



УДК: 575.162; 57.087.1; 636.018.

Геномная селекция – будущее в разведении животных

Genomic selection – a future of animal breeding

Рукин И.В., Пантюх Е.С., Груздев Д.С.
ЗАО «Геноаналитика»

Аннотация. В последние годы мировой селекционный прогресс в животноводстве основывается на геномной селекции. Геномная селекция - метод племенной работы, основанный на изучении последовательности ДНК животного. Эта методика внедрена в селекционные программы во многих странах мира. Использование ее в отечественных селекционных программах позволит достичь высоких результатов племенной работы в кратчайшие сроки.

Summary. In recent years the global breeding progress in livestock based on genomic selection. Genomic selection is a method of animal breeding, which is based on DNA information using. It differs significantly from previous attempts to use genetic information for breed's improvement. This method is implemented in breeding programs of many countries around the world. The use of this technique in domestic breeding programs will achieve the highest results of animal breeding as soon as possible.

Ключевые слова: геномная селекция, разведение животных, молекулярная генетика, племенная ценность.

Key words: genomic selection, animal breeding, molecular genetics, breeding value.

Крупный рогатый скот был одомашнен более 10 тыс. лет назад. С тех времен домашний скот неуклонно увеличивал показатели продуктивности за счет совершенствования систем селекции и разведения животных. Благодаря эффективным программам селекции и разведения сельскохозяйственных животных уже многие годы наблюдается неуклонный рост генетического прогресса по ряду экономически значимых признаков. Всего лишь за 30 лет, с 1980 по 2010 гг., увеличение средней молочной продуктивности у голштино-фризского скота в США составило примерно 2400 кг [1]. Однако неуклонный рост численности населения и средней продолжительности жизни ставит все новые проблемы перед современным сельским хозяйством. Несмотря на революционные изменения в технологии разведения животных, в 21 веке сельское хозяйство сталкивается с новыми проблемами, для ре-

шения которых требуется преобразование и изменение векторов развития животноводческой промышленности.

На данный момент по некоторым признакам не наблюдается значительного генетического прогресса либо из-за высокой стоимости его измерения (например, эффективность трансформации корма), либо из-за того, что целому ряду признаков долгое время не уделялось должного внимания в селекционных программах (например, фертильность.)

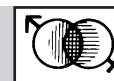
Некоторым признакам только сейчас начинают уделять внимание, и им предстоит широкое масштабное использование. Примером такого признака может служить устойчивость животных к тепловому стрессу. За последние годы наблюдается рост среднегодовой температуры по всему миру. Рядом исследований было показано снижение молочной продуктивности и процента молочного протеина при увеличении среднегодовой температуры окружающей среды. Австралийские ученые рассчитали, что из-за повышения среднегодовой температуры 18°C выше на один градус Австралия (с ее поголовьем в 1,8 млн.), ежедневно теряет примерно 21000 кг молочного протеина [2]. Влияние такого стресса на фертильность еще более неблагоприятно [3]. При серьезных изменениях климата данные признаки могут иметь высокую экономическую значимость и в будущем включаться в селекционную программу.

Помимо достаточно дешевых и доступных кормов, таких, как сено и солома, крупный рогатый скот потребляет и дорогие корма, например, зерно. Из-за все большего интереса в использовании этого концентрата

в качестве источника биотоплива стоимость зерна неуклонно растет [4]. При слишком высокой стоимости зерна животноводство может оказаться в такой ситуации, когда ему придется полностью отказаться от этого злака. Тогда от селекции потребуются создание животных, способных достичь высоких уровней продуктивности исключительно на кормах низкого качества [5].

Для решения грядущих проблем в сельском хозяйстве современные системы разведения и селекции животных не могут обойтись без достижений в молекулярной генетике. Возможность использования информации о геноме животного для принятия селекционного решения в программах разведения обсуждалась еще в конце 1970-х годов [6]. Однако только после полного секвенирования генома *Bos Taurus* [7] и разработки коммерческих генетических панелей на десятки и сотни тысяч полиморфизмов генома [8] стало возможным внедрение данных о геноме животного в существующие селекционные программы. Результатом данного сотрудничества стало развитие и распространение так называемой геномной селекции по всему миру.

Геномная селекция представляет собой новую систему отбора племенных животных. Она основана на прогнозе племенной ценности производителей с использованием единичных нуклеотидных полиморфизмов, или SNP (single nucleotide polymorphism), которые достоверно коррелируют с хозяйственно-полезными признаками [9]. Для быстрого и удобного получения геномных профилей животных компания Illumina разработала специальную панель, которая содержит 54 609 таких единичных полиморфизмов. Она получила название BovineSNP50 Genotyping BeadChip. Все полиморфизмы, представленные на этой панели, равномерно распределены по геному, примерно по одному SNP на 50000 нуклеотидов. Эта панель получила широкое распространение и повсеместно используется для получения геномных профилей крупного рогатого скота [10].



Для оценки влияния каждого полиморфизма на уровень продуктивности того или иного признака необходимо разработать специализированную математическую модель. Самым распространенным на данный момент является лучший линейный несмещенный прогноз или BLUP (best linear unbiased prediction) [11]. Данный метод предполагает, что влияние полиморфизмов на признак подчиняется закону нормального распределения. Другие методы предполагают, что влияние подчиняется закону априорного распределения. К ним относятся распределение Стьюдента (в англоязычной литературе этот метод получил название BayesA) или экспоненциальное распределение (Bayesian LASSO) [12]. Также при изучении большого количества полиморфизмов используют методы, которые предполагают нулевой эффект некоторых полиморфизмов, в то время как оставшиеся подчиняются закону нормального распределения (BayesCpi) [13] или распределения Стьюдента (BayesB) [14].

