



Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста»



Международная научно-практическая конференция

**«СОВРЕМЕННЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ В РАЗВЕДЕНИИ И СЕЛЕКЦИИ
АЙРШИРСКОГО СКОТА»**

02 – 05 сентября 2025 г., г. Санкт-Петербург

**Анализ генетической структуры оцененных по экстерьеру
животных айрширской породы**

Авторы:

Романова Елена Анатольевна,

научный сотрудник лаборатории популяционной генетики ВНИИГРЖ

Тулинова Ольга Васильевна,

ведущий научный сотрудник лаборатории популяционной генетики ВНИИГРЖ



Исследования проведены при финансовой поддержке РНФ №25-26-00164

Актуальность



На современном этапе развития селекционных программ генетического улучшения молочного скота, которое направлено на улучшение ряда продуктивных признаков, особое внимание следует уделять на такие показатели, как воспроизводство, здоровье и продуктивное долголетие, которые тесно связаны с типом телосложения.

Изучение развития внешних форм животных является важным критерием, так как их взаимосвязь с функциональными и биологическими процессами в организме животных является неразрывной, в связи с чем в молочном скотоводстве необходима селекция не только по уровню продуктивности, но и по экстерьеру.

Цель исследования

Провести фенотипирование изучаемых особей по показателям молочной продуктивности, воспроизводству и развитию для последующего анализа генетического разнообразия и структуры популяции первотелок айрширской породы, оцененных по типу телосложения.

- ✓ Материалом для исследования послужила ДНК, выделенная из лейкоцитов крови. Взятие проб крови осуществляли из хвостовой вены в вакуумные пробирки K3EDTA (ООО «Астрамед», Китай).
- ✓ Генотипировали животных с использованием ДНК-чипа различной плотности (Illumina Inc., США), содержащих 50 и 150 тыс. SNP.
- ✓ Контроль качества (QC) проводился с использованием программного обеспечения Plink (v1.90, Cambridge, MA, США) для удаления маркеров, которые не соответствовали следующим стандартам:
 - частота вызовов отдельного генотипа была ниже 95%,
 - частота вызовов одного генотипа SNP была менее 90%;
 - частота минорных аллелей (MAF) SNP составляла $>0,05$ и отклонялась от значения равновесия Харди-Вайнберга ($p < 1,0 \times 10^{-6}$).
- ✓ После контроля качества осталось 669 коров и 84 406 вариантов SNP для дальнейшего анализа ассоциаций.



- Редактирование данных ДНК-чипа для создания адаптивных файлов расширения (.ped, .map, .fam, .bed, .bim) выполнялось с использованием программного обеспечения PLINK 1.9 с частотой минорного аллеля (MAF)>0,05.
- Анализ главных компонент (PCA) проведен на 669 генотипированных первотелках с количеством 29 883 SNP крупного рогатого скота айрширской породы, разводимых в 10 племенных заводах РФ, для исследования популяционной структуры с использованием языка R (v 4.0.2, Окленд, Новая Зеландия).

Оценка линейных признаков экстерьера коров проводилась с использованием следующей модели BLUP посредством программного обеспечения семейства BLUPF90 с использованием среды разработки RStudio в качестве командной строки:

$$Y_{ijk} = \mu + HYS_i + bLD_k + Animal_k + e_{ijk}$$

где Y_{ijk} — результирующий показатель (признаки линейной оценки экстерьера) k -й первотелки, дочери j -го быка, лактировавшей в i -ой градации «стадо-год-сезон»; μ — популяционная константа; HYS_i — фиксированный фактор i -й градации «стадо-год-сезон»; b — коэффициент линейной регрессии результирующего фактора на количество дней лактации; LD_k — количество дней лактации на момент оценки; $Animal_k$ — рандомизированный эффект животного; e_{ijk} — остаточный эффект модели.

Точность прогноза или надежность оценки животного (reliability, REL) рассчитывали по формуле:

$$REL = 1 - \frac{PEV_i}{\sigma_a^2},$$

где PEV (Prediction Error Variance) — прогнозируемая ошибка дисперсии или доля аддитивной генетической вариации, не учитываемая прогнозом; σ_a^2 — аддитивная генетическая вариация.



669 коров первого
отела



90 быков-производителей



2017 - 2021 гг.



10 хозяйств

Ленинградская область (5 хоз., n=471),
Вологодская область (1 хоз., n=43),
Республика Карелия (2 хоз., n=101),
Московская область (1 хоз., n=34),
Краснодарский край (1 хоз., n=20).

