

Повышение эффективности геномной селекции молочного скота

А.В. Харламов, д.с.-х.н., профессор, В.А. Панин, д.с.-х.н., ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН; В.И. Косилов, д.с.-х.н., профессор, ФГБОУ ВО Оренбургский ГАУ

Проблема совершенствования и разведения молочных коров неизменно приспособляется к меняющимся обстоятельствам производства молока в условиях социально-экономической ситуации [1–3]. Процессы селекции и разведения направлены на длительные периоды времени, они сосредоточены на соответствующих фенотипах и позволяют точно контролировать состояние коров, их здоровье, поведение и продуктивность, а также их воздействие на окружающую среду и качество получаемой от них продукции (молоко и молочные продукты из него). Состав молока идентифицирован как важный источник информации, способный воспроизводить хотя бы частично указанные элементы. Основные традиционные молочные компоненты, такие как жир, белок и содержание лактозы, обычно прогнозируются с помощью спектрометрии среднего инфракрас-

ного диапазона (MIR) и широко используются для этих целей. Однако состав молочной композиции намного сложнее, и другие общеустановленные компоненты молока, потенциально прогнозируемые MIR, в большинстве случаев являются информативными.

В том случае, если данные MIR будут доступны в крупных масштабах, фенотипы данных признаков санкционируют проведение генетических и геномных оценок. Процесс внедрения новых технологий в целях разведения и селекции потребует дополнительных исследований для изучения эффективных генетических корреляций с другими имеющими интерес закономерностями [4, 5].

Сущность геномной селекции заключается в отборе коров, предусматривающем их племенную ценность, по маркерам, размеренно восполняющим весь геном [6].

В работах многих авторов обобщены сведения о современных тенденциях в области геномной селекции молочного скота и о применении новых технологий для повышения эффективности селек-

ции [7–14]. Важные направления развития методов геномной селекции состоят в увеличении точности племенной оценки путём сопоставления разных генотипов коров, включения в селекционные программы генотипирование особей, прогнозирование генотипов отсутствующих SNP на основе чипов с более низкой плотностью маркеров и прогнозирование генотипов молочного скота по генотипам родителей. Совместно с современными методами селекция по генотипу потенциально способна приносить более высокую рентабельность [6, 15–17].

Современные тенденции в геномной селекции молочного скота. Достоверность племенных генетических оценок непосредственно зависит от степени неравномерности соответствия между маркерами и QTL (локусы количественных признаков, являющиеся участками ДНК, либо содержащими гены, либо сцеплёнными с генами, которые отвечают за тот или иной количественный признак). Количественные признаки причисляются к характеристикам, различающимся по степени своего выражения и могут быть отнесены к полигенным эффектам, т. е. являются продуктом двух или более генов, а также от количества оцениваемых коров в стаде (группе). Исходя из этого геномная селекция имеет больший эффект при работе с более распространёнными в мире породами, такими как голштинская. Поэтому повышение достоверности геномных оценок зависит от количества особей, добавленных к исследуемой популяции, достоверности их фенотипирования и их родственных связей [18].

Достоверность геномных племенных оценок при исследовании показателей молочной продуктивности популяции коров четырёх пород скандинавского красного скота может увеличиваться от 1,3 до 9,3% при сравнении с популяциями, состоящими из одной породы [19].

Генотипирование молочных коров. Выполненная теоретическая оценка возможной эффективности от введения коров в программу геномной селекции обнаруживает потенциал использования фенотипов и генотипов молочных коров, способствующий трёхкратному увеличению генетического эффекта увеличения показателей продуктивности при сравнении с традиционной селекцией, а также снижению интервала между поколением производителей. В этом случае необходимо поддерживать допустимый уровень инбридинга [20].

Раньше геномная селекция благополучно использовалась в методах и схемах разведения молочного скота по отцовской линии. В последнее время наиболее важным достижением считается употребление недорогих чипов при генотипировании SNP (однонуклеотидный полиморфизм – отличия последовательности ДНК размером в один нуклеотид (A, T, G или C) в геноме (или в другой сравниваемой последовательности) представителей одного вида или между гомологичными участками

гомологичных хромосом с низкой частотой маркеров в селекции молочных коров с целью получения молока и высокопродуктивного потомства [21].

