



*Собака, селекция,
ДНК-маркеры*

*Dog, selection,
DNA-markers*

ЗНАЧЕНИЕ ДНК-МАРКЕРОВ ДЛЯ РАЗВИТИЯ СОВРЕМЕННОГО СОБАКОВОДСТВА

Н.А. Тарасенкова

к.с.-х.н., доцент кафедры ветеринарно-санитарной экспертизы ФГБОУ ВПО «Ярославская ГСХА»

В.В. Коптев (фото)

научный сотрудник лаборатории селекции и разведения с/х животных ГНУ Ярославский НИИЖК Россельхозакадемии

Собака уже многие тысячелетия живет рядом с человеком, который давно оценил в ней острое обоняние, тонкий слух, силу, выносливость и преданность хозяину. Именно эти уникальные качества позволили собакам стать лучшими помощниками людей. Например, они издавна применялись для охраны скота, служили средством передвижения, использовались в подразделениях вооруженных сил.

Вид деятельности, главной целью которой является разведение и улучшение пород собак, называется собаководство. На современном этапе развития данной отрасли селекционно-племенная работа ведется по двум направлениям: первое – это пользовательское разведение в охотничьих, пастушьих, охранных и аборигенных породах, в которых селекция ведется по наличию служебных качеств; второе – это разведение собак «для городского жителя», которое предполагает однозначную тенденцию к шоу, декоративным и компаньонским качествам собак, так называемое коммерческое разведение.

Сложившаяся тенденция к зрелищности нанесла значительный урон селекционно-племенной работе в собаководстве. Так, во времена СССР основным племенным мероприятием, преследующим сугубо генетические задачи, являлась выставка собак, главной целью которой было – определение наиболее красивых и правильно сложенных животных в каждой породе. На выставках проводились и рабочие испытания собак.

Сегодняшняя система выставок породила целую зооиндустрию: организация выставок, дорогостоящие услуги хендлеров, груминг-салоны, косметика для собак, фитнес-салоны, всевозможные ветеринарные услуги по пластике и т. д. Заводчики рекламируют победы, но титулы и победы не наследуются генетически, а способы их получения, иногда, сомнительны. Для многих заводчиков победа на выставках стала основной целью их работы, причем победа любой ценой, к сожалению, даже ценой здоровья питомца.

Достижение чемпионских высот в собаководстве стало возможным двумя путями: первый – это выбор достойного животного с богатым генетическим потенциалом; второй – формирование максимально привлекательных признаков в ходе выращивания

конкретной собаки при помощи допинговых приемов, то есть с применением любых доступных средств, с целью получения собаки, восхищающей глаз и ум зрителя творческим достижением человека.

Сегодня селекционеры-кинологи теряют ценный генетический материал из-за того, что выдающегося щенка в период формирования неправильно кормили и выращивали, или ему просто не повезло с хендлером-грумером. В то время как посредственные в генетическом отношении экземпляры, попав в умелые руки дельцов, становятся лидерами рингов и выходят на простор племенной деятельности [1].

Большой вклад в дело изучения генетики собак внес Н.А. Ильин, возглавлявший в 1930-е годы XX века кинологическую лабораторию при Центральной школе военного собаководства, в которой на высоком научном уровне проводились генетические исследования. Этот ученый работал вместе с такими замечательными биологами, как М.М. Завадовский, Н.К. Кольцов, Ю. Филипченко и др. До настоящего времени не потеряла своей актуальности книга Н.А. Ильина «Генетика и разведение собак» (1932), переизданная в 1992 году, на которую ссылаются все последующие исследователи [2].

В 2000 году в России были опубликованы сразу три капитальных монографии. Это «Генетика и наследственные болезни собак и кошек» (Н. Московкина, М. Сотская), «Генетика собак» (М.Б. Уиллис), а также интереснейшая монография «Генетика собаки», изданная Новосибирским университетом [3, 4, 5].

В последнее время проблемы генетики собак привлекают все большее внимание ученых, участились публикации, касающиеся изучения различных аспектов генетики и селекции собак. Одним из таких аспектов является использование ДНК-маркеров [6].

«Маркерная технология» вошла в биологию довольно давно. В генетике маркером называют ген известной локализации, по которому можно выявлять другие гены. Любая субстанция, претендующая на роль маркера, должна отвечать определенным требованиям. По мнению ряда исследователей, молекулярные маркеры должны обладать определенными свойствами и отвечать определенным требованиям: высокий уровень полиморфизма; кодоминантный характер наследования; оптимальный уровень встречаемости в геноме для решения конкретных задач; равномерное распределение в геноме по хромосо-

мам; селективно нейтральное поведение; легкая оценка параметров маркера; возможность автоматизации оценки параметров маркера; высокая воспроизводимость оценки параметров маркера; возможность легкого обмена данными между лабораториями.

