

## ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНОМНОГО АНАЛИЗА ПРИ РАЗВЕДЕНИИ И СЕЛЕКЦИИ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

**Е.Г. БОЙКО,**

кандидат биологических наук, доцент кафедры  
аквакультуры, Институт биотехнологии и ветеринарной  
медицины, Тюменская ГСХА

**Ключевые слова:** геномный анализ, генная диагностика,  
локус количественных признаков, генетическая  
паспортизация.

Крупный рогатый скот известен на Ближнем Востоке по результатам археологических раскопок примерно с VI тысячелетия до н.э. Позднее он постепенно распространяется по европейскому континенту. Ближайший дикий родственник – тур *Bos primigenius* – был широко распространен в Азии, Северной Африке и Европе. Происхождение домашнего скота от тура не вызывает сомнений, однако относительно времени и места одомашнивания не было единого мнения. Ясность в эту проблему была внесена в результате применения современных методов анализа ДНК. Оказалось, было два центра доместикации и два диких предка современного крупного рогатого скота. Первый из этих центров располагался на Ближнем Востоке. Здесь был одомашнен предок европейского скота *Bos taurus*. Второй находился на территории современного Пакистана. Из этого центра доместикации происходит горбатый рогатый скот зебу *Bos indicus*. По данным анализа нуклеотидных последовательностей D-петли митохондриальной ДНК, дикие предки двух групп пород крупного рогатого скота разошлись 200-1000 тыс. лет назад, то есть задолго до доместикации (8-10 тыс. лет назад) [1]. Все породы европейского скота относятся к *Bos taurus* [2].

История российского животноводства имеет древние корни. Существуют две противоположные точки зрения. Первая основывается на том, что в России нет собственных пород крупного рогатого скота, а такие породы, как ярославская, холмогорская и др. – это беспородные помеси, повысить продуктивность которых можно только скрещивая их с более продуктивными иностранными породами. Вторая точка зрения основывается на повышении продуктивности местных пород через совершенствование селекционных приемов при чистопородном разведении. Многим понятно, что эти две селекционные идеологии не должны противопоставляться друг другу, а дополнять. Развитие животноводства России XX – начала XXI вв. происходило по пути доминирования импорта над экспортом скота. По количеству сельскохозяйственного скота в XIX – начале XX вв. России принадлежало одно из первых мест в ряду государств Европы и Америки. Россия в первой половине XX в. потеряла вели-

корусский, сибирский, великокавказский, кубано-черноморский, рубашевский, монгольский, маньчжурский, алтайский, печорский скот или более 30 местных пород и отродий крупного рогатого скота. Из 22 созданных заводских пород 6 уже не разводятся на территории Российской Федерации и принадлежат другим государствам, 3 породы (юринская, лебединская, бушуевская) полностью исчезли, 9 пород находятся на грани исчезновения. Таким образом, более 30 пород, породных групп и отродий крупного рогатого скота утеряны для России. Некоторые – безвозвратно. Для сравнения, в ведущих животноводческих странах мира оберегают и сохраняют древнейшие породы скота [2].

Существует несколько основных аспектов сохранения культурного биоразнообразия, один из которых – генетический потенциал существующих местных пород. Их внутривидовая изменчивость и адаптивные возможности обеспечивают устойчивое развитие животноводства в разнообразных агроэкосистемах. При изучении генетического многообразия крупного рогатого скота используют биохимические и ДНК-маркеры. Интерес к изоферментам постепенно исчезает в связи с тем, что не было обнаружено достоверных связей этих маркеров с хозяйственно-ценными признаками. С другой стороны, мы не можем представить динамику популяционных генофондов на уровне ДНК, так как до сих пор еще не проведено ДНК-тестирование существующих российских пород сельскохозяйственных видов с использованием современных методов молекулярной генетики.

Эффективность животноводства зависит от влияния генетических и негенетических (внешних) факторов. При использовании традиционных методов селекции, к которым относится массовый отбор особей по фенотипическому проявлению признаков, оценка истинного генетического разнообразия может быть не полностью выявлена, а иногда и занижена. С развитием молекулярной генетики становится возможным идентификация генов, напрямую или косвенно связанных с хозяйственно-полезными признаками. Выявление предпочтительных с точки зрения селекции вариантов таких генов позволит дополнительно к традиционному отбору жи-

вотных, например, по скорости роста, более раннему половому созреванию и т.п., проводить селекцию непосредственно на уровне ДНК, то есть по генотипу. Это так называемая маркер-зависимая селекция. Селекция по генотипу имеет ряд преимуществ перед традиционными методами:

- она не учитывает изменчивость хозяйственно-полезных признаков, обусловленную внешней средой;
- делает возможным селекцию в раннем возрасте и в конечном итоге повышает эффективность селекции;
- отбор по генотипу способствует идентификации и быстрому введению выгодных генов с целью повышения продуктивности и устойчивости к заболеваниям улучшаемых пород, кроссов и одомашненных форм животных.