Поиск способов повышения продуктивности коров при низких затратах и с сохранением репродуктивных показателей является основным вопросом повышения устойчивости и жизнеспособности молочного скота. Выполненные исследования по изучению влияния различий и индивидуальных способностей коров в стаде позволили установить, что недостаточно внимания уделяется взаимосвязи генотипа коров и контрастных особенностей в молочных стадах. Проведение исследования предусматривало анализ результатов и совершенствование многопородных популяций молочного скота, состоящих из двух генотипов молочных пород – голштинской и симментальской и т.д. [22].

Bijl et al. с коллегами обнаружили, что генетическая корреляция между α S1-CN-8P и β -LG оказалась невысокой (-0,01) [23, 24]. Ранее авторы информировали о имеющемся влиянии разновидности белка β -LG и скопления β -LG на разреженность S1-CN-8P. В то же время, по данным этих авторов, механизм взаимодействия между вариациями белка β -LG и количеством белка β -LG, а также соотношением S1-CN-8P продолжают оставаться малопонятными, вызывая необходимость дальнейшего изучения. Установленные генетические корреляции белков молока с процентным содержанием общего белка в молоке оказались незначительными, кроме α S1-CN-8P (0,38) и β -LG (0,27).

Результаты других исследований обнаруживают, что генетические параметры могут быть определены с высокой точностью для отдельных параметров при использовании анализа с несколькими показателями [22]. Относительно низкие генетические корреляции между белками молока с общим процентом содержания белка в молоке указывают на изменение состава молочных белков и незначительные изменения содержания общего процента белка в молоке. Авторы приводят полученные статистические данные состава молочного белка и процентного содержания молочного белка. В среднем количество белка в изучаемом молоке составляло 3,38%. Содержание белков – α S1-CN, α S2-CN, β -CN, κ -CN, α -LA и β -LG составляло 83,0% от общего количества белка в молоке. Содержание казеина было равно 72,3%, из них содержание β -CN и S1-CN составляло 34,1 и 26,8% от общего количества белка в молоке соответственно. Содержание сывороточных белков равнялось 10,8% [22].

Ряд исследователей утверждают, что состав молочного белка оказывает существенное влияние на технологические свойства молока [25–27]. Трансформация относительных концентраций некоторых белков, содержащихся в молоке, оказывает определённое

воздействие на свойства коагуляции молока, так как способность коагуляции молока имеет значение при выработке сыра [28]. Также установлено, что в основном в составе молочных белков содержатся α S1-CN, α S2-CN, K-CN, бета-CN и α -LA. Помимо этого, в составе молока имеются посттрансляционные модификации указанных белков.

Проведённые ранее исследования обнаружили имеющуюся значительную генетическую вариацию состава молочного белка. В этих исследованиях обнаружена возможность изменения соотношения состава молочного белка методом селекционного отбора. Достоверная оценка генетических параметров, в том числе наследуемости и генетической изменчивости, имеет решающее значение при оценке потенциала разведения молочного скота. Детальное изучение состава молочного белка возможно при наличии специализированного, дорогостоящего оборудования. Это затрудняет и делает дорогостоящим процесс исследования. Поэтому имеющиеся в достаточном количестве фенотипические данные неосуществимы для достоверной характеристики генетических параметров. Как вариант одним из эффективных способов исследования таких показателей возможно использовать реализацию моделей с несколькими признаками, что обосновано на информации из коррелированных признаков.

Вывод. В результате проведённого анализа литературных данных установлено, что геномная селекция совершила большой прорыв в молочном животноводстве. Благодаря этому существенно возросла эффективность отбора путём сокращения интервала между поколениями, тестирования большого количества селекционных вариантов и совершенствования верности оценки показателей, имеющих низкую наследуемость. Самые важные направления развития данного метода определены увеличением точности племенной оценки путём соединения изучаемых популяций, включения в селекционные программы генотипирование молочных коров, прогнозом генотипов, не отмеченных SNP на основе чипов с более низкой плотностью маркеров.

