



# Результаты и перспективы голштинизации черно-пестрого скота в РФ

Рубрика

А. Ф. Яковлев

УДК 636.22/.28:575.17

## Использование ДНК-маркеров в селекции голштинского скота

**Аннотация.** Представлен обзор развития использования молекулярно-генетических маркеров и внедрения различных методов в селекцию молочного скота. Особое внимание уделено возможностям увеличения оценки племенной ценности животных путем внедрения геномной селекции.

**Ключевые слова:** ДНК, полиморфизм, геном, чипы, племенная ценность.

**Сведения об авторе:**

**Яковлев Александр Федорович** — доктор биологических наук, профессор, член-корреспондент РАН, заведующий отделом генетики и биотехнологии ГНУ ВНИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных ФАНО, тел.: +7 (812) 465-80-12, адрес: 196601, Санкт-Петербург, Пушкин, Московское шоссе, 55а, ВНИИГРЖ, e-mail: afyakov@mail.ru

Проблема традиционной оценки племенной ценности животного заключается в том, что для её определения необходимо сопоставить и проанализировать связь между селекционными признаками у предков, боковых родственников, потомков и самого животного. Оценка племенной ценности была и остается наиболее сложным этапом в разведении сельскохозяйственных животных и, в частности молочного скота.

Быстрое развитие методов анализа ДНК привело к увеличению ДНК-маркеров, потенциальное число которых позволяет насытить карту хромосом до уровня необходимого для локализации на хромосоме генов и нуклеотидных последовательностей, имеющих селективное значение. Дальнейшее совершенствование методов анализа ДНК статистического анализа, компьютерной техники и программного обеспечения облегчили определение анализ маркеров (таблица 1), ответствен-

ных за количественные признаки и позволили разработать методы маркерной селекции [1]. Молекулярно-генетические исследования крупного рогатого скота в настоящее время вносят существенный вклад в контроль процессов селекции. Для повышения продуктивности племенные хозяйства используют ограниченное число выдающихся быков-производителей. Роль одного животного в распространении определенных полиморфных типов генов и генетических дефектов значительно повышается. Это приводит, с одной стороны, к снижению гетерозиготности стада, а с другой — к насыщению популяций летальными мутациями. Генетический мониторинг летальных мутаций крупного рогатого скота необходим для работающих быков-производителей и ремонтных бычков.

Исследование типов гена каппа-казеина следует проводить как для определения генетического равновесия в стаде по этому гену, так и для

Таблица 1. ДНК-технологии в животноводстве

№	Наименование технологии	Эффективность
1	Доминантные ДНК-микросателлиты	генетическое сходство и расстояния, гетерозиготность, сцепление с признаками
2	Маркерные ДНК-микросателлиты	генетическое сходство и расстояния, гетерозиготность, сцепление с признаками, достоверность происхождения
3	Хромосомные районы, связанные с хозяйственными признаками	влияние (%) на определенные хозяйственные признаки
4	Гены и нуклеотидные последовательности	% вклада в формирование отдельных признаков
5	SNP (полиморфизм одиночных нуклеотидов)	сцепление с признаками, генетические дефекты, генетические дефекты
6	Анализ целого генома по SNP-маркерам	повышение оценки племенной ценности примерно в 2 раза, достоверность происхождения





повышения технологических свойств молока, так как ВВ-тип гена позволяет получать выше выход сыра. Исследования частот встречаемости разных аллелей генов каппа-казеина проводятся во ВНИИГРЖ с 1995 года. В исследованиях, проведенных в 1995 году, было показано, что более 67% черно-пестрых быков-производителей имели гетерозиготный генотип АВ, однако к 2007 году их число резко снижалось и сократилось до 9,5%. По результатам 2008–2009 года отмечен рост доли гетерозигот среди быков — завозом животных гетерозиготных по каппа казеину из других стран. Увеличение доли генотипа АВ обусловлен быков-производителей — колеблется от 0 до 7%. Доля гомозиготных особей АА в ведущих племенных хозяйствах еще высока. Животных с генотипом ВВ обычно регистрируется не более 4–5%.

