

Оценка племенной ценности быков-производителей по геномному анализу

Evaluation of the breeding value of sires by genome analysis

Карымсаков Т.Н., Аbugалиев С.К., Баймуканов Д.А.

ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства»
E-mail: kartalgat@mail.ru, ask1959@mail.ru, dbaimukanov@mail.ru

АННОТАЦИЯ

Актуальность

Успешное внедрение геномной селекции в производство стало решающим технологическим скачком для эффективной реализации селекционных программ по всему миру. Численность зарегистрированных популяций, оптимизация научных методов, использование информационных технологий, а также тестирование генома животных сразу по большому количеству маркеров позволяют добиться более значительного генетического прогресса в породах, нежели отбирать животных по традиционным методам.

Методика

В статье отражены результаты геномной оценки племенной ценности 14 ремонтных бычков, полученных путем целенаправленного заказного спаривания.

Результаты

По результатам анализа установлено, что размах общей геномной оценки племенной ценности бычков (GTPI) был от 1276 до 2049, а средний индекс бычков составил 1566 при достоверности 71%. Наибольший индекс племенной ценности по удою оказался у двух бычков (GPTA = +371 и +721) и у двух по содержанию жира в молоке (+0,16 и +0,15). Проведенные организационные и исследовательские работы позволили разработать принципиальную схему раннего отбора высокоценных генотипов с последующим производством семени (в 12–14 мес.) как от быков-улучшателей.

Ключевые слова: геномный анализ, ремонтные бычки, племенная ценность, достоверность оценки.

Для цитирования: Карымсаков Т.Н., Аbugалиев С.К., Баймуканов Д.А. Оценка племенной ценности быков-производителей по геномному анализу. *Аграрная наука*. 2019; (10): 40–42.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2019-332-9-40-42>

Введение

Современные методы оценки племенной ценности быков-производителей посредством методологии наилучшего несмешенного прогноза (BLAP) позволяют проводить объективное сравнение между передачами желательных хозяйственно-полезных признаков от пробанда к потомкам. Однако и данный метод не лишен недостатков, к которым, в первую очередь, следует отнести длительность процесса оценки и существенное снижение племенной ценности в следующем поколении дочерей, рожденных от быков более молодой генерации. Процесс оценки и присвоения племенного статуса быку-производителю, отобранному по показателям родословной, занимает временной промежуток как минимум в пять лет. Все это время станции по искусственному осеменению вынуждены тратить немалые средства на содержание животных, а в случае получения отрицательных результатов элиминировать их из стада. Расходы ложатся на себестоимость производимой спермопродукции и снижают конкурентоспособность

Karymsakov T.N., Abugaliev S.K., Baimukanov D.A.

LTD "Kazakh Research Institute of Animal Husbandry and Forage Production"
E-mail: kartalgat@mail.ru, ask1959@mail.ru, dbaimukanov@mail.ru

ANNOTATION

Relevance

The successful introduction of genomic selection into production was a decisive technological leap for the effective implementation of breeding programs around the world. The number of registered populations, the optimization of scientific methods, the use of information technologies, as well as the testing of the animal genome at once by a large number of markers make it possible to achieve more significant genetic progress in the breeds; it is not jellied to select animals by traditional methods.

Methods

The article reflects the results of a genomic evaluation of the breeding value of 14 repair bulls, obtained by targeted custom mating.

Results

According to the results of the analysis, it was established that the scope of the total genomic assessment of the calves' value of gobies (GTPI) was from 1276 to 2049, and the average goby index was 1566 with 71% accuracy. The highest breeding value index for milk yield was for two bulls (GPTA = +371 and +721) and two for fat content in milk (+0.16 and +0.15). Conducted organizational and research work has allowed to develop a conceptual scheme for the early selection of high-value genotypes with subsequent seed production (12–14 months) as from bulls-improvers.

Key words: genomic analysis, repair bulls, breeding value, validity assessment.

For citation: Karymsakov T.N., Abugaliev S.K., Baimukanov D.A. Evaluation of the breeding value of sires by genome analysis. *Agrarian science*. 2019; (10): . (In Russ.) 40–42

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2019-332-9-40-42>

организаций. За это время вырастают два поколения коров, и вероятность передачи хозяйственно-полезных признаков по материнской линии от оцененного по качеству потомства быка-производителя при использовании его в следующей генетической генерации снижается на 20% и более [1].

