

О ВОЗМОЖНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ПОЛИМОРФИЗМА БЕЛКОВ КРОВИ КАК ПОКАЗАТЕЛЯ ОТБОРА В ПУШНОМ ЗВЕРОВОДСТВЕ

Е.А. Тинаева, Л.Г. Маркович, В.В. Конкина, Е.А. Семикрасова

ГНУ Научно-исследовательский институт пушного звероводства и кролиководства
им. В.А. Афанасьева РАСХН, Москва, Россия, e-mail:NIIPZK@orc.ru

Рассмотрены основные направления использования полиморфных белков крови в пушном звероводстве. На основании данных о спектре и частотах аллелей и генотипов полиморфных белков крови представлены новые сведения о формировании в условиях доместикикации генетической структуры промышленной популяции сурков (*Marmota bobak*). Рассматриваются ассоциации между аллельными вариантами полиморфных генов и некоторыми количественными признаками. Анализ генетической структуры по полиморфным белкам крови популяции серебристо-черных лисиц (*Vulpes vulpes*) подтверждает связь между гомозиготным генотипом *PtfBB* и проявлением дефекта волосяного покрова под названием «ватность».

Введение

Основой доместикикации животных с целью улучшения хозяйственно полезных признаков являлся искусственный отбор. Он всегда базировался на признаках, которые могли служить маркерами желательных качеств, таких, как спокойное поведение, высокая продуктивность. Учитывали также внешние особенности окраски меха и телосложения, т. е. фенотипические маркеры (Belyaev, 1979; Epstein, Vichard, 1984).

Изучение генетически обусловленного полиморфизма ферментных и неферментных белков крови является одним из перспективных направлений использования генетических закономерностей в решении практических задач разведения и повышения продуктивности сельскохозяйственных животных. Интенсивные исследования в области генетики и селекции привели к накоплению знаний, значительно увеличилось количество признаков, полиморфизм которых выявляется различными методами: морфологическими, иммунологическими, цитологическими, биохимическими и др. Поскольку эти признаки отличаются высоким постоянством в онтогенезе, наследование их в большинстве случаев осуществляется по прин-

ципу кодоминантности строго в соответствии с законами Менделя, то понятен интерес к использованию этих тестов в качестве маркеров.

Вопросы сохранения и рационального использования генофонда сельскохозяйственных животных тесно связаны с возрастанием роли признаков, которые ассоциируются с количеством и качеством продукции. Поэтому очевидна роль маркеров, которые могли бы надежно выявить такие хозяйственно ценные признаки, как плодовитость, прирост живой массы и т. д.

Полиморфизм является неотъемлемым биологическим свойством популяции, вида. По определению Э. Форда (Ford, 1940), полиморфизм есть одновременное существование в популяции двух или нескольких вариаций признака в таком соотношении, что частота самой редкой из них не может быть объяснена давлением мутационного процесса в данном локусе, а является результатом гетерозиготного состояния уже существующих аллелей.

Под биохимическим полиморфизмом подразумевается наличие в одной и той же популяции различных молекулярных форм белка. При этом белки не только являются маркерами структурных генов, но и имеют определенную биохимическую функцию. И, что особенно

важно, аллельные варианты белка наследуются кодоминантно и не зависят от влияния окружающей среды.

Уже первые данные о полиморфизме белков показали, что гены, контролирующие синтез различных типов белков, встречаются с разной частотой у разных пород одного и того же вида сельскохозяйственных животных. Это позволило использовать данные по полиморфизму для изучения генетики и эволюции пород, взаимоотношений между ними. Изменчивость по генным частотам полиморфных систем наблюдается также внутри одной и той же породы.

Выявление генетической внутривидовой дифференциации позволяет вести разведение животных по линиям не только методом традиционного учета генеалогии, но и по генетическим «сигналам», маркирующим специфичность генофонда этих структур. Это дает возможность сохранять и поддерживать внутреннее генетическое разнообразие и устойчивость популяций (Алтухов, 1983).

Генетические маркеры могут оказывать большую помощь не только при объективной оценке генетического разнообразия, но и при установлении степени родства сложившихся пород и породных групп животных (Алтухов, 1983).