Табл.1 Фенотипирование изучаемых особей по показателям молочной продуктивности, воспроизводства и развития (n=669)

Шифр хозяйства	Удой за 305 дн., кг	Жир, %	Жир, кг	Белок, %	Белок, кг	Возраст 1-го отела, мес.	Живая масса 12 мес., кг
1	8139±202	4.3±0.06	351.5±7.8	3.2±0.01	257.0±6.1	25.5±0.4	314.6±3.8
2	7354±134	4.4±0.01	327.3±6.0	3.4±0.02	248.6±4.2	22.9±0.2	312.2±3.2
3	9075±156	4.4±0.03	399.8±6.9	3.2±0.01	288.4±4.7	25.2±0.2	319.6±3.2
4	7854±145	4.0±0.03	309.9±6.1	3.3±0.04	256.7±5.4	21.7±0.3	320.53.1
5	6224±69	5.3±0.06	328.1±3.4	3.4±0.01	212.9±2.3	26.5±0.2	260.6±2.1
6	8281±67	4.2±0.03	344.7±3.6	3.6±0.01	295.4±2.7	22.2±0.1	345.1±1.9
7	7935±230	4.1±0.03	324.7±10.4	3.4±0.03	270.1±8.5	22.9±0.4	347.8±6.4
8	6770±119	4.4±0.05	297.3±5.9	3.5±0.02	238.7±4.3	29.2±0.5	277.8±6.2
9	8386±118	4.2±0.03	349.1±4.9	3.4±0.02	287.4±3.9	23.4±0.2	329.3±2.4
10	8087±181	4.0±0.02	325.0±7.0	3.4±0.02	276.6±5.6	25.3±0.4	347.7±4.8
В среднем	7847±202	4.4±0.06	339.0±7.8	3.4±0.01	267.0±6.1	24.0±0.4	318.6±3.8

Табл.2 Фенотипирование изучаемых особей по признакам линейной оценки экстерьера (n=669)

Шифр хозяйства	DS	FUA	RUH	RUW	US	UD	FTP	TL	RTP
1	5.1	4.3	5.0	6.2	5.5	5.6	4.5	4.8	5.4
2	7.1	6.3	6.7	7.2	7.2	7.0	4.7	4.7	5.2
3	6.1	4.7	4.9	5.9	5.4	5.5	4.4	4.7	5.7
4	5.9	5.1	5.1	5.7	6.1	6.6	5.0	4.6	5.8
5	6.9	5.7	6.2	6.8	7.4	6.9	4.8	4.8	5.8
6	7.3	6.7	7.0	7.3	7.4	7.5	4.9	4.7	5.2
7	7.0	6.8	6.7	6.6	7.2	7.5	4.9	4.5	5.5
8	6.3	5.4	4.9	5.7	5.4	5.9	4.6	5.0	5.7
9	7.0	6.0	6.6	7.3	7.1	6.8	4.8	4.9	5.5
10	5.9	4.3	4.9	5.9	6.1	5.1	4.5	4.9	6.2
В среднем	6.6	5.7	6.0	6.6	6.7	6.7	4.8	4.8	5.6

	MY	DS	FUA	RUH	RUW	US	UD	FTP	TL	RTP
MY	1.00									
DS	0.08	1.00								
FUA	0.05	0.44	1.00							
RUH	0.04	0.57	0.60	1.00						
RUW	0.00	0.67	0.37	0.59	1.00					
US	0.07	0.54	0.30	0.59	0.59	1.00				
UD	0.12	0.43	0.64	0.64	0.34	0.39	1.00			
FTP	0.05	0.18	0.19	0.19	0.08	0.13	0.26	1.00		
TL	0.04	0.03	-0.04	-0.06	0.01	-0.03	-0.10	0.00	1.00	
RTP	0.05	-0.05	-0.12	-0.11	-0.09	0.03	-0.08	0.29	-0.02	1.00

a)

	MY	EBV DS	EBV FUA	EBV RUH	EBV RUW	EBV US	EBV UD	EBV FTP	EBV TL	EBV RTP
MY	1.00									
EBV DS	0.26	1.00								
EBV FUA	0.29	-0.19	1.00							
EBV RUH	0.29	0.52	0.57	1.00						
EBV RUW	0.19	0.80	-0.22	0.64	1.00					
EBV US	0.29	0.69	-0.33	0.41	0.82	1.00				
EBV UD	0.27	0.08	0.82	0.71	0.02	0.00	1.00			
EBV FTP	0.12	0.32	0.45	0.55	0.15	-0.11	0.60	1.00		
EBV TL	0.28	0.11	-0.28	0.03	0.32	0.31	-0.21	-0.19	1.00	
EBV RTP	0.11	-0.25	0.22	0.21	-0.10	-0.22	0.27	0.51	-0.10	1.00

b)

