

**РАЗРАБОТКА И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ  
ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ И ПЛЕМЕННОЙ ОЦЕНКИ МОЛОЧНОГО И  
МЯСНОГО СКОТА, РАЗВЕДЕНИЯ И СОВЕРШЕНСТВОВАНИЯ ПОРОД  
МЯСНОГО И МОЛОЧНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ**

**Калашников А.Е.<sup>1</sup>, старший научный сотрудник,  
Гостева ЕР.<sup>2</sup>, ведущий научный сотрудник, осуществляющий научное руководство  
отделом животноводства**

*ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела<sup>1</sup>  
ФГБНУ Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Юго-Востока<sup>2</sup>*

*E-mail: [aekalashnikov@yandex.ru](mailto:aekalashnikov@yandex.ru)*

**Аннотация**

Для формирования системы геномной оценки предложено сформировать единую информационно-аналитическую систему идентификации, генотипирования для генетической идентификации, выявления генетических аномалий и маркеров количественных признаков. Предполагается, что представленная система станет частью программ селекции и селекционных планов для работы с крупным рогатым скотом Саратовской области совместно с МСХ РФ, предполагая реализацию системы геномной селекции в современном её понимании в постгеномную эру генетики.

**Ключевые слова:** селекция животных, геномная селекция, микросателлитный анализ, однонуклеотидный полиморфизм, генетические чипы, постгеномная обработка

Для успешной селекции и реализации крупного рогатого скота необходимо, чтобы прибыль от реализации молочной и мясной продукции была наибольшей. Прибыль в мясной и молочной промышленности определяется количеством продукции и её качеством. Качество мяса и молока, их количество и скорость получения продукции напрямую зависят от методов селекционно-племенной работы. Современные методы селекции крупного рогатого скота предполагают активное использование результатов анализа ДНК племенных животных [1].

Согласно нормативно-правовым документам МСХ РФ для получения статуса племенных хозяйств (племенных заводов и племенных репродукторов Саратовской области) по разведению крупного рогатого скота обязательным условием является проведение генетической экспертизы, включающей генетическую идентификацию, подтверждение достоверности происхождения племенных животных и диагностику на наличие генетических аномалий [2-3]. Результаты генетических исследований в настоящее время уже поступают в Федеральные базы данных по племенным животным МСХ РФ.

Генетическая экспертиза проводится методами анализа ДНК. Методы генетической идентификации основаны на определении генотипов животных по микросателлитным локусам ДНК или по ОНП (однонуклеотидному полиморфизму) с помощью генетических чипов. Для анализа используют панель микросателлитных локусов или панель ОНП (SNP-single nucleotide polymorphism), рекомендованных Международным обществом генетики животных (ISAG — international society of animal genetic, [www.isag.org](http://www.isag.org)).

Результаты генетической идентификации по SNP и STR (микросателлитные маркеры) используют для обязательной проверки происхождения племенных животных по родителям. Для каждого племенного животного обязательно наличие данных о происхождении как минимум в трёх поколениях родства [2-3].

Методы определения наследственных заболеваний основаны на выявлении мутации в генах, ответственных за развитие соответствующих синдромов [4].

Проведение анализа аллелофонда крупного рогатого скота Саратовской области по локусам генома, ответственным за развитие хозяйственно-значимых признаков, и создание на этой основе племенного ядра – стад животных с высоким потенциалом мясной продуктивности, свободных от носительства негативного груза мутаций, является широкомасштабной задачей, стоящей перед скотоводством региона.

Одним из этапов ее решения является более широкое применение в селекционной практике разработанных к настоящему времени методов ДНК-маркирования и использование их результатов для отбора животных желательных генотипов, корректировки программ разведения и выращивания ремонтного молодняка с целью формирования высокопродуктивного, генетически однородного оздоровленного поголовья племенного скота.

Для оценки потенциала молочной продуктивности разработан метод ДНК-маркирования племенных животных по генам, связанным с молочной продуктивностью: ген бета-казеина A1/A2, ген каппа-казеина CSN3 [5-], ген альфа-лактоглобулина (LAG), ген бета-лактоглобулина (BLG), ген пролактинового рецептора (PRL), ген гормона роста (GH), ген гипофизарно-специфического фактора транскрипции (Pit 1). Скрининг по этим генам необходим для направленной селекционно-племенной работы, формирования высокопродуктивного племенного стада на основе особей, в геноме которых находятся аллели генов, позволяющие получать высокие удои, отбора молодняка для формирования племенного ремонтного стада с высокими показателями качества молока для молочно-перерабатывающей промышленности [5-10].