Контроль происхождения племенных животных является одним из важных элементов селекционной работы. Полностью решить этот вопрос за счет более тщательного ведения племенных документов невозможно, тем более в практике пушного звероводства и кролиководства, когда в помете могут быть щенки от нескольких самцов. Кроме того, из-за низкой молочности отдельных самок нередко часть потомков отсаживают к другим лактирующим самкам. Подобная ситуация исключает проведение оценки поголовья по качеству потомства. В этих случаях принадлежность потомства можно дифференцировать только генетическими методами.

Широкое применение методов искусственного осеменения также делает необходимым генетический контроль происхождения в животноводстве.

Теоретические основы генетического анализа количественных признаков с привлечением маркеров разработаны в трудах А.С. Серебровского (1970).

Пока нет однозначного ответа, доказанного практическими исследованиями на сельскохозяйственных животных, о возможности использования полиморфных систем крови в прогнозировании продуктивных качеств животных в раннем возрасте. Однако в настоящее время значительным числом исследователей установлены ассоциации аллельных генов и генотипов полиморфных систем с изменениями количественных признаков. Значительное число исследователей проводят в основном поиск конкретных локусов и сочетаний аллельных вариантов, которые могут быть существенными для становления и реализации основных хозяйственно полезных признаков (Анисимов, 1998; Подоба, Ефименко, 1991; Девятов, 1993).

Использование полиморфных систем в пушном звероводстве и кролиководстве

Несмотря на значительный интерес и многочисленные данные по изучаемому вопросу в отраслях животноводства, в клеточном пушном звероводстве и кролиководстве имеется ограниченное число сведений из-за сравнительно недавнего промышленного разведения пушных зверей и кроликов.

В нашей стране предложен способ отбора кроликов, выявляющий менее жизнеспособных и менее продуктивных, основанный на выбраковке животных с гомозиготными генотипами гемоглобина (Маркович, Помытко, 1982). Для выявления наиболее жизнеспособных животных были использованы и другие полиморфные локусы, в частности, трансферрин.

На основании распределения частот аллелей и генотипов 5 полиморфных белков определены генетические дистанции между 9 породами кроликов (Машуров и др., 1993). Так, наименьшая величина этого показателя отмечена между породами серый и белый великан.

У одомашненных кроликов достаточно высокий уровень полиморфизма, который практически не отличается от уровня полиморфизма популяций дикого кролика (Hartl, Hoger, 1986; Arana *et al.*, 1987). Генетические расстояния между различными породами кроликов иногда даже больше, чем между географически изолированными популяциями дикого вида (Arana *et al.*, 1989).

Первое исследование изменчивости 23 белков крови, кодируемых 25 генами, выявило полиморфизм по 6 локусам в промышленной популяции соболей (*Mustela zibeline*) зверосовхоза «Пушкинский» (Каштанов, Казакова, 1995). При этом было выявлено два аллеля с кодоминантным типом наследования фенотипов белков. Полученные данные согласуются с результатами, выявленными на другом представителе семейства *Mustelidae* – американских норках (*Mustela vison*). Были обнаружены достоверные корреляционные связи между частотами генотипов по комплексу из трех полиморфных генов (постальбумин 1 и 3, посттрансферрин) и количественными признаками самок соболей, характеризующими воспроизводство. Выявлены генотипы, положительно коррелирующие с продолжительностью репродуктивного периода самок, их плодовитостью в первый год щенения. Определены также генотипы, увеличение частот которых связано с возрастанием у самок частоты пропусков и снижением плодовитости в первый год щенения. Авторы считают возможным использовать открытые полиморфные локусы для анализа влияния селекции на структуру популяции соболя и для проведения генетической паспортизации племенной части популяции.

Полиморфизм трансферринового локуса был исследован также у красных и серебристо-черных лисиц (Kaminski *et al.*, 1966). Авторам удалось выявить четыре аллеля. Была установлена наследственная природа изменений в уровне лактатдегидрогеназы (LDH) у серебристо-черных лисиц (Серов, Хлебодарова, 1973). Позднее было установлено, что аутомсомный ген, обозначенный *Ldr-1*, оказывает влияние на фенотипическое проявление гена *A* лактатдегидрогеназы (Хлебодарова и др., 1978). Животные, обладающие высоким и низким содержанием LDH в эритроцитах, являлись гомозиготными, а гетерозиготы по активности фермента занимали среднее положение. Тип наследования активности LDH был определен как кодоминантный. Идентифицированы в плазме крови красных и серебристо-черных лисиц аллельные различия по гаптоглобину.

