

ГЕНОМНАЯ ОЦЕНКА МОЛОЧНОГО СКОТА

Т.И. Епишко*, О.А. Епишко*, Л.А. Танана**, Л.А. Трухан*, И.Ф. Линкевич*

**УО «Полесский государственный университет»*

***УО «Гродненский государственный аграрный университет»*

Селекция крупного рогатого скота подразумевает отбор и тестирование животных, оценку по качеству потомства. Использование в селекционной работе быков с высокой племенной ценностью гарантирует получение здоровых, высокопродуктивных животных, которые смогут передать полезные хозяйственные характеристики своему потомству.

Однако, сложившаяся традиционная система определения племенной ценности животных, основанная на тестировании быков требует значительных временных и вытекающих из этого материальных затрат: от отбора родителей до завершения испытаний продуктивности их потомства проходит шесть-семь лет. В результате, нередко, деньги идут на выращивание и содержание тех бычков, чье потомство по результатам проверки окажется неудовлетворительным.

В тоже время наиболее точно племенная ценность быков может быть определена при получении от них в первом поколении, по крайней мере, 100 дочерей в 100 стадах. Затем выполняется оценка дочерей вплоть до окончания их первой лактации. В течении всего этого периода контролируют такие показатели как экстерьер, состояние здоровья, продуктивность. И только животные, имеющие высокие баллы, в дальнейшем могут использоваться в племенных программах.

Современные достижения геномики коренным образом изменили технику оценки быков-производителей по качеству потомства. Геномная селекция позволила преодолеть барьер генерационного интервала. Стало возможным при отборе бычков еще в четырех-шестинедельном воз-

расте располагать оценкой племенной ценности (ПЦ) животного на основании геномного анализа. Спустя год бычки с более высокой геномной ценностью могут быть реализованы на племя. Ученые подсчитали, что даже при 75 % надежности (точности определения) ПЦ молодых бычков эффективность селекции возрастает в два раза [4].

Этот новый подход в селекции молочного скота является результатом международного усилия по расшифровке последовательности генома скота. Стартовавший в 2003 году международный Проект секвенирования генома крупного рогатого скота был завершен спустя 5 лет, а геномная информация стала обязательной при оценке молочного скота в США, Германии и других странах. С 1 января 2009 года Министерством сельского хозяйства США была введена новая официальная оценка молочного скота – геномная, и в сертификатах племенных быков голштинской и джерсейской пород появилось обозначение GPTA (Genomic Predicted Transmitting Abilities, или геномная прогнозируемая ценность), которая вычисляется в лаборатории, разрабатывающей программы совершенствования животных (AIPL – Animal Improvement Programs Laboratory) [15].

По сообщению С. Костака, директора Голштинской ассоциации США геномная селекция является неотъемлемой составляющей племенной работы американских фермеров. Первая официальная оценка более чем десяти тысяч быков и двух тысяч коров была опубликована уже в январе 2009 года. К апрелю 2011 года в стране были протестированы более 24 тысяч быков по 54 тысячам SNP (т.н. 50К) и без малого пятьдесят тысяч коров по трем тысячам (3К) (считается достаточным для женских особей). Если на начальных этапах стоимость тестирования одного животного составляла 250 долларов, что ограничивало широкомасштабное использование данной технологии на элитных животных и коровах донорах эмбрионов, то в настоящее время оценка 3К - составляет всего 30 долларов. Проведение ДНК-тестирования в раннем возрасте позволило снизить средний возраст используемых быков. Из родившихся в 2008 году телят только 24% были потомками производителей, имеющих возраст менее 4 лет. В 2010 году таких телят было уже 37%.

Применение геномной оценки позволило увеличить интенсивность отбора производителей. Если раньше 65 оцененных быков - производителей отбирали из тысячи испытанных по потомству (1:15), то геномная селекция позволяет выбрать 65 лучших из более чем пяти тысяч оцененных кандидатов (1:75).

По данным Ш. Резинга, директора института «Объединенные информационные системы», в ФРГ затраты на оценку быка по ста дочерям составляют примерно 20 тысяч евро. Станция искусственного осеменения существенно сокращает затраты, ставя на испытание лишь тех бычков, чья геномная ценность высока.

С внедрением геномной оценки уровень достоверности генетического прогнозирования племенной ценности животных значительно вырос, однако все еще остается ниже уровня оцененных по качеству потомства быков-производителей.

