

ОБЗОРИ

**ГЕНЕТИЧНО РАЗНООБРАЗИЕ И ГЕНЕТИЧНА ЕРОЗИЯ
ПРИ ПОРОДИТЕ СЕЛСКОСТОПАНСКИ ЖИВОТНИ**

ДЕЯНА ХРИСТОВА, СВЕТЛИН ТАНЧЕВ,
СВЕТЛАНА ГЕОРГИЕВА, ЦАНКО ЯБЛАНСКИ
Тракийски университет, Аграрен факултет – Стара Загора

Биоразнообразието е общоприет термин, който се използва за описание и оценка на многообразието на организмите в живата природа, разнообразието между видовете и другите систематични единици от по-висок порядък, в екосистемите, както и вътревидовото и вътрепопулационното разнообразие (Heywood, 1995; Maclaurin and Sterelny, 2008). Най-често биоразнообразието се разглежда въз основа на три фундаментални и йерархично свързани нива на организация на живата материя – гени, видове и екосистеми (Giri et al., 2000; Mellinder, 2004; Laikre, 2010).

Генетичното разнообразие, като компонент от общото биоразнообразие представлява генетично вариране между и в рамките на видовете, което се измерва чрез определяне на дела на полиморфните локуси в генома или броя на хетерозиготните индивиди в дадена популация. Pearce and Moran (1994) дефинират генетичното разнообразие като сума от генетичната информация, която се съдържа в гените на индивидите. В контекста на селскостопанските животни ФАО разглежда генетичното разнообразие като разнообразие на генетичните ресурси, т.е. популациите от даден вид домашни животни. Опазването и съхраняването на наличните генетични ресурси в животновъдството е една от важните задачи пред съвременната генетична наука (Ajmone-Marsan, 2010).

Генетичното разнообразие е от съществено значение за приспособяването и оцеляването на дивите (естествените) популации, в това число и тези на домашните животни. В този смисъл, генетичната изменчивост е движещата сила на еволюцията и материалната основа, от която зависи адаптацията и видообразуването. Високото ниво на генетично разнообразие позволява на организмите да реагират на промените в околната среда и на заплахи като болести, паразити и хищници. От друга страна, ниското ниво на генетична изменчивост ограничава приспособимостта на популациите към промените в околната среда и възможността им да преодолеят рисковите ситуации, вследствие на което намалява тяхната преживяемост и възможност за оцеляване в краткосрочен и в дългосрочен план (Frankham et al., 2002; Bijlsma and Loeschcke, 2012). В заключение, популациите с понижено ниво на генетично разнообразие са изложени на риск от изчезване.

В обширен обзор Amos and Harwood (1998) разглеждат значението на генетичната изменчивост за пластичността и оцеляването на популациите и факторите, влияещи върху нивото на генетичното разнообразие. Авторите подчертават, че някои видове, въпреки ниското ниво на разнообразие, се характеризират с експоненциално нарастване на числеността на техните популации, за разлика от други, при които, въпреки значителното ниво на генетично разнообразие, са с редуциран размер. Поради тази причина, нивото на генетично разнообразие на дадена попула-

ция е необходимо да бъде разглеждано от гледна точка на баланса между два противоположни процеса – нарастване и загуба. В този контекст авторите посочват, че повишаването на нивото на генетично разнообразие е резултат от мутации и поток на гени („*gene flow*”) между съседни популации, а загубата се дължи на пасивно протичащия генетичен дрейф или активния процес на отбор (естествен или изкуствен). В обзора са разгледани и други важни фактори, които обуславят нивото на генетичното разнообразие: родствено съешаване (инбридинг), изолации, също и събития, свързани с историята на популациите – генетично стесняване („*bottleneck*”) и „ефект на родоначалника” („*founder effect*”).

Генетичното разнообразие на популациите зависи в голяма степен от тяхната численост. Всички индивиди в рамките на дадена популация споделят общ генофонд и когато числеността на популацията падне под определено ниво, генетичното разнообразие се променя в две посоки – загуба на определени гени в поколението и увеличаване на вероятността за унаследяване на едни и същи гени от индивидите и техните родители (**Simon and Buchenauer, 1993**). Вследствие на това генетичното разнообразие в рамките на отделните индивиди ще бъде силно редуцирано. Понижената генетичната изменчивост по даден локус ще доведе до влошаване на редица признаци, включително и на тези, свързани със жизнеспособността на индивидите от дадена популация. Описаните ефекти, вследствие намаляване размера на популацията, поставят нейното оцеляване в опасност. Ето защо, опазването на разнообразието на ниво порода изисква специално внимание за поддържане на адекватен (оптимален) размер на популациите селскостопански животни (**Nunney, 1993; Hedgecock, 1994; Rege and Gibson, 2003; Alam et al., 2012**). В този контекст, според **Shaffer (1987)**, шансът на една популация, да оцелее е тя да се състои от определен минимален брой индивиди и да заема ареал с минимална площ на разпространение.

