

ГЕНОМНАЯ ОЦЕНКА ПЛЕМЕННЫХ БЫКОВ

Племяшов К.В.,¹ Смарагдов М.Г.,² Романов М.Н.^{3,4}

¹ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный университет ветеринарной медицины»

²Всероссийский НИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных, филиал ФГБНУ Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Санкт-Петербург–Пушкин, Россия;

³ФГБОУ ВО «Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина», Москва, Россия;

⁴Университет Кента, Кентербери, Великобритания

Email: m.romanov@kent.ac.uk

Аннотация

В обзоре рассмотрены аспекты геномной оценки племенных быков на основе использования молекулярно-генетических маркеров и, в частности, SNP-маркеров для определения племенной ценности животных.

Ключевые слова: геномная оценка, племенные быки, SNP-маркеры, племенная ценность животных

Введение

Наличие организованной племенной базы и современная система оценки племенного поголовья приводят к созданию племенного поголовья и материала (семя быков, эмбрионы коров). В начале XXI века в селекции крупного рогатого скота произошли революционные преобразования. На смену традиционной оценке пришла геномная оценка, которая основана на применении молекулярных маркеров (SNP-маркеров) для определения племенной ценности животных [1,2]. Кроме того, геномная селекция значительно ускоряет и удешевляет селекцию крупного рогатого скота. Следует также отметить, что для внедрения геномной оценки необходимо применять лучшую на сегодняшний день модель племенной оценки быков и коров – ANIMAL MODEL [2].

Геномная селекция

Все страны с развитым молочным животноводством на протяжении более 10 последних лет успешно применяют геномную селекцию [3,4]. Геномная селекция нашла применение главным образом благодаря достаточному числу оцененных традиционным методом быков (не менее 2000) с достоверностью более 95% для проведения начального этапа геномной селекции. Можно предположить, что для решения задач геномной селекции можно использовать не только быков, но и оцененных на геномном уровне коров. Однако коровы, в сравнении с быками и в зависимости от признака, имеют в 5–10 раз менее достоверную традиционную племенную оценку. Следовательно, необходимо отобрать популяцию коров с численностью в соответствующее число раз большей, чем для быков. При этом инновационность подобного проекта могла бы заключаться в использовании коров, а не быков для осуществления геномной оценки крупного рогатого скота, а также в применении ANIMAL MODEL для традиционной племенной оценки быков и коров. Кроме того, для геномной оценки быков можно было бы попробовать внедрить последнюю разработку модели – ssGBLUP (одноэтапный геномный лучший несмещенный линейный прогноз), позволяющую обрабатывать не только геномооцененных с помощью SNP-маркеров быков и коров [5,6], но и быков, оцененных только традиционным способом.

SNP-маркеры

В последнее десятилетие в связи с успехами молекулярной генетики и секвенированием ДНК крупного рогатого скота в США были созданы SNP-чипы, позволяющие генотипировать животных одновременно по огромному количеству SNP-маркеров (50–700 тысяч) [7]. Эти SNP-чипы нашли широкое применение в селекции молочного скота, а сама технология получила название геномная оценка [8]. На сегодняшний день геномная оценка успешно внедрена во многих странах мира. Наблюдаемый основной тренд в современном молочном животноводстве – это переход от традиционной племенной оценки быков по дочерям к геномной племенной оценке [3,4,9,10]. Все

страны с развитым молочным животноводством (США, Канада, Австралия, Новая Зеландия, Франция, Германия, скандинавские страны и т.д.) успешно проводят геномную оценку быков. На международном рынке предлагаются геномнооцененные быки, которые все больше вытесняют быков, оцененных традиционным способом. Базы данных по геномной оценке быков из многих стран объединяются в рамках международной организации INTERBULL, что позволяет достигнуть более высокой достоверности племенной ценности быков [3–7].

ssGBLUP-модель

Главным трендом в геномной оценке быков и коров является максимально возможное включение животных в ssGBLUP-модель для увеличения достоверности геномной оценки. В настоящее время племенная оценка быка обходится в 500 тыс. долларов США. Достоверность геномной оценки по признакам молочной продуктивности достигает значения 75%, в то время как значения традиционной племенной оценки находится в интервале 95–99%. При этом следует учитывать, что геномная оценка сокращает срок племенной оценки с 5–6 лет до 2 лет и экономит до 90% средств, затрачиваемых при осуществлении традиционной оценки [9,10].