Рис. 1 Тепловая матрица корреляционных связей удоя: а) с признаками линейной оценки по 9-ти балльной шкале; б) с оценками EBV методом BLUP экстерьерных признаков (n=669)

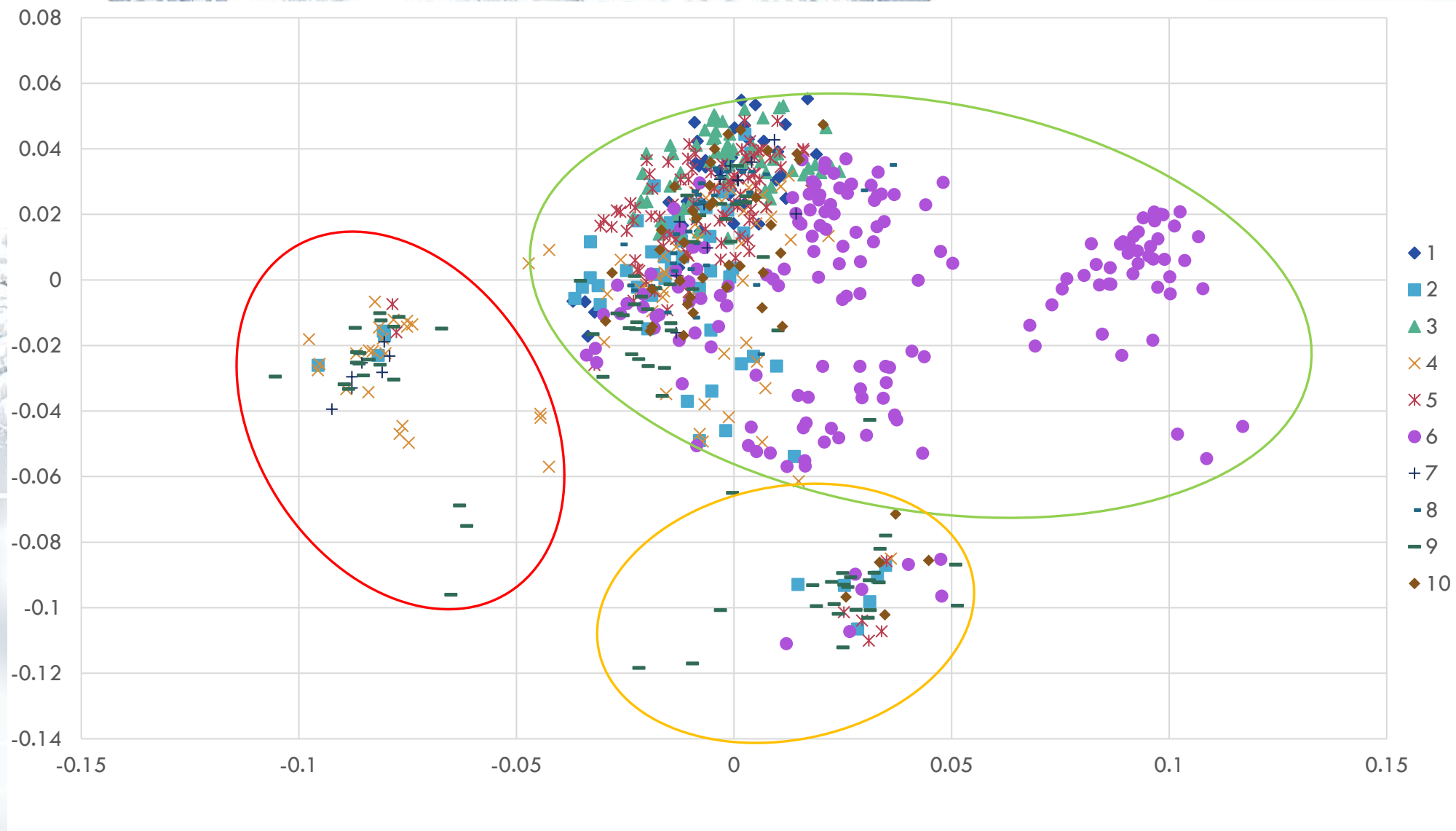


Рис. 2 Анализ главных компонент (PCA – Principal Component Analysis) на основании полногеномных SNP-генотипов исследуемых айрширских коров в зависимости от принадлежности к хозяйству (n=669)

