

## **SNP-МАРКЕРЫ В ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ МОЛОЧНОГО СКОТА**

***Т. И. Епишко, О. А. Епишко***

***УО «Гродненский Государственный Аграрный Университет»***

***УО «Гродненский государственный университет  
имени Янки Купалы» г. Гродно, Республика Беларусь***

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 наиболее точного определения племенной ценности быков, проводят оценку не менее 100 дочерей в 100 стадах по результатам их первой лактации. Контролируют показатели экстерьера, состояние здоровья, продуктивность. И только животные, имеющие высокие баллы, в дальнейшем могут использоваться в племенных программах.

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. Геномная селекция позволила преодолеть барьер генерационного интервала. Стало возможным при отборе бычков еще в четырех-шестинедельном возрасте располагать оценкой племенной ценности (ПЦ) животного на основании геномного анализа.

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).

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.

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.

Современная геномная оценка племенных животных основана на использовании в качестве маркеров так называемых «снипов» (SNP – Single Nucleotide Polymorphism, или однонуклеотидный полиморфизм, то-

чечные замены нуклеотидов), приблизительно равномерно расположенных в геноме. Влияние на признак каждого интервала между SNP определяют одновременно в модели, где его эффект рассматривается как случайный фактор. Тогда, зная генотип животного и эффекты всех интервалов, получают суммарный эффект, т.е. оценку животного. Так же как в случае традиционной селекции, совсем не обязательно знать, какие гены влияют на признак. Такой тип селекции получил название геномной селекции GS (genomic selection).

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 позволяет автоматизировать и в десятки раз повысить производительность оценки генотипов.

Геномная оценка решает одновременно в одной пробе ДНК широкий спектр задач – определение достоверности происхождения, степени родства и генетической гетерогенности, выявление генетических аномалий, прогнозирование 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 Беларуси генетическая экспертиза проводится в среднем по 11–13 микросателлитным локусам.

Таким образом, новая геномная оценка имеет ряд принципиальных преимуществ в сравнении с традиционной генетической, и экономическая целесообразность проведения геномной селекции очевидна.

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

Во-вторых. До настоящего времени генетические маркеры сопоставлялись с одним-двумя признаками.

В-третьих. Повышается точность оценки племенной ценности быков. Оценка осуществляется по 2–3 поколениям. Точность оценки увеличивается с увеличением выборки. Согласно данным голштинской и джерсейской ассоциации, дополнение геномной информации к традиционным методам оценки увеличивает достоверность оценки племенных животных по всем показателям, а накопление данных приводит к увеличению точности «геномного прогноза».

В-четвертых. Возможность ранней оценки быков и соответственно ускоренное их использование. За счет снижения интервала между поколениями ускоряется генетический прогресс молочных стад на 50 %.

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.

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 тыс быков, США и Канада около 10 тыс.

Совершенно очевидно, что на международном уровне геномная оценка воспринимается с большим интересом. В развитии 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 возрождения 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.

УДК 636.2:575.244:616.155.392

## **МОНІТОРИНГ КАРІОТИПОВОЇ МІНЛИВОСТІ *BOS TAURUS***

**С. О. Костенко**  
**Національний університет біоресурсів**  
**і природокористування України**

Моніторинг каріотипової мінливості великої рогатої худоби продовжує виявляти особин-носіїв конститутивних цитогенетичних порушень се-