Чак Сэттлер, вице президент, возглавляющий геномные программы показывает, что проведение геномной оценки практически удваивает точность традиционных генетических оценок молодых животных (таблица 1).

Таблица 1 – Уровень прогнозируемой генетической ценности, %

Признак	Только племенная информация	Геномный прогноз	Оценка потомства
Молоко	35	53	77
Длительность продуктивного использования	26	35	58
Соматические клетки	31	45	76
Процент стельности дочерей	27	35	56
Глубина вымени	21	48	82
Общее достоинство	16	34	62

Приведенные в таблице данные, суммированные на протяжении пяти лет, свидетельствуют, что геномные прогнозы являются более точными, чем только с племенной информацией. Однако нельзя отрицать, что уровень точности геномного прогноза не превышает таковой, полученный при оценке по качеству потомства. Поэтому ученый рекомендует строить геномные прогнозы, ис-

пользуя традиционную систему оценки и дополнять ее информацией о том, какую ДНК животное унаследовало от своих родителей и прародителей и может передать потомкам [15].

По данным Л.А. Калашниковой с использованием технологий геномной оценки точность прогноза племенной ценности джерсейского скота возросла в среднем по всем признакам на 11% в сравнении с традиционной. Наиболее точными прогнозы были по содержанию жира (на 41%), белка в молоке (на 29%) и выхода молочного жира (на 15%). В среднем по всем признакам точность прогноза племенной ценности по быкам голштинской породы возросла на 25%, по содержанию жира в молоке – на 43%, выходу молочного жира – на 33%, по содержанию белка в молоке – на 34%, выходу молочного белка – 22%. Необходимо отметить, что точность прогноза возрастает с ростом числа генотипированных животных [3].

Приведенные данные свидетельствуют о высокой надежности прогнозирования признаков молочной продуктивности. Однако, реальная возможность предсказания племенной ценности по таким признакам, как здоровье вымени, плодовитость или продуктивное долголетие еще далека от идеальной.

В отличие от генетических аномалий показатели продуктивности, как правило, являются «количественными признаками», за развитие и проявление которых отвечают многие гены. И для их маркирования, прежде всего, необходимо выявить расположение локусов количественных признаков QTL и мажорных генов, чье влияние на показатель столь велико, что можно измерить статистически.

Несомненным успехом на этом пути является выявление генов DGAT1 и CSN, которые в голштинской породе обуславливают около 30% генетического разнообразия по признаку содержания жира и белка в молоке, соответственно [4].

Разновидностью маркерной селекции в геномной оценке является использование так называемых «снийпов» (SNP - Single Nucleotide Polymorphism, или однонуклеотидный полиморфизм, точечные замены нуклеотидов).

На их анализе основана современная геномная оценка, которая заключается в исследовании ДНК животного и установлении замен единичных нуклеотидов в ее последовательности. Вариации нуклеотидов широко распространены и встречаются с частотой примерно одна замена на 1000 пар нуклеотидов. Примером «снийпа» может служить замена нуклеотидов в последовательности ATGCAT на GTGCT, где А (аденин) заменен на G (гуанин).

Большинство SNP локализуется в не кодирующих областях и не имеет прямого влияния на фенотип индивидуума. Однако некоторые введенные мутации в экспрессирующиеся последовательности или области, влияющие на экспрессию генов (промоторы, энхансеры), могут вызывать изменения в структуре белка или регуляции гена. Такие SNP предоставляют определенные возможности для выявления функциональных генетических вариантов.

Наличие SNP определяется путем выделения ДНК из биологического материала: семени, крови, эпителия или волосяных луковиц и нанесением на чип высокой плотности Illumina SNP50, на котором образец ДНК реагирует с реагентами на пластинке чипа, выявляя наличие или отсутствие однонуклеотидных замен.

Геномная оценка включает в себя 40000 генетических маркеров – «снийпов» на каждое животное. Точнее, одновременно с помощью ДНК-чипа генотипируют 58000 маркеров, из них около 40000 считают информативными, имеющими влияние на признаки, интересующие селекционеров [3,4].

Генетические маркеры, используемые в геномной оценке, покрывают все хромосомы и учитывают передачу по наследству всех участков генома. Каждый из них оказывает разное действие на признак от большого до самого незначительного эффекта. Однако сумма самых небольших эффектов является существенной для проявления признака. Именно поэтому и учитывают в геномной оценке все 40000 однонуклеотидных замен [3].

