

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

Е.В. Четвертакова, А.Е. Луценко

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ
И ВОСПРОИЗВОДСТВА ОВЕЦ, КОЗ**

Методические указания к практическим занятиям

Красноярск 2015

Рецензент

*О.В. Романова, канд. с.-х. наук, доцент кафедры
экологии и естествознания Красноярского ГАУ*

Четвертакова, Е.В.

Генетические основы селекции и воспроизводства овец, коз: метод. указания к практ. занятиям / Е.В. Четвертакова, А.Е. Луценко; Краснояр. гос. аграр. ун-т. – Красноярск, 2015. – 42 с.

Приведено содержание практических занятий, терминологический словарь, приложение.

Предназначено для бакалавров очной и заочной форм обучения по направлению: 36.03.02 (4.36.03.02) «Зоотехния».

Печатается по решению редакционно-издательского совета
Красноярского государственного аграрного университета

© Четвертакова Е.В., Луценко А.Е., 2015

© ФГБОУ ВО «Красноярский государственный
аграрный университет», 2015

ОГЛАВЛЕНИЕ

Введение.....	4
Модуль 1. Генетические основы селекции овец и коз.....	6
Модульная единица 1.....	6
Практическое занятие 1. Применение вариационно-статистического метода при обработке массовых данных количественных и качественных признаков (2 часа)	6
Практическое занятие 2. Построение вариационного ряда (2 часа).....	14
Практическое занятие 3–4. Коэффициент корреляции (4 часа).....	17
Модульная единица 2.....	21
Практическое занятие 5. Сцепленное наследование (2 часа).....	21
Практическое занятие 6. Наследование признаков, сцепленных с полом (2 часа).....	22
Практическое занятие 7. Применение популяционного метода в практике селекции (2 часа).....	24
Практическое занятие 8–9. Анализ результатов скрещиваний при взаимодействии аллельных генов и множественном аллелизме (4 часа).....	28
Терминологический словарь.....	32
Литература.....	40
Приложение.....	41

ВВЕДЕНИЕ

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

Современные 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 селекционеру необходимы углубленные знания по генетике, селекции и воспроизводству животных.

Знание генетических основ селекции овец и коз поможет специалистам в совершенствовании пород данных животных.

Курс «Генетические основы селекции и воспроизводства овец, коз» читается после курсов «Генетика с основами биометрии», «Биотехнология», «Разведение сельскохозяйственных животных» и, опираясь на них, свободно оперирует всеми генетическими понятиями.

Данная дисциплина знакомит бакалавров с методами и направлениями селекционной работы в овцеводстве и козоводстве.

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 с овцами и козами.

Задачи дисциплины:

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

- выявление количественных связей между продуктивностью животных и факторами среды;
- использование генетического анализа в практике селекции разных видов животных.

В результате изучения дисциплины бакалавр должен:

1. Знать:

- генетические основы и закономерности формирования высокопродуктивных животных;
- вопросы интенсивной селекции и взаимодействия селекционных признаков, способствующих значительному прогрессу продуктивных качеств.

2. Уметь:

- использовать генетический анализ в практике селекции разных видов животных;
- разрабатывать теоретические направления исследований.

3. Владеть методами создания высокопродуктивных популяций животных на основе современных достижений в области генетики и селекции.

МОДУЛЬ 1

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ ОВЕЦ И КОЗ

МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 1

Практическое занятие 1

Применение вариационно-статистического метода при обработке массовых данных количественных и качественных признаков (2 часа)

Цель работы – научиться применять вариационно-статистический метод при обработке массовых данных количественных и качественных признаков.

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 вычисляется по следующей формуле:

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

где \bar{X} – средняя арифметическая;

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

n – численность вариант.

Если выборка многочисленна, т. е. $n > 30$, 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;

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

K – классовый промежуток;

n – число вариантов.

Средний выход продуктов. *Пример.* На мясокомбинате за сутки переработана 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:

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

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 10,40%, или 104 г переваримого протеина. Так же рассчитывают средний выход продукта по нескольким партиям сырья.

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 особей абсолютно одинаковых. 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 возможностей 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 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 большой интерес даже при наличии других, более точных показателей разнообразия.

Среднее квадратическое отклонение (σ) 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 ягнят алтайской породы.