Нивото на генетичното разнообразие се влияе съществено и от фактори като инбридинг – резултат от кръстосване между индивиди, които имат родствени връзки помежду си и характерния за малките популации генетичен дрейф, свързан със случайно колебание в честотите на гените от едно поколение към друго. Съществува пряка зависимост между ефективния размер на популацията и коефициента на инбридинг. Поради тази причина, малките по численост популации са по-уязвими от негативното влияние на родственото съешаване (**Maiwashe and Blackburn, 2004; Norberg and Sorensen, 2007; Avdi and Banos 2008; Carolino and Gama, 2008; Fernandez et al., 2011, Toit et al., 2012; Tang et al., 2013**).

Инбридингът, водещ до намаляване на нивото на хетерозиготност на индивидите се смята като основен генетичен фактор, който застрашава краткосрочното оцеляване на популациите, докато генетичният дрейф се определя като причина за загуба на генетичното разнообразие в дългосрочен период от време. Популации, които са поставени продължително време в условия на инбридинг, са подложени на инбредна депресия, в резултат на отсъствие на хетерозиготи или натрупване на вредни рецесивни алели – т.нар. „генетичен товар” (**Templeton and Read, 1994; Tanchev et al., 2011**).

В литературата са описани редица случаи на „*bottleneck*” и „*founder*” ефекти, настъпили в миналото, които оказват съществено влияние върху настоящото генетично разнообразие на породите (**Booy et al., 2000**). Идентифицирането на популации, които са подложени на редуциране на числеността за определен период от време или т.нар. „*bottleneck*” е от съществено значение, поради факта, че в резултат на този ефект нараства скоростта на инбридинг, намалява генетичната изменчивост и в генофонда на популацията се фиксират вредни алели (**Luikart et al., 1998a**). По този начин се ограничава еволюционният потенциал на популациите за адаптация (**Tanchev et al., 2003; Stanilova et al., 2005; Tanchev et al., 2005, Tanchev and Gadjeva., 2006**) и нараства вероятността за тяхното изчезване (**Cornuel and Luikart, 1996**). Според **Piry et al. (1999)**, когато дадена популация е подложена на „*bottleneck*” ефект, средният брой алели в даден локус

намалява, респективно алелното разнообразие се редуцира. Нивото на хетерозиготност обаче, не се понижава пропорционално, поради слабо влияние на редките алели. Ето защо, различията в нивата на алелното разнообразие и нивото на хетерозиготност могат да се използват като база за статистически тест, чрез който да се установи протичането на „*bottleneck*” ефекта в дадена популация. Чрез прилагането на методи, базирани на компютърни симулации, **Luikart et al.** (1998б) разглеждат възможностите за идентифициране популации, засегнати от ефекта на генетичното стесняване, с цел да се прогнозира вероятността за тяхното изчезване. На базата на 10 микросателитни маркера **Hedrick et al.** (2001) са оценили негативното влияние на „*bottleneck*” и „*founder*” ефектите върху нивото на генетичното разнообразие при 5 диви популации овце (*Ovis canadensis*) от Мексико. Нивото на хетерозиготност, като мярка за генетично разнообразие в рамките на една популация е тясно свързано с дългосрочните шансове за нейното оцеляване. В своето изследване относно връзката между генетичното разнообразие и приспособеността на популациите **Reed and Frankham** (2003) изразяват мнение, че загубата на хетерозиготност оказва отрицателен ефект върху приспособеността на популациите, с което са в съгласие с Международния съюз за защита на природата (The World Conservation Unit, IUCN) относно мерките за опазване на генетичното разнообразие.

Генетичните ресурси в животновъдството включват огромно разнообразие от породи селскостопански животни и техните популации, които са се развили и адаптирали към разнообразните условия на околната среда, в продължение на векове. Съгласно дефиницията на ФАО експертите, генетичните ресурси в животновъдството (Farm animal genetic resources, AnGR) са всички видове животни или популациите от тях, които се използват или могат да бъдат използвани за производство на храна или селскостопанска дейност понастоящем и в бъдеще. Популациите във всеки от видовете животни могат да бъдат класифицирани като диви и неопитомени, местни и примитивни, стандартизирани породи, селектирани линии и консервиран генетичен материал. Всички от тях понастоящем са категоризирани като породи с особен акцент върху тези, с икономически, научен и културен интерес за човечеството (**Henson, 1992**).

