

К ИСТОРИИ СТАНОВЛЕНИЯ И РАЗВИТИЯ ГЕНЕТИКИ КАК ТЕОРЕТИЧЕСКОЙ ОСНОВЫ ЗООТЕХНИЧЕСКОЙ НАУКИ

Описаны основные вехи становления и развития генетики, ее дифференциации на ряд самостоятельных наук. Показана роль генетики в образовании теоретического и методологического фундамента науки о разведении сельскохозяйственных животных. Освещен вклад зарубежных и отечественных ученых в решение актуальных проблем животноводства посредством использования основных закономерностей иммуногенетики, цитогенетики и популяционной генетики. Изложены основные предпосылки внедрения генетического мониторинга как эффективного приема увеличения потенциала продуктивности сельскохозяйственных животных.

Ключевые слова: животноводство; иммуногенетика; цитогенетика; популяционная генетика.

Начало генетике было положено открытием Г.И. Менделем законов о наследовании отдельных признаков, их доминировании и расщеплении во втором поколении. В 1866 г. был опубликован его выдающийся для своего времени научный труд «Опыты над растительными гибридами», который, так и не встретив глубокого интереса в научных кругах, был предан забвению [1]. Лишь в 1900 г. независимо друг от друга Гюго Де-Фриз, К. Коррессн и Е. Чермак подтвердили результаты исследований Менделя. Вскоре генетические закономерности, открытые на растениях, были подтверждены при изучении наследственности отдельных признаков животных [2]. Благодаря этому селекция сельскохозяйственных животных в начале XX в. взяла на вооружение такие важные понятия, как доминирование и рецессивность, фенотип и генотип, мутации и комбинации. Проведение грани между фенотипом и генотипом привело к формированию объективных суждений о взаимоотношении наследственности и внешней среды, их влиянии на развитие признаков организма. Данное утверждение имело решающее значение для научной селекции сельскохозяйственных животных.

В этот период происходит дифференциация генетики на ряд отдельных направлений, которые вскоре оформляются как самостоятельные науки. Фактически началом становления иммуногенетики считают 1900 г., ознаменовавшийся открытием П. Эрлихом и Ю. Моргенротом индивидуальных отличий крови у коз и овец. В это же время появляется первое сообщение о существовании индивидуальных антигенов в эритроцитах крупного рогатого скота, в 1913 г. – в эритроцитах свиней, в 1924 г. – птицы. Внедрение иммуногенетических методов привело к открытию огромного количества антигенных факторов в эритроцитах животных. В частности, в начале 1940-х гг. Л. Фергусоном и К. Стормонтом на основе реакций гемолиза с иммунными сыворотками, полученными при иммунизации, обнаружено более чем 50 антигенных факторов в эритроцитах крупного рогатого скота. Впоследствии исследованиями Стормонта было установлено, что одна их часть детерминируется локусом хромосом *B*, другая – локусом *C*. В результате дальнейших поисков ученые открыли существование еще нескольких хромосомных локусов у крупного рогатого скота, которые контролируют серии из двух и большего числа аллелей. Новый этап в развитии иммуногенетического учения положен исследованиями М. Ирвина, который в 1940 г. на основе моноспецифических иммунных сывороток-реагентов обнаружил эритроцитарные антигены [3].

Предпосылки к становлению цитогенетики были созданы в 1939 г. вместе с формулированием базисных положений клеточной теории Т. Шванна, согласно которой клетку рассматривали как основу строения и развития всех живых организмов. К важнейшим открытиям данного периода также следует отнести описание митотического деления клеток и особенностей поведения хромосом (И.Д. Чистяков, Э. Страсбург); установление факта возникновения первичного ядра зародышевой клетки путем слияния ядер сперматозоидов и яйцеклетки (О. Гертвиг, Г. Фоль); подтверждение закона постоянства числа хромосом для каждого вида (Т. Бовери, Э. Страсбург) и др. Не менее важным было установление В. Флеммингом наряду с другими учеными явления удвоения хромосом в процессе деления клетки, а также доказательство, представленные Э. Страсбургом, В. Флеммингом, В. Ру, В. Бенедом, что именно хромосомы являются физическими носителями наследственности. Основываясь на этих фактах, А. Вейсман сделал вывод о дискретности наследственных единиц [4].

