

УДК 636:2;4.082

STR-ЛОКУСЫ В ПРОИСХОЖДЕНИИ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

О.А. Епишко, кандидат с.-х. наук,
доцент;

Л.А. Танана, доктор с.-х. наук,
профессор;

В.В. Пешко, кандидат с.-х. наук,
УО «Гродненский государственный
аграрный университет».

UDC 636:2;4.082

STR-LOCI IN THE ORIGIN OF CATTLE

Epishko O.A., Cand. Agr.Sci. ass. Prof.

Tanana L.A., Dr. Agr. Sci., Prof.

Peshko V.V. Cand. Agr.Sci.

Grodno State Agrarian University

dnateh@mail.ru

Согласно статистическим данным, в селекционном процессе по различным причинам участвуют 20-30 % животных, не соответствующих по своим генетическим характеристикам селекционным требованиям, что в значительной мере сдерживает селекционный процесс племенного животноводства. Именно поэтому и в соответствии с международными нормами и требованиями по сертификации племенной продукции необходимо обязательное проведение генетической экспертизы происхождения племенных животных по STR-локусам.

Анализ однонуклеотидных полиморфизмов ДНК всего генома дает возможность определять связи локусов количественных признаков с тысячами маркеров и повышать надежность оценки племенной ценности животных с 30-40% до 60-90%. Технология ускоряет генетический прогресс за счет сокращения интервала поколений и стоимости проверки быков по качеству потомства.

Ключевые слова: однонуклеотидный полиморфизм ДНК, крупный рогатый скот, SNP-маркеры, геномная селекция, оценка

According to statistical data 20-30% of animals, not corresponding to their genetic description, participate in the selection process for different reasons, that greatly restrains the selection process of livestock breeding. For this reason and in accordance with the international codes and requirements of pedigree products certification it is necessary to carry out obligatory genetic expertise of pedigree cattle origin on STR-loci.

Analysis of single nucleotide polymorphism DNA of whole genome provides an opportunity to determine the loci relations of quantitative traits with thousands of markers and to increase the reliability of estimation of breeding value of animals from 30-40% to 60-90%. Technology accelerates genetic progress by reducing the range of generations and the value of bulls testing for offspring quality.

Keywords: single nucleotide polymorphism of DNA, cattle, SNPS-markers, genomic selection, evaluation

Для Беларуси высокоразвитое животноводство является основой обеспечения продовольственной безопасности страны, так как в этой отрасли производится более 60% стоимости валовой продукции сельского хозяйства и от ее эффективной работы во многом зависит экономическое благополучие большинства сельскохозяйственных организаций республики.

Основными ресурсами в обеспечении экономической эффективности сельскохозяйственной отрасли производства продуктов животноводства, наряду с улучшением кормовой базы и созданием прогрессивных технологий содержания, является увеличение продуктивных качеств пород животных, повышение генетического потенциала и рациональное его использование [1, 5, 6].

В результате целенаправленной селекционной работы и использования современных технологий содержания и кормления молочного скота, несомненно, наметилась положительная тенденция роста молочной продуктивности животных. В то же время данные показатели достигаются в основном за счет улучшения технологии кормления животных [3, 7, 13].

Практика селекционной работы показывает, что за последнее десятилетие удалось повысить продуктивные качества животных за счет повышения их генетического потенциала всего лишь до 5%. При этом не всегда увеличение количественных показателей продуктивности сочеталось с улучшением качественных показателей получаемой продукции, не принимались во внимание факторы адаптационной способности животных, что привело к снижению их устойчивости к наследственным и инфекционным заболеваниям [15, 17].

Приведенные данные свидетельствуют о невысокой эффективности сложившейся в республике системы племенной работы, которая, как правило, базируется на использовании традиционных методов селекции в животноводстве и замыкается в рамках отбора и подбора животных по собственной продуктивности.