Състоянието на генетичните ресурси в областта на животновъдството в световен мащаб, е подробно докладвано във World Watch List for Domestic Animal Diversity (WWL-DAD). За периода от 1999 до 2006 г., въпреки увеличаващата се информация в глобалната база данни от националните доклади за броя на породите, се наблюдава постоянна тенденция към тяхното редуциране, като за домашните бозайници това намаляване, изразено в % е от 63 на 43, а при птици е значително повече – от 77 на 39 (FAO, 2007). На равнище видово разнообразие, информационната система за разнообразие на домашните животни (Domestic Animal Diversity Information System, DAD-IS), (<http://www.fao.org/dad-is/>) обединява домашните животни според тяхната значимост в 5 главни категории: говеда, овце, свине, кози и птици, като посочва, че първите две групи са с най-обширно разпространение. На ниво породно разнообразие са докладвани общо 7 616 породи, от които 6 536 са местни и 1 080 са трансгранични. Относно местните породи бозайници, чиято численост в световен мащаб е 4 068, Европа и Азия се открояват като континентите с най-голямо разнообразие (съответно 1 519 и 1 246 породи). Обезпокоителен е фактът, че 1 491 (или 20% от общия брой породи), принадлежащи към 18 вида бозайници и 16 вида птици са изложени на риск от изчезване, от които 62 са изчезнали през първите 6 години на този век. Броят на породите домашни бозайници, категоризирани в рисков статус, е по-голям (881 породи или 30%) в сравнение с птиците (610 породи или 16%). По-обширна и актуална информация за настоящия статут на генетичните ресурси в областта на животновъдството е представена в доклада на ФАО от 2010 г., благодарение на глобалната мрежа *FABISnet*, обединяваща информация от 198 страни от различни региони на света (FAO, 2011). В изложения анализ се наблюдава тенденция на леко завишаване на общата численост на породите, включително и местните, вероятно свързано с

предприетите мерки за съхранение на техния генофонд. Прави впечатление и намаляването на броя на изчезналите породи от 695 спрямо 2008 – на 631 през 2010 г.

Генетичната ерозия се определя като загуба на съществуващото генетично разнообразие в рамките на дадена популация. Редуцирането на наличното генетично разнообразие е свързано с два основни ефекта върху популациите – загуба на полезни за популацията алели на гените и намаляване нивото на хетерозиготност на индивидите. Потенциалната загуба на „ценни“ алели в дадена популация, най-често в резултат на генетичен дрейф би довела до понижаване възможността на индивидите за адаптиране към промените в условията на околната среда, в резултат на което би се повишил рискът от изчезване на популацията като цяло. Редуцирането на хетерозиготността на равнище популация, най-често вследствие на инбридинг е свързано с увеличаване на броя на хомозиготните индивиди в даден локус. Очевидно е, че ако даден алел е загубен от генофонда на популацията, то потенциалната хетерозиготност ще бъде значително редуцирана или окончателно елиминирана, ако някой от алелите на даден локус бъде напълно фиксиран. Поради факта, че популациите с малка численост са засегнати във висока степен от генетичен дрейф и вероятност за инбридинг, те са изложени на по-голям риск от генетична ерозия (**Frankham, 2002; Sherstha, 2005**).

Drucker et al. (2001) смятат, че генетичната ерозия не е само резултат от загуба на вътрепородното генетично разнообразие, но и на загуба на отделни породи. Около 16% от адаптираните към широка гама от фактори на околната среда уникални, местни породи са изчезнали в началото на века, а други 30% са в риск от изчезване. До голяма степен значението на загубата на породите върху генетичното разнообразие зависи от различията в тяхната генетична структура, т.е. от генетичните дистанции между тях. Въпреки ограничената информация за наличните генетични дистанции за изчезналите породи и тези в риск от загуба, съществуват безспорни доказателства, че със загубата на всяка порода, нивото на генетичното разнообразие значително се редуцира. В заключение, авторът подчертава, че не съществува технология, която да възстанови генофонда на една изчезнала вече порода, с което потвърждава концепцията на ФАО за необратимостта на изгубеното генетично разнообразие.