В первую графу вписывают варианты (массу ягнят при рождении) (табл.1). Суммировав их и разделив сумму на число вариант, получают среднюю арифметическую массу ягненка (\bar{X}):

$$\bar{x} = \sum x/n = 36,4/10 = 3,64 \text{ кг.}$$

Таблица 1 – Вычисление среднего квадратического отклонения прямым способом (при $n < 30$)

Живая масса ягнят, кг, x	Отклонения $X - \bar{X}$	Квадраты отклонений $(X - \bar{X})^2$
3,5	-0,14	0,0196
3,3	-0,34	0,1156
3,4	-0,24	0,0576
3,6	-0,04	0,0016
3,7	+0,06	0,0036
3,8	+0,16	0,0256
3,6	-0,04	0,0016
3,8	+0,16	0,0256
3,9	+0,26	0,0676
3,8	+0,16	0,0256
$\bar{X} = 36,4/10 = 3,64$	$\sum (X - \bar{X}) = 0$	$\sum (X - \bar{X})^2 = 0,344$

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

$$\sigma = \pm \sqrt{\frac{0,344}{10-1}} = \pm 0,195 \text{ кг.}$$

Сигма является показателем разнообразия, поэтому согласно правилу трех сигм, почти все варианты укладываются в интервал от -3σ до $+3\sigma$. В данном примере масса ягнят в генеральной совокупности должна находиться в пределах: $x \pm 3\sigma = 3,64 \pm 3 \times 0,195$ или $3,64 - (3 \times 0,195)$ и $3,64 + (3 \times 0,195)$, т. е. между 3,055 и 4,225 кг, что соответствует действительности.

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 σ на среднюю величину \bar{X} :

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

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

В зависимости от величины изменчивости все хозяйственно полезные признаки животных, по которым ведется селекция, подразделяют на признаки с низкой изменчивостью 1–15,9 %, средней – 16,0–25,9 %, и высокой – 26,0 % и более.

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 баранчиков этой породы в возрасте одного года, то генеральной совокупностью будут только годовалые баранчики данной породы.

В производственных условиях чаще всего проводится выборочное исследование, например, надо определить привес ягнят данного барана и сделать заключение, получают ли от данного производителя потомство с более высокими привесами по сравнению с потомством, полученным от другого барана-производителя, и решить вопрос о дальнейшем его использовании в данном хозяйстве. Практически произвести сплошное обследование всех потомков этого барана невозможно. В данном случае применяется выборочное исследование. По отношению к имеющимся потомкам вычисленные средние величины будут точными, но, характеризуя этими средними всех потомков данного барана, 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} , σ , 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 σ 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 разности 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 необходимо, 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), в которой приведены значения числа степеней свободы (V), равные $V = n_1 + n_2 - 2$.

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 (т. е. разность достоверна в 95 случаях из 100). Если критерий равен или превышает второй или третий порог, то надежность равна 0,99 и 0,999 (т. е. разность достоверна в 99 случаях из 100 или достоверна в 999 случаях из 1000).

Задачи

1. Живая масса десяти ягнят породы прекос при рождении составила: 3,65; 3,88; 3,76; 3,67; 3,89; 3,9; 3,81; 3,67; 3,69, 3,45 кг. Вычислите среднюю живую массу этих ягнят, ее ошибку и среднюю генеральной совокупности.

2. При обработке данных опыта по изучению эффективности микроэлементов при откорме овец гиссарской породы получены следующие результаты: средняя живая масса овец опытной группы ($n=20$) – 158 кг, контрольной ($n=20$) – 132 кг. Средние ошибки соответственно: $m_1 = 4,5$ кг, $m_2 = 6,0$ кг. Достоверно ли влияние микроэлементов на интенсивность прироста живой массы овец?

3. На основе правила трех сигм определить величину среднего квадратического отклонения по показателям живой массы ягнят романовской породы (табл.) при рождении среди двоен (в кг).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Живая масса, кг	2,3	2,4	2,5	2,4	2,1	2,1	2,2	2,3	2,4	2,2	2,0	2,3

Практическое занятие 2

Построение вариационного ряда (2 часа)

Цель работы – научиться вычислять \bar{X} при большом числе наблюдений выборочной совокупности и оформлять ее в виде вариационного ряда.

Порядок расчетов:

1. Подсчитать количество вариантов (X) в выборке.
2. Найти максимальное и минимальное проявление признака, т. е. найти размах изменчивости ($\lim_{\max} \lim_{\min}$).

