

**АГРАРЕН УНИВЕРСИТЕТ – ПЛОВДИВ**

Пловдив 4000; бул. «Менделеев» № 12; тел. +359/32/654 300

Факс +359/32/633 157; [www.au-plovdiv.bg](http://www.au-plovdiv.bg)



**Факултет по Агрономство**

Утвърждавам:

Декан:

(Доц. д-р Атанас Севов)



**ИНДИВИДУАЛЕН УЧЕБЕН ПЛАН**

на

**СВЕТОСЛАВ ВАСИЛЕВ НИКОЛОВ**

зачислен за докторант със заповед РД 26-69/23.12.2021, на Ректора на Аграрен  
университет - Пловдив

Област на висшето образование	6. Аграрни науки и ветеринарна медицина;
Професионално направление	6.3. Животновъдство
Научна специалност	Развъждане на селскостопанските животни, биология и биотехника на размножаването
Форма на обучение	Редовна
Продължителност на обучение	3 години 04.01.2022 – 04.01.2025
Тема на дисертационния труд	Възможности за управление на генетичния статус и съхраняване на генетичното разнообразие при местни автохтонни породи, на основата на мониторинга на ДНК маркерни локуси
Научени ръководители	Проф. д-р Пламен Петров Доц. д-р Красимир Русанов
Обсъден и приет на КС	Протокол № 2.../.....г.
Утвърден на заседание на ФС	Протокол № ...../.....г.

## ОБЩ УЧЕБЕН ПЛАН

Учебна и преподавателска работа на докторанта		
ПЪРВА ГОДИНА		
Дейност	Период	Кредити
Молекулярна генетика (обучителен курс)	Май 2022	5
Технология на секвениране на ДНК (обучителен курс)	Юни 2022	5
Компютърни програми за анализ на генетичния статус и генетичното разнообразие на популациите (обучителен курс)	Септември 2022	5
<i>Сума за I година</i>		15
ВТОРА ГОДИНА		
Дейност	Период	Кредити
Развъждане на животните, биология и биотехника на размножаването (кандидатски минимум)	Септември 2023	20
<i>Сума за II година</i>		20

### НА УЧНОИЗСЛЕДОВАТЕЛСКА РАБОТА НА ДОКТОРАНТА

#### Анотация

България е страна с традиции в опазването на генетичните ресурси в животновъдството (Хинковски и др., 1984). През 90-те години на миналия век, работата с автохтонните породи беше прекъсната, поради оттегляне на Държавата от тази дейност, във връзка с промяната на обществените отношения в земеделието (Николов, 2013). Дейността обаче бързо се възстанови, като се пое основно от неправителствени организации. Първите развъдни организации, получиха разрешения за развъдна дейност през 2001 година и към момента в регистрите на Министерството на земеделието са посочени 11 действащи развъдни организации в областта на говедовъдството, работещи с 15 породи, в т.ч. с трите автохтонни, 20 асоциации в овцевъдството с 32 породи овце, в т.ч. всички известни към момента автохтонни и т.н. На практика, всички оцелели до края на 90-те години на миналия век автохтонни породи са поставени под селекционен контрол и за тях са разработени развъдни програми за *in situ* съхраняване. С малки изключения, числеността на животните от защитените породи бързо нарасна, като при час от породите надхвърлили праговете на застрашеност или е близка до тях. Това създава впечатление за устойчивост на управлението на генетичните ресурси, но научни изследвания в подкрепа на подобна хипотеза няма. По скоро процесите са хаотични, повърхностни и са подчинени единствено на увеличаване на размерите на популациите, което е свързано с увеличаване на субсидиите, получавани от развъдните организации.

Този проблем очевидно не е характерен само за нашата страна. Според Boettcher et al., (2010), спасяването на застрашени породи от изчезване е възможно само чрез усилия за опазване. Тъй като ресурсите за програмите за опазване са ограничени, отбелязват авторите, породите ще се конкурират в бъдеще не само за да отговарят на предпочтенията на потребителите, но и за средства от програмите за опазване.

Съхраняването на генетичните ресурси на автохтонните породи има ясно определени цели, а управлението им трябва да се подчинява на строго научни подходи. Wellmann and Bennewitz (2019) считат, че основна цел на управлението на популацията

е да се максимизира конкурентоспособността на породата в дългосрочна план, като при породите, при които се прилагат консервационни програми, консервационната стойност може да бъде подобрена чрез увеличаване на приноса на породата към генофонда на вида. Това, според авторите, може да включва възстановяването на оригиналния генетичен фонд и поддържането на високо генетично разнообразие в сегментите на местния хаплотип.