В 1902–1903 гг. У. Сеттон и Т. Бовери независимо друг от друга вскрыли параллелизм в поведении генов и хромосом в процессе формирования гамет и оплодотворения. Эти наблюдения послужили основой для предположения о размещении генов в хромосомах. Однако экспериментальное подтверждение локализации конкретных генов в соответствующих хромосомах было получено лишь в 1910 г. Т. Морганом, обосновавшим в 1911–1926 гг. хромосомную теорию наследственности. Утверждению данной теории способствовали результаты изучения генетики пола, подтвердившие отличия в наборе хромосом в организмах разных полов. Важными этапами на пути становления новой научной отрасли были открытия закономерностей явлений расщепления, независимого распределения генов, сцепления генов, кроссинговера и т.д. Изучение конъюгации хромосом, служившей показателем генетического родства, дало возможность Х. Кихаре в 1924 г. разработать один из основополагающих генетических методов – геномный анализ, который нашел достойное место в цитогенетике и смежных с ней науках.

В становление канонов цитогенетики значительный вклад внесли отечественные ученые: И.Д. Чистяков, П.И. Пережежко, С.Г. Навашин, Г.Д. Карпеченко, Н.К. Кольцов, Г.А. Левитский и др. В частности, Г.А. Левитский сформулировал понятие кариотипа, С.Г. Навашин и И.М. Свешникова исследовали законы эволюции кариотипов. Развитию данного направления способствовали исследования по морфологии хромосом и их поведению во время дробления клетки.

В начале XX в. происходит становление популяционной генетики, на формирование которой существенное влияние оказали С. Райт, Дж. Холдейн, Р. Фишер, С.С. Четвериков, Г. Харди, В. Вайнберг. В частности, С.С. Четвериков обнаружил присутствие значительной скрытой изменчивости в популяциях [5]. В 1930 г. Н.П. Дубинин и другие ученые подтвердили его открытие мутационного пула, служившего мобилизационным резервом для эволюции в естественных популяциях. На этой основе было открыто явление дифференцирования в наборах генных мутаций по популяциям и положено начало эколого-генетическому анализу систем популяции внутри видов, что в свою очередь оформилось в мировое направление исследований по генетическому дифференцированию вида. Усилиями ученых впервые было обнаружено существование большого количества рецессивных летальных мутаций в популяции. Данное открытие стало основополагающим при разработке учения о генетическом грузе [6].

Следует отметить, что методы, на которых основывается популяционная генетика, подразделяются на генетико-биометрические (формализация процесса гамето- и зиготообразования, математический анализ рекуррентных уравнений) и экспериментально-модельные (использование живых организмов с малым числом групп сцепления, возможностью анализа больших выборок для изучения процессов наследования популяционных характеристик).

Популяционная генетика использует методы, основывающиеся на законе больших чисел при случайном распределении вариантов. Поэтому и ее закономерности могут применяться лишь к тем группам животных, распределение которых по учитываемым признакам приближается к нормальному вариационному ряду относительно кривой Гаусса. Такое соответствие является основным критерием при определении нижней границы для программирования селекции с использованием констант популяционной генетики.

Становлению биометрических методов в конце XIX в. способствовали труды Ф. Гальтона и К. Пирсона. В частности, Ф. Гальтоном разработан метод вычисления корреляций между переменными в антропометрии, сформулированы законы регрессии и «долей крови». Усилиями К. Пирсона впервые было введено понятие плотности распределения исследуемых биологических объектов.

База для слияния генетики и математической статистики была заложена трудами Р. Фишера и С. Райта. Эти ученые обосновали ряд моделей влияния естественного отбора на основе широкого использования биометрических методов. Так, Р. Фишер в 1918 г. разработал основы дисперсионного анализа, а С. Райт в 1921 г. предложил метод путевых коэффициентов. Впервые применить положения популяционной генетики в практике животноводства удалось Дж. Лашу, который углубил учение С. Райта, заложив основы для развития общей теории, давшей возможность проведения анализа наследования количественных признаков, оценки племенных качеств животных и эффекта селекции. Краеугольным камнем всей популяционной генетики стал закон постоянства генотипического склада в популяциях, свободно размножающихся при постоян-

ной частоте генов, сформулированный в 1908 г. Г. Харди и независимо от него В. Вайнбергом.

В это время в генетике основываются первые отечественные научные школы известных ученых, таких как М.И. Вавилов, Н.К. Кольцов, С.С. Четвериков, А.С. Серебровский, Н.П. Дубинин, С.Г. Навашин, Ю.А. Филипченко, С.М. Гершензон, которые создали прочную базу для ее развития, открыли путь к ее дифференциации на ряд новых научных направлений.