Преимущество белковых и ДНК-маркеров в том, что они расположены ближе других субстанций к носителю наследственной информации или сами являются ею [7].

За последние годы накопился большой массив данных об эффективности использования молекулярно-генетических маркеров (как на уровне белков, так и ДНК, РНК) для решения многих задач генетики, селекции, сохранения биоразнообразия, изучения механизмов эволюции, картирования хромосом, а также для семеноводства и племенного дела.

Разработка новых методов генотипирования на уровне ДНК открыла перспективу использования информации о генотипе в практической селекционной работе. Наиболее удобным является метод полимеразной цепной реакции (ПЦР) с последующим анализом по полиморфизму длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ).

ПЦР – это специфическая амплификация участка гена, иницируемая синтетическими олигонуклеотидными праймерами (затравками). Праймеры подбирают таким образом, чтобы фрагмент между ними включал в себя сайты узнавания для А и В аллельных вариантов. Последовательности ДНК, присутствующие в образце в минимальном количестве (одна или несколько копий) и не поддающиеся обнаружению никакими другими методами, легко выявляются с помощью ПЦР. Количество копий выбранного участка ДНК в ходе ПЦР увеличивается в 108-109 раз, что дает возможность его визуализации.

Метод ПЦР-анализа имеет ряд достоинств: быстрота и надежность анализа, высокая чувствительность, использование малых количеств ДНК. Объектом исследования может быть не только кровь, но и другой биологический материал (сперма, кусочки ткани, эмбрионы), что позволяет тестировать животных на ранних стадиях развития, генотипировать быков-производителей и другой племенной материал.

Суть метода ПЦР-ПДРФ заключается в последующем расщеплении амплифицированного фрагмента ДНК, содержащего анализируемую точковую мутацию, рестриктазой. Изменения нуклеотидной последовательности в аллельных вариантах гена приводят к появлению или исчез-

новению сайтов рестрикции. По длине рестриктных фрагментов делают вывод об отсутствии или наличии данного аллеля у индивидуума [8].

Используемые в собаководстве ДНК-маркеры подразделяют на три типа: 1) маркеры качественных и количественных признаков; 2) маркеры происхождения; 3) гены наследственных заболеваний.

Маркеры качественных и количественных признаков

Изучение генов, играющих значительную роль в формировании признаков, является весьма перспективным с точки зрения селекции. Однако надо отметить, что качественные признаки (имеющие четко различимые формы, например, окраска или длина шерсти), как и количественные, линейные признаки (масса тела, высота в холке, формат и другие элементы внешнего вида, стати и темперамент) наследуются в основном полигенно. Это значит, что форма головы, длина и положение плечей, пропорции тела и большинство других (если не всех) признаков внешнего облика и темперамента имеют генетическое происхождение и определяются множеством различных генов и их комбинаций. Так, размер, форма и линии головы, которая сама по себе состоит из множества элементов, определяется множеством генов. Если признак обусловлен влиянием генов, это совсем не значит, что на него всегда можно легко и эффективно влиять через целенаправленную селекцию. Ученые доказывают, что только 25-40% признаков наследуются через прямое действие генов, которые передаются потомству

по простейшим законам наследования, 60-75% признаков подчиняются влиянию неуправляемых «случайных» комбинаций генов – с одной стороны, и окружающего мира, внешней среды (прежде всего, питания и движения) – с другой. На рисунке 1 представлена зависимость отдельных признаков собаки от наследственных факторов и окружающей среды [9].

Наиболее востребованными являются ДНК-маркеры, сцепленные с окрасом, типом шерсти, длинношерстностью, пигментацией радужной оболочки глаз и другими.

Окраска и расцветка (наличие пятен, отличных от основного тона) – важные элементы экстерьера собаки, характерные породные признаки, являются своеобразным маркером «чистоты» породы. Отдельные окрасы неразрывно связаны с нежелательными конституциональными особенностями и разведение таких животных должно вестись в строгом соответствии с определенными правилами.

Окраска относится к очень немногочисленной категории качественных признаков и контролируется сравнительно небольшим количеством менделирующих генов. Поэтому наследование многих ее элементов достаточно просто и хорошо поддается анализу.

