

## **ФОРМИРОВАНИЕ УСПЕШНОЙ СОВРЕМЕННОЙ ЭКОНОМИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ ПРИ ПОМОЩИ МЕТОДОВ ПОСТГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ И ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ В ПОРОДАХ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА РОССИИ**

**Калашников А.Е.<sup>1,2</sup>, старший научный сотрудник, Кабицкая Я.А.<sup>2</sup>**  
*ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела<sup>1</sup>*  
*ФГБОУ ВО Тюменский государственный аграрный университет Северного Зауралья<sup>2</sup>*

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

### **Аннотация**

С целью формирования успешной экономической модели в хозяйствах в животноводстве представлена стратегия реализации системы геномной селекции в современном её понимании в постгеномную эру генетики. Представляемая модель селекции предусматривает комплексную работу - по оценке племенной ценности скота при помощи GBLUP, определению породной принадлежности, величин гетерозиготности и степени инбридинга пород, выявлению генетических аномалий при одновременной связи с признаками продуктивности, в изоляции последних от факторов влияния окружающей среды с использованием микросателлитных маркеров и SNP-маркеров генетических чипов.

**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 продукции животных была наибольшей, что обеспечивается в процессе селекции и размножения племенных животных и их распространения в производстве [1].

Анализ пород животных, и племенного ядра в особенности, разделяется в современной генетике на три основных этапа [2]:

1. предгеномную оценку племенной ценности животных, разделение факторов влияния среды и генетических факторов, вычисление признаков продуктивности, наследуемых генетических признаков, статистический анализ полученных данных при помощи процедур BLUP/REML, выбор и характеристика механизмов полигенного наследования при помощи методов количественной генетики, сбор экономических показателей для финансовой характеристики признаков;
2. геномную оценку пород - отцовского и маточного поголовья при помощи генетического сканирования на чипах высокой и низкой плотности (в зависимости от поставленных селекционных задач), статистическую обработку результатов генотипирования, проведение генетической идентификации, построение матриц родства [3-4];
3. постгеномный анализ пород с поиском и анализом взаимосвязей признаков продуктивности или производственных качеств, результатов генотипирования по основным генам продуктивности, анализ генетической структуры полигена и характеристика процессов наследуемости признаков, выбор и реализация программ геномной селекции с использованием алгоритмов сетевого и кластерного статистического анализа.

Прибыль в мясной промышленности зависит от количества производимого мяса, его сортности и качества, способов переработки. Для переработки на колбасно-варёные изделия требуется более низкий уровень сортности мяса, в то время как для реализации в свежем виде требуется реализация мяса более высоких сортов. Также существуют сорта мяса класса люкс - мясная говядина, в т.ч. мраморное мясо, мясо быстрого приготовления (бифштексы, рубленный и натуральный) мясных пород, где уровень сорта мяса является определяющим в

получении прибыли. Количество мяса зависит от живой массы животных (как быков, так и матерей), и от процентного содержания мышечной массы в туше. Качество, сорт мяса, его количество и скорость наращивания мышечной массы у животных напрямую зависит от выборе в процессе селекции племенных животных и применения их для производства.

В молочной промышленности прибыль зависит от количества произведённого молока, его жирности, количества белка, высокого качества молока по усвояемости белков (A1/A2 молоко, накопление в породе необходимых аллелей), получения сортового молока, предназначенного для производства сыров (накопление необходимых аллелей бета- и каппа казеинов). Не стоит забывать о дополнительной прибыли, получаемой при реализации мяса коров и бычков [5-6].

Чтобы реализовать систему геномной селекции для крупного рогатого скота молочного и мясного направления продуктивности (также это рекомендуется для пород двойного назначения), в первую очередь, - необходимо сформировать и непрерывно поддерживать базы данных о происхождении и генотипировании животных на генетических чипах, об измеренных в хозяйствах величинах количественных признаков продуктивности и производственных качеств животных, а также других показателей [7-8], участвующих в формировании субиндексов главного индекса животных.

Для реализации экономически успешной схемы воспроизводства и племенного плана нужно правильно выбирать животных при искусственном осеменении, необходимо знать как проявляется полигенный генетический признак фенотипически, чтобы выбирать «лучших из лучших» животных для дальнейшей селекции и получения прибыли.

Суммарный индекс экономической значимости для молочного скота состоит из ряда субиндексов и имеет сложную структуру. В своё время субиндексы рассчитываются из уравнений, вычисляющих племенную ценность, рассчитанным по BLUPAM (BLUP Animal Model, индивидуальная модель животного) и умноженным на *экономические* веса этих признаков, рассчитанных из *многофакторных экономических моделей*, откалиброванных на шкалу взаимодействия и оценки. В настоящее время в России такие модели не рассчитываются и данные для них не собираются, поэтому индексы можно рассчитывать лишь приближённо и неточно, что сводит на нет все преимущества геномной оценки.

Для количественной оценки фенотипического проявления генетических признаков продуктивности необходимо сформировать на основе идентификации животных непрерывный сбор и хранение величин признаков согласно международным стандартам ICAR (Ассоциации Interbull+Interbeef, Международный комитет учёта животных и записей продуктивности, [www.icar.org](http://www.icar.org)). Анализ количественных признаков в настоящее время в мировой практике осуществляется только при помощи линейного моделирования по GBLUP (наилучший геномный линейный неискаженный прогноз, следующая ступень модели от BLUPAM, который в настоящее время рассчитывается как одноступенчатый и двухступенчатый).