Особую актуальность приобретают исследования по вопросам геномной селекции молочных коров в определённых природно-климатических условиях Оренбургской области на популяции разводимого здесь молочного скота. Ранее подобные исследования в нашем регионе не проводились.

Литература

1. Косилов В.И. Влияние пробиотической добавки Биогумитель 2Г на эффективность использования питательных веществ кормовых рационов / В.И. Косилов, Е.А. Никонова, Д.С. Вильвер [и др.] // АПК России. 2016. Т. 23. № 5. С. 1016–1021.
2. Шпилова Н.В., Косилов В.И., Андриенко Д.А. Производственный потенциал молочного скотоводства на Южном Урале // Вестник мясного скотоводства. 2014. № 3 (86). С. 69–75.
3. Комарова Н.К. Новые технологические методы повышения молочной продуктивности коров на основе лазерного излучения / Н.К. Комарова, В.И. Косилов, Е.Ю. Исайкина [и др.]. М., 2015. 192 с.

4. Bastin C., Grelet C., Gelé M., Davière J.-B., Reding R., Werner A., Darimont C., Dehareng F., Gengler N., Dardenne P. Mid-infrared prediction of β -hydroxybutyrate, acetone and citrate contents in milk. In Final OptiMIR Scientific and Expert Meeting: From Milk Analysis to Advisory Tools (Palais des Congres, Namur, Belgium, April 16–17, 2015). Biotechnol. Agron. Soc. Environ. 2015;19:97–124
5. Bastin C., Laloux L., Gillon A., Miglior F., Soyeurt H., Hammami H., Bertozzi C., Gengler N. Modeling milk urea of Walloon dairy cows in management perspectives. J. Dairy Sci. 2009; 92: 3529–3540 (<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2008-1904>)
6. Юдин Н.С. Применение репродуктивных технологий для повышения эффективности геномной селекции молочного крупного рогатого скота / Н.С. Юдин, К.И. Лукьянов, М.И. Воевода [и др.] // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2015. № 19(3). С. 277–285.
7. Biggs D.A. Instrumental infrared estimation of fat, protein, and lactose in milk: Collaborative study. J. Assoc. Off. Anal. Chem. 1978; 61:1015–1034 (PubMed)
8. Bittante G., Cecchinato A. Genetic analysis of the Fourier-transform infrared spectra of bovine milk with emphasis on individual wavelengths related to specific chemical bonds. J. Dairy Sci. 2013; 96:5991–6006 (<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2013-6583>)
9. Bjerre-Harpoth V., Friggens N.C., Thorup V.M., Larsen T., Damgaard B.M., Ingvarsen K.L., Moyes K.M. Metabolic and production profiles of dairy cows in response to decreased nutrient density to increase physiological imbalance at different stages of lactation. J. Dairy Sci. 2012; 95:2362–2380
10. Boichard D. and Brochard M. New phenotypes for new breeding goals in dairy cattle. (<http://dx.doi.org/10.1017/S1751731112000018>) Animal. 2012; 6: 544–550
11. Bramley A.J., Dodd F.H., Mein G.A., and Bramley J.A. Machine Milking and Lactation. Insight Books, Newbury, UK; 1992
12. Brandt M., Haeussermann A., and Hartung E. Invited review: Technical solutions for analysis of milk constituents and abnormal milk. (<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2009-2565>) J. Dairy Sci. 2010; 93: 427–436
13. Castillo A.R., Kebreab E., Beever D.E., and France J. A review of efficiency of nitrogen utilisation in lactating dairy cows and its relationship with environmental pollution. J. Anim. Feed Sci. 2000; 9: 1–32
14. Chilliard Y., Ferlay A., Mansbridge R.M., and Doreau M. Ruminant milk fat plasticity: Nutritional control of saturated, polyunsaturated, trans and conjugated fatty acids. (<http://dx.doi.org/10.1051/animres:2000117>) Ann. Zootech. 2000; 49: 181–205