Общее впечатление об окраске создается в результате сочетания цвета шерсти и подшерстка. При этом цвет остевых волос оказывает большее влияние на основной тон, а подшерстка – на оттенок. Окраска волос определяется находящимися в них пигментами. У собак известно всего лишь три пигмента: черный, коричневый, желтый

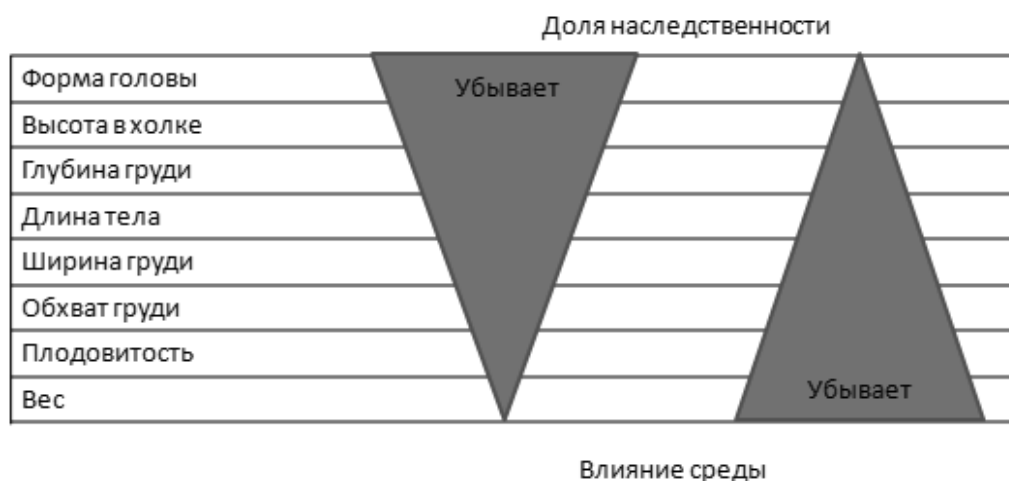


Рисунок 1 – Отдельные признаки собаки в различной зависимости от наследственных факторов и окружающей среды

(рыжий). При отсутствии пигмента волосы белые. Пигмент в волосе содержится в виде зерен различной формы. Восприятие цвета зависит от преломления света при прохождении его через зерна пигмента, поэтому оно может быть разным при различных формах зерен [10].

Гены, оказывающие влияние на формирование окраса собак, можно сгруппировать по следующим категориям:

1. Иницирующие синтез пигментов, образующих собственно цвет.
2. Распределяющие пигменты по волосу и всему корпусу.
3. Обуславливающие разную степень интенсивности окраса.
4. Определяющие появление пятнистости.

Наследование окраса осуществляется по принципу множественного аллелизма. Разнообразие окрасов у собак обусловлено не только комбинативной и мутационной изменчивостью, а также серией множественных аллелей [9].

Окрас собак определяет одновременное действие десятков пар генов. Для того, чтобы представить минимальную генетическую формулу окраса, придется использовать чуть ли не весь латинский алфавит, выглядеть такая запись будет весьма громоздко. Например, AaBbBCCcncnD-DEEFfggKkMmppsSSrmmrrRR и т.д.

Вместе с тем, длинная и громоздкая формула окраса бывает нужна только для проведения тщательного анализа наследования того или иного оттенка окраса, выяснения возможной гетерозиготности собаки по тем или иным аллелям и т. д. Для обычного описания генетической сущности того или иного окраса бывает вполне достаточно трех пар генов. Так, например, для того, чтобы понять, что собака имеет коричневый окрас, вполне достаточно обозначения одной пары рецессивных аллелей *vv*. Более подробная формула может понадобиться для выяснения более тонких нюансов окраса: цвета фона, степени его осветленности, наличия маски, возрастной динамики формирования окраса и т. д. Иногда она необходима для сравнения одинаковых окрасов разных пород [6].

Для составления первого представления о характере окраса, по мнению М.Н. Сотской (2010), вполне достаточно знать окрасообразующие аллели (табл. 1).

Разнообразие шерстного покрова (кроме окраса шерсти) собак определяет целый ряд наследственно обусловленных факторов. Это, прежде всего: характер оброслости; длина шерсти; степень жесткости шерсти; степень извитости волоса; наличие или отсутствие обильного подшерстка (табл. 2).