При помощи иммуноэлектрофореза с использованием кроличьих антисывороток у лисиц обнаружено 24 антигенных компонента

(Баранов и др., 1974). Сухова и соавт. (Sukhova *et al.*, 1996) изучали антигенные факторы у 33 самок и самцов серебристо-черных лисиц с использованием 70 антисывороток к эритроцитам крови крупного рогатого скота и свиней. Были выявлены эритроцитарные антигены, встречающиеся с различной частотой, в то же время ряд антигенных факторов обнаружен не был.

В одном из первых исследований по изучению полиморфизма белков и ферментов песцов установлена гетерогенность только одного локуса, контролирующего синтез трансферрина (Balbierz *et al.*, 1977). В этом локусе было обнаружено два аллеля. Позднее исследования, проведенные на песцах вуалевой и серебристой породы, позволили выявить полиморфизм пяти локусов белков плазмы крови (Каштанов, Машуров, 1984). Исследуемые аллели имеют кодоминантный тип наследования. Промышленные популяции вуалевых песцов характеризовались большим разнообразием в сравнении с песцами серебристыми.

В дальнейших исследованиях С.Н. Каштановым (1986) было идентифицировано 22 локуса, контролирующих синтез ферментных и неферментных белков, 8 из которых оказались полиморфными. Разработан метод генетического контроля происхождения в песцеводстве с использованием изученных локусов, что особенно важно в связи с многоплодностью животных и особенностями их разведения. Предложен способ разведения песцов с применением генетических маркеров. При этом автор сообщает, что с увеличением генетического расстояния, характеризующего степень дифференциации стад, возрастает плодовитость самок за счет повышения жизнеспособности потомства. Оценку степени дифференциации стад выполняли на основании частот аллелей пяти генов, кодирующих белки крови (Каштанов, 1991).

Генетико-биохимическая характеристика популяции сурков в ходе их domestikации

Интерес к разведению сурка совсем не случаен. Перспективность клеточного разведения этих животных с устойчивым получением продукции: шкурка, мясо, жир, племенной молодняк – обусловлена их быстрым привыканием к человеку, растительным типом питания

и продолжительным периодом спячки, во время которой происходит существенная перестройка репродуктивной системы для последующего воспроизводства.

Доместикация сурков в условиях их клеточного разведения началась в 1989 г. с отлова 1,5 тыс. особей в Ростовской области, из которых при первоначальной интродукции в условия неволи выжило не более половины. Размножение их на базе племзверозавода «Пушкинский» положило начало формированию фермерской популяции. С 1996 г. уже все размножающиеся самки родились в клеточных условиях. Объем популяции поддерживается в среднем на уровне 25 пар сурков.

Изучение полиморфизма белков крови сурков выявило гетерогенность пяти локусов: альбумина, постальбумина, трансферрина, посттрансферрина и гемоглобина (Тинаева, 1999; Семикрасова, 2005) (табл. 1).

Таблица 1

Исследованные системы крови у сурков

Биохимический маркер	Локус	Аллели
Альбумин	<i>Al</i>	<i>A, B</i>
Постальбумин	<i>Pa</i>	<i>A, B, C</i>
Трансферрин	<i>Tf</i>	<i>A, B, C</i>
Посттрансферрин	<i>Ptf</i>	<i>A, B, C</i>
Гемоглобин	<i>Hb</i>	<i>A (1), B (2), C (3), D (4)</i>

Исследования, проведенные с помощью электрофоретического разделения белков, позволили выявить полиморфные белковые системы крови, охарактеризовать структуру замкнутой популяции сурков в процессе адаптации их к условиям клеточного содержания, установить спектр концентрации аллелей и генотипов, уровень гомозиготности, а также проследить связь полиморфных белков крови с некоторыми показателями продуктивности животных.

Популяция сурков племзавода «Пушкинский», размножающихся в условиях клеточного содержания, характеризуется определенным профилем распределения частот аллелей полиморфных локусов и, в соответствии с этими

величинами, частот генотипов пяти изучаемых полиморфных белков крови.