Успехи молекулярной генетики, приведшие к обнаружению ДНК-маркеров, способствовали формированию теоретических моделей, для эффективного их использования в селекции животных [2, 3]. В последние 10 лет в мировой селекции происходят значительные изменения, связанные с появлением новых технологий в оценке племенной ценности сельскохозяйственных животных на основе молекулярно-генетических маркеров хозяйственно ценных признаков продуктивности. Эти технологии ассоциируются с геномным сканированием и геномной селекцией.

Термин «Геномная селекция» был предложен Хайли и Вишером в 1998 году [4], а Мовиссен с соавторами в 2001 году [5] разработали принципиальную методоло-

гию аналитической оценки племенной ценности на основе ДНК-маркеров, которые охватывают весь геном животного.

Основное преимущество геномной селекции – это возможность установить наследование в генах определенных ценных аллелей практически сразу после рождения. Таким образом, селекционное значение генотипа животного оценивается напрямую, а не через фенотипическое проявление в период продуктивного использования, и прогнозировать племенную ценность животного можно в самом раннем возрасте, что на порядок повышает эффективность селекционного отбора [6].

Цель исследований. Цель исследований заключалась в разработке организационной системы раннего прогнозирования племенной ценности ремонтных бычков посредством геномного анализа.

Объекты и методика исследований

Объектом исследований послужили биологические образцы 14 новорожденных бычков, полученные путем заказного спаривания. Геномный анализ племенной ценности бычков проводили в лаборатории США на оборудовании «Illumina» с использованием 54K-чипа. Сравнительный анализ полученных данных проводили на основе референтной популяции голштинского черно-пестрого скота США.

Результаты исследований

На первом этапе были отобраны 40 высокопродуктивных коров голштинской и черно-пестрой пород с продуктивностью более 8,0 тыс. кг за наивысшую лактацию с проведением заказного спаривания с быками-производителями североамериканской селекции. В 2016 году из 40 осемененных коров было получено 14 бычков, от которых сразу же были отобраны биологические материалы для передачи их в лабораторию по геномному анализу США. Результаты полученных данных отражены в таблице 1.

Из данных таблицы видно, что размах общей оценки геномной племенной ценности бычков (GTPI) был от 1276 (KZT183231897) до 2049 (KZB158174438). Средний индекс составил 1566 при средней достоверности 71%.

Поскольку основная селекция маточного поголовья ведется на повышение молочной продуктивности коров, среди всех оцененных бычков было выявлено 2 улучшателя по удою KZP157923673 (GPTA = +371) из ТОО «Садчиковское» и KZB158174428 (GPTA = +721) из ТОО «ЗКАП Амиран». Хорошие показатели по жирномолочности

Таблица 1.

Результаты геномного анализа 14 ремонтных бычков

Table 1. The results of the genomic analysis of 14 repair bulls

Наименование хозяйств	Идентификационный номер бычков	Общая племенная ценность		В том числе по:			
		GTPI*	GRel, %**	удой		жиру	
				GPTA	GRel, %	GPTA	GRel, %
ТОО «Шеминовка»	KZP157866611	1508	68	-1120	70	0,09	70
ТОО «Шеминовка»	KZP157866636	1478	74	-337	75	-0,06	75
ТОО «Садчиковское»	KZP157923541	1586	74	-805	75	0,15	75
ТОО «Садчиковское»	KZP157923775	1433	75	-237	76	-0,03	76
ТОО «Садчиковское»	KZP157923673	1543	74	371	75	0,04	75
ТОО «Садчиковское»	KZP157923561	1527	74	-64	75	-0,03	75
ТОО АФ «Родина»	KZC158746855	1421	68	-200	67	-0,02	75
ТОО «Междуреченск»	KZB157778956	1538	72	-464	74	0,09	74
ТОО «Тайынша»	KZT183231895	1625	69	-322	71	0	71
ТОО «Тайынша»	KZT183231897	1276	63	-1054	65	0,09	65
ТОО «Тайынша»	KZT183231857	1443	67	-1359	69	0,13	69
ТОО «ЗКАП Амиран»	KZB158174418	1742	75	17	76	0,16	76
ТОО «ЗКАП Амиран»	KZB158174428	1755	70	721	71	-0,01	71
ТОО «ЗКАП Амиран»	KZB158174438	2049	71	-317	72	0,15	72
В среднем	1566	71	-369	72	0	73	

*GTPI – геномная оценка племенной ценности

**GRel – достоверность геномной оценки племенной ценности

Таблица 2.