3. Определить величину классового промежутка (K) и число классов (l):

$$K = (\lim_{\max} - \lim_{\min}) / l$$

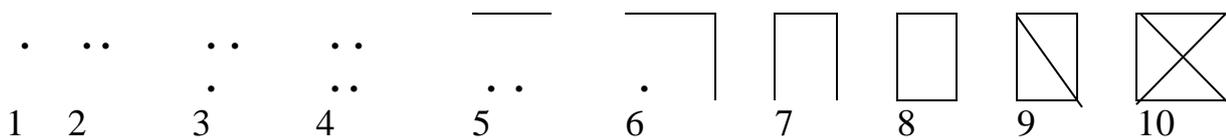
Классовый промежуток для упрощения работы можно округлить до удобной величины. Рекомендованное число классов при разном объеме выборки:

Число особей в группе (n)	Число классов (l)
30–60	5–6
61–100	7–10
101–200	9–12
201 и более	12–17 и выше

Соотношение между n и l может быть изменено, и оно не является обязательным.

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} классовый промежуток, уменьшенный на 0,1 или 1, получим верхнюю границу первого класса. Затем к нижней границе первого класса прибавляем классовый промежуток, получим границу второго класса. Прибавив к нижней границе второго класса классовый промежуток, уменьшенный на 0,1 или 1, получим верхнюю границу второго класса и т. д.

5. Произвести разnosку вариантов 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, соединяют их черточками в виде конверта.



Полученные отметки переводятся в числа, составляющие в таблице 2 значение частот f . Строка классов и строка частот образуют вариационный ряд, который подвергается обработке. Чтобы проверить не пропущены ли при разноске отдельные варианты, надо суммировать все показатели графы «частоты». Их сумма должна быть равна общему числу вариантов в выборке – $\sum f = n$.

Для обработки вариационного ряда методом произведений, вычисляем класс, включающий условную среднюю (A). 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 «-», т. е. $-1, -2, -3$ и т. д. В сторону увеличения признака перечисляем классы со знаком «+», т.е. $+1, +2, +3$ 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: $\sum fa$.

Таблица 2 – Вычисление средней арифметической

Классы	Классы (середина)	Разноска	Частота (f)	Отклонение (a)	Произведение отклонения на частоту fa
				-4	
				-1	
	A			0	
				+1	
				+2	
				+5	
	-	-	n	-	$\sum fa$

Среднюю арифметическую находим по формуле

$$\bar{X} = A + K \times \left(\frac{\sum fa}{n} \right).$$

Задачи

4. Определить среднюю арифметическую живой массы (кг) ягнят романовской породы в возрасте шести месяцев по следующим данным (n=50).

31,0	31,0	30,2	30,7	28,0	31,0	29,8	31,0	29,6	31,0
29,8	31,1	29,0	30,4	30,4	30,5	30,0	29,0	30,5	29,4
29,3	31,0	28,8	31,0	31,1	29,0	30,5	29,8	29,0	29,0
29,0	30,7	29,8	28,7	29,3	30,0	29,8	31,1	29,3	30,6
30,0	28,0	28,9	30,4	29,2	31,0	29,5	29,0	30,8	28,5

5. Определить среднюю арифметическую живой массы (кг) козочек тувинской популяции при отбивке по следующим данным (n=30).

16,2	15,0	15,8	15,5	16,1	16,1	16,0	15,1	15,4	16,2
15,9	15,8	16,2	15,9	16,0	16,2	15,8	15,3	16,2	16,0
15,0	15,7	15,7	16,0	16,3	15,7	15,8	16,1	16,0	15,5

6. Определить среднюю арифметическую начеса пуха (грамм) с оренбургской породы коз по следующим данным (n=50).

300	378	432	376	356	309	400	410	430	450
400	389	396	399	410	305	390	430	450	340
380	387	375	378	415	310	430	450	370	410
396	367	385	358	387	312	420	420	380	360
356	356	381	359	350	323	434	380	370	350

Практическое занятие 3-4 Коэффициент корреляции (4 часа)

Цель работы – 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 ± 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):

<i>сильная, или тесная</i>	<i>при коэффициенте корреляции</i>	$r > 0,70$;
<i>средняя</i>		<i>при</i> $0,50 < r < 0,69$;
<i>умеренная</i>		<i>при</i> $0,30 < r < 0,49$;
<i>слабая</i>		<i>при</i> $0,20 < r < 0,29$;
<i>очень слабая</i>		<i>при</i> $r < 0,19$.