Разрабатывают такую модель на стандартной или референтной популяции. Она представляет собой совокупность животных одной породы, которые имеют как оценку по потомству и происхождению, так и прошли анализ на SNP. Минимальные размеры стандартной популяции варьируются в зависимости от коэффициента наследуемости признака. Суммировав эффект всех маркеров, мы получаем геномный индекс племенной ценности животного или GEBV (genomically enhanced breeding value).

Основное преимущество геномной селекции перед традиционными методами – это возможность оценки животных уже при рождении, основываясь на геномном индексе племенной ценности, и возможность отбора по признакам, которые требуют больших затрат на измерение или их измерение достаточно проблематично.

В молочном скотоводстве при использовании традиционных методов селекции для оценки молочной продуктивно-

сти быков-производителей используют оценку по потомству. Данный метод очень надежен, однако генерационный интервал при использовании такого метода составляет 5 лет и более. При использовании геномной селекции генерационный интервал возможно снизить до 2 лет, что, в свою очередь, позволяет увеличить уровень генетического эффекта на 60-120% [16].

На данный момент более 20 стран ведут геномные исследования крупного рогатого скота. Наиболее активно идут исследования в молочном скотоводстве. Один из крупнейших мировых центров геномных исследований – организация Interbull, которая является подкомитетом Международного Комитета по учету сельскохозяйственных животных (ICAR) [17]. В него входит 46 стран, около 16 из которых ведут геномные исследования более чем по 6 породам крупного рогатого скота. Одним из крупнейших проектов Евросоюза на данный момент является проект SABRE (Sustainable Animal Breeding) [18]. В него входят Дания, Нидерланды, Великобритания и другие. Ведущая страна по разработке и внедрению геномной селекции – США. На данный момент в США реализуется более 10 проектов, направленных на изучение, как теоретических основ геномной селекции молочного скота, так и возможностей прикладного применения этой технологии в сельском хозяйстве [19].

Разработка отечественного геномного индекса племенной ценности позволит сельскохозяйственным товаропроизводителям, в первую очередь племенным организациям, на равных конкурировать с зарубежными производителями племенной продукции и получать возможность экспортировать племенных животных на мировые рынки.

Работа была поддержана ГК Министерства образования и науки Российской Федерации № 14.512.11.0064 на выполнение поисковых научно-исследовательских работ в рамках федеральной целевой программы «Исследования и разработки по приоритетным

направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2007-2013 годы»

Литература

1. Trend in Milk BV for Holstein or Red & White, USDA, [USA, 2013] URL: <http://aipl.arsusda.gov/eval/summary/trend.cfm>
2. Hayes, B.J. et al. Genotype x environment interaction for milk production of daughters of Australian dairy sires from test-day records. *J. Dairy Sci.* V. 86, Is. 11, 2003, P. 3736–3744
3. Haile-Mariam, M. et al. Genotype by environment interaction for fertility, survival, and milk production traits in Australian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* V. 91, Is. 12, 2008, P. 4840–4853
4. Godfray, H.C.J. et al. Food security: the challenge of feeding 9 billion people. *Science*, V. 327, N. 5967, 2010, P.812–818
5. Macdonald, K.A. et al. A comparison of three strains of Holstein-Friesian grazed on pasture and managed under different feed allowances. *J. Dairy Sci.*, V. 91, 2008, P.1693–1707
6. Smith C Improvement of metric traits through speci c genetic loci. *Animal Production*, V.9, 1967, P.349–358.
7. Science Podcast, 04/24/09 includes advances in livestock research including the sequencing of the cattle genome and insights into the history of sheep domestication. *Science*, 2009
8. BovineSNP50 Genotyping BeadChip, Illumina, [USA, 2012] URL: http://www.illumina.com/documents/products/datasheets/datasheet_bovine_snp50.pdf (дата обращения: 12.02.2012)
9. Meuwissen, T.H. et al. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, V.157, 2001, P.1819–1829
10. BovineSNP50 Genotyping BeadChip, Illumina, [USA, 2012] URL: http://www.illumina.com/documents/products/datasheets/datasheet_bovine_snp50.pdf (дата обращения: 12.02.2012)
11. Goddard, M.E. Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. *Genetica*, V. 136, 2008, P. 245-257
12. Su, G. et al. Estimating additive and non-additive genetic variances and predicting genetic merits using genome-wide dense single nucleotide polymorphism markers. *PLoS ONE*, V. 7, 2012, e45293
13. Habier, D. et al. Extension of the Bayesian alphabet for genomic selection. *BMC Bioinformatics*, V. 12, 2011, P. 186
14. Kemper, K.E. et al. Genetic architecture of body size in mammals. *Genome Biol.*, V. 13, V. 2012, P. 244.
15. Hayes BJ, Bowman PJ, Chamberlain AJ, Goddard ME. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. *J Dairy Sci.*, V. 92, 2009, P. 1313.
16. Schaeffer, L.R. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, V. 123, 2006, P. 218–223.
17. International Bull Evaluation Service Official Website, [Sweden, 2012], URL: <http://www-interbull.slu.se/jib/>
18. Genomic selection, SABRE, [UK, 2007], URL: http://www.sabre-eu.eu/Portals/0/Final%20Reports/12_Genomic_selection.pdf
19. Research programs and projects in bovine functional genomics laboratory, USDA, [USA, 2013], URL: http://www.ars.usda.gov/research/projects_programs.htm?modecode=12-45-29-00

Рукин Илья Владимирович, Пантюх Екатерина Сергеевна

Груздев Денис Сергеевич, научный сотрудник, e-mail: ilya.rukin@genoanalytica.com, тел.: 8-926-710-01-52