Оценка животных по связанным с количественными признаками генетическим маркерам особенно важна для таких признаков, которые фенотипически выявляются относительно поздно или только у животных одного пола (например, продуктивность, плодовитость), а также для тех признаков, на уровень проявления которых значительное влияние оказывают внешние факторы [3].

Уже сейчас можно прогнозировать, что в ближайшем будущем методы оценки животных по генотипу будут служить важным дополнением к традиционным методам селекции и способствовать более эффективному ведению селекционной работы.

Большинство важных хозяйственно-полезных признаков животных относятся к признакам с полигенной природой наследования. Это быстрый рост, продуктивность, жирность молока, плодовитость, устойчивость к болезням и многие другие. Полигенная природа признака означает, что его проявление определяется различными аллелями целого ряда локусов, разбросанных по всему геному. Они получили название локусов количественных признаков, QTL (Quantitative Trait Loci's). Индивидуумы в популяции животных, характеризующиеся повышенной продуктивностью, имеют тенденцию к наличию в QTL больше-



625003, г. Тюмень,  
ул. Республики, 7;  
тел. 8 (3452) 46-16-43

**Genomic analysis, gene  
diagnostics, Locus of  
quantitative signs, genetic  
certification.**

го числа предпочтительных аллелей, чем в среднем в популяции. При отборе таких особей в качестве родительских пар можно ожидать получение потомков, имеющих более высокую среднюю частоту нужных аллелей и, как следствие, более высокую среднюю продуктивность по сравнению с родителями. В настоящее время имеется лишь незначительная информация о числе, локализации и механизмах действия локусов, обуславливающих количественные различия признаков [3].

Конечной целью геномного анализа объектов животноводства является определение механизмов воздействия селекционного процесса на организм животных и на основании выявленных закономерностей улучшение методов селекции. О полном выполнении геномного анализа можно будет говорить в том случае, если будет установлена структура и функции наследственного материала данного вида животных во всех формах проявления у отдельных индивидуумов. Однако вследствие многообразия объектов это будет требовать огромных материальных затрат, а также совместной работы многочисленных групп исследователей в течение нескольких десятилетий. В настоящее время исследование генома проводится в направлении изучения молекулярной структуры отдельных наследственных признаков или комплексов признаков с целью идентификации природы действия генов (моно-

генная или полигенная) и диагностики генотипов каждого из наследственных признаков [3].

Генная диагностика (ДНК-диагностика) является формой применения геномного анализа. Ее задачей является выявление полиморфных вариантов генов. Генная диагностика становится новой формой оценки животных, используемой дополнительно к традиционной характеристике животных по фенотипу. Так как генная диагностика базируется непосредственно на анализе ДНК, фенотипическое проявление признака не имеет большого значения. В этом состоит главное отличие генной диагностики от традиционных методов оценки животных. Большое значение имеет генная диагностика для тех признаков, которые проявляются только у животных одного пола и относительно поздно в развитии. Так, племенная ценность быков оценивается по продуктивности родственных животных, главным образом, дочерей. Также для установления генотипов белков молока у быков выполняется анализ их дочерей по достижении ими лактации. Таким образом, для оценки быков требуется не менее 5-6 лет. Посредством генной диагностики возможно определение полиморфных вариантов белков молока сразу после рождения животных или даже у эмбрионов до их пересадки реципиентам. Для успешного выполнения задач по определению принадлежности объектов нам представляется необходимым создать коллекцию эталонных образцов, по совокупности

критериев идентифицированных как типичные представители той или иной группировки. Создание такой эталонной базы в форме генетического мониторинга позволит разработать виртуальные эталоны, которые в обобщенном виде будут пригодны для идентификации животных на любом уровне.

Несмотря на стремительное развитие методов молекулярно-генетического анализа в научном мире использование современных методик генетического анализа в России остается на самом низком уровне. Примеры исчисляются единицами. Отсутствие подобного рода исследований в Западно-Сибирском регионе определяет необходимость развития генетического мониторинга крупного рогатого скота. Исходя из вышеизложенного определен круг решаемых задач:

- проведение генетической паспортизации крупного рогатого скота в хозяйствах Тюменской области;
- проведение маркер-зависимой селекции крупного рогатого скота, способствующей повышению эффективности селекционных мероприятий;
- оценка генетического потенциала крупного рогатого скота;
- проведение ранней диагностики продуктивности, устойчивости к заболеваниям крупного рогатого скота.

Оборудование молекулярно-генетической лаборатории Агротехнологического центра Тюменской государственной сельскохозяйственной академии позволит проводить исследования в данном направлении.

#### Литература

1. Loftus R. T., MacHugh D. E., Bradley D. G. et. al. Evidence for two independent domestications of cattle // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1994. Vol. 91. P. 2757-2761.
2. Алтухов Ю. П. и др. Динамика популяционных генофондов. М. : Наука, 2004. 618 с.
3. Зиновьева Н. А., Гладырь Е. А., Эрнст Л. К., Брем Г. Введение в молекулярную генную диагностику сельскохозяйственных животных. 2002. 112 с.