Коэффициент корреляции может быть величиной положительной и отрицательной. Знак плюс означает, что связь между признаками прямая, т. е. увеличение одного признака сопровождается увеличением другого, сопряженного с ним признака. Если коэффициент корреляции имеет знак минус, то связь между признаками обратная, т. е. увеличение одного признака сопровождается уменьшением другого.

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.

Порядок вычисления:

1. Условно обозначить признаки:

у – первый признак;

х – второй признак.

2. Подсчитать количество вариантов по каждому признаку:

$n_y =$ всего голов,

$n_x =$ всего голов.

3. По каждому признаку определяют лимиты:

$U_{\max} -$

$X_{\max} -$

$U_{\min} -$

$X_{\min} -$

4. Найти величину классового промежутка по каждому признаку:

$$K = \max \square \min / l$$

$K_y -$

$K_x -$

5. Определить границы классов по каждому из признаков и вписать в решетку (табл. 3).

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 произведения fa^2 и определить их суммы $\sum f_x a_x^2$ и $\sum f_y a_y^2$.

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: $\sum f a_x a_y$ (табл. 4).

Таблица 3 – Корреляционная решетка

$y \backslash x$	Границы классов	f_y	a_y	$f_y a_y$	$f_y a_y^2$				
Границы классов				Нулевой класс			-1		
Границы классов	Нулевой класс		0						
Границы классов				Нулевой класс			+1		
Границы классов				Нулевой класс			+2		
Границы классов				Нулевой класс			+3		
f_x						n		$\sum f_y a_y$	$\sum f_y a_y^2$
a_x	-3	-2	-1	0	+1				
$f_x a_x$						$\sum f_x a_x$			
$f_x a_x^2$						$\sum f_x a_x^2$			

Таблица 4 – Сумма квадратов

I квадрат $f a_x a_y$	II квадрат $f a_x a_y$	III квадрат $f a_x a_y$	IV квадрат $f a_x a_y$
$\sum f a_x a_y$	$\sum f a_x a_y$	$\sum f a_x a_y$	$\sum f a_x a_y$

13. Вычислить сигмы (σ_x и σ_y), которые выражаются в относительных цифрах, т. е. без умножения на величину классового промежутка.

$$\sigma_x = \pm \sqrt{\frac{\sum f_x a_x^2}{n} - \left(\frac{\sum f_x a_x}{n}\right)^2}, \quad \sigma_y = \pm \sqrt{\frac{\sum f_y a_y^2}{n} - \left(\frac{\sum f_y a_y}{n}\right)^2}.$$

14. Вычислить коэффициент корреляции по формуле

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

Ошибка коэффициента корреляции $m_r = \pm \frac{1-r^2}{\sqrt{n}}$.

Критерий достоверности корреляции вычисляется по формуле

$$t_d = \frac{r}{m_r}.$$

Задачи

7. Определить наличие связи r между длиной шерсти (х) и активностью (у) щитовидной железы (мг/%) у овец по следующим показателям.

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

8. Определить наличие связи r между живой массой коз (х) горно-алтайской породы и начесом пуха (у).

х	40	41	43	42	40	39,9	43	39,8	40	44	42	40
у	450	500	550	530	460	490	500	460	500	520	590	500
х	43	42	41	43,5	39	42	41	42,8	39	41	40	41
у	460	500	560	470	480	530	534	500	450	570	520	540
х	40	41	42	39,8	40	40	42,7	41,9	42	40	43	43
у	520	580	550	450	460	470	580	500	510	500	600	590

МОДУЛЬНАЯ ЕДИНИЦА 2

Практическое занятие 5 Сцепленное наследование (2 часа)

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.

Пример. В тригибридном анализирующем скрещивании $AaBbCc$ х $aabvcc$ было получено следующее потомство:

$A-B-C$ – 29,	$A-ввсс$ – 211,
$aаввсс$ – 21,	$aaB-C-$ – 239,
$A-B-сс$ – 235,	$A-ввC-$ – 27,
$aаввC-$ – 215,	$aaB-сс-$ – 63.

Установите, какие гены сцеплены, а какие наследуются независимо. Напишите генотипы обоих родителей. Определите расстояние между сцепленными генами.

Решение. Вспомним, что при свободном комбинировании, когда гены A , B и C локализованы в разных парах гомологичных хромосом, тригетерозигота ($AaBbCc$) образует 8 типов гамет в равных соотношениях (1:1:1:1:1:1:1:1). В таком же соотношении появятся и 8 фенотипических потомков в F_2 .