Метод фингерпринтинга, основанный на изучении полиморфизма ДНК, может быть успешно применен для анализа генетического разнообразия в популяциях животных. Он незаменим для оценки происхождения животных, гетерозиготности и генетических расстояний между популяциями. В исследовании гетерогенности черно-пестрого скота для анализа была взята популяция племфермы «Куркино» (Вологодская область) из которой были выделены две группы не родственных между собой животных. Это группа низкопродуктивных животных (средний удой 5269,5 кг, n=6) и высокопродуктивных (средний удой 8544,0 кг, n=9) коров. Отмечены колебания частоты встречаемости отдельных фрагментов по группам. Так фрагмент ДНК № 29 встречается у низкопродуктивных животных с частотой 0,1667, в то время как у высокопродуктивных с частотой 0,7778. Основываясь на полученных результатах, можно сделать вывод, что интенсивный искусственный отбор, приводит к сужению генетической изменчивости. Анализ картин ДНК-фингерпринта показал, что у группы животных с высокой продуктивностью снижается число выявляемых ДНК-фрагментов, увеличиваются коэффициенты сходства и уменьшаются показатели гетерозиготности.

В последнее десятилетие в связи с разработкой технологии определения последовательности нуклеотидов ДНК (секвенирования) всего генома появилась возможность анализа связи полиморфизма одиночных нуклеотидов — SNP (single nucleotide polymorphisms) с племенными качествами популяций молочного скота, значительно повышающая точность оценки племенной ценности. Многие специалисты считают, что разработка современной геномной оценки является наиболее

значительным достижением в животноводстве после внедрения замораживания семени.

Известно, что каждая клетка крупного рогатого скота содержит 30 хромосом. ДНК хромосом включает несколько миллиардов нуклеотидов. Особенности в последовательности четырех нуклеотидов отражают различия между отдельными животными, популяциями и породами. Для пород и популяций животных они являются генетическими маркерами, часть которых может быть связана с количественными и качественными признаками животных. Генетические маркеры, имеющие полиморфную или диморфную форму предоставляют возможность анализировать сцепление с хозяйственными и племенными признаками.

Процедура генотипирования включает взятие биологического материала (кровь, семя, ткань, корни волос), выделение ДНК, анализ последовательности нуклеотидов в ДНК и регистрации полиморфизма нуклеотидных замен, компьютерный сравнительный анализ данного животного с формированными картами сцепления отдельных полиморфных систем с генетическими особенностями фенотипа, «обучение» компьютерной программы, получение на выходе результата генетической ценности животного и прогноза ценности потомков.

В результате использования геномной оценки около 30% быков стало возможным выбраковать до постановки на проверку. В настоящее время продуктивность дочерей, оцененных технологией Bovine SNP50K BeadChip свидетельствуют о достоверности полученных прогнозов в раннем возрасте. Геномная информация может быть обменена между различными странами с использованием методов преобразования этой информации согласно с особенностями характеристик молочного скота данной страны или отдельной популяции. Успех, достигнутый для голштинской породы, в значительной степени объясняется преобладанием во всем мире этой породы, наличием подробных записей за последние десятилетия и существованием системы международного обмена по данным быков молочных пород через Interbull. Генотипирование нескольких тысяч быков голштинской породы обеспечили основу для разработки алгоритмов отбора для ряда стран [2-3]

К настоящему времени выявлены основные факторы, влияющие на эффективность геномной селекции. К ним относится размер генома (в Морганидах), число генотипированных животных, эффективная численность популяции и коэффициент наследуемости регистрируемых признаков [4].



## Рубрика: Результаты и перспективы голштинизации черно-пестрого скота в РФ

Таблица 2. Точность оценки (%) племенной ценности голштинского скота в Германии (2010 год, 3464 коров + 904 быка)

Признаки продуктивности	По качеству потомства	Эффект		Экстерьер	По качеству потомства	Эффект	
		Геномная	Прибавка			Геномная	Прибавка
Удой	36	68	32	Рост	33	53	20
Жир кг.	36	72	35	Костлявость	33	54	21
Белок кг.	36	64	28	Угол крестца	35	48	14
Соматические клетки	36	54	19	Глубина вымени	32	63	31
Долголетие	34	51	17	Прикрепление вымени	34	56	21
Невозвращение в охоту (56 дней)	33	40	7	Ширина грудной клетки	32	60	27
Сухостойный период	34	42	8	Постановка задних конечностей	32	48	17
Мертворожденность	33	42	9	Подвижность	30	40	10
Скорость молокоотдачи	32	58	25	BСS	32	52	20

Вклад каждого сайта количественного признака в вариацию составляет 1.5–6%. Конечно, эффективнее вести селекцию с помощью SNP700K-чипа, который способен фиксировать SNP-маркеры через каждые 4000 пар нуклеотидов. Однако, использование такого чипа чрезвычайно дорого и может быть применен только для оценки высокоценного племенного ядра. Для сравнения широко используемый BovineSNP50K BeadChip — чип регистрирует SNP-маркеры, находящиеся в среднем через 45000 пар нуклеотидов.