Основы одного из направлений генетики – морфогенетики – впервые сформулировал М.М. Завадовский. Он доказал первичность генетических факторов в обусловленности признаков пола и дальнейшее влияние на их развитие гормональных факторов. Следует отметить, что свои классические эксперименты по трансформации пола у птиц и млекопитающих ученый провел в 1919 г. в заповеднике «Аскания-Новая» (Украина). Вскоре он продолжил их на кафедре А.Г. Гурвича в Таврийском университете в Симферополе. В этих опытах, выполненных на широком кругу объектов (фазаны, куры, утки, антилопы, косули, лани, бараны, быки и т.д.), ученый впервые в мире продемонстрировал, что половые признаки после кастрации, т.е. при отсутствии влияния половых гормонов, сдвигаются в сторону гомогаметного пола. Результаты этих исследований М.М. Завадовский изложил в своей монографии «Пол и развитие его признаков» (1922), отнесенной к золотому фонду биологической науки [7].

Основоположником физико-химической биологии в СССР является не менее известный ученый Н.К. Кольцов. Обоснованная им идея самопроизведения (ауторепликации) наследственных молекул служит базовым принципом молекулярной биологии и генетики.

А.С. Серебровский сформулировал и экспериментально подтвердил идею о делимости гена, предложил схему линейного строения гена и метод определения его размеров. Исследования ученого оказали влияние на решение ряда проблем генетики и селекции сельскохозяйственных животных (селекция по нескольким признакам, оценка производителей). Открытие им гена, сцепленного с половой хромосомой, ответственного за скорость оперения у цыплят, успешно используют в современной практике мирового птицеводства при сортировке цыплят по полу в суточном возрасте. А.С. Серебровский разработал теорию «сигнальных генов», положив начало целому направлению в современной генетике птицы, конечной целью которого является нахождение генов-маркеров и установление их связей с ценными хозяйственно полезными признаками. Именно он ввел в науку понятие о генофонде и развил новое направление, названное им геногеографией, практическое значение которого состоит в установлении генофондов сельскохозяйственных животных и культурных растений как основы породного районирования и селекции [8, 9].

В первой половине XX в. исследования по генетике большого рогатого скота были проведены О.В. Гаркави, О.А. Ивановой, С.Г. Давыдовым, К.М. Лютиковым и другими учеными. Данные исследования имели своей целью проведение анализа наследования отдельных признаков и разработку генетических основ селекции сельскохозяйственных животных. В частности, О.А. Ивановой изучались

закономерности наследования количественных и морфологических признаков скота, в том числе масти, дополнительных сосков. С.Г. Давыдов исследовал рождаемость двоен, сдвиги, обусловленные действием летальных генов. Значительное внимание уделялось генетической оценке производителей по качеству потомства (А.С. Серебровский, В.Е. Альтшулер, Н.П. Суханов). Методика оценки баранов и хряков была значительно усовершенствована работами М.Ф. Иванова, Н.Н. Кудрявцева и других ученых. В это время проведена серия исследований, направленных на изучение изменчивости и наследования хозяйственно полезных признаков: молочности, содержания жира в молоке, живого веса, скороспелости.

Существенный вклад в изучение общих закономерностей генетики живого веса и индивидуального развития сельскохозяйственных животных сделал Н.Н. Колесник. Он исследовал механизм унаследования рекордной продуктивности животных. Доказал, что некоторые приобретенные изменения могут проявляться и у потомков, в качестве важных предпосылок для этого рассматривал: 1) продолжительность влияния и сохранение условий, которые способствовали изменению признака в данном направлении; 2) включение тех или иных изменений организма в общую цепь гаметогенеза. Он написал ряд важных для своего времени научных трудов, таких как «К методике изучения постнатальной онтогенетики молочного скота» (1970), «Генетика живой массы скота» (1985) и др. [10, 11].

В разведении животных наибольшее применение получила популяционная генетика, изучающая изменения генетической структуры больших групп организмов (популяций) под влиянием внешних и внутренних факторов. Ее применение в животноводстве дало возможность изучить закономерности изменений наследственной информации в группах особей, объединенных некоторой генетической общностью и спецификой условий обитания; уяснить причины, вызывающие различия между животными; сравнить влияние различных систем добора, подбора и методов разведения на генетическую структуру пород. На основе принципов популяционной генетики селекционерами сформированы и широко используются такие важные понятия, как селекционный дифференциал, селекционный индекс и др. Так, внедрение селекционных индексов дает возможность выразить единой величиной совокупность характеристик животных, которые оцениваются. Теорию построения селекционных индексов в животноводстве разработал Л. Хейзел. Ее сущность состоит в том, что индексы строятся на основе уравнений множественной регрессии, каждый член которой привносит определенную долю в зависимости от наследования признаков, их фенотипических и генотипических корреляционных связей и относительной экономической значимости [12]. Зарубежные и отечественные ученые, в частности Дж. Лаш, Дж. Лернер, Р. Тейнберг, Д. Холдейн, Ф.Ф. Эйсер, предложили разработки, непосредственно касающиеся построения селекционных индексов, которые широко используются в селекции животных [13].