15. Commun L. and Pezon J. La cétose subclinique détectée par le spectre MIR. Elev. Lait. 2015; 234: 48–51. 17.
16. Dagnachew B.S., Meuwissen T.H.E., and Ådnøy T. Genetic components of milk Fourier-transform infrared spectra used to predict breeding values for milk composition and quality traits in dairy goats. (<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2012-6068>) J. Dairy Sci. 2013; 96: 5933–5942
17. De Marchi M., Toffanin V., Cassandro M., and Penasa M. Invited review: Mid-infrared spectroscopy as phenotyping tool for milk traits. (<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2013-6799>) J. Dairy Sci. 2014; 97: 1171–1186
18. Lund M.S., Roos A.P., Vries A.G., Druet T., Ducrocq V., Fritz S., Guillaume F., Guldbandsen B., Liu Z., Reents R., Schrooten C., Seefried F., Su G. A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. Genet. Sel. Evol. 2011;43:43. DOI: 10.1186/1297-9686-43-43
19. Zhou L., Heringstad B., Su G., Guldbandsen B., Meuwissen T.H., Svendsen M., Grove H., Nielsen U.S., Lund M.S. Genomic predictions based on a joint reference population for the Nordic Red cattle breeds. J. Dairy Sci. 2014; 97(7): 4485–4496. DOI: 10.3168/jds.
20. Mc Hugh N., Meuwissen T.H., Cromie A.R., Sonesson A.K. Use of female information in dairy cattle genomic breeding programs. J. Dairy Sci. 2011; 94(8):4109-4118. DOI:10.3168/JDS.2010-4016.
21. Boichard D., Chung H., Dassanneville R., David X., Eggen A., Fritz S., Gietzen K.J., Hayes B.J., Lawley C.T., Sonstegard T.S., Van Tas-sell C.P., VanRaden P.M., Viaud-Martinez K.A., Wiggans G.R. Design of a bovine low-density SNP array optimized for imputation. PLoS One. 2012; 7:e34130. DOI:10.1371/JOURNAL.PONE.0034130
22. Magne M. A., Thénard V., Mihout S. Initial insights on the performances and management of dairy cattle herds combining two breeds with contrasting features // Journal: animal / Volume 10 / Issue 5 / May 2016 <https://doi.org/10.1017/S1751731115002840>
23. Bijl E., van Valenberg H.J., Huppertz T., van Hooijdonk A.C., Bovenhuis H. Phosphorylation of α S1-casein is regulated by different genes. J Dairy Sci. 2014; 97(11): 7240–7246.

-
24. Bijl E, de Vries R, van Valenberg H, Huppertz T, van Hooijdonk T. Factors influencing casein micelle size in milk of individual cows: genetic variants and glycosylation of k-casein. *Int Dairy J.* 2014;34:135–41.
25. Ikonen T., Ahlfors K., Kempe R., Ojala M. & Ruottinen O. Genetic parameters for the milk coagulation properties and prevalence of noncoagulating milk in Finnish dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 1999; 82(1), 205–214.
26. Ikonen T., Morri S., Tyrisevä, A.M., Ruottinen O. & Ojala M. Genetic and phenotypic correlations between milk coagulation properties, milk production traits, somatic cell count, casein content, and pH of milk. *Journal of Dairy Science*, 2004; 87(2), 458–467.
27. Bittante G., Marusi M., Cesarini F., Povinelli M. & Cassandro M. Genetic analysis on milk rennet-coagulation ability in Italian Holstein cows. *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, August, 2002; Session 9, 0–4.
28. Cassandro M., Comin A., Ojala M., Dal Zotto R., De Marchi M., Gallo L., Carnier P. & Bittante G. Genetic parameters of milk coagulation properties and their relationships with milk yield and quality traits in Italian Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 2008; 91(1), 371–376.