Применение геномной селекции и международной кооперации со временем дает возможность увеличивать численность референтной популяции и еще повысить точность геномной оценки (Таблица 2). В сентябре 2009 года четыре организации UNCEIA (Франция), VikingGenetics (Дания, Швеция, Финляндия), DHV – VIT (Германия) и CRV (Нидерланды, Фландрия) создали объединенную референтную популяцию примерно по 4000 оцененных быков от каждой организации. Образование международного сообщества по геномной оценке EuroGenomics подняла точность оценок на 8–9% по сравнению с национальными оценками. Международное сотрудничество представляется единственным путем для некоторых пород или стран имеющих ограниченное число регистрируемого поголовья. Многие страны, принадлежащие к международной организации

Interbull, подали свои заявки на участие в кооперации EuroGenomics. В качестве подтверждения развития геномной селекции следует продемонстрировать примеры использования ее в некоторых странах. В Новой Зеландии на основе применения BovineSNP50K BeadChip чипа удалось уменьшить число оцениваемых традиционным методом быков с 300 до 160 быков, выбранных из 450 голов. Экономическая целесообразность этой оценки очевидна. В Канаде проведено сканирование генома крупного рогатого скота для выявления карты QTL, затрагивающих признаки молочной продуктивности и частоты соматических клеток с помощью метода определения неравновесия по сцеплению (LD) с использованием 1536 SNP маркеров. 21 SNP оказались связанными с молочной продуктивностью, включая удой, содержание жира и белка (достоверность  $p < 0,05$ ). 11 SNP с достоверностью  $p < 0,05$  были связаны с частотой соматических клеток в молоке [5].

Таким образом, комплекс ДНК-технологий позволяет повысить интенсивность размножения животных с желательными качествами генотипа, сохранять генофондный материал и вести непосредственную оценку генотипа по состоянию хромосом, генов и отдельных последовательностей ДНК для совершенствования селекции голштинского скота.



## Литература

1. Смарагдов М. Г. Генетическое картирование локусов, ответственных за качественные показатели молока у крупного рогатого скота // Генетика. — 2006. — Т.42, № 1 — С. 5–21.
2. VanRaden P.M., Sullivan P.G. International genomic evaluation methods for dairy cattle // Genet. Sel. Evol. — 2010. — Vol. 42, № 1. — P. 7–15.
3. Яковлев А. Ф. Значительное повышение оценки племенной ценности животных в молочном скотоводстве / Смарагдов М. Г. // Зоотехния — 2011 — № 5. — С. 2–4.
4. Смарагдов М. Г. Тотальная геномная селекция с помощью SNP как возможный ускоритель традиционной селекции // Генетика — 2009 — Т.45, № 6. — С. 725–728.
5. Kolbehdari D. A whole genome scan to map QTL for milk production traits and somatic cell score in Canadian Holstein bulls / Wang Z, Grant JR, Murdoch B. // J Anim. Breed. Genet. — 2009 — Vol. 126, № 3 — P. 216–27.



Yakovlev A. F.

## Using DNA marker in the selection of livestock holsteins

**Abstract.** *Provides an overview of the development of the use of molecular genetic markers and the introduction of various methods in dairy cattle breeding. Particular discussed to the possibilities of increasing estimation of breeding value of animals through the introduction of genomic selection.*

**Keywords:** DNA polymorphism, gene chips, breeding value.

*Author:*

**Yakovlev Alexander** — Sc.D., professor, member of the Russian Academy of Sciences, Head of the Department of Genetics and Biotechnology, State Research Institute of Genetics and breeding of farm animals, tel.: +7 (812) 465-80-12, address: 196601, St. Petersburg, Pushkin, Moscovskoe chosse, 55a, e-mail : afyakov@mail.ru