В данном примере соотношение гамет и потомков несколько иное. Четыре типа гамет формируются примерно в одинаковых соотношениях (235:215:211:239), и можно предположить, что здесь наблюдается свободное комбинирование двух генов, находящихся в одной группе сцепления (хромосоме), и одного гена – в другой хромосоме. Сравнивая генотипы $A-B-сс$, $aаввC-$, $A-ввсс$, $aaB-C-$ можно сделать вывод, что гены A и C сцеплены (Ac – 235, Ac – 211, aC – 215, aC – 239), так как они свободно комбинируют с парой аллельных генов Bb .

Тогда величина кроссинговера между генами *A* и *c* равна $(29+21+23+27)/900 = 11,1 \%$

Расстояние между генами *A* и *c* равно 11,1 морганиды.

Вопросы

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

Задачи

9. В анализирующем скрещивании от дигетерозиготы *AaBb* получено: *AB* – 243, *Ab* – 762, *aB* – 758, *ab* – 237. Каков характер наследования генов? Определить генотип гетерозиготы. Какое соотношение фенотипов наблюдалось бы в потомстве анализирующего скрещивания, если бы исходно скрещивали гомозиготных особей *AABB* и *aabb*?

10. Определить генотип гетерозиготного родителя, порядок расположения локусов и расстояния между ними, исходя из расщепления в анализирующем скрещивании: *ABC* – 104, *abc* – 180, *aBc* – 109, *ABc* – 221, *aBC* – 5, *Ave* – 5, *avC* – 191, *ABC* – 169.

11. Кроссинговер между локусами *A* и *B* равен 20 %, между *B* и *C* 16 %. Какие типы гамет и в каком соотношении образуют организмы с генотипами: *ABC//abc*; *ABc//aBC*; в) *ABC/aBc*?

Практическое занятие 6

Наследование признаков, сцепленных с полом

(2 часа)

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, и называется гетерогаметным.

Гены половых хромосом можно разделить на три группы.

К *первой* относятся гены, которые локализованы только в

Y-хромосоме. Это – голандрические (целиком мужские) или гологенетические (целиком женские) гены, что зависит от того, какой пол гетерогаметен. Признаки, детерминируемые этими генами, наследуются только от отца к сыну или от матери к дочери. Примером может служить ген НУ, 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) рецiproкные 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 F₂ 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 реципрокных скрещиваний будут различаться только в F₂. Примером может служить общая цветная слепота у человека.

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

Задачи

12. При реципрокных скрещиваниях овец получены следующие результаты.

P ♀ цигайской породы × ♂ английской породы	
(♀ и ♂ рогатые)	(♀ и ♂ комолые)
F ₁ ♀ комолые : ♂ рогатые	
F ₂ ♀ 13 комолые	: ♂ 3 рогатые
♂ 3 рогатые	: 1 комолый

Определить генотипы скрещиваемых форм.

13. Отосклероз – доминантный аутосомный признак с пенетрантностью 30%. Отсутствие боковых верхних резцов наследуется, как сцепленный с X-хромосомой рецессивный признак с полной пенетрантностью. Определить вероятность появления потомства с обеими аномалиями одновременно, где мать гетерозиготна по генам обоих признаков, а отец нормален по обоим парам генов.

Практическое занятие 7

Применение популяционного метода в практике селекции (2 часа)

Цель работы – научиться применять популяционный метод в селекции.

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

В популяциях каждого поколения свободного скрещивания частота генотипов с доминантной и рецессивной аллелями при любой их концентрации всегда сохраняется на одном исходном 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 (A);

q – частота рецессивного гена (a);

p^2 – частота гомозигот по аллели A (генотип AA);

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

q^2 – частота гомозигот по аллели a (генотип aa).

Формулу Харди-Вайнберга можно воспроизвести по решетке Пеннета, если концентрацию доминантного гена A обозначить через p (pA), а рецессивного гена a – 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 A и гомозигот-рецессивов (a)

$$p^2AA + 2pqAa + q^2aa = 1. \quad (1)$$

Выражение (1) и представляет формулу Харди-Вайнберга, из которой следует, что число:

– гомозигот-доминантов (AA) равно квадрату частоты доминантного гена (p^2);

– гомозигот-рецессивов (aa) равно квадрату частоты рецессивного гена (q^2);

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

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:

$$\begin{aligned} AA &= p^2 = (0,8)^2 = 0,64 = 64 \text{ (черная масть);} \\ Aa &= 2pq = 2 \times (0,8 \times 0,2) = 0,32; \\ aa &= q^2 = (0,2)^2 = 0,04. \end{aligned}$$

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 мышечная дистрофия у овец вызывается рецессивным геном (c). Ягнята гомозиготные по этому гену (cc) вскоре погибают после рождения, здоровые – могут быть гомозиготными (CC) или гетерозиготными (Cc).