Совершенно очевидно, что без использования современных биотехнологических подходов, а именно: методов ускоренного размножения высокоценных племенных животных, к которым относится технология трансплантации эмбрионов крупного рогатого скота, в том числе полученных *in vitro*, и применения ДНК – технологий, позволяющих составить генетический паспорт животных, т.е. располагать прогнозируемой племенной ценностью животного в раннем возрасте (ДНК-тестирование по генам, детерминирующим признаки продуктивности и устойчивость к наследственным и инфекционным заболеваниям), в том числе сексирование эмбрионов (определение пола), ведение интенсивного селекционного и породообразовательного процесса сложно прогнозировать. Сочетание методов трансплантации эмбрионов, полученных как *in vivo*, так и *in vitro*, криоконсервации гамет и зародышей позволит увеличить число потомков от высокопродуктивных выдающихся животных, а также от коров с заболеваниями репродуктивных органов, нарушением гормонального фона и т.д., что крайне важно в сложившихся экономических условиях.

В условиях нехватки инвалютных средств и прекращения завоза импортных племенных животных, в том числе в связи с ветеринарными ограничениями, повышение инбредности (один племенной

производитель способен произвести до 75000 потомков), выбраковка высокоценных животных по различным производственным причинам создает предпосылку быстрой потери генофонда породы молочного скота [9, 10, 12].

Внедрение в производство клеточных репродуктивных и ДНК - технологий позволит значительно повысить выход потомков от выдающихся по продуктивности особей, при этом позволит планировать структуру стада (увеличивать или снижать количество женских особей), используя эмбрионы, разделенные по полу и имеющие генетический паспорт, свидетельствующий об отсутствии наследственных заболеваний, и характеризующиеся наличием превосходящих генотипов, например, по генам, определяющим высокое содержание белка в молоке и высокие технологические качества.

Частичному решению данной проблемы будет способствовать внедрение в племенное животноводство геномной оценки, поскольку тестирование животных по нескольким генам, связанным с хозяйственно полезными признаками, не смогут дать высокой достоверности генетического прогнозирования племенной ценности животных. Тогда, зная генотип животного и эффекты всех интервалов, получают суммарный эффект, т.е. оценку животного. Такой тип селекции получил название геномной селекции GS (genomic selection) [2, 11, 16].

С помощью геномной оценки мы сможем решить одновременно в одной пробе ДНК широкий спектр задач – определить достоверность происхождения, степень родства и генетическую гетерогенность, выявить генетические аномалии, спрогнозировать продуктивные признаки, повысить устойчивость к заболеваниям.

Анализ маркеров данного типа основан на целом ряде современных высокопроизводительных подходов, в частности на применении ДНК-чипов. По сравнению с другими типами ДНК-маркеров использование SNP позволит автоматизировать и в десятки раз повысить производительность оценки генотипов [4].

Использование SNP50 - чипа позволит выявлять в геноме до 57 тысяч маркеров, часть из которых (порядка 40 тысяч) можно использовать в качестве маркеров, имеющих влияние на признаки, интересующие селекционеров [8, 14].

Сложившаяся в Беларуси традиционная система определения племенной ценности быков-производителей требует значительных временных и материальных затрат: от отбора родителей до завершения испытаний продуктивности их потомства проходит шесть-семь лет. В течение этого периода для достижения наиболее точного определения племенной ценности быков проводят оценку не менее 100 дочерей. Контролируют показатели экстерьера, состояние здоровья, продуктивность. И только животные, имеющие высокие баллы, в дальнейшем могут использоваться в племенных программах (в товарных хозяйствах от 100 до 120 баллов, в племенных – свыше 120).

В результате нередко оказывается, что деньги потрачены на выращивание и содержание тех бычков, чье потомство по результатам проверки оказывается неудовлетворительным.

Современные достижения геномики коренным образом изменили технику оценки быков-производителей по качеству потомства во всем мире. Геномная селекция позволила преодолеть барьер генерационного интервала. Стало возможным при отборе бычков уже при рождении располагать оценкой племенной ценности (ПЦ) животного на основании геномного анализа. Ученые подсчитали, что даже при 75% надежности (точности определения) ПЦ молодых бычков эффективность селекции возрастает в два раза.