Освен генетични фактори, в литературата са описани и редица негенетични (антропогенни) фактори, обуславящи ерозията на генетичните ресурси в животновъдството, голяма част от които са изнесени в докладите на ФАО. В тях се акцентира на 3 основни тенденции, като причина за генетичната ерозия в световен мащаб, а именно: промяна в животновъдния сектор под влияние на икономически, социално-политически и демографски фактори; промяна в климата и свързаните с него непредсказуеми бедствия и аварии; болести и епидемии, засягащи животните. Като главни причини за ерозията на генетичните ресурси в животновъдството **Rege and Gibson (2003), Martin-Burriel et al. (2011), Alemayehu (2013)** посочват въвеждането на екзотична генетична плазма, промени в продуктивните системи, както и такива в предпочитанията на производителите на животинска продукция, породени от социално-икономически съображения. Авторите отбелязват, че сушата, гладът, епидемиите и гражданските войни в някои региони на света също допълват общата картина на състоянието в животновъдния сектор. Редица автори посочват, че поради повишеното търсене на продукти от животински произход (месо, мляко, яйца), местните породи се заменят или кръстосват с други високопродуктивни, екзотични породи (**Rege, 1999; Bianchi et al., 2011; Ozdemir et al., 2013**). По данни на ФАО в световен мащаб всяка година изчезва по една порода от наличните генетичните ресурси в животновъдството. Като най-вероятните причини за тази тенденция според **Soysal et al. (2003)** са: деструкцията на естествените хабитати на популациите, въвеждането на екзотични породи и промените в предпочитанията на фермерите и потребителите. В своя обзор **Tisdell (2003)** обръща внимание и на наблюдаващата се тенденция за специализация на породите само по определен продуктивен признак, което според

него е породено от промяна в потребителското търсене и предпочитания на пазара. Поради тази причина редица местни породи, които не предоставят продукти с желаните характеристики, са застрашени от изчезване.

Roosen et al. (2005) обобщават факторите, отговорни за генетичната ерозия в областта на животновъдството в 3 основни категории: *директни* – загуба, разрушаване (или фрагментиране) и влошаване на условията на местообитанията в резултат на интензификация и механизация на селското стопанство; промени в производствените системи, водещи да промяна в използването на породите или техните кръстоски; *индиректни* – промени в предпочитанията на производителите и/или потребителите на животинска продукция, свързани с икономически съображения; *други* – замърсяване на компонентите на околната среда, внезапни глобални климатични промени с непредвидими последствия, поява на нови или спорадични заболявания и епидемии. В заключение, авторите подчертават, че развитието на съвременните технологии са позволили създаването и развъждането на високопродуктивни породи в глобален мащаб, което е допринесло за по-пълното задоволяване на потребностите на човечеството от пълноценни храни. Паралелно обаче, със създаването на новите породи се намалява броят на животните и се стеснява ареалът на развъжданите местни породи. Със загубата на всяка местна порода се губят специфични, ценни признаци, които трудно могат да бъдат възстановени отново.

Необходимостта от запазване на генетичното разнообразие при селскостопанските животни е осъзната и ратифицирана от Конвенцията за биологичното биоразнообразие и се основава на два аргумента: необходимост от разнообразието за еволюцията и неговата връзка с приспособеността и оцеляването на популациите (**Reed and Frankham, 2003**). Конвенцията, подписана от всички страни от Централна и Източна Европа, налага на договарящите се отговорност за опазване и устойчиво развитие на генетичните ресурси, включително тези, които са от значение за прехраната и земеделието (**Martyniuk and Planchenault, 1998**).

За разлика от дивите популации, при които видът или подвидът се смята като основна единица за консервация, за одомашнените животни това е породата. Всяка порода е продукт от мутации и генетичен дрейф, както и резултат на отделната адаптация и еволюция под действие на естествения отбор, наложени от измененията в климата, ендемични и паразитни болести, съответното хранене, както и от селекцията, провеждана от човека. Ето защо, всяка порода съдържа уникален набор от гени, отговорни за вариациите в рамките на дадена порода, също и между отделните породи, от което зависи бъдещото съществуване и запазване на генетичните ресурси (**Barker, 1994; Barker, 2001, Boettcher et al., 2010**). Тъй като не всички породи могат да бъдат съхранени, **Barker** (2001b) смята, че е необходимо да бъдат определени приоритети за консервация по определени критерии, като: дивергенция между породите, риск от изчезване, „заслуги“ на породата, вътрепородни различия и др. В този аспект **Oldenbroek** (1999) дискутира основните аргументи за включване на дадена порода в мерките за съхранение, като ги обобщава в следните критерии: степен на застрашеност, възможност за адаптация към специфични условия на околната среда, притежание на признаци с икономическо значение, уникалност и културно-историческа стойност на породата, принадлежност към даден вид. Понастоящем за класифициране на породите според техния рисков статус се използват различни критерии – брой на женските разплодници, степен на инбридинг и ефективна численост на популацията, наложени съответно от трите водещи, международни системи за мониторинг: Европейския съюз (The European Union), Европейската асоциация за животинска продукция (European Association for Animal Production, EAAP) и ФАО (**Alderson, 2003; Gandini et al., 2004**). В България за целта е възприет подходът на ФАО от 2007 гдина, като породите се класифицират в следните 4 категории: изчезнали, изчезващи, застрашени от изчезване и незастрашени от изчезване. От гледна точка на консервационната биология, за да бъде избегната опасността за изчезване на дадена популацията в краткосрочен план, нейният

ефективен размер не трябва да бъде по-малък от 50 индивида и съответно, не по-малък от 500 – за дългосрочно оцеляване (Taberlet et al., 2008; Groeneveld et al., 2011; Taberlet et al., 2011). Според Mendelsohn (2003) с най-висока степен на приоритет за съхранение на дадена порода трябва да бъде нейната уникалност, в сравнение с близките по генетична конституция породи. Caballero and Toro (2002) смятат, че е необходимо да се вземат под внимание по-комплексни критерии като адаптивност към специфични условия на средата или към определени заболявания, притежание на специфични признаци с научна, икономическа и културно-историческа стойност, които ще бъдат от особена значимост в бъдеще.