Таблица 1 – Генетика окрасов собак

Окрас	Окрасообразующие аллели
Черный	B-E-K или aaB-E-
Коричневый	vvE-K- или aaB-E-
Белый	ссее или s ^w s ^w
Ослабленные (делютные) окрасы	dd, c ^{ch} c ^{ch} или G-
Рыжие окрасы	a ^y a ^y kk или ee
Тигровые окрасы	a ^w a ^w E-k ^{br} - или a ^y a ^y E-k ^{br} -
Чепрачные	a ^{sa} a ^{sa} E- kk
Подпалые	a ^a a ^a E- kk
Зонарно-серые	a ^w a ^w B-E- kk
«Перец с солью»	a ^w a ^w B- c ^{ch} c ^{ch} E- kk
Соболиные	a ^y a ^y E- kk
Пегие и пятнистые	Ss
Трехцветные	a ^{sa} a ^{sa} E-ss или a ^a a ^a E-ss
Мраморные	Mm или MmHh
Крапчатые	ssT-
Чалые	R-
Обратная маска	a ^w a ^w (a ^y a ^y , a ^{sa} a ^{sa}) kk rmm
Темная маска	a ^w a ^w (a ^y a ^y , a ^{sa} a ^{sa}) E ^m - kk

Таблица 2 – Основные аллели, отвечающие за разные параметры шерстного покрова

Признак	Локус	Аллели
Характер оброслости	W (wild)	W, w ₁ , w
Длина шерсти	L (long)	L, l ₁ , l ₂
Жесткость шерсти	Wh (wire hair)	Wh, wh ₁ , wh ₂
Извитость волос	Wa (Wavy Coat)	Wa, wa ₁ , wa ₂
	K (Klinky coat)	K, k
	Wo (Hair Whorls)	Wo, wo
Украшающие волосы (подвесы)		l ₂
Безшерстность	Hr (Hairlessness)	Hr, hr

Эти факторы определяют формирование основных типов шерстного покрова собаки. По характеру шерстного покрова можно выделить следующие типы: бесшерстные (китайские хохлатые), гладкошерстные (бультерьер), короткошерстные (стаффордширский терьер), собаки со складчатой кожей (китайские шарпеи), собаки с шерстью дикого типа (восточно-европейская овчарка), длинношерстные собаки с шелковистой шерстью и малым количеством подшерстка (японский хин), длинношерстные собаки с большим количеством подшерстка (чау чау), собаки с длинной, тонкой, мягкой шерстью (афганская борзая), брудастые собаки с обильной и достаточно мягкой шерстью (черный терьер), собаки с «пуделеобразной» шерстью (пудель), собаки со шнуровкой или пластинчатой шерстью (комондор), жесткошерстные собаки с короткой шерстью (гладкошерстный фокстерьер), жесткошерстные собаки с прямой шерстью средней длины (шнауцер), жесткошерстные собаки с жесткой курчавой шерстью средней длины (терьер), курчавые собаки с короткой шерстью (курчавошерстный ретривер) [3].

С окрасом шерсти часто находится во взаимозависимости и пигментация радужной оболочки глаз, так как гены, отвечающие за окрас волоса, могут видоизменять и окраску глаз. Окраску

глаз собак можно условно разделить на две категории – нормальную и аномальную (табл. 3).

Интенсивность нормальной окраски глаз собаки зависит от таких локусов окраса шерстного покрова, как E, B и D. В зависимости от наличия тех или иных аллелей она может быть тёмно-карей или чёрной, ореховой или светло-карей и жёлтой [6]. Следовательно, проявление различной пигментации у собак обнаруживается в окраске шерстного покрова, радужной оболочки глаз и век, а также пигментации мочки носа, губ и рта [9].

Относительно качественных признаков необходимо отметить еще следующее. То, что эксперт и разведенец называют признаком, и что удобно для описания статей собаки, строго говоря, признаком не является. Просто нам удобно при анализе целостной системы, каковой является организм, разделять её искусственно на некоторые составные части в соответствии со своим пониманием того, как эта система функционирует. Только совсем необязательно, что система функционирует именно так, как мы думаем. Мы говорим «углы конечностей», подразумевая под этими словами сложнейшую биохимическую конструкцию, неразрывно связанную с особенностями скелетно-мышечной системы. Могут ли быть, например, гены, ответственные только за углы конечностей? Говорим «фактура шерсти»: жест-

Таблица 3 – Основные аллели, отвечающие за разную окраску глаз

Признак	Аллель
Нормальная окраска глаз	Jr, ir ^v , ir ^y
Голубые глаза или гетерохромия радужной оболочки глаз	?
Рубиноголазие	P, p
Альбинизм глаз	?
Арлекины разноглазые	Y, y

кая или мягкая, в зависимости от породы, но ведь весь кожно-волосной покров играет важную и сложную роль в поддержании гомеостаза (постоянства среды) организма, в терморегуляции, в защите от болезнетворных агентов и механических повреждений. Так, сколько генов кодируют свойства этой уникальной живой брони – два, двести, две тысячи?