Геномная оценка решает одновременно в одной пробе ДНК широкий спектр задач – определение достоверности происхождения, степени родства и генетической гетерогенности, выявление генетических аномалий, улучшение продуктивных признаков, повышение устойчивости к заболеваниям. Например, в новой системе геномной оценки за вопросы достоверности происхождения будут отвечать 94 маркера – SNP. В настоящее время в большинстве стран мира, в том числе и в Беларуси, генетическая экспертиза проводится в среднем по 11-13 микросателлитным локусам [2, 5-13].

Таким образом, новая геномная оценка имеет ряд принципиальных преимуществ в сравнении с традиционной генетической:

1. Использование большого количества маркеров - SNP, одновременный анализ всех участков генома, суммарный учет малых влияний. Селекция, основанная на геномной оценке, осуществляется не по отдельным : «главным генам», а по всему геному.

2. До настоящего времени генетические маркеры сопоставлялись с одним-двумя признаками. По отношению к общей зоотехнической оценке животных, которая включает много параметров, такой подход сравним с селекцией по «выдернутому» признаку. В новой геномной оценке одновременно учитываются 26 основных зоотехнических признаков, плюс 27-й – экономическая значимость.

3. Повышается точность оценки племенной ценности быков. В начале проводятся исследования по маточному поголовью, вслед за этим проводится оценка быков-производителей. Например, если определенная группа SNP встречается у коров с высоким содержанием белка в молоке, то они могут быть ассоциированы с высокой белково-молочностью. Наличие этой группы SNP у животного может свидетельствовать о высоком значении GPTA по показателю белково-молочности. Знание последовательности ДНК отца и матери позволяет прогнозировать, какие именно участки генома и наследственные задатки может получить потомок. Согласно данным голштинской и джерсейской ассоциации, дополнение геномной информации к традиционным методам оценки увеличивает достоверность оценки быков по всем показателям, а накопление данных приводит к увеличению точности «геномного прогноза».

4. Возможность ранней оценки быков и соответственно ускоренное их использование. Сразу после рождения можно установить, какие именно участки генома унаследовало данное животное и, используя имеющуюся в наличии информацию о геноме и происхождении, дать первый прогноз, который уточняется по мере роста и развития животного и получения первых потомков. По данным зарубежных ученых, это позволяет ускорить генетический прогресс молочных стад на 50% за счет повышения интервала между поколениями.

Геномная прогнозируемая племенная ценность (GPTA) – это геномный прогноз по всем основным генетическим параметрам: молочной продуктивности, показателям здоровья, долголетия, воспроизводства, по признакам типа. GPTA вычисляется на основе: прямого анализа ДНК, определяющего наследование важных функциональных генов данным животным; собственных индивидуальных показателей; информации о происхождении и о качестве потомства.

Символ «G» над именем животного в генетических сертификатах, свидетельствует, что оно было генотипировано. Если «G» следует за номером предка, значит, он тоже генотипирован.

Использование геномной информации в расчете племенной ценности отражается и в официальных племенных документах аббревиатурой GPTA, а для типовой оценки – GPTAT на том месте, где ранее располагалось обозначение традиционной оценки (Predicted Transmitting Ability) [3].

Необходимо также проведение геномной оценки для подбора доноров эмбрионов - матерей быков. Опираясь на данные геномной оценки, селекционер может на самом высоком качественном уровне решить задачу подбора родительских пар, чтобы получить потомков, несущих комбинацию желательных участков генома и, соответственно, желательных признаков.

Геномная оценка уже используется в США, Канаде, Нидерландах, Новой Зеландии, во Франции, в Дании, Италии, Австралии, Германии и др.. Немецкий союз заводчиков голштинской породы (DHV) обладает самым большим в мире «тренировочным пулом» (сведениях о быках, оцененных по продуктивности дочерей и протестированных геномно): на апрель 2011 года в немецкой базе данных насчитывалось 19377 оцененных быков. Франция, Нидерланды и страны Скандинавии в совокупности оценили 16 тысяч быков, США и Канада около 10 тысяч [15].

В настоящее время доступ к результатам геномной оценки быков имеют лишь станции искусственного осеменения, участвующие в проекте. В 2013 году результаты оценки должны стать доступными для фермеров в США. Вероятно, европейцам также придется пойти на открытие данных [15].

С августа месяца 2011 года геномная селекция стала официальным методом племенной оценки симментальской породы в Германии и Австрии.

Подписано соглашение Итальянской и Чешской симментальской ассоциациями о проведении геномной оценки животных в Германии [14].