Този глобален процес е засегнал развитието на животновъдството и в нашата страна. Интензификацията в производството на животинска продукция в България е довела до намаляване на броя на породите, които се използват като база за това производство. Много често предпочитанията към определени породи се основава на сравнително повърхностно познаване на комплексните качества, които определят предимствата и недостатъците на съответните породи. В резултат на това, породи с ниска продуктивност или неподходящи за условията на промишлените комплекси са били заменени с по-продуктивни и специализирани породи и кръстоски. Тази загуба на генетичен материал, настъпила в резултат на промяна в търсенето на пазара и промишлените условия, в които се поддържат животните продължава. В дългосрочен план, този генетичен материал може да се окаже изключително полезен в новите условия, които могат да възникнат в бъдеще. Ето защо, опазването на редки и застрашени от изчезване породи е в ползрението на редица специалисти (Кръстанов, 2003; Hinkovski and Alexiev, 1981).

В България, през втората половина на миналия век, по планов път е извършено широко мащабно кръстосване на местни породи животни с разплодници от високопродуктивни чуждестранни породи. Този процес е засегнал почти всички местни породи и отродия, включително и овцете (Семков, 2008). Златарев и съавт. (2008) изтъкват като основен фактор, отговорен за редуциране на генетичното разнообразие нерационалната селскостопанска политика, игнорираща генетичната подразделеност на видовете и структурата на вътревидовата наследствена изменчивост. В своя доклад Кръстанов (2003) отбелязва, че в резултат на пазарната икономика в България през последните 10 години, продуктивните системи се характеризират с драстични промени, което очертава нови тенденции в тяхното развитие.

В контекста на запазване на генетичното разнообразие на аборигенните породи в България Danchev (1994) отбелязва, че местните породи заемат стратегическа позиция в естествената, еволюционна верига между дивите им предшественици и високопродуктивните, специализирани породи, поради което е необходимо да бъдат предприети мерки за тяхната консервация. Съгласно Глобалната стратегия на ФАО за управление на генетичните ресурси в животновъдството, Хинковски и Стойков (2001) изразяват мнение, че фундаменталният проблем на животновъдството в България е създаване на молекулярна база с данни за домашните животни от аборигенните породи, с оглед на тяхното съхраняване. Христова и съавт. (2012) правят съвременен анализ на възможностите за управление на генетичните ресурси и генетичното разнообразие в популациите селскостопански животни чрез използването на ДНК маркери. Авторите отделят специално внимание на постиженията на функционалната геномика за осъвременяване на методите на селекция в областта на животновъдството. Според тях базираната на геномни маркери селекция е основа за създаване на стратегия за устойчиво развитие на животновъдството в България и нейното ефективно включване в Европейските програми по опазване на генетичните ресурси, тяхното разнообразие и повишаване качеството на животинските продукти.

Този литературен обзор още веднъж потвърждава голямата необходимост от задълбочени анализи и точни оценки за състоянието на генетичните ресурси съдържащи се в породите селскостопански животни в световен и регионален план. Опазването и съхраняването на наличния

генетичен ресурс в животновъдството е от съществено значение за поддържане на общото генетично разнообразие при отделните видове продуктивни животни. От друга страна, се разкриват възможности за поддържане на набор от уникални гени, необходими както за селекцията, така и за конструиране на нови генотипове чрез създаването на трансгенни животни, характеризирани се с ценни биологични и продуктивни качества.