Според Meuwissen et al., (2009), консервационната стойност на дадена порода може да бъде увеличена чрез приоритизиране за развъждане на животни, чиито геноми са обогатени с редки хаплотипни сегменти. Gicquel et al. (2020), отбелязват, че опазването на животинските генетични ресурси изисква редовен мониторинг и интервенции за поддържане на размера на популацията и управление на генетичната вариабилност. López-Cortegano et al. (2019), определят поддържането на генетичното разнообразие като една от основните цели на програмите за опазване на генетичните ресурси, тъй като осигурява адаптивен потенциал на популациите за справяне с нови екологични предизвикателства. Според авторите, при популации, в които се прилагат програми за опазване, е важно да се разработи оптималната стратегия за управление, за да се запази възможно най-голямо генетично разнообразие, като се избягва инбридинга.

Според Meuwissen et al. (2020), управлението на генетичното разнообразие има за цел: - поддържане на хетерозиготност, което намалява инbredната депресия и загубата на генетични вариации в локусите, които могат да станат важни в бъдеще; - избягване на генетичен дрейф, което предотвратява експресията на вредните рецесивни алели и отклонение във функционалните признания.

По настоящем управлението на популации, преминава от използване на оценки, базирани на родословие, към оценки, базирани на маркери (Wellmann and Bennewitz (2019)). Според Meuwissen et al. (2020), в ерата на геномиката, данните от генома позволяват да се използват редица алтернативни мерки за оценка на инбридинга и родствените връзки: - чрез оценка на хомозиготността и хетерозиготност на популацията (матрица на молекулярно родство); чрез оценка на генетичен дрейф, (промени в честотите на алелите), SNPs анализ и др.

López-Cortegano et al. (2019), посочва, че генетичното разнообразие обикновено се оценява с помощта на неутрални молекулярни маркери и обикновено се определя количествено, чрез разликата в очакваната хетерозиготност в равновесни популации на Харди-Вайнберг и действителния брой на алелите на локуса или алелното разнообразие. Engelsma (2012) отбелязва, че наличието на голям брой SNP създава възможности за по- детайлна оценка на генетичното разнообразие и за подобряване на приоритизирането на животните, при опазването на генетичното разнообразие.

Според Boettcher et al., (2010) молекулярно-генетичната информация и селективно неутрални генетични маркери, предимно микросателити, се използват като геномен инструмент за избор и за получаване на информация относно генетичното разнообразие на генетичните ресурси в животновъдството. Такива маркери, отбелязват авторите, дават представа за историята на породата и предоставят информация както за отличимостта (между породите), така и за разнообразието (в рамките на породата) на породата. Те могат да се използват и за количествено определяне на потенциала за бъдеща еволюция.

На основата на посоченото, отчитайки големия брой породи у нас, възможността за безсистемно (или целенасочено) кръстосване, неконтролираното родствено съешаване, считаме, че е необходимо да започне прилагането на научно – обосновано методи за оценка на генетичното разнообразие при автохтонните породи, на неговата динамика в процеса на *in situ* съхраняване на породите и разработване на концепции за целенасоченото му поддържане. Родопското късорого говедо е подходяща за целта моделна популация: -породата се развържда в условията на панмиксия; -наблюдава се повече от 17 години; -като цяло са ясни произходите на стадата под селекционен контрол; - налице са ясно определими междупородни и вътрепородни фенотипни различия; -съществува определена регионална диференциация; - в стадата се отглеждат животни от по 3-4 генерации и т.н.

Целта на разработката е да проучим възможността и ефективността на използването на ядриeni и извън ядрени ДНК марки за оценка на вътрепородното генетично разнообразие и на тази основа да предложим модел за управление на генетичните процеси в популацията, с цел максимално съхраняване на генетичното разнообразие при местните автохтонни породи.

#### Методичен план

##### ПЪРВА ГОДИНА

Дейност	Период	Кредити
Приет методичен план, научно-изследователската работа на докторанта е разпределена по дейности и години	28.02.2022	50
Приет годишен отчет	10.01.2023	10
<b>Сума за I година</b>		<b>60</b>

##### ВТОРА ГОДИНА

Участие в научна конференция или семинар	30.12.2023	5
Отпечатана научна публикация	30.11. 2023	30
Приет годишен отчет	10.01.2024	10
<b>Сума за II година</b>		<b>45</b>

##### ТРЕТА ГОДИНА

Отпечатана научна публикация	30.11. 2024	30
Приет годишен отчет	10.01.2025	10
Прието положително становище на катедрата, след проведена процедура за предварително обсъждане на дисертацията на докторанта, за отчисляване с право на защита		50
<b>Сума за III година</b>		<b>90</b>
<b>Общо за курса</b>		<b>230</b>

Научен ръководител:.....

(проф. Пл. Петров)

Научен ръководител: .....

(доц. Кр. Русанов)

Докторант: .....

(Св. Николов)