Процедура геномной оценки

В базовой технологии геномной оценки ориентируются на быков, предварительно оцененных традиционным способом. Процедура геномной племенной оценки состоит из следующих этапов:

1. Отбор быков с достоверностью традиционной племенной оценки не менее 95%, которые образуют референтную популяцию.
2. Выделение ДНК из биологического материала быков (сперма, кровь).
3. Нанесение обработанной реактивами ДНК на микрочипы (SNP-чипы).
4. Сканирование микрочипов (SNP-чипов) и определение SNP-генотипов быков.

5. Выявление корреляции SNP-генотипов быков с их традиционно оцененной племенной ценностью.

6. Определение влияния (веса) каждого генотипа на признак (например, удой, молочный жир и т.д.) на основании данных по корреляции SNP-генотипов быков с их племенной ценностью.

7. SNP-генотипирование быков, не прошедших традиционную племенную оценку, и сравнение их генотипов и соответствующей им суммы весов анализируемого признака.

Таким образом, получают геномную племенную оценку быков [5,6].

Данная технология рассчитана на одновременную оценку геномной племенной ценности по молочной продуктивности коров и быков [9,10]. Из популяции животных отбирается 15 тысяч коров. Они образуют референтную популяцию. С помощью ANIMAL MODEL оценивается их традиционная племенная ценность. Из биологического материала этих коров выделяется ДНК. Они генотипируются чипом Illumina BovineSNP50. С помощью ssBLUP-модели и SNP-генотипов коров вычисляется геномная племенная ценность коров и быков.

Наиболее близкие аналоги и решения осуществлены на рынке западных стран (США, Канада, Австралия, Новая Зеландия, Франция, Германия, скандинавские страны). Во всех этих странах геномная оценка проводилась с использованием быков. Это возможно осуществить при наличии биологического материала от 2000–5000 быков для каждой породы [3,4,7].

Список литературы

1. Shafer W.R. The future is here: ASA's new DNA test for EPD enhancement // The Register. 2012. Vol. 26. No. 2. P. 16–17.

2. Племяшов К.В. Геномная селекция – будущее животноводства России // Животноводство России. 2014. № 5. С. 2–4.

3. Смарагдов М.Г. Геномная селекция молочного скота в мире. Пять лет практического использования // Генетика. 2013. Т. 49. № 11. С. 1251–1260.

4. Smaragdov M.G. Genomic selection of milk cattle. The practical application over five years // Russian Journal of Genetics. 2013. Vol. 49. No. 11. P. 1089–1097.

5. Смарагдов М.Г., Сакса Е.И., Кудинов А.А., Дементьева Н.В., Митрофанова О.В., Племяшов К.В. Полногеномный анализ межстадной F_{st} -гетерогенности голштинизированного скота // Генетика. 2016. Т. 52. № 2. С. 198–205.

6. Smaragdov M.G., Saksa E.I., Kudinov A.A., Dement'eva N.V., Mitrofanova O.V., Plemyashov K.V. Genome-wide analysis of across herd F_{st} heterogeneity holsteinized cattle // Russian Journal of Genetics. 2016. Vol. 52. No. 2. P. 173–179.

7. Смарагдов М.Г. 9-й всемирный конгресс по прикладной генетике животных // Генетика. 2011б. Т. 47. № 5. С. 715–717.

8. Смарагдов М.Г. Тотальная селекция с помощью SNP как возможный ускоритель традиционной селекции // Генетика. 2009. Т. 45. № 6. С. 1–4.

9. Смарагдов М.Г. Связь полиморфизма гена *DGATI* у быков-производителей с молочной продуктивностью коров // Генетика. 2011а. Т. 47. № 1. С. 126–132.

10. Смарагдов М.Г. Исследование связи аллелей генов рецептора гормона роста и рецептора пролактина у быков-производителей с молочной продуктивностью их дочерей // Генетика. 2012. Т. 48. № 9. С. 1085–1090.

Genomic assessment of breeding bulls

Plemyashov K.V.,¹ Smaragdov M.G.,² Romanov M.N.^{3,4}

¹FSBEI HE “St. Petersburg State University of Veterinary Medicine”

²Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding (RRIFAGB)—Branch of the L.K. Ernst Federal Science Centre for Animal Husbandry, Pushkin, St. Petersburg, Russia;

³K. I. Skryabin Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology, Moscow, Russia;

⁴University of Kent, Canterbury, UK

Abstract

The review considers aspects of genomic assessment of breeding bulls based on the use of molecular genetic markers and, in particular, SNP markers for determining the breeding value of animals.

Key words: genomic assessment, breeding bulls, SNP markers, breeding value of animals