Для оценки потенциала мясной продуктивности разработан метод ДНК-маркирования племенных животных по генам, связанным с мясной продуктивностью: ген рилизинг-фактора, ген диацилглицерол О-ацилтралсферазы 1 (DGAT1), ген кальпаина (CAPN1), ген лептина (LEP), ген тиреоглобулина (TG5). Скрининг по этим генам необходим для направленной селекционно-племенной работы, формирования высокопродуктивного племенного стада на основе особей, в геноме которых находятся аллели генов, позволяющие получать высокие привесы, отбора молодняка для формирования племенного ремонтного стада с высокими показателями качества мяса [11-12].

Для сокращения экономических потерь необходимо выявление генетических аномалий: заболевание синдрома иммунодефицита (BLAD - CD18), заболевание комплексного порока позвоночника (CVM), мутация дефицита уридинмонофосфатсинтетазы (DUMPS), заболевание синдрома Brachyspina (BS), выявление цитруллинемии (BC), заболевание дефицита коагуляционного фактора крови XI (FXI).

Следует воспользоваться мировым опытом ведения селекционно-племенной работы в мясном и молочном скотоводстве. Например, Международная ассоциация генетики животных (ISAG), Международный комитет регистрации и учета продуктивности сельскохозяйственных животных (ICAR), Отраслевой консультативный совет Национального консорциума по оценке мясного скота (NCBEC - The National Beef Cattle Evaluation Consortium), объединяющий представителей крупнейших отраслевых организаций, таких как Федерация по улучшению мясного скота, Национальная ассоциация скотоводов по производству говядины и Совет по мясным породам США, на постоянной основе проводит работы по валидации генетических маркеров мясной продуктивности с последующими рекомендациями по их использованию при совершенствовании пород мясного скота.

Для селекционно-племенной работы с крупным рогатым скотом также важна оценка генетической чистоты пород животных, используемых для разведения, для чего разработаны методы генотипирования животных разных пород. Результаты будут использованы для создания племенных предприятий Саратовской области, специализированных на разведении и поддержании определённых пород мясного и

молочного скота.

Чтобы правильно выбирать племенных животных с высоким генетическим потенциалом, необходимо знать, как наследуются и проявляются признаки продуктивности у скота.

Для этого необходимо:

1. сформировать и непрерывно поддерживать базы данных о происхождении и генетической идентификации животных. Выгода: точное определение откуда животное произошло и какие признаки оно несёт потомкам;
2. проводить генетическую идентификацию животных при помощи микросателлитного анализа и SNP. Выгоды: точное определение достоверности происхождения животных согласно международным стандартам. Исправление ошибок учёта;
3. обеспечить непрерывное хранения генетического банка, требуемое оборудования для обеспечения биобанка и генотеки ДНК и биологических образцов;
4. разработать систему учёта и регистрации данных генотипирования, оценки животных, расчётов племенной ценности и базы данных хранения;
5. обеспечить генотипирование племенных животных на современном технологическом уровне. Выгоды: определение достоверности происхождения, генетических мутаций, наследственных заболеваний, количественных признаков согласно международным стандартам ISAG;
6. обеспечить на основе идентификации животных сбор фенотипических признаков продуктивности согласно международным стандартам ICAR и Interbeef/Interbull. Выгоды: точный и непрерывный учёт продуктивности производителей по качеству потомства;
7. организовать оценку племенной ценности по методу линейного моделирования полученных фенотипических признаков количества и качества продукции для выбора животных с лучшими племенными качествами. Выгода: многофакторный анализ и выбор лучших животных по генотипам. Отбор и подбор производителей и матерей в стадах для получения потомков для дальнейшего разведения и совершенствования породы;
8. сформировать сбор и хранение данных об экономическом состоянии производственных процессов в хозяйствах для создания и расчёта экономических индексов. Выгода: формирование экономических индексов для выбора производителей для селекции и производственного процесса;
9. разработать планы селекционно-племенной работы в хозяйствах. Выгода: научно-производственное обеспечение процесса селекции и производства с выгодой для конечного пользователя;

В результате использования новейших методик оценки племенной ценности и новых более эффективных методов селекционно-племенной работы будет гарантировано получение потомства с продуктивностью не ниже родительской и не уступающим зарубежным аналогам. Новая технология племенной работе на основе предприятий новых типов будет гарантировать воспроизводство основного стада и получение продукции высокого качества.