Организация регулярного расчёта племенной ценности животных - быков производителей и коров, позволит улучшить количество и качество продукции при выборе животных с лучшими племенными качествами.

В настоящее время в России не соблюдается важное правило проверки любого прогноза или оценки племенной ценности крупного рогатого скота, при использовании геномной оценки на черно-пестром и голштинском скоте соответственно. Прогноз и оценка племенной ценности животных по BLUP или геномной оценки только тогда может считаться достоверным, если прогноз полностью подтверждается по продуктивности потомства. Сегодня ни одна организация, занимающаяся геномной оценкой не проводила и не будет проводить такой проверки по продуктивности и, особенно, по признакам воспроизводства, использования семени геномных быков, сексированого семени вследствие несостоятельности таких проверок и используемых моделей оценки племенной ценности.

Также необходимо отметить, что не производится перекрёстная проверка достоверности данных по продуктивности быков и коров, участвующих в оценке,

получаемых из системы Селекс. Даже если животные были качественно генотипированы (а такие данные тоже не представлены ни одним из участников НИР и исполнителей грантов по настоящее время), недостоверные данные по признакам продуктивности и генетической идентификации животных полностью сводят на нет успех как простой оценки быков по BLUPAM, так и GBLUP.

Для молодых животных величина суммарного генетического индекса может быть вначале невысокой, но это не означает, что она не увеличится. Просто величина индекса для них имеет низкую надёжность, и она будет колебаться в ходе получения новой информации о его родственниках и потомстве. Важно изначально определить - будет ли прогноз по продуктивности потомства для вновь рождённых бычков и телок выше средней по популяции или нет, а лишь затем уточнять этот прогноз в ходе проводимой оценки по потомству этих животных. В случае достаточной базы данных по продуктивности предыдущих поколений животных, величине популяции, достоверных и качественных данных по генотипированию в соответствие с международными стандартами надёжность функции такого прогноза будет превышать 60-80%. Такого показателя смогли добиться лишь развитые страны с учётом данных по продуктивности высокого качества, собранных в течение 100-150 лет.

В таком случае, при условии недостатка информации, надёжность будет выше для субиндекса продуктивности по молоку и ниже для субиндексов фертильности и эффективности отёла. Риск попадания на быка с низкой генетической эффективностью использования преодолевается с применением групп геномно оценённых быков, полученных при помощи искусственного осеменения+пересадка эмбрионов (AI+ET), а также применения стад оценённых самок. Тогда надёжность функции геномной оценки будет намного выше. Для реализации генетического материала новых поколений необходимо создать центральные станции искусственного осеменения и пересадки эмбрионов для содержания и коммерческой реализации спермы и эмбрионов производителей и лучших матерей, полученных в новых поколениях в племенных стадах, реализованных от отечественных родителей, обеспечить надёжную и точную проверку этих животных по качеству потомства с централизованным хранением данных о них в течение многих поколений.

Для монетизации величин субиндексов и конечных индексов животных нужно сформировать сбор и хранение данных об экономическом состоянии производственных процессов в хозяйствах для создания и расчёта экономических индексов BLUP и применять их в планах по племенной работе в хозяйствах.

### **Выводы**

В результате применения современных методов селекции производитель генетического материала крупного рогатого скота получает ряд экономических выгод за счёт улучшения учёта животных, увеличения эффективности процесса селекции и более точной оценки племенной ценности животных по алгоритмам BLUP по качеству потомства для выбора для получения потомков лучших баранов-производителей и маток, формирования новых стад, и получения экономической выгоды от реализации продукции в большем количестве и более высокого качества.

Внедрение современных методов селекции в скотоводстве позволит на федеральном уровне сформировать сбор и хранение данных об экономическом состоянии производственных процессов в хозяйствах для создания и расчёта экономических индексов через BLUP.

На станциях искусственного осеменения крупного рогатого скота и пересадки эмбрионов, таким образом, гарантируется достоверность происхождения семени и эмбрионов, как это принято в племенных хозяйствах зарубежных стран, а при реализации семени и эмбрионов можно увеличить их стоимость, внедрив в производство самые современные технологии.

### **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. Калашников А.Е., Калашникова Л.А., Pribyl J., Новиков А.А. Формирование матриц линейной модели прогноза с данными по генотипированию животных. Современные проблемы зоотехнии, сборник конференции. 2018. С.399-403.
  3. 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.
  4. 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.
  5. Прожерин В.П., Ялуга В.Л., Рухлова Т.А. Результативность использования быков в селекции холмогорского скота. Farm Animals. 2014. Т.1(5). С. 36-39.
  6. Гладырь Е.А., Калашников А.Е., Волкова В.В., Кудина Е.П., Сингина Г.Н., Лопухов А.В., Зиновьева Н.А. Преимплантационная диагностика индивидуального микросателлитного профиля и пола эмбрионов крупного рогатого скота. Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных. 2015. С.290-294.
  7. Novak K., Dunin M.I., Kalashnikov A.E. Identification of TLR polymorphisms of the main cattle breeds in Russia. J Anim Science. V.94(4). P. 90-91.
  8. Калашников А.Е., Богомолов Е.А., Гладырь Е.А. Метагеномный анализ как методология выявления областей повышенной кинематики мутаций. Доклады ТСХА. 2016. С.339-340.