Согласно закону Харди–Вайнберга, структура свободно размножающейся популяции по каждой паре аллелей находится в равновесном состоянии по соотношению доминантных и рецессивных генов. В связи с выбраковкой, отбором и другими факторами, воздействующими на популяцию, ее структура меняется. В зависимости от направления отбора в ней формируется избыток одних и недостаток других форм. Подобная ситуация, выявляемая на основе сопоставления фактически наблюдаемого и теоретически ожидаемого распределения частот соответствующих генов или генотипов, проявляется и в наших исследованиях.

Популяция сурков характеризуется сбалансированной структурой по частотам аллелей полиморфных локусов альбумина и трансферрина.

Выявлено устойчивое, статистически значимое превышение гомозиготных генотипов по генам, детерминирующим белки крови, над теоретически ожидаемым по закону Харди–Вайнберга, т. е. существенный сдвиг генного равновесия в локусах постальбумина, посттрансферрина и гемоглобина. Уровень фактической гомозиготности в локусе альбумина достигал 90 %. Вероятно, такое распределение не только отражает направление отбора, но и имеет адаптивное значение в процессе формирования популяции, размножающейся в условиях клеточного содержания.

При исследовании структурной организации генофонда сурков было выявлено 67 комплексных генотипов (табл. 2).

Низкая степень консолидированности популяции сурков, высокий уровень генетического разнообразия могут свидетельствовать о возможной разнонаправленности отбора в популяции, например длительное использование животных и высокая плодовитость, общее число потомков в течение короткого срока воспроизводства.

Располагая таким разнообразным материалом в сочетании с оценкой хозяйственно полезных признаков, вряд ли можно с абсолютной уверенностью выделить в настоящее время какой-либо генотип по изучаемым локусам в качестве маркера. Следовательно, нужно вести поиск уникального комплексного генотипа,

Таблица 2

Частота встречаемости комплексных генотипов по пяти полиморфным системам у сурков

Число комплексных генотипов	Частота встречаемости		Генотипы <i>Al, Pa, Tf, Ptf, Hb</i>
	n	%	
1	2	2,81	<i>AB BB BC BB 3-4</i>
1	2	2,81	<i>AB BB BC BB 4-4</i>
1	2	2,81	<i>AB BC AA AA 4-4</i>
1	2	2,81	<i>AB CC BC BB 3-3</i>
63	1	1,41	Не повторяющиеся комплексы

в котором сочетались бы признаки высокой продуктивности, учитывать специфичность аллелофонда при проведении отбора и подбора в качестве генетических маркеров. В качестве критерия консолидации или дифференциации групп животных с разным уровнем тех или иных хозяйственно полезных признаков может выступать коэффициент генетического сходства.

Коэффициент генетического сходства, вычисленный на основании частот аллелей, характеризующих аллелофонд популяции в 1996–1998 гг. и 1999–2002 гг., равный 1, позволяет считать, что разведение сурков носит характер закрытой популяции. Именно поэтому структура популяции сурков племзавода «Пушкинский» по набору и концентрации генов полиморфных локусов в высокой степени стабильна.

В связи с тем, что непосредственная оценка продуктивности в зависимости от частоты встречаемости комплексных генотипов при таком их разнообразии малоэффективна, представляет интерес информативность сопряженности отдельных аллелей полиморфных локусов с хозяйственно полезными признаками, в том числе репродуктивной способностью.

Выделены животные-носители аллеля *Ptf*В как особи с устойчиво более высоким числом щенений в сравнении с самками-носителями альтернативных аллелей в этом локусе. При этом в 1997–2002 гг. общее число щенков у них было максимальное среди всех анализируемых самок: $15,0 \pm 2,4$ щенков за $3,5 \pm 0,5$ щенения. В период 1995–2000 гг. эти показатели составили $15,7 \pm 2,6$ за $3,7 \pm 0,4$ щенений. В связи с длительным репродуктивным периодом у сурков в популяции может идти отбор самок

не только в направлении получения максимального количества щенков за короткий период (или с максимальной плодовитостью), но и в направлении выделения животных, стабильно приносящих приплод, и их длительного племенного использования. С этой точки зрения аллель *Ptf*В следует оценить в качестве возможного маркера. Обращает внимание высокая частота встречаемости в изучаемой популяции аллеля *Hb* 4, он является одним из самых распространенных аллелей. Концентрация его (0,5098–0,5282) уступает только частоте аллеля *Al* В (0,5490–0,5845), но самки сурков, несущие этот аллель, уступают по показателям воспроизводства – общее число щенков, число щенений и плодовитость – самкам-носителям альтернативных аллелей в этом локусе.