При работе по совершенствованию качественных признаков животных необходимо помнить, что «генотип» подразумевает не механический набор независимо действующих генов, а единую, взаимодействующую на разных уровнях систему генетических элементов, которая функционирует в конкретных условиях среды, и формирует фенотип. Генотип – это совокупность генов в их противоречивом взаимодействии, разворачивающемся во времени и пространстве (то есть живущем в геноме популяции), составляемая всеми геномами всех ее особей. Именно поэтому наряду с анализом генотип–фенотип нужен синтез. Надо перестать смотреть на уши и хвосты в отдельности, а увидеть собаку целиком, всю как она есть, живую, движущуюся, а не сумму промеров – высота в холке, косая длина туловища, обхват пяти, длина морды. Все эти промеры необходимы, но только как подспорье, а не самоцель. Необходимо искать гармоничных, красивых собак, при этом вовсе необязательно они должны быть идеальными. У красивого зверя могут быть лапы короче, а корпус – длиннее, чем следовало бы иметь идеалу, но эти «чуть-чуть» создают соразмерность, где «ни прибавить, ни убавить». В этом случае недостатки не бросаются в глаза, а создают неповторимость именно данной собаки. Учитывая вышесказанное, в современной селекции необходимо прийти к какой-то общей стратегии, для чего придется отрешиться от привычки смотреть на собаку как на арифметическое сложение ее достоинств, отмечаемых походя, и недостатков, фиксируемых свертхщательно [11].

Маркеры происхождения

Новый всплеск интереса к генетике собаки возник в связи с исследованиями, проводившимися в рамках международной программы «Геном человека». Инициатором ее создания в 80-е годы прошлого столетия выступил один из первооткрывателей знаменитой двойной спирали ДНК, нобелевский лауреат Дж. Уотсон. Тогда же аналогичная идея возникла и в России. Конечной целью явилось определение нуклеотидной последовательности (секвенирование) всей ге-

номной ДНК человека, а также идентификация генов и их локализация в геноме (картирование). Объединенными усилиями ученых всего мира эта работа уже в 2000 г. была признана успешной и близкой к завершению.

Исследования генома человека «потянули» за собой секвенирование геномов огромного числа других организмов. Их расшифровка ведется все возрастающими темпами. Сейчас существуют десятки мощных баз данных, в которых аккумулирована гигантская информация о структуре не только генома человека, но и многих других организмов.

В настоящее время идет интенсивная работа над реализацией проекта «Геном собаки», аналогичного проекту «Геном человека». Конечной целью этой программы является определение нуклеотидной последовательности (секвенирование) всей геномной ДНК собаки, а также идентификация генов и их локализация в геноме (картирование). Несмотря на то, что геном собаки секвенирован примерно на 99%, говорить о полной его расшифровке пока рано, так как работа эта весьма не проста: для идентификации каждого гена необходимы особые реактивы и методики [6]. Однако уже имеющиеся данные сильно раздвигают границы наших познаний в области генетики собаки [12, 13].

Полиморфизм ДНК может быть использован для исследования закономерностей эволюции генома животных, генетической изменчивости и наследования полиморфных вариантов. Разнообразные последовательности ДНК используются для маркирования генов, участков хромосом, генома, особей, популяций и видов при решении конкретных задач. Из них можно выделить следующие: генетическое картирование, оценка генетического разнообразия, изучение эволюционных процессов, генотипирование особей, линий, семейств, популяций, видов. На основе информации, полученной с помощью «маркеров происхождения», можно направленно формировать генофонды, создавать линии и семейства с необходимыми генными сочетаниями [8].