В стаде из 864 родившихся ягнят шесть были с мышечной дистрофией. 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 рецессивного аллеля мышечной дистрофии 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:

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

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

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

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

В изученном стаде 15,3% животных оказались гетерозиготными (Cc) – носителями гена мышечной дистрофии, при спаривании которых может рождаться до 0,7 % ягнят с летальной мышечной дистрофией.

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 (AA), какая-то – гетерозиготна (Aa). Для установления относительной частоты доминантной (A) и рецессивной аллели (a) в данном стаде можно использовать схемы возможных вариантов спаривания: AAxAA, AAxAa, AaxAa, которые позволят ориентировочно установить частоту аллелей. Частота аллели A будет в три раза больше, чем аллели a ($9 : 3 = 3 : 1$), т. е. 0,75 % A и 0,25 % a.

Отсюда частоты генотипов можно определить по формуле Харди-Вайнберга:

$$AA = p^2 = (0,75)^2 = 0,5625 = 56,2 \%,$$

$$Aa = 2pq = 2 \times (0,75 \times 0,25) = 0,3750 = 37,5 \%,$$

$$aa = q^2 = (0,25)^2 = 0,0625 = 6,3 \%.$$

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

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

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

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

Задачи

14. Контрактура мышц у овец обусловлена аутосомным рецессивным геном a . У родившихся ягнят ноги согнуты в суставах и лишены подвижности. В одном стаде из 900 родившихся за год ягнят у 9 была контрактура мышц. Определить частоту заболевания контрактурой мышц в стаде. Определить частоты рецессивного гена a , вызывающего болезнь, и его аллели A . Какова частота гетерозиготных ягнят Aa ? Какова вероятность появления больных ягнят в следующем поколении при свободном спаривании животных фенотипически здоровых?

15. У овец паралич тазовых конечностей обусловлен аутосомным рецессивным геном s . Доминантная аллель S контролирует нормальное развитие. В стаде среди рожденных 520 ягнят оказалось два ягненка с параличом тазовых конечностей. Особи с такой аномалией нежизнеспособны и погибают в возрасте нескольких дней. Определить частоту паралича тазовых конечностей в стаде. Какова частота доминантных, рецессивных аллелей и гетерозигот Ss – носителей гена паралича тазовых конечностей? Какова вероятность появления ягнят с параличом тазовых конечностей в следующем поколении при случайном спаривании фенотипически здоровых животных?

16. У коз перокормия (укорочение осевого скелета) обусловлено рецессивным аутосомным геном a , его аллель A контролирует нормальное развитие организма. В стаде коз из 900 козлят 2 были с перокормией. Каковы частоты гена перокормии и гетерозиготных животных в стаде? Какова частота ягнят с перокормией ожидается при случайном спаривании фенотипически здоровых животных?

Практическое занятие 8-9

Анализ результатов скрещиваний при взаимодействии аллельных генов и множественном аллелизме (4 часа)

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.

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 комплунде 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) $> c^{ch}$ (частичная, типа шиншиллы) $> c^h$ (частичная, типа горностаевой) $> c$ (альбинизм). Могут наблюдаться более сложные типы взаимодействия генов, такие как эпистаз, комплементарность.

Задачи

17. У каракульских овец серебристо-серая масть (ширази) доминирует над черной (араби). От спаривания серых животных с черными было получено 18 черных и 18 серых ягнят. Ввести буквенные обозначения и определить генотипы родителей и потомков.

18. От спаривания черного каракульского барана с бурыми каракульскими овцематками в F_1 получено 28 бурых и 32 черных ягненка. Среди предков маток животных черной масти не было. Какой признак доминирует? Каковы генотипы родителей и потомков?

19. При разведении «в себе» серых каракульских овец (ширази) получается три части серых и одна часть черных (араби) ягнят-потомков. В чем причина этого факта?

20. От спаривания белого тонкорунного барана с черной валоватой маткой, имевшей на шее белую полосу в виде ошейника, был

получен белый баран. При спаривании его с черными волошскими матками без ошейника было получено 17 ягнят, из которых 9 были сплошь черными и 8 с белым ошейником. Как наследуется признак «белый ошейник»?

