Струнникова; суть этой теории в том, что в чистых линиях происходит накопление генов-модификаторов, подавляющих нежелательные эффекты некоторых аллелей; при скрещивании разных чистых линий каждая из них привносит свой *компенсаторный комплекс генов-модификаторов*, что усиливает подавление вредных аллелей.

**Гибрид** (лат. хибрида – помесь) – организм (или клетка), полученный в результате скрещивания разнородных в генетическом отношении родительских форм (видов, пород, линий и т.п.). Процесс такого скрещивания называется гибридизацией. Ее применяют для получения ценных форм организмов. Скрещивание особей одного вида (его подвидов, пород или линий) называют внутривидовой гибридизацией, причем для линий термин «гибридизация», «гибрид»

применяется условно, так как их генотипы близки; скрещивание особей из различных видов или родов называют отдаленной гибридизацией. Отличают естественно происходящую в природе спонтанную гибридизацию и искусственную гибридизацию. Гибридизация обычно сопровождается явлением гетерозиса. Возможна гибридизация не на основе полового процесса, а получения гибрида соматических клеток. При этом сливаются их ядра (если сливается только протоплазма, содержащая неслившиеся ядра, то получается синкарион). Такую гибридизацию производят в искусственных условиях – при пониженных температурах, в присутствии некоторых вирусов и т.п. Соматические гибриды возможны между клетками очень отдаленных в систематическом отношении видов, половое скрещивание между которыми неосуществимо, например, соматические гибриды клеток человека и мыши, человека и курицы. На такой гибридизации основаны некоторые приемы клеточной инженерии. В молекулярной биологии говорят о «молекулярной гибридизации» – между разными молекулами ДНК или между ДНК и РНК.

**Гомогаметный пол** – пол, у которого в ходе мейоза образуется только один тип гамет по составу половых хромосом. У человека и дрозофилы таковым является женский пол.

**Гомозигота, гомозиготность** (*гомо + зигота*) – содержание в клетке одинаковых генов данной аллельной пары (AA или aa), возникающее вследствие соединения гамет, несущих одинаковые аллели данного гена – А и А или а и а (при размножении такой особи расщепления признаков быть не может); однородность наследственной основы (генотипа) организма, происходящего от родителей, сходных по тому или другому наследственному признаку.

**Гомологичные хромосомы** – хромосомы (или их сегменты), идентичные по структуре составляющих их локусов; в эволюционном смысле – хромосомы, сходные в различных организмах в силу их происхождения от общего предка.

**Груз генетический** – наличие в популяции и в виде в целом летальных и других отрицательных мутаций, вызывающих при переходе в гомозиготное состояние гибель особей или снижение их жизнеспособности. Груз генетический особенно заметен при близкородственном скрещивании (в том числе при близкородственных браках). Груз генетический в человеческих популяциях непрерывно растет в связи с мутагенным воздействием на людей неблагоприятных факто-

ров окружающей среды, в том числе прежде всего физического и химического ее загрязнения. Груз генетический возрастает при алкоголизме и наркомании. Местами он достигает опасного размера, превышающего социально-допустимый уровень.

**Группа крови** – тип крови, различающийся у особей одного вида по иммунологическим признакам – наличию или отсутствию определенных антигенов в эритроцитах и антител в плазме крови. Обусловлен различными аллелями одного гена. Группу крови определяют по реакции гемагглютинации (склеивания эритроцитов). У человека 4 основные группы крови: 1-я (0), 2-я (А), 3-я (В) и 4-я (АВ) и 27 вариантов резус-систем. Типы антител плазмы обозначают греческими буквами  $\alpha$  и  $\beta$ . Переливание крови производится с учетом совместимости по группе, кровь животных вне зависимости от ее группы несовместима с кровью человека.

**Группа сцепления** – совокупность генов, локализованных в линейном порядке в данной хромосоме. Члены группы сцепления могут наследоваться совместно.

**Делеции** – отсутствие части генетического материала, находящегося в хромосоме или в цитоплазме; размер делеции может варьировать от одного нуклеотида до сегмента, включающего группу генов (например, целую хромосому); хромосомная мутация при которой утрачивается участок хромосомы.