По данным табл. 3, можно увидеть, что самки, оставшиеся без приплода, в локусе гемоглобина имеют генотип *Hb* 4-4, такой же генотип установлен у самки с плодовитостью ниже средней по всей популяции сурков. Напротив, самки, несущие в локусе гемоглобина аллель *Hb* 3 как в гомо-, так и в гетерозиготном состоянии (*Hb* 3-3; *Hb* 2-3), характеризуются высокой воспроизводительной способностью.

Число самок сурков-носителей аллеля *Hb* 4 достигало 45–76 %.

Учитывая устойчиво высокую концентрацию указанного аллеля в соответствии с результатами размножения самок-носителей *Hb* 4-4, можно предположить, что одной из причин низких показателей воспроизводства в популяции сурков в последние годы является накопление животных с низкими воспроизводительными качествами, у которых аллель *Hb* 4 выступает в качестве отрицательного маркера.

Таблица 3

Плодовитость самок сурков с различными генотипами по полиморфным белкам крови

№ самки	Число щенений	Плодовитость щенков, M ± m	Генотипы <i>Al, Pa, Tf, Ptf, Hb</i>
4110 (самец 185)	4	4,5 ± 0,9	<i>AB AC AA BB 2-3</i>
3274 (самец 315)	4	5,5 ± 1,3	<i>AB BB AA AA 3-3</i>
7100 (самец 631)	4	7,0 ± 0,6	<i>AB CC BC BB 3-3</i>
454 (самец 425, 2249)	4	2,75 ± 0,8	<i>AB BC AA AA 4-4</i>
8112 (самец 841)	0	0	<i>BB AA AB AC 4-4</i>
746 (самец 679)	0	0	<i>AA BB AB BB 4-4</i>
Ср. плодовитость по популяции, щенков, lim		4,23–5,30	

**Полиморфизм белков сыворотки крови
у серебристо-черных лисиц
и его использование при оценке качества
волосяного покрова**

На ценность звероводческой продукции существенно влияют различные дефекты волосяного покрова. Одним из факторов, существенно снижающих качество и соответственно стоимость шкурковой продукции лисоводства, является малоизученный дефект волосяного покрова под названием «ватность». «Ватность» волосяного покрова – это порок шкурки, выражающийся в изреженности и (или) укороченности кроющих волос, которые по длине меньше пуховых (ГОСТ 18567-73). Некоторые исследователи пришли к выводу о наследственной природе этого дефекта у песцов (Павлов, Полубояринов, 1960; Ильина, Кузнецов, 1969; Дивеева и др., 1974). В тех случаях, когда дефект волосяного покрова наследуется, проводимая селекция на его ликвидацию в течение довольно короткого времени дает ощутимые положительные результаты. Если же проявление дефекта волосяного покрова в основном зависит от паратипических факторов, массовая селекция не дает ожидаемых результатов.

Другой подход к ликвидации порока может быть основан на использовании полиморфных белков сыворотки крови в качестве маркеров. Исследования локусов трансферрина и посттрансферрина выявили их полиморфную природу (табл. 4).

У лисиц с бездефектным волосяным покровом выявлены два генотипа трансферрина (*TfAA* и *TfAB*) и посттрансферрина (*PtfAA* и *PtfAB*). Так же, как и у зверей с дефектом волоса (ДВ), у них отсутствует генотип *TfBB*, но в отличие от лисиц с дефектом «ватность» у них не обнаружен генотип *PtfBB*.

Отсутствие в локусе посттрансферрина генотипа *PtfBB* у нормальноволосяных лисиц и его высокий уровень (47,8 %) у лисиц с ДВ позволяет предположить взаимосвязь этого генотипа с проявлением дефекта волосяного покрова «ватность». В пользу этого предположения говорит и высокий уровень соответствия фактического и ожидаемого количества зверей этого генотипа у лисиц с дефектом «ватность».