21. У овец различных пород на ушах иногда встречаются сережки (сосочки). От спаривания линкольнских маток с сережками с баранами той же породы без сережек было получено 10 ягнят без сережек; сараджинских маток с сережками с сараджинским бараном с сережками – 7 ягнят с сережками; сараджинских маток без сережек с тем же сараджинским бараном с сережками – 2 ягненка с сережками. Доминантен или рецессивен данный признак? Ввести буквенные обозначения и определить характер наследования этого признака.

22. Среди овец каракульской и некоторых других пород встречаются животные с ушами нормальной длины и безухие. Разведение тех и других в чистоте дает потомство полностью безухое или с ушами нормальной длины. От спаривания между собой длинноухих (нормальных) и безухих животных рождаются потомки с ушами средней (промежуточной) длины. Ввести буквенные обозначения, составить схему скрещивания и определить тип наследования.

23. У чистопородных овец некоторых пород, гомозиготных по гену W, наблюдается недоразвитие рубца и происходит гибель ягнят при переходе на растительный корм. По этой причине серые смушки получают путем спаривания серых животных с черными. При таком спаривании рождаются 50 % черных и 50 % серых. В 1973 году было сообщение о существовании серых гомозиготных овец староноржевской породы, у которых не проявлялось летальное действие. Был обнаружен серый каракульский баран, который при скрещивании с серыми матками дал серых ягнят, из которых ни один не погиб при переводе на растительный корм. При скрещивании чистопородных серых каракульских овец (We) с серым бараном монгольской породы (We) получено 35 серых ягнят, которые также не погибли. Можно ли получить серых гомозиготных овец путем селекции?

24. У овец заболевание скрепи приводит к смерти баранов на 3-м году жизни, а ярок в возрасте 3½ года. Болезнь вызывает рецессивный ген s, который в гомозиготном состоянии способствует развитию вирусного заболевания. У животных с генотипом Ss и SS болезнь не развивается. От здоровых дочерей барана 235, осемененных спермой

производителя 418, получено 20 ягнят. Оба производителя погибли в возрасте 3-х лет. Дочери производителя 235 в возрасте 5 лет остались здоровыми. Определить генотип баранов-производителей 235 и 418, генотип здоровых дочерей барана-производителя 235. Сколько ягнят из 20 имеют генотип ss ?

25. В одной из пород овец есть животные серой и чёрной мастей. При разведении черных овец «в себе» ягнята получаются только черные. Скрещивание черных с серыми дает половину ягнят черных, половину серых. При разведении «в себе» серых овец постоянно появляются ягнята серые и черные, причем серых в два раза больше, чем черных. Как наследуются эти окраски?

ТЕРМИНОЛОГИЧЕСКИЙ СЛОВАРЬ

Аллели множественные – серия аллелей одного гена. Локализируются 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, аллеломорфа, аллельный ген – различные формы одного и того же гена, расположенные в одинаковых участках (локусах) гомологичных (парных) хромосом. А. определяет варианты развития одного и того же признака. Распространенные в природе А., обуславливающие характерные для вида признаки, называются А. «дикого типа», а происходящие от них А. с измененной структурой гена – *мутантными*. В нормальной диплоидной клетке может присутствовать не более двух А. одного локуса одновременно. В одной гамете два А. не могут находиться. Для большинства генов известны только два А. (аллельная пара), однако иногда встречаются серии множественных А., возникающих путем мутаций состояний одного локуса хромосомы и отличающихся по своему проявлению. Наследование признаков, определяемых А. (как парными, так и множественными), подчиняется законам Менделя. Учение об А. имеет большое значение в генетике, медицине и селекции. Наличие нескольких А. каждого гена обеспечивает определенный уровень генетического разнообразия (например, три А. 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 – врожденное отсутствие нормальной для данного вида организмов пигментации. У животных и человека А. выражается в отсутствии пигментации кожи, волосяного покрова и радужной оболочки глаз. Особи, частично или полностью лишённые пигментации («белые»), называют частичными или полными *альбиносами*.

Амниоцентез – метод пренатальной диагностики генетических

аномалий.

