

Близнюченко А. Г., кандидат биологических наук,
Полтавский государственный сельскохозяйственный институт

ГЕНЕТИКА КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ

Вскрытие законов наследования количественных признаков, является одной из важнейших проблем в современной генетике, поскольку к ним относится большинство хозяйственно – ценных признаков сельскохозяйственных животных и растений, адаптивно – эффективных свойств и морфофизиологических особенностей организма. В то же время изучение генетических законов наследования количественных признаков существенно отстает от изучения генетики качественных признаков.

Количественные признаки имеют свои особенности и свойства, которые заключаются в том, что проявляют непрерывную изменчивость и претерпевают большое влияние условий среды на их выраженность. Все это дало возможность некоторым ученым (3) усомниться в возможности менделевского подхода к разрешению этой проблемы, а потому использовать только биометрические подходы (6). На сегодня это основной метод анализа количественных признаков, но он не вскрывает генетической детерминации экспрессивности признака в поколениях и не дает возможности моделировать этот процесс.

Задача генетики состоит в том, чтобы вскрыть законы наследования количественных признаков и создать модель наследования, тем самым, ответив на вопрос – как детерминируется экспрессия признака, у отдельно взятого организма и определяется непрерывность выраженности признака в популяции (2).

Существует два вида изменчивости – дискретная и непрерывная. Первая определяется, так называемыми, главными генами, которые проявляются большей частью альтернативно и не зависят или мало зависят от условий среды. Вторая определяется системой полигенов, реагирующих на изменение условий среды, поскольку они используют ее факторы: пищу, энергию и пр. (3).

Из классической генетики известно:

- 1) при образовании гамет происходят комбинации хромосом, в результате чего гаметы приобретают индивидуальность в своем генетическом содержании;
- 2) при оплодотворении происходит случайное сочетание гамет, которое определяет генотипическое разнообразие организмов;
- 3) сложные признаки, к которым и относятся количественные, определяются множеством разных генов, т.е. полигенов;
- 4) каждый из полигенов может иметь определенное число копий, которые называются полимерами (4).

Полимеры могут размещаться как в гомологических хромосомах, так и в негомологических, что увеличивает число возможных комбинаций гамет и генотипов организмов.

Количество полимеров может быть разным как в гомологичных хромосомах, так и в негомологичных, что тоже приводит к увеличению комбинаций генотипов.

Полимеры определяют кумулятивное взаимодействие, т.е. приводят к накоплению генопродукта в соответствии с их количеством. Это значит что количество генопродукта зависит от числа работающих копий генов и их продуктивности.

Полигены, которые определяют количественный признак, называются сопряженными, т. е. работающими в одной цепи биохимических реакций, конечным результатом которой и является признак (2).

Взаимодействие полимеров сопряженных полигенов определяет аддитивный (суммирующий) эффект. Поэтому генетическое определение количественных признаков называется кумулятивно – аддитивным или полимерно – полигенным.

Взаимодействие полимеров сопряженных полигенов заключается во взаимодействии их генопродуктов, когда продукт одного гена является субстратом для другого. В этом заключается качественная, последовательная сторона определения количественного признака. Отсутствие хотя бы одного из них может привести к различным аномалиям вплоть до летального исхода на одном из этапов онтогенеза.

Количественная сторона этого явления заключается в том, что полимеры накапливают генопродукт, а полигены их суммируют. При этом суммирование проходит по определенному закону, главным явлением которого является соразмерность, т.е. соответствующее соотношение полимеров сопряженных полигенов, которое и обеспечивает определенную выраженность признака. Это значит, что если один сопряженный полиген имеет пять полимеров, которые нарабатывают соответствующее количество генопродукта, то необходимо чтобы и последующий сопряженный полиген имел соответствующее число своих полимеров, обеспечивающих за тоже время переработку предыдущего генопродукта. К примеру, если один полимер гена А нарабатывает генопродукта столько, сколько его может переработать два полимера сопряженного гена В, а продукт этого гена может быть переработан тремя полимерами сопряженного гена С, то соразмерность будет выражаться соотношением 1:2:3. Нарушение этой соразмерности приводит к уменьшению количества конечного генопродукта, т.е. к экспрессивности количественного признака. В этом и заключается сущность аддитивного взаимодействия сопряженных полигенов.