В развитие популяционной генетики, использование ее констант при построении программ крупномасштабной селекции существенный вклад внесли О.В. Гар-

кави, Л.К. Эрнст, В.А. Чемм, В.Н. Кузнецов, М.З. Басовский, А.А. Цалитис, Ф.Ф. Эйсер и др. В частности, Ф.Ф. Эйсер конкретизировал константы популяционной генетики, разработал практическую схему их использования в селекции сельскохозяйственных животных, обосновал основы моделирования и оптимизации селекционного процесса, применение которых способствует максимальному генетическому улучшению популяций крупного рогатого скота [14].

Широкие возможности управления селекционным процессом в животноводстве открыла иммуногенетика. Значительная работа в становлении иммуногенетических основ селекции проделана такими учеными, как А.М. Машуров, Л.К. Эрнст, С.В. Уханов, В.Н. Тихонов, А.С. Всяких, А.П. Солдатов, Н.А. Попов, В.Е. Гинтовт, Ф.Ф. Эйсер, И.Р. Гиллер, Е.В. Эйдригевич, Б.Е. Подоба, В.И. Глазко, В.Е. Мещеряков и др.

Открытия в области иммуногенетики и биохимической генетики дают в руки селекционеров широкий набор качественных признаков, которые ими успешно используются. Наиболее широкое практическое применение нашло определение групп крови для контроля истинности происхождения животных. Генетическая экспертиза приобрела значение незаменимого элемента селекционного процесса по совершенствованию существующих и выведению новых пород и типов сельскохозяйственных животных. На основе комплексного применения методов генетической экспертизы в животноводстве решаются задачи формирования структуры новых пород и их консолидации, в которых иммуногенетические данные не только дополняют информацию о племенных и генетических особенностях линий, но и являются одним из объективных показателей при отборе продолжателей линий, планировании заказных спариваний для получения ремонтных бычков желательных генотипов. На современном этапе развития животноводства генетическая экспертиза приобретает новые черты и превращается в непрерывное сопровождение процесса разведения животных – генетический мониторинг, основывающийся на комплексном использовании генетических тестов для конструирования желательных генотипов и их массового воспроизводства.

Этот переход связан с активным использованием новых методов оценки генотипов животных. Весьма доступными для массового использования являются методы фенотипического тестирования, обоснованные В.С. Коноваловым. Ученый предложил оценку животных по масти, являющуюся удобным приемом определения метаболизма меланин-катехоламиновой системы. К признакам такого же рода можно отнести классификацию животных по дерматоглифам носогубного зеркала, предложенную О.Л. Трофименком.

Следует отметить, что основным методом контроля истинности происхождения и генетической сертификации племенного материала в животноводстве пока что остается исследование групп крови. Хотя в настоящее время, учитывая отсутствие стандартизированной материальной базы и высокую стоимость реагентов из донорского стада, иммуногенетические исследования не могут рассматриваться как единственный и самый доступный метод установления достоверности происхождения. Для точной идентификации используют молекулярно-генетические

маркеры («геномная дактилоскопия»), которые при установлении истинности происхождения могут заменить классические маркеры, такие как группы крови. Помимо этого, молекулярно-генетические маркеры могут с успехом использоваться для изучения генетического полиморфизма селекционного материала. Значительные успехи в исследованиях полиморфизма ДНК-маркеров были получены после открытия метода полимеразной цепочной реакции, который дал возможность уточнять происхождение племенных животных, диагностировать генетические заболевания, проводить селекцию животных с помощью ДНК-маркеров, а также генетическую паспортизацию пород сельскохозяйственных животных, оценивать геном животных при скрещивании и чистопородном разведении [3].

Внедрению цитогенетических методов в практику животноводства способствовали разработки отечественных ученых: Н.В. Томилина, В.П. Суслина, А.Г. Незавитина, С.Г. Куликовой, П.М. Кленовицкого, Т.Ю. Киселевой, Г.К. Исаковой, Н.Н. Ильинских, А.И. Жигачева, А.С. Графодатских, В.И. Глазка, В.С. Качуры, А.А. Мелешка, В.В. Дзицюк и др.

Основным аспектом использования цитогенетических подходов в животноводстве является проведение традиционного цитогенетического мониторинга, направленного на поддержание чистоты популяций и пород посредством выявления и элиминации носителей хромосомных аномалий, а также разработки цитогенетических селекционных критериев для подбора и оценки племенных животных.