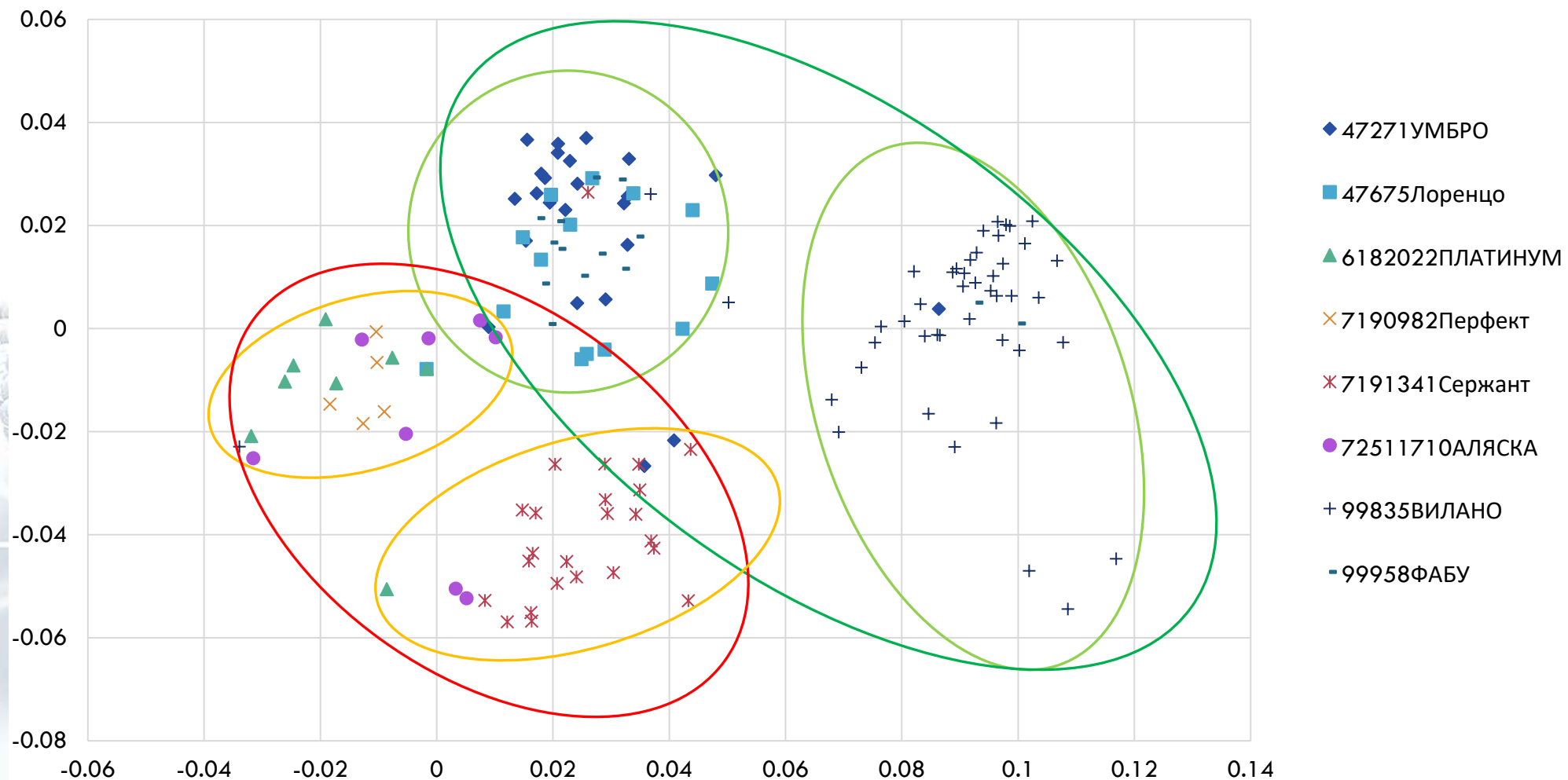


Рис. 3 Анализ главных компонент (PCA – Principal Component Analysis) на основании полногеномных SNP-генотипов исследуемых айрширских коров дочерей зарубежных быков (импортное семя) (n=142)