Про генетическое картирование (расшифровку генома собаки) уже было сказано выше. Интересно отметить, что первой собакой, геном которой подвергся изучению, был пудель, принадлежащий американскому исследователю Крэгу Вентеру (J. Craig Venter), основателю Института генетических исследований (Institute for Genomic Research) и Центра развития геномики (Center for Advancement of Genomics). Кпер Вен-

тер также был одним из основных участников программы «Геном человека». Позже главным объектом изучения стал специально выбранный высокоинбредный боксер по кличке Таша, поскольку в данном случае ожидалось меньшее различие между парными хромосомами, что облегчало секвенирование. Эта работа позволила описать, как отмечено выше, более 99% генома собаки. В дальнейшем было проведено секвенирование менее крупных частей генома собак 10 других пород, в том числе немецкой овчарки, бигля, левретки и др., а также волка и койота. Несмотря на сильное внешнее различие, геномы собак различных пород идентичны примерно на 99,9%. Так, в частности, между геномами исследованных боксера и пуделя было обнаружено всего одно отличие на каждые 900 нуклеотидных оснований. Тем не менее, в результате этих исследований удалось составить каталог 2,5 млн индивидуальных отличий ДНК разных пород. В настоящий момент показано, что геном собаки насчитывает 2,4 млрд пар нуклеотидов – примерно на 500 млн меньше, чем у человека [6].

Успешность решения задач общей и частной популяционной генетики многих видов, в том числе и собак, зависит от изученности особенностей полиморфизма различных элементов генома [14,15,16].

В настоящее время в мировой практике для паспортизации пород и индивидуальной паспортизации животных используются преимущественно ДНК-маркеры, не подверженные влиянию факторов внешней среды, в основном микросателлиты (STR-маркеры) [17, 18], которые позволили по-новому взглянуть на организацию генома как целого [19]. Генетическая паспортизация – это получение генетически детерминированных (индивидуальных и/или групповых) характеристик с помощью молекулярных маркеров. Проведение генетической паспортизации является актуальной задачей современной селекции всех животных, в том числе и селекции собак.

Микросателлиты – первые, полученные с использованием ПЦР, высокополиморфные маркеры для индивидуальных локусов. Они относятся к диспергированным, tandemно повторяющимся последовательностям, но единицы повторов (ди-, три- и тетра-нуклеотиды) и общий размер повторяющейся области существенно короче (как правило, не более 100 п.н.). Эти маркеры известны под несколькими названиями: микросателлиты, STMS, STR, SSR. По аналогии с системой STS, была предложена система STMS, которая фактически является

частью системы STS. Для создания STR подбираются праймеры к уникальным последовательностям ДНК, фланкирующим микросателлитный повтор, что требует предварительного знания их нуклеотидной последовательности. Полиморфизм STR определяется различной копийностью мономерных единиц в кластере, что приводит к существованию множественных аллельных вариантов. Гетерозиготность их очень высока (часто более 75%). При создании новых полиморфных маркеров, кроме динуклеотидов, используются микросателлиты три- и тетрамерных мотивов, значительная часть которых также высокогетерозиготна. Благодаря большей длине звена, применение тримеров и тетрамеров позволяет упростить методику анализа аллельного полиморфизма.

Несмотря на высокую популярность микросателлитов, они имеют и некоторые недостатки. Неравномерность скорости мутирования разных микросателлитов создает определенные сложности для популяционно-генетического анализа. Имеются и технические проблемы, такие как артефакты при проведении ПЦР (за счет эффекта «проскальзывания»), сложности в разработке технологий для автоматического скрининга микросателлитных аллелей. Кроме того, несмотря на высокую плотность микросателлитных локусов в геноме, их бывает недостаточно для тонкого картирования отдельных областей геномов, создания маркеров для локусов количественных признаков (QTL) и решения многих других задач [8].

В собаководстве микросателлитный анализ проводится по 10 локусам, утвержденным ISAG (международным обществом генетики): PEZ 1, FHC 2054, FHC 2010, PEZ 5, PEZ 6, PEZ 8, FHC 2079, PEZ 20, PEZ 12, PEZ 3 [20].

Нельзя обойти вниманием значимость определения достоверности происхождения животных для ведения селекционно-племенной работы. Контроль достоверности происхождения животных способствует целенаправленности селекции, повышению ее эффективности и сокращению потерь, возникающих в результате ошибок при оценке животного. Ошибочные записи о происхождении потомства способны не только затормозить селекционный процесс, но в некоторой степени даже нейтрализовать его. Точность определения несоответствий происхождения по ДНК составляет не менее 99,8% в случае, если известны оба родителя, и не менее 96,5%, если известен один родитель (точность исключения родителей 99,9999%).

Гены наследственных заболеваний

Генетические аномалии – это морфофункциональные нарушения в организме животного, возникающие вследствие генных и хромосомных мутаций. Большая часть генетических аномалий существует в популяциях в виде рецессивных летальных или сублетальных генов, находящихся в гетерозиготном состоянии. Подобных генов у собак описано меньше, чем у других животных, однако это говорит лишь о меньшей их изученности [6].