Из данных, приведенных в табл. 5, видно, что генетическое сходство между бездефектными лисицами двух разных популяций (зверозавод «Тимоховский» и «племзверозавод «Салтыковский») значительно выше ($r = 0,99$), чем между лисицами одной популяции (зверозавод «Тимоховский»), но различающимися наличием дефекта волосяного покрова «ватность» ($r = 0,7$). Генетическое сходство лисиц ДВ и нормальноволосяных лисиц племзавода «Салтыковский» характеризовалось коэффициентом $r = 0,7104$. Поскольку при расчете коэффициента генетического сходства использовали частоты аллелей полиморфных белков – трансферрина и посттрансферрина, то такое распределение значений коэффициента указывает на маркирующую роль изучаемых белков.

Таблица 4

Генотипы трансферрина и посттрансферрина у серебристо-черных лисиц с дефектом «ватность» и бездефектным волосяным покровом

Волосяной покров	n	Трансферрин			Посттрансферрин		
		AA	AB	BB	AA	AB	BB
С дефектом «ватность»	23	14	9	0	3	9	11
Бездефектный (зверозавод «Тимоховский»)	6	3	3	0	5	1	0
Бездефектный (племзавод «Салтыковский»)	15	12	3	0	15	0	0
Бездефектный (всего)	21	15	6	0	20	1	0

Таблица 5

Коэффициент генетического сходства групп серебристо-черных лисиц с дефектом «ватность» и с нормальным волосяным покровом

Группы серебристо-черных лисиц	С дефектом «ватность» (зверозавод «Тимоховское»)	Бездефектные (зверозавод «Тимоховское»)
Бездефектные (зверозавод «Тимоховский»)	0,7437	–
Бездефектные (племзавод «Салтыковский»)	0,7104	0,9877
Бездефектные (всего)	0,7231	–

Заключение

Материалы, представленные в данной статье, демонстрируют некоторые аспекты белкового полиморфизма и возможность его использования в селекционном процессе в качестве дополнительного инструмента анализа количественных признаков. Применение биохимических маркеров для изучения структуры популяции позволит эффективно использовать имеющийся генофонд вида. Здесь, на наш взгляд, особенно ценны данные, характеризующие некоторые особенности популяции сурков, так как была возможность наблюдать всю популяцию целиком в процессе ее доместикиции. Гены, контролирующие типы пяти полиморфных белков крови, можно эффективно использовать не только в мониторинге изменений генетической структуры популяции в ходе ее доместикиции, но и для повышения продуктивности животных.

Литература

Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Наука, 1983. 276 с.

Анисимов Н.Ф. Совершенствование крупного рогатого скота с использованием иммуногенетических маркеров // Эколого-генетические проблемы животноводства и экологически безопасные технологии производства продуктов питания: Тез. докл. междунар. науч.-практ. конф. Дубровицы, 1998. С. 55–58.

Баранов О.К., Савина М.А., Юришина Н.А. Иммуноэлектрофоретические спектры белков крови лисиц и норок // Биология и патология пушных зверей. Петрозаводск, 1974. С. 54–57.

Дивеева Г.М., Новикова Т.Г., Шелина Н.П., Гуменик В.К. К вопросу о роли наследственности в проявлении «ватности» волосяного покрова у песцов // Науч. тр. НИИПЗК. Т. XIII. М., 1974. С. 129–138.

Девятков П.Н. Генетические маркеры групп крови в селекции крупного рогатого скота // Вестн. РСХА. 1993. № 3. С. 53–55.

Ильина Е.Д., Кузнецов Г.А. Основы генетики и селекции пушных зверей. М.: Агропромиздат, 1969. 279 с.

Каштанов С.Н. Изучение полиморфизма белков и ферментов крови голубых песцов в связи с селекцией: Дис. ... канд. биол. наук. М., 1986. 167 с.

Каштанов С.Н. Гетерозисные скрещивания песцов // Кролиководство и звероводство. 1991. № 5. С. 5.