ЛИТЕРАТУРА

1. **Златарев, С., Тодоровска, Е., Тенева А., Оджаклова, Ц., Митева, К., Христов, П. и Механджийски И.,** 2008. Приложение на генноспецифични молекулярни маркери при генотипирането и идентификацията на Родопското Късорого говедо. Животновъдни науки, XLV,1, 25-29.
2. **Кръстанов, Ж.,** 2003. Състояние на генетичните ресурси в Република България. Животновъдни науки, 1-2, 7-9.
3. **Семков, М.,** 2008. Да съхраним генетичното разнообразие в животновъдството. Земеделие плюс, 5, 45.
4. **Хинковски, Ц. и Стойков, А.,** 2001. Насоки на изследователската работа по животновъдство у нас в предприєдинителния период. Животновъдни науки, 5, 61-68.
5. **Христова, Д., Яблански, Ц., Тодоровска, Е.,** 2012. ДНК маркери и тяхното приложение в животновъдството. Животновъдни науки, XLIX, 6, 69-85.
6. **Ajmone-Marsan, P. and The GLOBALDIV Consortium,** 2010. A global view of livestock biodiversity and conservation – GLOBALDIV, Anim. Genet. 41, (s1), 1-5.
7. **Alam, M., K. I. Han, D. H. Lee, J. H. Ha and Kim J. J.,** 2012. Estimation of Effective Population Size in the Sapsaree: A Korean Native Dog (*Canis familiaris*), Asian-Aust. J. Anim. Sci., 25, 8, 1063-1072.
8. **Alemayehu, K.,** 2013. Threats, attempts and opportunities of conserving indigenous animal genetic resources in Ethiopia, African Journal of Agricultural Research, 8 (23), 2806-2813.
9. **Amos, W. and Harwood J.,** 1998. Factors affecting levels of genetic diversity in natural populations. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci, 353, 177-186.
10. **Avdi., M. and Banos, G.,** 2008. "Genetic diversity and inbreeding in the Greek Skyros horse" Livestock Science, 114, 362-365.
11. **Barker, J.,** 1994. Conservation of livestock breed diversity. AGRI, 25, 33-43.
12. **Barker, J.,** 2001. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. Canadian Journal of Forest Research, 31, 4, 588-595.
13. **Bianchi, M., Ceccobelli, S., Landi, V., Di Lorenzo, P., Lasagna, E., Ciocchetti, M., Şahin, E., Mugnai, C., Panella, F., Maria Sarti, F.,** 2011. A microsatellites-based survey on the genetic structure of two Italian local chicken breeds, Italian Journal of Animal, 10, 3.
14. **Bijlsma, R. and Loeschcke, V.,** 2012. Genetic erosion impedes adaptive responses to stressful environments, Evolutionary Applications, 5 (2), 117-129.
15. **Boettcher, P., Tixier-Boichard, M., Toro, M., Simianer, H., Eding, H., Gandini, G., Joost, S., Garcia, D., Colli, L., Ajmone-Marsan, P. and the GLOBALDIV Consortium,** 2010. Objectives, criteria and methods for using molecular genetic data in priority setting for conservation of animal genetic resources. Animal Genetics, 41, Suppl.1, 64-77.
16. **Booy, G., Hendriks, R. J., Smulders, M. J., Van Groenendael, J. M. and Vosman, B.,** 2000. Genetic Diversity and the Survival of Populations, Plant biology, 2, 379-395.
17. **Caballero, A. and Toro, A.,** 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. Conservation Genetics, 3, 289-299.
18. **Carolino, N. and Gama, L. T.,** 2008. Indicators of genetic erosion in an endangered population: the Alentejana cattle breed in Portugal, 86 (1), 47-56.

19. **Cornuet, J. M. and Luikartt, G.**, 1996. Description and Power Analysis of Two Tests for Detecting Recent Population Bottlenecks From Allele Frequency Data. *Genetics*, 144, 2001-2014.

20. **Danchev, Y.**, 1994. The preservation of autochthonous breeds of domestic animals in Bulgaria, In: Bulgaria's Biological Diversity National Strategy: Conservation Status and Needs Assessment, 587-599.

21. **Drucker, A. G., Gomez, V. and Anderson, S.**, 2001. The economic valuation of farm animal genetic resources: a survey of available methods *Ecological Economics*, 36, 1-18.

22. **du Toit, J., van Wyk, J. B. and Maiwashe, A.**, 2012. Assessment of inbreeding depression for functional herd life in the South African Jersey breed based on level and rate of inbreeding. *S. Afr. j. anim. sci.*, 42, 1, 55-62.

23. **FAO**, 1998. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Measurements of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Original Working Group Report.

24. **FAO**, 2004. Measurement of domestic animal diversity- a review of recent diversity studies. In: Report of Working group. CGRFA/WG-AnGR-3/04/Inf.3, Rome.

25. **FAO**, 2005. Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): Recommended microsatellite markers (<http://dad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi>).

26. **FAO**, 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Rischkowsky B. and D. Pilling (Eds.), Rome.

27. **FAO**, 2011. Status and trends of animal genetic resources-2010. In: Report Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture. CGRFA-13/11/Inf.17, Rome.

28. **Fernandez J., Meuwissen T. H., Toro M. A., Maki-Tanila A.**, 2011. Management of genetic diversity in small farm animal populations., *Animal.*, 5 (11), 1684-98

29. **Frankham, R., Ballou, J. D. and Briscoe, D. A.**, 2002. Introduction to Conservation Genetics. Cambridge Univ. Press, New York, 230-233.