Внедрение геномной оценки в племенное животноводство, которое уже ведется в странах Таможенного союза, позволит существенно повысить эффективность селекционного процесса, а взаимосвязь и сотрудничество с учеными России и Казахстана позволят объединить усилия и знания в данной области и ускорят процесс совершенствования генетического потенциала отечественных пород. Речь идет не только о научном престиже, но и о продовольственной безопасности стран, ибо продовольствие является и в будущем станет важнейшим стратегическим ресурсом наших государств.

ЛИТЕРАТУРА:

1. Есауленко, Н. Н. Способ повышения молочной продуктивности коров /Н. Н. Есауленко, В. В. Ерохин, С. И. Кононенко, С. В. Булацева //Известия Горского государственного аграрного университета. – 2013. – Т. 50. - № 4-4. – С. 71-73.
2. Калашникова, Л.А. Геномная оценка молочного скота / Л.А. Калашникова // Биотехнология, селекция, воспроизводство. 2010. №2 . – С. 10-12.
3. Кононенко, С. И. Эффективность использования Ронозим WX в комбикормах / С. И. Кононенко, Н. С. Паксютов // Известия Горского государственного аграрного университета. – 2011. – Т. 48. - № 1. – С. 103-106.
4. Кононенко, С. И. Использование ДНК-диагностики в селекции свиней /С. И. Кононенко, В. В. Семенов, Л. Н. Чижова, Е. И. Сердюков, Л. В. Ворсина //Сборник научных трудов Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства. – 2012. – Т.1. - № 1. – С. 138-142.
5. Кононенко, С. И. Влияние скармливания протеиновых добавок на продуктивность / С. И. Кононенко //Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – 2013. - № 85. – С. 254-278.
6. Кононенко, С. И. Способы улучшения использования питательных веществ рационов / С. И. Кононенко //Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – 2013. - № 86. – С. 486-510.
7. Кононенко, С. И. Эффективный способ повышения продуктивности / С. И. Кононенко //Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – 2014. - № 98 (04). – С. 759-768.
8. Кофиади, И.А., Методы детекцииоднонуклеотидных полиморфизмов: аллель-специфическая ПЦР и гибридизация с олигонуклеотидной пробой / И.А. Кофиади, Д.В. Ребриков // Генетика, 2006. Т. 42, №1. – С. 22- 32.
9. Методические рекомендации по проведению оценки достоверности происхождения крупного рогатого скота по полиморфизму нуклеотидных последовательностей ДНК / Т.И. Епишко [и др.] // Пинск, 2011. 24 с.
10. Полилова, М. Прогноз по ДНК / М. Полилова // Новое сельское хозяйство. 2011, №4. – С. 66-69.
11. Смарагдов, М.Г. Тотальная геномная селекция с помощью SNP как возможный ускоритель традиционной селекции / М.Г. Смарагдов // Генетика, 2009. Т. 45, №6. – С. 725-728.
12. Хлесткина, Е.К., SNP-маркеры: методы анализа, способы разработки и сравнительная характеристика на примере мягкой пшеницы / Е.К. Хлесткина, Е.А. Салина // Генетика, 2006. Т. 42, №6. – С. 725-736.
13. Чиков, А. Е., Кононенко С. И. Пути решения проблемы протеинового питания животных. – Учебное пособие. – Краснодар. - 2009.
14. Яковлев, А.Ф., Значительное повышение точности оценки племенной ценности животных в

молочном скотоводстве / А.Ф. Яковлев, М.Г. Смарагдов // Зоотехния, 2011, №5. – С. 2-4.

15. 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.

16. Čitek J., Řehout V., Mašková J. (1998): The analysis of some microsatellite loci in Cattle // Czech J. Anim. Sci., 43: 390.

17. 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.