Развитие многих аномалий определяется взаимодействием факторов окружающей среды и генотипа. Это так называемые наследственно-средовые аномалии, которые контролируются полигенной системой. Фенотипическое проявление этих признаков зависит от количества мутантных генов, обуславливающих аномалию. Существует понятие порога действия таких генов, что соответствует их числу, то есть силе кумулятивного действия, необходимого для проявления аномалии. Если число мутантных генов пороговое, животное остается фенотипически нормальным. В то же время высота порога действия зависит от условий среды.

В некоторых случаях фенотипически сходные аномалии имеют разную генетическую детерминированность. В других случаях возникновение фенотипически сходных аномалий у особей с определенными генотипами может происходить под действием внешней среды. Такие аномалии называются фенокопиями.

Чаще всего аномальные потомки рождаются от фенотипически нормальных, но гетерозиготных родителей. Расщепление по рецессивным признакам обычно носит менделирующий характер. Аномальные гены в соответствии с правилом чистоты гамет могут сохраняться в гетерозиготном состоянии в генотипе сколь угодно долго и проявятся лишь у потомства, рожденного от двух гетерозиготных по аналогичному аллелю половых партнеров. Признаки, обусловленные доминантными генами, как правило, проявляются и в гетерозиготном состоянии.

Каждая популяция животных насыщена рецессивными вредными генами, возникающими в результате спонтанного мутационного процесса. Частота мутаций возрастает при увеличении загрязнения среды химическими соединениями и источниками ионизирующих излучений, а также вследствие вирусных болезней животных. Число

летальных и других вредных генов, присутствующих в данной популяции в гетерозиготном состоянии и снижающих приспособленность особи-носителя и популяции в целом к условиям окружающей среды, называется генетическим грузом [3].

Маркеры генетических аномалий позволяют выявлять дефектные гены, ответственные за развитие наследственных болезней. Учеными обнаружено около 400 наследственных заболеваний собак, при этом большинство из выявленных недугов имеет рецессивный режим наследования [21].

Многие болезни собак аналогичны заболеваниям людей [22], что делает их удобной моделью для изучения в медицине, эмбриологии и эволюционной биологии [23].

Наиболее часто встречающиеся генетические аномалии у собак: крипторхизм (cryptorchidism canine GREAT gene, crsp), отсутствие зубов (олигодонтия, EDA gene), гемофилия (FaktorVIII-Defizieriz), брахиурия (Brachurie); дегенеративная миелопатия (Degenerative Mylopathie); мукополисахаридоз (MPS); гиперурикозурия (Hiperurikosurie); ювенильная пенальная дисплазия (Juvenile Renale Dysplasia); дефект гена: инверкметин-повышенная чувствительность (MDR-1); прогрессирующая атрофия сетчатки (rcd4-PRA); малигногипотермия (MH); карликовость роста (Dwarfism) [3, 13, 24].

Широчайшая изменчивость собак и «традиционность» их как физиологических объектов способствовали тому, что целый ряд ученых посвятили себя изучению их генетики. Интенсивная работа над реализацией проекта «Геном собаки» привела к тому, что геном собаки частично расшифрован, а полученные данные сильно раздвигают границы наших познаний в области генетики собаки [6].

Поскольку фенотипическая маскировка осложняет выявление на выставке генетической базы, использование в селекционной работе различных ДНК-технологий становится все более актуальным. В современном собаководстве в селекционно-племенной работе ДНК – маркеры используются для: отбора животных, обладающих желательными признаками; генетической паспортизации как породной, так и индивидуальной; контроля происхождения; выявления и отбора животных, свободных от наследственных заболеваний.