По разработке метода геномной оценки молочного скота проводятся работы в России [3, 4].

Совершенно очевидно, что на международном уровне геномная оценка воспринимается с большим интересом. В развитие современных генетических методов были сделаны крупные вложения денежных средств.

К сожалению, в Беларуси, наличие объективных причин (отсутствие современного высокопроизводительного оборудования, доступных по цене отечественных тест систем и расходных материалов) и субъективных (отсутствие высококвалифицированных специалистов и, в ряде случаев, недопонимание важности постановки вопроса) является сдерживающим фактором в проведении широкомасштабных геномных исследований. В связи с чем, дабы избежать иностранной экспансии не только в экономике, но и в науке нам придется приобретать новые технологии – оборудование для анализа ДНК и программное обеспечение в готовом виде, а затем приспособлять к специфике наших условий. Принимая во внимание выгоды использования геномной оценки, необходимы переподготовка и повышение квалификации селекционеров и специалистов племенного дела. Уже сегодня закупки племенного поголовья за рубежом следует проводить с учетом результатов геномной оценки. Особую актуальность данная проблема приобретает для устойчивого экономического развития и возращения загрязненных радионуклидами территорий.

Речь идет не только о научном престиже, но и продовольственной безопасности страны, ибо продовольствие является и в будущем станет важнейшим стратегическим ресурсом страны.

Литература

1. Малекулярные маркеры – инструмент исследования генетического разнообразия / Современное состояние управления информационными ресурсами животных // Информационный ресурс: [hgmp.mrc.ac.uk / Cenome Web/ nuc-geneid](http://hgmp.mrc.ac.uk/CenomeWeb/nuc-geneid).
2. Методические рекомендации по проведению оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота по полиморфизму нуклеотидных последовательностей ДНК / Т.И. Епишко [и др.] // Пинск, 2011. 24 с.
3. Калашникова, Л.А. Геномная оценка молочного скота / Л.А. Калашникова // Биотехнология, селекция, воспроизводство. 2010. №2. – С. 10-12.
4. Полилова, М. Прогноз по ДНК / М. Полилова // Новое сельское хозяйство. 2011, №4. – С. 66-69.
5. Czernekova V., Kott T., Dudkova G., Sztankóva Z., Soldat J. (2006): Genetic diversity between seven Central European cattle breeds as revealed by microsatellite analysis // Czech J. Anim. Sci., 51: 1-7.
6. Čitek J., Řehout V., Mašková J. (1998): The analysis of some microsatellite loci in Cattle // Czech J. Anim. Sci., 43: 390.
7. Čitek J., Řehout V. (2001): Evaluation of the genetic diversity in cattle using microsatellites and protein markers // Czech J. Anim. Sci., 46(9): 393-400.
8. Handiwirawan E., Noor R.R., Muladno and Schüller L. (2003): The use of HEL9 and INRA035 microsatellites as specific markers for Bali cattle // Arch. Tierz., 46(6): 503-512.
9. Jandurova O.M., Sablikova L., Wolf J., Dedkova L., Horačková Š. (2001): Microsatellites on chromosome 6 and their association with milk production traits in Czech Pied cattle // Czech J. Anim. Sci., 46(6): 247-251.
10. Marquess F.L.S., Brenneman R.A., Schmutz S.M., Taylor J.F., Davis S.K. (1997): A highly polymorphic bovine dinucleotide repeat SOD1MICRO2 // Animal Genetics, 28: 70.
11. McGraw R.A., Grosse W.M., Kappes S.M., Beattie C.W., Stone R.T. (1997): Thirty-four bovine microsatellite markers // Animal Genetics, 28: 66-68.
12. Rosa-Reyna X.F., Perez M.A.R., Sifuentes-Rincon A.M. (2006): Microsatellite polymorphism in intron 1 of the bovine myostatin gene // J. Appl. Genet., 47(1): 1-3.
13. Stone R.T., Kappes S.M., Keele J.W., Beattie C.W. (1997): Characterization of 109 bovine microsatellites // Animal Genetics, 28: 62-66.
14. Информационный ресурс: Germany.agroua.net/news.php.id_menu2 / Геномная селекция станет официальным методом племенной оценки скота / 01.10.2011.
15. Информационный ресурс: ukrfarms.com.ua/pdf/genom.pdf. / Сэтлер, Ч. Геномный прогноз. Превращение использование ДНК в мощное оружие / 01.10.2011.