30. **Frankham, R.**, 2003. Genetics and conservation biology. *Comptes Rendus Biologies*, 326, suppl.1, 22-29

31. **Gandini, G. C., Ollivier, L., Danell, B., Distl, O., Georgoudis, A., Groeneveld, E., Martyniuk, E., van Arendonk, J. A. M and Woolliams, J. A.**, 2004. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe *Livestock Production Science* 91, 173-182.

32. **Giri, C. P., Shrestha, S., Foresman, T. W. and Singh, A.**, 2000. Global Biodiversity data and information. In: Biodiversity data and information. Chapter 6. Tateishi R. and D. A. Hasting (Eds.), 1-29.

33. **Groeneveld, L. F., Lenstra, J. A., Eding, H., Toro, M. A., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, E. K., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S. and The GLOBALDIV Consortium**, 2010. Genetic diversity in farm animals – a review. *Animal Genetics*, 41 (Suppl. 1), 6-31.

34. **Hedgecock, D.**, 1994. Does variance in reproductive success limit effective population sizes of marine organisms? In *Genetics and evolution of aquatic organisms*. A. R. Beaumont (Ed.), London: Chapman and Hall, 122-134.

35. **Hedrick, P. W., Gutierrez-Espeleta, G. A. and Lee, R. N.**, 2001. Founder effect in an island population of bighorn sheep. *Molecular Ecology*, 10, 851-857.

36. **Henson, E. L.**, 1992. In situ conservation of livestock and poultry. *FAO Animal Production and Health*. Pepar 99, FAO/UNEP, 112.

37. **Heywood, V. H.**, 1995. The Global Biodiversity Assessment. United Nation Environment Programme. Cambridge University Press, Cambridge, 6-9.

38. **Hinkovski, Tz. and Alexieva A.**, 1981. Conservation of animal genetic resources in Bulgaria. In: *Animal genetic resources – conservation and management*. FAO.

39. **Laikre, L.**, 2010. Genetic diversity is overlooked in international conservation policy implementation, *Conserv. Genet.* 11, 349-354.

40. Luikart, G. Allendorf, F. Cornuet, W. and Sherwin, W. B., 1998a. Distortion of Allele Frequency Distributions Provides a Test for Recent Population Bottlenecks *The American Genetic Association*, 89, 238-247.

41. Luikart, G., Sherwin, W. B., Steele, B. M. and Allendorf, F. W., 1998b. Usefulness of molecular markers for detecting population bottlenecks via monitoring genetic change *Molecular Ecology*, 7, 963-974.

42. Maclautin, J. and Sterelny, K. (Eds.), 2008. What is the Biodiversity? The University of Chicago Press, Ltd., London, 2-3.

43. Maiwashe, A. N. and Blackburn, H. D., 2004. Genetic diversity in and conservation strategy considerations for Navajo Churro sheep. *Journal of Animal Science*, 82, 2900-2905.

44. Martín-Burriel, I., C. Rodellar, J. Cañón, O. Cortés, S. Dunner, V. Landi, A. Martínez Martínez, L. T. Gama, C. Ginja, M. C.T. Penedo, A. Sanz, P. Zaragoza and J. V. Delgado Bermejo, 2011. Diversity of Iberian cattle Genetic diversity, structure and breed relationships in Iberian cattle. *J Anim Sci*, 89, 893-906.

45. Martyniuk, E. and Planchenault, D., 1998. Animal genetic resources and sustainable development in Europe. *Proceedings of 6th World Congress on Genetics Applied to livestock Production*, 28, 35-42.

46. Mellinger, M. A., 2004. Sources of animal biodiversity. In: *Animals are the Issue: Library resources on Animal issue*. J. Kisler (Ed.), Gettysburg PA 17325, USA, 93-94.

47. Mendelsohn, R., 2003. The challenge of conserving indigenous domesticated animals *Ecological Economics*, 45, 501-510.

48. Nunney, L. and Campbell, K. A., 1993. Assessing minimum viable population size: demography meets population genetics. *Trends of Ecology and Evolution*, 8, 234-239.

49. Oldenbroek, J. K., 1999. Genebanks and the management of farm animal genetic resources. DLO, Lelystad, 59-70.

50. Özdemir, D., Özdemir, E. D. De Marchi, M. and Cassandro, M., 2013. Conservation of local Turkish and Italian chicken breeds: a case study. *Italian Journal of Animal Science*, 12, 2, 49.

51. Pearce, D. and Moran, D., 1994. The economic value of biodiversity. Earthscan. London, 2.

52. Reed, D. H. and Frankham, R., 2003. Fitness and genetic diversity. *Conservation biology*, 17, 1, 230-237.

53. Rege, J. E. O., 1999. The state of African cattle genetic resources I. Classification framework and identification of threatened and extinct breeds. *Animal Genetic Resources Information*, 25, 1-25.