Как уже отмечалось, число полимеров в каждом полигене может быть разным в каждом гомологе, что вызывается за счет неравного кроссинговера, дупликации, мультипликации и пр. и размещаться в разных хромосомах, что создает огромное число комбинаций генотипов. Чем в большем количестве негомологичных хромосом размещаются сопряженные полигены, тем больше число образуемых комбинаций генотипов. К этому необходимо добавить наличие у полимеров разной продуктивности (1), что объясняется наличием у полимеров разных аллелей. Их можно условно разделить на олигокарпильные – малопродуктивные гены и мегакарпильные – высокопродуктивные. В этом заключается главная причина, нарушающая соразмерность полимеров

сопряженных полигенов, что и создает практически бесконечное множество разных генотипов, каждый из которых имеет свою потенциальную выраженность количественного признака. Если наложить на все это влияние условий среды, то практически экспрессивность количественного признака будет неповторимой, сугубо индивидуальной, что и наблюдается в практическом животноводстве.

Изложенная теория наследования количественных признаков дает возможность моделировать этот процесс, что показано на рис. 1.

Условно создана модель животного на две пары хромосом с двумя сопряженными полигенами А и В, которые находятся в сцепленном состоянии, хотя могут находиться и в разных хромосомах. Это сделано с целью, получить небольшое число комбинаций генотипов, которое можно успешно анализировать.

Как гомологичные, так и негомологичные хромосомы нагружены разным количеством полимеров по каждому из сопряженных полигенов. В модель взято условно соразмерность 1:1. Это значит, что за соответствующее время один полимер гена В использует столько генопродукта, сколько его нарабатывает полимер гена А. Аддитивно они детерминируют 30 г среднесуточного прироста свиней.

Генотип животного определяется суммой полимеров по каждому полигену. Генотип первого животного составляет 22А20В. Максимально возможный прирост за сутки в этом случае составляет 600 г, поскольку из указанной соразмерности сработает 20 пар полимеров генов А и В. Несмотря на то, что полимеров гена А на два больше, на выраженность признака это не повлияет, ибо недостаток двух полимеров гена В не дает возможности превратить генопродукт первого гена в биохимической цепи в конечный признак.

Второе животное имеет генотип 22А17В. в этом случае величина прироста также будет зависеть от количества полимеров гена В, поскольку их на пять меньше, чем полимеров гена А. Поэтому выраженность признака будет составлять 510 г.

Таким образом, общая выраженность количественного признака определяется сопряженным полигеном, который имеет наименьшую продуктивность в цепи биохимических реакций. В этом и заключается генетическая сущность явления аддитивности.

При скрещивании указанных животных будем иметь 16 потомков с разными генотипами, среди которых одни будут иметь недостаток полимеров гена А, другие – гена В. Это говорит о том, что при одинаковых условиях, выраженность количественного признака у конкретного животного будет определяться сопряженными полигенами, у которых имеется дефицит полимеров относительно указанной соразмерности, независимо от того будут они первыми, средними или последними в цепи биохимических реакций.

Наличие большой комбинационной изменчивости количественных признаков не исключает возможность создания гомозиготных особей и их дальнейшее размножении, что и лежит в основе создания новых пород.

При скрещивании между собой гомозиготных животных разных генотипов в первом поколении рождается потомство одинакового генотипа и фенотипа, во втором наступает расщепление, что говорит о соответствии законов наследования количественных признаков менделевским принципам.

Таким образом, количественные признаки определяются большим числом сопряженных полигенов, каждый из которых имеет разное число полимеров с разной их генопродуктивностью, что и лежит в основе соразмерности, определяющей аддитивный эффект.

Приведенная теория наследования количественных признаков дает возможность моделировать такие явления, как инбридинг и гетерозис, одновременно объясняя при этом все их свойства, что и подтверждает правильность изложенных законов.

Библиография.

1. Балацкий В. И. Генетический полиморфизм соматотропина и ассоциация его аллелей с количественными признаками животных // Сельскохозяйственная биология. – 1998. - №4. – С. 43-54.

2. Близнюченко О.Г. Генетичні основи розведення свиней. – К. : Урожай, 1989. – 150 с.

3. Мазер К., Джинкс Дж. Биометрическая генетика. – М.: Мир, 1985. – 436 с.

4. Nilsson-Ehle H/ Kreuzunguntersuchungen an Hafer und Weizen/ - Lund. 1969. - 350 S/

5. Falconer D.S. Improvement of litter size in a strain of mice at a selection limit // Genet/ Res/ - 1971. – 17.p. 215 – 235/

6. Student/ A calculation of the minimum number of genes in Winter's selection experiment // Ann/ Eugeneics. – 1943. – 6/ - p 77 –82/

Резюме.

Излагаются законы наследования количественных признаков, которые объясняют их главные свойства непрерывности и изменчивости экспрессии. Приведенные законы предоставляют возможность образовывать различные модели экспрессивности количественных признаков и изучать их наследование в поколениях. Кроме того они могут быть использованы при моделировании и объяснении таких явлений, как инбридинг и гетерозис.