Анализирующее скрещивание – 1. Скрещивание между гетерозиготой (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 (гр. *андрос* – мужчина + ... *генез*) – развитие яйцеклетки с ядром только мужского происхождения, образовавшегося в яйцеклетке из ядер двух сперматозоидов (один сперматозоид, несущий гаплоидный набор хромосом, не может дать начало вполне жизнеспособному зародышу) в момент, когда материнское ядро уже по-прежнему погребло.

Аномалия – любое отклонение от известной нормы, среднего состояния. В биологии слабая А. 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.

Аутосома – хромосома, морфологически идентичная со своей гомологичной парой. Все обычные – неполовые

Гамета – половые, или репродуктивные клетки с гаплоидным (одинарным) набором хромосом – женские (яйца, или яйцеклетки) и мужские (сперматозоиды, спермии, живчики). Г. 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. Г. одинаковой величины называют изогаметами, неодинаковой – анизогаметами, более крупные – макрогаметами, более мелкие – микрогаметами. В результате слияния разнополых Г. образуется диплоидная зигота. Развитие организма из неоплодотворенной Г. – партеногенез.

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

Гаплоид – клетка (ее ядро) или особь с одинарным (гаплоидным) набором непарных хромосом, образующимся в результате ре-

дукционного деления (мейоза). Гаплоидны половые клетки (гаметы), некоторые стадии развития организмов, обычно размножающиеся бесполом путем (водоросли, грибы). У большинства животных и человека гаплоидны только половые клетки.

Ген – *наследственный фактор*, единица наследственного материала (генетической информации) – определенный участок молекулы ДНК у высших организмов и РНК у вирусов и фагов, – расположенный в определенном участке (локусе) данной хромосомы (у эукариот) или генетическом материале (у прокариот).

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

Генетика – дисциплина, изучающая механизмы и закономерности наследственности и изменчивости организмов, методы управления этими процессами.

Генетический анализ – совокупность методов изучения наследственных свойств организма.

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

Генокопия – возникновение внешне сходных фенотипических признаков под воздействием генов, расположенных в различных участках хромосомы или в различных хромосомах.

Геном – 1. Совокупность генов, содержащихся в гаплоидном (одинарном) наборе хромосом данной клетки, данного вида организмов. 2. Совокупность наследственных признаков, локализованных в ядре клетки.

Генотип – совокупность (система) всех наследственных задатков особи, наследственная основа организма, составленная совокупностью генов (геномом), а также неядерных ее носителей: цитоплазматических и пластидных (плазмон).

Генофонд: – 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 (охр. прир.).

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 – 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 – «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 Г. обычно затухает. Отличают Г. *истинный* – превосходство гибрида по какому-нибудь признаку над лучшим из родителей и Г. *гипотетический* – превосходство гибрида над некоторой средней величиной, характерной для обоих родителей. Различают также Г. *соматический* – более мощное развитие вегетативных органов (соматических признаков) у гибридных организмов, Г. *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 приносит свой *компенсаторный комплекс генов-модификаторов*, что усиливает подавление вредных аллелей.

Гибрид – организм (или клетка), полученный в результате скрещивания разнородных в генетическом отношении родительских форм (видов, пород, линий и т. п.).

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 – содержание в клетке одинаковых генов данной аллельной пары (AA или aa), возникающее вследствие соединения гамет, несущих одинаковые аллели данного гена – A и A или a и a (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.

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

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.

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.

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.

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 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, т. е. 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 – отбраковываются худшие особи (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. – Красноярск, 1985. – 44 с.
3. Курбатов, А.И. Практикум по генетике. Ч.2 / А.И. Курбатов. – 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. – Красноярск, 2003. – 64 с.
9. Четвертакова, Е.В. Теоретические основы селекции: курс лекций / Е.В. Четвертакова. – Красноярск, 2012. – 92с.
10. Четвертакова, Е.В. Теоретические основы селекции: метод. указания к практич. занятиям / Е.В. Четвертакова. – 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.

ПРИЛОЖЕНИЕ

Стандартное значение критерия Стьюдента

V	P=0,95	P=0,99	P=0,999	V	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

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ И ВОСПРОИЗВОДСТВА ОВЕЦ, КОЗ

Методические указания к практическим занятиям

**Четвертакова Елена Викторовна
Лущенко Анатолий Егорович**

Редактор Е. А. Семеркова

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

Подписано в печать .2015. Формат 60x90/16 Бумага тип. № 1.

Печать – ризограф. Усл. печ. л. Тираж экз. Заказ №

Редакционно-издательский центр Красноярского государственного аграрного университета
660017, Красноярск, ул. Ленина, 117