

УДК 636.2.57.089.38

## **ГЕНОМНАЯ ОЦЕНКА ПЛЕМЕННОЙ ЦЕННОСТИ МОЛОЧНОГО СКОТА**

**Епишко О.А., Танана Л.А.**

УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь

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 уже в четырех-шестинедельном возрасте 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% точности определения ПЦ молодых бычков эффективность селекции возрастает в два раза.

С 1 января 2009 г. Министерством сельского хозяйства США была официально введена геномная оценка молочного скота, и в сертификатах племенных быков голштинской и джерсейской пород появилось обозначение GPTA (Genomic Predicted Transmitting Abilities, или геномная прогнозируемая ценность). Геномная информация стала обязательной при оценке молочного скота в Канаде, Нидерландах, Новой Зеландии, во Франции, в Дании, Италии, Австралии, Германии и др. На апрель 2011 г. 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.

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).

Геномная оценка основана на использовании так называемых «снийпов» (SNP – Single Nucleotide Polymorphism, или однонуклеотидный полиморфизм, точечные замены нуклеотидов), 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. 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.

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.

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.

2. В новой геномной оценке одновременно учитываются 26 основных зоотехнических признаков, плюс 27-й – экономическая значимость.

3. Повышается точность оценки племенной ценности быков. Знание последовательности ДНК отца и матери позволяет прогнозировать, какие именно участки генома и наследственные задатки может получить потомок.

4. Возможность ранней оценки быков и соответственно ускоренное их использование. По данным зарубежных ученых, это позволяет ускорить генетический прогресс молочных стад на 50% за счет повышения интервала между поколениями.

Принимая во внимание исключительную важность использования геномной оценки в селекции молочного скота, целесообразно объединить усилия ученых наших стран, приобрести новые технологии, оборудование для анализа ДНК и программное обеспечение в готовом виде и приступить к их адаптации к специфике наших условий.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Czernekova V., Kott T., Dudkova G., Sztankóova Z., Soldat J. (2006): Genetic diversity between seven Central European cattle breeds as revealed by microsatellite analysis // *Czech J. Anim. Sci.*, 51: 1-7.
2. Čitek J., Řehout V., Mašková J. (1998): The analysis of some microsatellite loci in Cattle // *Czech J. Anim. Sci.*, 43: 390.
3. 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.
4. Handiwirawan E., Noor R.R., Muladno and Schüler L. (2003): The use of HEL9 and INRA035 microsatellites as specific markers for Bali cattle // *Arch. Tierz.*, 46(6): 503-512.
5. 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.