**Дефишенси** – делеция концевой участка хромосомы.

**Дигибридное скрещивание** – скрещивание между организмами, несущими различные аллели в двух различных локусах.

**Дизиготные близнецы** – близнецы, развивающиеся из двух независимо оплодотворенных яйцеклеток; двуяйцевые близнецы.

**Дикий тип** – преобладающий фенотип или преобладающая аллель в природной популяции.

**Диплоид** – клетка, ткань или организм, имеющие два набора хромосом.

**Диплоиды** – клетки или организмы, содержащие двойной набор гомологичных хромосом.

**Доминантный** – аллель или соответствующий признак, проявляющийся в гетерозиготе.

**Доминирование** – проявление действия лишь одной из аллелей у гетерозиготного организма.

**Дупликация** – удвоение какого-либо участка хромосомы. Игра-

ет важную роль в эволюции, поставляя сырой материал для образования новых генов и генетических регуляторных систем.

**Закон Харди-Вайнберга** – закон, согласно которому частоты генотипов в популяции могут быть предсказаны по частотам генов при условии случайного скрещивания.

**Зигота** – диплоидная клетка, формируемая в результате слияния яйцеклетки и сперматозоида.

**Изменчивость** – различия между индивидуумами, принадлежащими к одному виду.

**Инбредная депрессия** – снижение приспособленности, вызванное инбридингом.

**Инбридинг** – скрещивание между родственными особями.

**Инверсия** – перестройка линейного расположения генов в хромосоме или плазмиде, в основе которой лежит образование петли с последующим поворотом входящих в состав петли последовательностей на  $180^\circ$ .

**Кариотип** – хромосомный набор клетки или организма, характеризуется числом, размером и конфигурацией хромосом.

**Карта сцепления** – хромосомная карта, показывающая порядок линейного расположения генов на хромосоме.

**Кодоминирование** – фенотипическое проявление обеих аллелей у гетерозиготных организмов.

**Количественный признак** – признак, варьирующий более или менее непрерывно от одной особи к другой, что позволяет распределить особей в классы в соответствии со степенью выраженности признака.

**Комплементарность** – свойство нуклеотидов образовывать парные комплексы при взаимодействии цепей нуклеиновых кислот.

**Комплементарные гены** – два или более неаллельных гена, определяющих развитие одного признака организма.

**Коэффициент инбридинга** – вероятность того, что два гена в данном локусе идентичны по происхождению.

**Коэффициент отбора** – мера эффективности отбора, изменяемая по уменьшению частоты встречаемости гамет данного типа в следующем поколении.

**Кроссинговер** – обмен идентичными участками между хроматидами гомологичных хромосом, регулярно наблюдающийся в мейозе.

**Линии чистые** – совокупность генотипически однородных организмов, возникающих в результате самоопыления у растений или длительного близкородственного скрещивания у животных.

**Множественные аллели** – наличие у особей данного вида более чем двух аллелей для определенного локуса.

**Модификации** – ненаследственные изменения фенотипа организмов под влиянием условий среды. Диапазон модификационной изменчивости определяется генотипически обусловленной нормой реакции.

**Мозаики** – организмы, состоящие из клеток с различным генотипом, возникают вследствие мутаций или соматического кроссинговера.

**Монозиготные близнецы** – близнецы, родившиеся из одной одной и той же оплодотворенной яйцеклетки, давшей начало двум эмбрионам на ранней стадии развития.

**Мутаген** – физический или химический агент, увеличивающий частоту возникновения мутаций.

**Мутагенез** – процесс возникновения мутаций.

**Мутант** – клетка или отдельный организм, характеризующийся изменением, вызванным мутацией; организм, несущий мутантную (отличную от дикого типа) аллель.

**Мутация** – изменение типа, числа или порядка расположения нуклеотидов в генетическом материале. Это изменение более или менее устойчиво, не запрограммировано генетически, наследуется и встречается с варьирующей в широких пределах частотой.

**Мутирование** – процесс, в результате которого в гене появляются наследуемые изменения.

**Наследственные болезни** – патологические состояния, связанные с мутацией гена и передающиеся из поколения в поколение.

**Наследуемость** – степень, в какой определенный признак контролируется генетически.

**Норма реакции** – 1) диапазон изменчивости, то есть совокупность фенотипов, которые могут возникнуть на основе данного генотипа под влиянием изменяющихся условий среды; 2) ряд всех возможных фенотипов, которые могут сформироваться на основе данного генотипа в различных условиях среды.