Индексы основных селекционируемых признаков у отобранных бычков

Table 2. Indices of the main breeding traits in selected bulls

Показатели	Идентификационные номера бычков KZ			
	P157923673	B158174418	B158174428	B158174438
Выход молочного жира	25	43	24	28
Выход молочного белка	16	10	9	2
Пожизненная продуктивность	0,3	-2,6	-2,7	2,5
Соматические клетки	3,1	3,1	3,3	2,8
Индекс фертильности	-2	-0,8	-1,1	3,5
Легкость отела дочерей	6,8	8	9,7	6,1
Индекс типа	-1,04	1,11	0,51	1,09
Сводный индекс конечностей	-0,42	0,16	0,85	0,7
Сводный индекс вымени	-1,21	0,31	-0,23	2,08

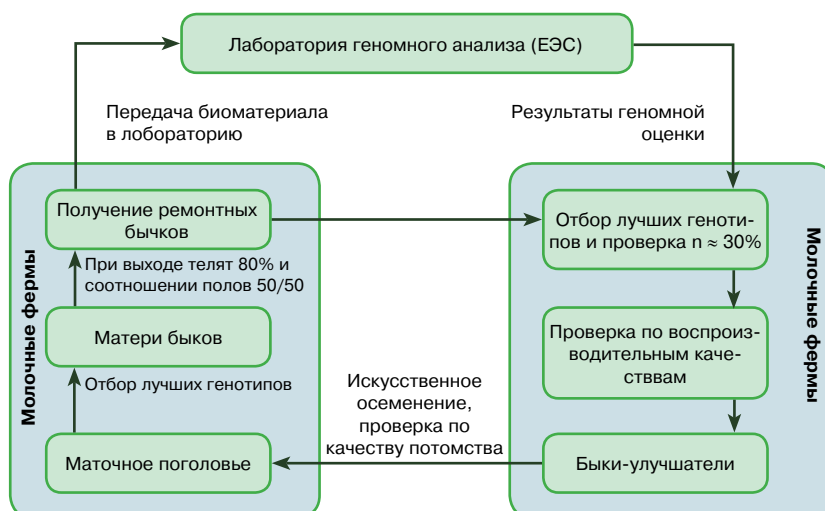
оказались у бычков KZB158174418 и KZB158174438, соответственно +0,16 и +0,15.

Таким образом, из 14 оцененных бычков для племенных целей было отобрано 4 будущих производителя с индексами племенной ценности по GTPI от 1539 до 2049 с достоверностью оценок от 70 до 75%. Детальное изучение племенной ценности этих бычков по остальным селекционным признакам показало, что из 4 генотипов наименьший индекс по экстерьеру установлен у бычка под № KZP157923673 (таблица 2).

При этом в целом по экстерьеру неплохие показатели обозначены у бычка под № KZ B158174438, кроме этого

Рис. Схема получения быков-улучшателей на раннем этапе

Fig. An early stage bull retrieval scheme



установлены наиболее высокие показатели по индексу фертильности и пожизненной продуктивности.

Основываясь на анализах геномной оценки 4 бычков, 3 были поставлены в племенной центр ТОО «Асыл» (№ KZB158174418, KZB158174428, KZB158174438). По достижению быков 13–14 месяцев были начаты работы по изучению их воспроизводительной способности.

Анализ полученных данных показал, что в среднем у трех быков время проявления половых рефлексов составило 78 с, средний объем эякулята был на уровне 3,7 мл, концентрация живчиков составила 1,07 млрд/мл, все остальные параметры находились на уровне допустимых норм. В целом, класс животных по воспроизводительной способности были на уровне элита рекорд.

Таким образом, к 15-месячному возрасту все быки получили положительные результаты оценок как по геномному анализу, так и по воспроизводительной способности, что позволило, в свою очередь, интенсивно получать спермопродукцию с последующей их реализацией.

На основании проведенных организационных и исследовательских работ разработана принципиальная

схема ранней оценки быков, которая позволяет в сжатые сроки обновлять генерацию производителей и в разы снизить затраты на их содержание (рис. 1).