Важным аспектом использования цитогенетики в условиях пороодообразовательного процесса и породоиспытания является использование ее как составной части комплексной генетической оценки племенных животных, в частности производителей. Цитологическую характеристику спермы применяют в начале репродуктивного периода, что предусматривает выявление морфологических особенностей спермиев быка и анализ протекания сперматогенеза через изучение эякулированных мейоцитов [15].

Цитогенетическим методам уделяется большое значение при изучении радиационного действия на биологические системы и при сохранении генофонда пород

крупного рогатого скота, манипуляциях с половыми клетками, зиготами и эмбрионами. В частности, перспективным направлением является использование цитогенетических методов в биотехнологии при определении пола эмбрионов перед их трансплантацией, дающее возможность получать приплод желаемого пола.

На современном этапе конкурентоспособное животноводство основывается на реализации селекционных программ, предусматривающих широкое внедрение генетических методов для увеличения продуктивного потенциала существующих и консолидации новых пород сельскохозяйственных животных. Последовательное использование генетических методов в системе селекционно-племенной работы осуществляется на базе комплексного генетического мониторинга, в основу которого положены иммуногенетическая экспертиза происхождения и цитогенетический контроль племенных животных, изучение закономерностей движения наследственной информации в популяциях.

Таким образом, в образовании теоретического и методологического фундамента селекции сельскохозяйственных животных решающая роль принадлежит генетическим наукам. Использование методов популяционной генетики дает возможность изучать закономерности изменений наследственной информации в группах особей, объединенных некоторой генетической общностью и спецификой условий существования; уяснять причины, вызывающие разницу между животными; сравнивать влияние различных систем добора, подбора и методов разведения на генетическую структуру пород. Открытия в области иммуногенетики обеспечивают контроль истинности происхождения животных, изучение закономерностей движения наследственной информации, оценку генетической дифференциации и консолидации пород. Основными аспектами использования цитогенетических подходов в животноводстве являются поддержание чистоты популяций и пород посредством выявления и элиминации носителей хромосомных аномалий, а также разработка цитогенетических селекционных критериев для подбора и оценки племенных животных. Использование генетических методов также способствует решению глобальной проблемы сохранения генофонда пород сельскохозяйственных животных.

ЛИТЕРАТУРА

1. Мендель Г. Опыты над растительными гибридами // Труды Бюро по прикладной ботанике. 1910. Т. 3, № 11. С. 479–529.
2. Матоушек Й. Мендель и генетика животноводства // Животноводство. 1965. № 8. С. 67–68.
3. Мельник Ю.Ф., Подоба Б.С., Гузев І.В., Бородай І.С. Шляхи розвитку генетичної служби у тваринництві України // Розведення і генетика тварин. Київ, 2005. Вип. 39. С. 31–37.
4. Буркат В.П., Бородай І.С. Історичні аспекти розвитку теорії селекції у скотарстві України. Київ, 2006. 584 с.
5. Четвериков С.С. О некоторых моментах эволюционного процесса с точки зрения современной генетики // Классики советской генетики (1920–1940). Л., 1968. С. 133–170.
6. Дубинин Н.П. Генетика. Страницы истории. Кишинев, 1990. 399 с.
7. Эрст Л.К., Клинский Ю.Д., Падучева А.Л., Самохвалова Г.В. Основатель зоотехнической эндокринологии. К 90-летию академика Михаила Михайловича Завадовского // Вестник сельскохозяйственной науки. 1981. № 10. С. 138–139.
8. Серебровский А.С. Селекция животных и растений. М., 1969. 295 с.
9. Серебровский А.С. Генетический анализ. М., 1970. 342 с.
10. Колесник Н.Н. Генетика живой массы скота. Київ, 1985. 184 с.
11. Колесник Н.Н. К методике изучения постнатальной онтогенетики молочного скота // Генетика и новые методы селекции молочных пород скота. М., 1970. С. 315–324.
12. Hazel L.N., Lush I.L. The Efficiency of Three Methods of selection // Heredity. 1942. Vol. 33. P. 23–56.
13. Lerner J.M. The genetic basis of selection. Wiley and Sons. New York, 1958. 234 p.
14. Эйсер Ф.Ф. Племенная работа с молочным скотом. М., 1986. 184 с.
15. Буркат В.П., Дзицюк В.В. Цитогенетика у розв'язанні селекційних проблем тваринництва // Вісник аграрної науки. 2004. № 1. С. 37–41.

Статья представлена научной редакцией «История» 23 марта 2012 г.