Литература

1. Гурман, Е.Г. Допинги в собаководстве [Текст] / Е.Г. Гурман, В.Г. Кассиль, И.М. Годзиева, Г.Р. Бродецкий. – Одеса: Все живе, 1995. – 280 с.
2. Ильин, Н.А. Генетика собак [Текст] / Н.А. Ильин. – М.: Государственное Издательство Сельскохозяйственной Академии, 1992. – 164 с.
3. Московкина, Н.Н. Генетика и наследственные болезни собак и кошек [Текст] / Н.Н. Московкина, М.Н. Сотская. – М.: ООО «Аквариум ЛТД», 2000. – 448 с.
4. Уиллис, М.Б. Генетика собак [Текст] / пер. с англ. М. Дуброва. – (Библиотека американского клуба собаководства). – М.: ЗАО Изд-во Центрполиграф, 2000. – 604 с.
5. Графодатский, А.С. Генетика собаки [Текст] / А.С. Графодатский, А.И. Железова, С.П. Князев, П.М. Бородин. – Новосибирск: Изд-во НГУ, 1999. – 166 с.
6. Сотская, М.Н. Генетика окрасов и шерстного покрова собак [Текст] / М.Н. Сотская. – М.: АСТ, Аквариум–Принт, 2010. – 318 с.
7. Созинов, А. А. Полиморфизм белков и его значение в генетике и селекции [Текст] / А.А. Созинов. – М.: Наука, 1985. – 245 с.
8. Феофилов, А.В. Полиморфизм фрагментов ДНК, фланкированных инвертированными повторами микросателлитов, в исследовании пород овец, крупного рогатого скота, лошадей [Текст]: дис. ... канд. биол. наук: 03.02.07: защищена 09.10.2012 / А.В. Феофилов. – Дубровицы, 2012. – 148 с.
9. Киржнер, М. Разведение собак популярных пород [Текст] / М. Киржнер. – Ростов н/Д: Феникс, 2002. – 448 с.
10. Сотская М.Н. Окраска собак и основные принципы ее наследования // О собаке. – Ташкент, 1991. – С. 91–100.
11. Мычко, Е.Н. Проблемы селекции собак в свете некоторых положений современной генетики [Текст] / Е.Н. Мычко // О собаке почти все: происхождение, породы, генетика, ветеринария, дрессировка, собачьи проблемы. – Москва-Ташкент: фирма «Фонд», ИПК «Шарк», 1992. – С. 96–18.
12. Elaine, A. Ostrander. The canine genome [Text] / Elaine A. Ostrander and Robert K. Wayne. – Genome Res. – 2005. – №15. – P. 1706-1716.
13. Karlsson, Elinor K. Effi mapping of mendelian traits in dogs through genome-wide association [Text] / Elinor K. Karlsson, Izabella Baranowska, Claire M. Wade. – New York. – Nature genetics. – V. 39. – 2007. – P. 1321-1328.
14. Калашникова, Л.А. Геномная оценка молочного скота [Текст] / Л.А. Калашникова // Молочное и мясное скотоводство. – 2010. – №1. – С. 10-12.
15. Харченко, П.Н. ДНК-технологии в развитии агробиологии [Текст] / П.Н. Харченко, В.И. Глазко. – М.: Воскресенье, 2006. – 480 с.
16. Эрнст, Л.К. Роль биологии в развитии животноводства в XXI веке [Текст] // Достижение науки и техники в АПК. – 2008. – №10. – С. 7-8.
17. Багиров, В.А. Сохранение и рациональное использование генофонда животных [Текст] / В.А. Багиров, Ш.Н. Насибов, П.М. Кленовицкий и др. // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. – 2009. – №2. – С. 37-40.
18. Зиновьева, Н.А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов [Текст] / Н.А. Зиновьева, Е.А. Гладырь // Достижение науки и техники в АПК. – 2011. – №9. – С. 11-20.
19. Зайцев, А.М. Анализ интенсивности генетической дифференциации новых селекционных форм в коневодстве с использованием маркеров, ассоциированных с признаками мясной продуктивности лошадей [Текст] / А.М. Зайцев, Л.А. Хабарова, М.А. Зайцева // Проблемы биологии продуктивных животных. – 2011. – №1. – С. 27-29.
20. Молекулярно-генетические методы в собаководстве [Электронный ресурс]. – Режим доступа: URL: <http://spt.by/index.php?option=content&task=view&id=1072>.
21. Dog genome sequence announced. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: URL: <http://web.mit.edu/newsoffice/2005/dog-genome.html>.
22. Сазанов, А.А. Молекулярная генетика собаки и кошки: монография [Текст] / А.А. Сазанов, А.Л. Сазанова. – СПб.: ЛГУ им. А.С. Пушкина, 2010. – 124 с.
23. Jorge P. Ribeiro. Dog gene map may help understand human disease [Электронный ресурс]. – Режим доступа: http://.health.am/ab/more/dog_gene_map_may_help_understand_human_disease/.
24. Генетика собак [Электронный ресурс] / Режим доступа: <http://www.laboklin.com/index.php?link=labogen/pages/html/en/erbkrankheiten.html>.