Согласно представленной схеме, племенные центры проводят заказное спаривание быков с высокопродуктивными коровами. От полученного потомства отбираются биологические образцы и передаются в геномную лабораторию. После получения результатов геномного анализа племенные станции отбирают лучшие генотипы для проверки их по воспроизводительной способности с последующим получением и реализацией семени.

Выводы

Проведенный научно-практический опыт по получению ремонтных

бычков от заказного спаривания и проведения геномной оценки их племенной ценности позволил на раннем этапе отобрать лучшие генотипы. Это, в свою очередь, позволило сократить срок оценки быков как минимум с 5 лет до максимум 1,5 лет. Отсюда следует, что за счет использования в воспроизводстве молодых производителей эффект селекции в популяции повышается в 2–3 раза.

При этом, учитывая природно-климатические особенности республики, специфику разведения и кормления отечественных и зарубежных пород, целесообразно проводить геномный анализ племенной ценности скота на основе собственной референтной популяции. Однако учитывая малое количество племенного поголовья в стране, а также огромные затраты на создание подобной лаборатории, есть смысл создания единой референтной популяции племенного скота, объединив при этом поголовья стран-участников Евразийского Экономического Союза, а при расчете геномной племенной ценности животных учитывать страну происхождения каждого оцениваемого индивидуума.

ЛИТЕРАТУРА

1. Мымрин С.В., Мымрин В.С., Доник И.М. Геномная селекция — необходимое условие развития скотоводства России // Аграрный вестник Урала. 2014. № 4. С. 28–30.
2. Soller M. Marker assisted selection—An overview // Anim. Biotechnol. 1994. V. 5. P. 193–207.
3. Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps // Genetics. 2001. V. 157. P. 1819–1829.
4. Haley C.S., Visscher P.M. Strategies to utilize marker – quantitative trait loci associations // J. Dairy Sci. 1998. V. 81. № 2. С. 85–97.
5. Meuwissen T.H.E. Genomic selection: The future of animal breeding // Norwegian University of Life Sciences. Box 5003. 1432 As Norway. 2007. P. 88–91.
6. Goddard M.E., Hayes B.J. Genomic selection // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2007. V. 124. P. 323–330.

ОБ АВТОРАХ:

Карымсаков Талгат Николаевич, кандидат с.-х. наук, заместитель генерального директора Казахского НИИ животноводства и кормопроизводства, e-mail: kartalगत@mail.ru
Абугалиев Серимбек Курманбаевич, кандидат с.-х. наук, e-mail: ask1959@mail.ru
Баймуханов Дастанбек Асылбекович, член-корр. Национальной академии наук Республики Казахстан, доктор с.-х. наук, e-mail: dbaimukanov@mail.ru

REFERENCES

1. Mymrin S.V., Mymrin V.S., Donik I.M. Genomic selection is a necessary condition for the development of cattle breeding in Russia // Agrarian Bulletin of the Urals. 2014. № 4. P. 28–30. (In Russ.)
2. Soller M. Marker assisted selection: An overview // Anim. Biotechnol. 1994. V. 5. P. 193–207.
3. Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps // Genetics. 2001. V. 157. P. 1819–1829.
4. Haley C.S., Visscher P.M. Strategies to utilize marker – quantitative trait loci associations // J. Dairy Sci. 1998. V. 81. № 2. С. 85–97.
5. Meuwissen T.H.E. Genomic selection: The future of animal breeding // Norwegian University of Life Sciences. Box 5003. 1432 As Norway. 2007. P. 88–91.
6. Goddard M.E., Hayes B.J. Genomic selection // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2007. V. 124. P. 323–330.

ABOUT THE AUTHORS:

Talगत N. Karymsakov, Candidate of Agricultural Sciences, Deputy Director General of “Kazakh Research Institute of Animal Husbandry and Forage Production”, phone: + 7 (701) 408-71-67, e-mail: kartalगत@mail.ru
Serimbek K. Abugaliev, Candidate of Agricultural Sciences, phone: +7 (701) 733-14-53, e-mail: ask1959@mail.ru
Dastanbek A. Baimukanov, Corresponding Member of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, Doctor of Agricultural Sciences, phone: +7 (707) 148-06-68, e-mail: dbaimukanov@mail.ru