**Оогенез** – процесс дифференцировки клеток зародышевой линии, сопровождаемый мейозом и приводящий к образованию зрелой яйцеклетки.

**Отбор негативный** – отбраковывание худших особей (с точки зрения селекционера).

**Отбор позитивный** – для дальнейшего воспроизведения оставляются лучшие особи.

**Панмиксия** – свободное скрещивание особей, составляющих в совокупности популяцию.

**Плейотропия** – влияние одного гена на проявление нескольких различных признаков.

**Полигенные признаки** – признаки, определяемые многими генами, каждый из которых оказывает лишь небольшое влияние на степень экспрессии данного признака.

**Полигены** – совокупность генов, оказывающих одинаковое влияние на один какой-либо признак. При формировании таких признаков полигены действуют кумулятивно, они ответственны за формирование многих количественных признаков.

**Полиморфизм** – присутствие в популяции нескольких форм гена или признака.

**Полиплоид** – клетка, ткань или организм, имеющие три или более набора хромосом.

**Полиплоидия** – увеличение числа хромосом (как четное, так и нечетное), кратное гаплоидному набору. Полиплоидия относится к геномным мутациям.

**Половые хромосомы** – пара хромосом, отличная по структуре и функциям от аутосом и имеющая отношение к генетическому механизму определения пола.

## ЛИТЕРАТУРА

1. Бакай, А.В. Генетика: учеб. пособ. для студ. высш. учеб. заведений / А.В. Бакай, И.И. Кочиш, Г.Г. Скрипченко. – М.: КолосС, 2007. – 448 с.
2. Клундук, А.С. Методические указания по биометрии: учеб.-метод. пособие / А.С. Клундук, А.С. Серков; Краснояр. с.-х. ин-т. – Красноярск, 1985. – 44 с.
3. Курбатов, А.И. Практикум по генетике. Ч.2 / А.И. Курбатов; Краснояр. гос. аграр. ун-т. – Красноярск, 1987. – 208 с.
4. Мамонтов, С.Г. Биология: учеб. для студ. высш. учеб. заведений / С.Г. Мамонтов. – М.: Академия, 2006. – 576 с.
5. Плохинский, Н.А. Руководство по биометрии для зоотехников / Н.А. Плохинский. – М.: Колос, 1969. – 256 с.
6. Реймерс, Н.Ф. Популяционный биологический словарь / Н.Ф. Реймерс. – М.: Наука, 1991. – 536 с.
7. Тихомирова, М.М. Генетический анализ: учеб. пособие / М.М. Тихомирова. – Л.: Изд-во ЛГУ, 1990. – 280 с.
8. Хижняк, С.В. Методы статистической обработки: учеб.-метод. пособие. Ч. 2 / С.В. Хижняк, Е.Я. Мучкина; Краснояр. гос. аграр. ун-т. Красноярск, 2003. – 64 с.
9. Четвертакова, Е.В. Теоретические основы селекции: курс лекций / Е.В. Четвертакова; Краснояр. гос. аграр. ун-т. – Красноярск, 2012. – 92с.
10. Четвертакова, Е.В. Теоретические основы селекции: метод. указания к практическим занятиям / Е.В. Четвертакова; Краснояр. гос. аграр. ун-т. – Красноярск, 2008. – 71 с.
11. Щипков, В.П. Общая и медицинская генетика: учеб. пособ. для высш. мед. учеб. заведений / В.П. Щипков, Г.Н. Кривошеева. – М.: Академия, 2003. – 256 с.

## ПРИЛОЖЕНИЯ

### Приложение А

#### Стандартное значение критерия Стьюдента

ν	P=0,95	P=0,99	P=0,999	ν	P=0,95	P=0,99	P=0,999
1	12,7	63,7	637,0	13	2,2	3,0	4,0
2	4,3	9,9	31,6	14–15	2,1	3,0	4,1
3	3,2	5,8	12,9	16–17	2,1	2,9	4,0
4	2,8	4,6	8,6	18–20	2,1	2,9	3,9
5	2,6	4,0	6,9	21–24	2,1	2,8	3,8
6	2,4	3,7	6,0	25–28	2,1	2,8	3,7
7	2,4	3,5	5,3	29–30	2,0	2,8	3,7
8	2,3	3,4	5,0	31–34	2,0	2,7	3,7
9	2,3	3,3	4,8	35–42	2,0	2,7	3,6
10	2,2	3,2	4,6	43–62	2,0	2,7	3,5
11	2,2	3,1	4,4	63–175	2,0	2,6	3,4
12	2,2	3,1	4,2	176 и более	2,0	2,6	3,3