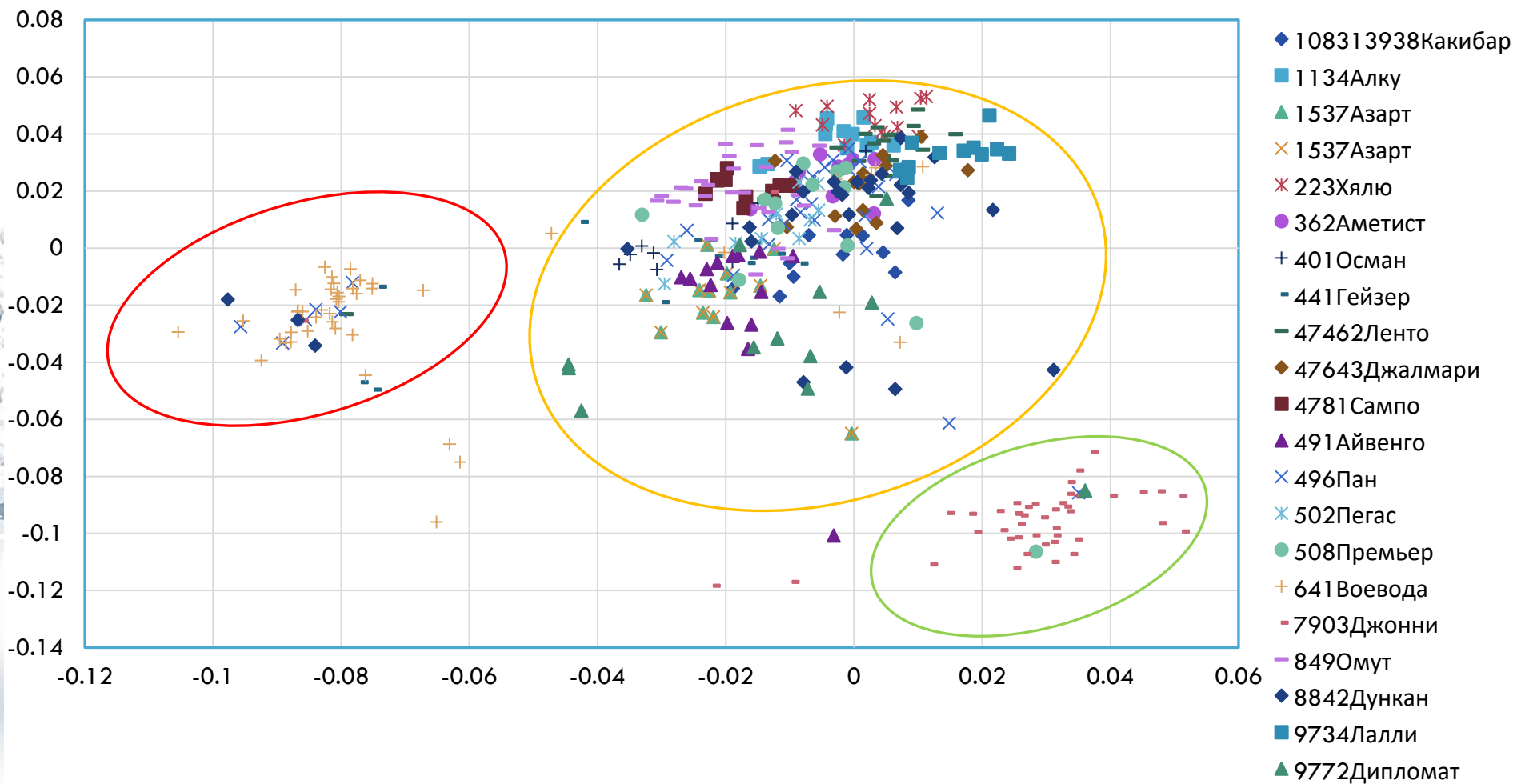


Рис. 4 Анализ главных компонент (PCA – Principal Component Analysis) на основании полногеномных SNP-генотипов исследуемых айрширских коров дочерей отечественных быков-производителей (n=377)

Выводы

- Результаты исследования показали, что исследуемые животные имели хорошо выраженный молочный тип, отличались глубокой и широкой грудной клеткой, с широким межреберным пространством, угловатыми и сухими формами, что характерно для животных молочного направления продуктивности при этом отсутствуют признаки слабости и грубости;
- детерминация экстерьера и удоя имеет некоторую степень сходства изучаемых признаков имеет воздействие общих генетических влияний;
- выявленная кластеризация дочерей быков Финской и Шведской, а также Канадской и Американской селекции указывает на сочетание генов со сходными или родственными молекулярными функциями изучаемых особей



Благодарю за внимание!

Исследования проведены
при финансовой поддержке
РНФ №25-26-00164.