Викладаються новітні закони успадкування кількісних ознак, котрі пояснюють їх головні властивості: безперервність та мінливість вираженості. Наведені закони надають можливості створювати різні моделі експресивності кількісних ознак і вивчати їх успадкування в поколіннях. Окрім того вони можуть бути використані при моделюванні та поясненні властивостей таких явищ як інбридинг та гетерозис.

Here are described the newly – discovered laws of inheritance of quantitative signs which explain their main peculiarities continuousness and changeability. Using there laws in genetics allows creating various models of signs expressiveness and makes it possible to study their inheritance in populations.

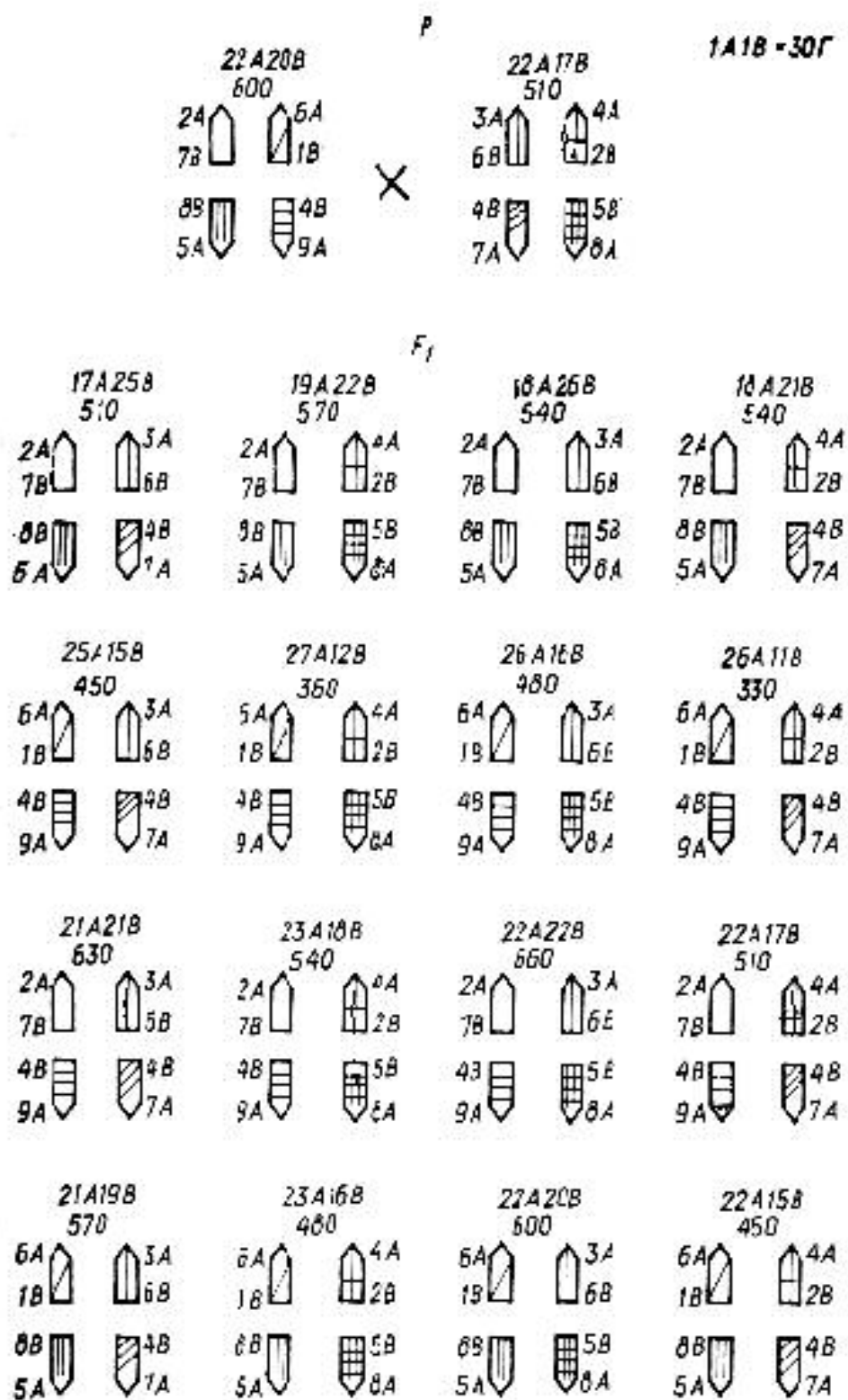


Рис. 1. Модель наследования количественных признаков.