### Приложение Б

#### Коэффициенты фенотипических корреляций между признаками у сельскохозяйственных животных и птиц

Вид животного и сопряженные признаки	Коэффициент корреляции
1	2
Крупный рогатый скот	
Молочный	
Удой * жирность молока	- 0,3...+0,42
Удой * белок молока	-0,36
Удой * количество молочного жира	0,8...0,9
Содержание жира * белок молока	0,48
Удой * живая масса коров	0,2...0,51
Удой * форма вымени	0,2...0,41
Удой * тип телосложения	0,35...0,50
Удой * обхват груди	0,26
Удой * длина туловища	0,17
Удой * длина вымени	0,5
Удой * скорость молокоотдачи	0,01...0,19
Удой * объем циркулирующей крови	0,6

## Окончание приложения Б

1	2
Удой * степень развития молочной железы в трех-пятимысячном возрасте	0,35...0,78
Удой * возраст первого отела	0,18...0,39
Межотельный период * сервис-период	0,8...0,98
Сервис-период * индекс вымени	0,7...0,8
Удой полных сестер	0,65
Удой полусестер	0,38
Мясной	
Масса при рождении * масса при отъеме	0,42
Масса при отъеме * среднесуточный прирост	0,2
Масса при отъеме * толщина жира	0,01
Овцы	
Настриг шерсти * живая масса	0,2...0,5
Настриг * выход чистой шерсти	0,7
Настриг * складчатость кожи	0,3...0,63
Настриг * количество эритроцитов и гемоглобина	0,47...0,8
Живая масса при рождении * масса при отъеме	0,34
Суточный прирост * настриг шерсти	0,17
Живая масса * толщина кожи	-0,72
Тонина * длина шерсти	-0,1...-0,8
Длина шерсти * складчатость кожи	-0,3...-0,8
Тонина * густота шерсти	-0,42
Тонина * настриг шерсти	-0,53
Густота шерсти * складчатость кожи	0,5...0,6
Свиньи	
Содержание мяса в туше * толщина шпика	-0,59
Содержание жира * длина туши	-0,1...-0,8
Содержание сахара в крови * плодовитость	-0,45
Толщина шпика * жира в туше	0,69
Содержание мяса в туше * площадь мышечного «глазка»	0,4...0,68
Длина туши * содержание мяса	0,05...0,33
Выход мяса * общая длина позвоночника	0,18
Содержание глобулина в сыворотке крови * суточные приросты	0,33
Активность ферментов переамирования * плодовитость	0,6...0,73
Куры	
Годовая яйценоскость * яйценоскость за первые три месяца	0,68
Живая масса кур * масса яиц	0,3...0,7
Продолжительность яйцекладки * годовая яйценоскость	0,74
Яйценоскость * содержание щелочной фосфатазы	0,44
Яйценоскость * продолжительность зимней паузы	0,51

# **ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ**

## **МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ К ПРАКТИЧЕСКИМ ЗАНЯТИЯМ**

**Четвертакова Елена Викторовна**

*Редактор Е. А. Семеркова*

Санитарно-эпидемиологическое заключение № 24.49.04.953.П. 000381.09.03 от 25.09.2003 г.

Подписано в печать 27.05.2014. Формат 60x84/16 Бумага тип. № 1.

Печать – ризограф. Усл. печ. л. 5,0. Тираж 110 экз. Заказ №

Издательство Красноярского государственного аграрного университета  
660017, Красноярск, ул. Ленина, 117

Министерство сельского хозяйства Российской Федерации  
ФГБОУ ВПО «Красноярский государственный аграрный университет»

**Е.В. Четвертакова**

**ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ  
ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ**

**МЕТОДИЧЕСКИЕ УКАЗАНИЯ  
К ПРАКТИЧЕСКИМ ЗАНЯТИЯМ**

Красноярск 2014