Результаты генотипирования племенных животных будут использованы при разработке планов селекционно-племенной работы со стадами черно-пестрой, голштинской, симментальской, красно-пестрой, калмыцкой, казахской белоголовой, герефордской, абердин-ангусской и др. пород скота Саратовской области.

Особенно важно провести наиболее полный анализ генома быков-производителей ввиду их важной роли в разведении пород, в том числе с использованием новейших методов - ДНК-чипов высокой плотности. Результаты ДНК-чипирования быков-

производителей вкупе с оценкой по потомству будут являться основой разработки геномной селекции в мясном и молочном скотоводстве [1].

### **Выводы**

Поиск резервов увеличения производства говядины и молока и улучшения качества продукции на основе инновационных технологий оценки племенных животных относится к наиболее важным задачам молочного и мясного скотоводства. Внедрение комплексных научных разработок увеличит рентабельность молочного и мясного скотоводства. В России в практике животноводства практически не используются молекулярно-генетические маркеры молочной и мясной продуктивности. Отбор элитного молодняка в ремонтное стадо по этим маркерам позволит направленно формировать высокопродуктивное поголовье коров.

### **Список литературы**

1. Некрасов Д.К., Калашникова Л.А., Колганов А.Е., Зеленовский О.А., Семашкин А.В. Разработка в внедрение методов геномной оценки крупного рогатого скота ярославской породы по ДНК-маркерам в племенных стадах Ивановской области. Методические указания. Иваново. С. 1-48.
2. Калашникова Л.А., Хабибрахманова Я.А., Ганченкова Т.Б., Павлова И.Ю., Ялуга В.Л. Генетическая характеристика крупного рогатого скота с использованием микросателлитов. Зоотехния. 2016. №2. С.9-11.
3. Фураева Н.С., Ганченкова Т.Б., Кертиев Р.М., Калашникова Л.А. Генетическая гетерогенность быков-производителей ярославской породы по маркерам ДНК. Молочное и мясное скотоводство. 2016. №6. С.2-4.
4. Фураева Н.С., Калашникова Л.А., Москаленко Л.П. Генетические аномалии крупного рогатого скота и их контроль. Вестник АПК Верхневолжья. 2016. №2(34). С.55-57.
5. Калашникова Л.А., Хабибрахманова Я.А., Джапаридзе Г.М., Труфанов В.Г. Полиморфизм генов CSN3, LGB, PRL, GH у голштинских коров. Зоотехния. 2018. №2. С.8-9.
6. Калашникова Л.А., Семашкин А.В., Некрасов Д.К., Колганов А.Е., Саблина МС., Румянцев Р.О. Полиморфизм генов молочных белков чистопородного и помесного ярославского скота. Зоотехния. 2017. №2. С. 5-7.
7. Некрасов Д.К., Колганов А.Е., Калашникова Л.А., Семашкин А.В. Взаимосвязь полиморфных вариантов генов пролактина, гормона роста и каппа-казеина с молочной продуктивностью коров ярославской породы. Аграрный вестник Верхневолжья. 2017. №1(18). С. 40-48.
8. Некрасов Д.К., Колганов А.Е., Горева О.В., Калашникова Л.А., Семашкин А.В. Ассоциация полиморфных вариантов генов каппа-казеина, бета-лактоглобулина, гормона роста и пролактина с молочной продуктивностью чистопородных и помесных коров ярославской породы. Аграрная наука в условиях модернизации и инновационного развития. 2017. С.300-306.
9. Багаль И.Е., Хабибрахманова Я.А., Калашникова Л.А., Павлова И.Ю., Ялуга В.Л., Прожерин В.П. Полиморфизм гена лептина в холмогорской породе. Современные проблемы зоотехнии, сборник конференции. 2018. С.339-341.
10. Ялуга В.Л., Прожерин В.П., Хабибрахманова Я.А., Калашникова Л.А., Багаль И.Е. Полиморфизм генов CSN3, LGB, PRL, GH, LEP у холмогорских коров. Молочное и мясное скотоводство. 2018. №4. С. 5-8.
11. Седых Т.А., Гладырь Е.А., Гусев И.В., Харзинова В.Р., Гизатуллин Р.С., Калашникова Л.А. Оценка мясной продуктивности бычков в связи с полиморфизмом по генам GH и DGAT1. Зоотехния. 2016. №9. С.7-10.
12. Седых Т.А., Гладырь Е.А., Харзинова В.Р., Гизатуллин Р.С., Калашникова Л.А. Влияние полиморфизма генов GH и DGAT1 на откормочные качества бычков. Российская сельскохозяйственная наука. 2016. №6. С.32-36.