- Каштанов С.Н., Казакова Т.И. Генетическая изменчивость соболя (*Martes zibellina* L.) по генам блоков крови // Генетика 1995. Т. 31. № 2. С. 234–238.
- Каштанов С.Н., Машуров А.Н. Генетические аспекты филогении пород голубого песца // Докл. АН СССР. 1984. Т. 274. № 6. С. 1476–1480.
- Маркович Л.Г., Помытко В.Н. Перспективы использования генетического полиморфизма в кролиководстве // IV съезд ВОГиС им. Н.И. Вавилова: Тез. докл. Кишинев, 1982, Ч. 4. С. 228–229.
- Машуров А.М., Маркович Л.Г., Куликова Н.И. Генетические аспекты микрофилогении девяти пород кроликов, разводимых в России // Генетика. 1993. Т. 29. № 11. С. 1850–1860.
- Павлов М.К., Полуобяринов Ф.И. Причины и меры предупреждения «ватности» у голубых песцов // Кролиководство и звероводство. 1960. № 9. С. 22–26.
- Подоба Б.Е., Ефименко М.Я. Использование генетических маркеров при проведении селекционной работы в заводских стадах крупного рогатого скота // Новые методы селекции и биотехнологии в животноводстве: Матер. науч. производств. конф. Киев, 1991. С. 89–90.
- Семикрасова Е.А. Популяционно-генетическая характеристика сурков по биохимическому полиморфизму белков крови // Кролиководство и звероводство. 2005. № 3. С. 17.
- Серебровский А. Генетический анализ. М.: Наука, 1970. 342 с.
- Серов О.Л., Хлебодарова Т.М. Наследование изменений уровня активности второго изозима лактатдегидрогеназы в эритроцитах у серебристо-черных лисиц // Генетика. 1973. Т. 9. № 12. С. 45–48.
- Тинаева Е.А. Теоретические и практические основы использования естественной резистентности и биохимических маркеров при разведении пушных зверей и кроликов: Автореф. дис.... докт. биол. наук. М., 1999. 27 с.
- Хлебодарова Т.М., Серов О.Л., Закиян С.М. Изучение механизмов генной регуляции спектра изоферментов лактатдегидрогеназы в эритроцитах серебристо-черной лисицы // Генетика. 1978. Т. 14. № 2. С. 250–255.
- Arana A., Zaragoza P., Rodellar C. *et al.* Contribution of the Spanish wild rabbit biochemical polymorphism to the gene pool: A new haemoglobin variant // Rabbit Res. 1987. V. 10. № 2. P. 85–87.
- Arana A., Zaragoza P., Rodellar C. Blood biochemical polymorphisms as markers for genetic characteristics of wild Spanish and domestic rabbits // Genetica. 1989. V. 79. № 1. P. 1–9.
- Belyaev D.K. Destabilizing selection as a factor in domestication // J. Hered. 1979. № 70. P. 301–308.
- Balbierz H., Nikolajczuk M., Gut-Koryzna W. The use of transferrin polymorphism (TF) in family investigations and in the sire identification in polar foxes // Prace i Materialy zootechniczne. Warszawa, 1977. № 13. P. 15–20.
- Epstein H., Bichard M. Evolution of Domesticated Animals // Ed. Jan. L. Mason. N.Y.; L.: Longman, 1984. P. 145–162.
- Ford E. Polymorphism and taxonomy // The New Systematic. Oxford: Clarendon Press, 1940. P. 493–513.
- Hartl G.B., Hoger H. Biochemical variation in purebred and crossbred strains of rabbits (*Oryctolagus cuniculus* L.) // Genet. Res. 1986. P. 27–34.
- Kaminski M., Podliachouk L., Nikolajczuk M. Groups sanguins et sergues des ranards // Xth Europ. Conf. Antm. Blood Grps. Biochem. Polymorph: Proc. Conf. Paris, 1966. P. 315–318.
- Sukhova N.O., Deeva V.S., Mashurov A.M. Erythrocyte antigenic factors and blood isoantibody in silver foxes // XXVth Intern. Conf. on Animal Genetics: Proc. Conf. France, 1996. P. 50.

THE USE OF GENETIC POLYMORPHISM OF BLOOD PROTEINS IN FUR ANIMALS BREEDING

E.A. Tinaeva, L.G. Markovitch, V.V. Konkina, E.A. Semikrasova

Institute of Fur-bearing Animals and Rabbits named after V.A. Afanasyev, Russian Academy
of Agricultural Sciences, Moscow, Russia, e-mail: NIIPZK@orc.ru

Summary

Based on spectrum and frequency of alleles and genotypes of blood polymorphic proteins new scientific results about Marmots population genetic structure are presented. Relation between alleles variants and some quantitative traits of Marmots are considered. Relationship between homozygous genotype *Pt^fBB* of silver foxes and defects of fur coat has been shown.