54. Rege, J. E. O and Gibson, J. P., 2003. Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation. *Ecological economics*, 45, 3, 319-330.

55. Piry, S., Luikart, G. and Cornuet, J. M., 1999. Bottleneck: A computer program for detecting recent reduction in the effective population size using frequency data. *Journal of Heredity*, 90, 502-503.

56. Roosen, J., Fadlaoui, A. and Bertaglia, M., 2005. Economic Evaluation and Biodiversity Conservation of Animal Genetic Resources. *Journal of animal breeding and genetics*, 122, 217-228.

57. Shaffer, M. L., 1987. Minimum viable populations: coping with uncertainty. In *Viable populations for conservation*. M. E. Soulé (Ed.), Cambridge: Cambridge University Press, 69-86.

58. Simon, D. L., Buchenauer, D., 1993. Genetic diversity of European livestock breeds. EAAP Publication No. 66. Wageningen Pers, Wageningen, 579.

59. Soysal, M. İ., Özkan, E. and Gürcan, E. K., 2003. The status of farm animal genetic diversity in Turkiye and in the world *Trakia Journal of Sciences*, 1, 3, 1-12.

60. Stanilova, S. A., Miteva, L. D., Tanchev, S.G., 2005. Immunomodulatory effects of C3b_{gp} on the antibody response to hemocyanin in outbred rabbits and the F1 generation of breeding with siblings, *Veterinary Immunology and Immunopathology*, 106, 1-2, 15-21.

61. Taberlet, P., Valentini, A., Rezaei, H. R., Naderi, S., Pompanon, F., Negrini, R. and Ajmone-Marsan P., 2008. Are cattle, sheep, and goats endangered species? *Molecular Ecology*, 17, 275-284.
62. Taberlet, P., Coissac, E., Pansu, J., Pompanon, F., 2011. Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Compte Rendus Biologies*, 334, 247-254.
63. Tanchev, S., Gadjeva, V., Stanilova, S., 2003. Influence of antigen stimulation on the oxidative stress parameters in outbred and inbred rabbits, *Archives of Physiology and Biochemistry*, Volume 111, Issue 5, 437-442.
64. Tanchev, S., Lashev, L., Haritova, A., 2005. Pharmacokinetics of enrofloxacin in inbred and outbred rabbits, *Veterinarski Arhiv*, 75, 6, 497-503.
65. Tanchev, S., Gadjeva, V., 2006. Influence of antigen stimulation on the oxidative burst in inbred and outbred rabbits, *Revue de Medecine Veterinaire*, 157, 8-9, 426-430.
66. Tanchev, S., Zhelyazkov, E., Philipov, J., Semerdjiev, V., Paskaslev, M., Sotirov, L. and Georgieva, S., 2011. Phenotypic traits of skeletal anomalies observed in inbred rabbits, *Revue de Medecine Veterinaire*, 162, 3, 150-153.
67. Tang, G. Q., J. Xue, M. J., Lian, R. F. Yang, T. F. Liu, Z. Y. Zeng, A. A. Jiang, Y. Z. Jiang, L. Zhu, L. Bai, Z. And Wang, X. W. Li., 2013. Inbreeding and Genetic Diversity in Three Imported Swine Breeds in China Using Pedigree Data *Asian Australas. J. Anim. Sci.*, 26, 6, 755-765.
68. Templeton, A. R., 1994. Biodiversity at the molecular genetic level: experiences from disparate macroorganisms. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 345, 59-64.
69. Tisdell, C., 2003. Socioeconomic causes of loss of animal genetic diversity: analysis and assessment. *Ecological Economics*, 45, 3, 36-376.

GENETIC DIVERSITY AND GENETIC EROSION IN THE BREEDS OF FARM ANIMALS

D. Hristova, S. Tanchev, S. Georgiev, Ts. Yablanski
Thrakia University, Faculty of Agriculture - Stara Zagora

SUMMARY

Looking at the many different studies and the results by own investigations the authors analyze the importance of genetic diversity for existence and support of farm animal breeds. According to authors, to safe the breeds it is necessary to keep optimal size of the populations. It is analyzed the negative role of some genetic factors (inbreeding, genetic drive, including of an exotic plasma and others), which lead to the genetic erosion and lose of whole breeds. The authors show the necessity from keeping and saving of genetic resources in animal breeding which is very important to keep genetic diversity. On the other side it is shown the possibility to support a composition of unique genes, which are very important for the breeding and for a construction of new genotypes and trans-genes animals with very important biological and productive traits.

Key words: *Genetic diversity, Genetic erosion, Farm animal genetic resources (AnGR)*
E-mail: dhristova@uni-sz.bg