

Российская академия сельскохозяйственных наук

Государственное научное учреждение
Ярославский научно-исследовательский институт
животноводства и кормопроизводства

**СИСТЕМА
ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА
ЯРОСЛАВСКОЙ ПОРОДЫ
КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА**



Ярославль – 2006

Российская академия сельскохозяйственных наук

**Государственное научное учреждение
Ярославский научно-исследовательский институт
животноводства и кормопроизводства**

**СИСТЕМА
ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА
ЯРОСЛАВСКОЙ ПОРОДЫ
КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА**

Ярославль – 2006

УДК 636.2.082.4

Разработана в отделе селекции и генетики сельскохозяйственных животных ГНУ ЯНИИЖК коллективом авторов в составе: д.б.н. **В.Ф. Максименко**, д.б.н. **В.Ю. Лобкова**, (ЯНИИЖК), д.б.н., профессора **Н.А. Зиновьевой** (ВИЖ), д.б.н., профессора **Г.Е. Сулимовой** (ИОГЕН РАН) с использованием результатов генетической аттестации племенной продукции (материала) популяции ярославского скота.

Система генетического мониторинга ярославской породы крупного рогатого скота. – Ярославль, 2005. – 31 с.

Система предназначена для биологов, генетиков, научных сотрудников и специалистов племобъединений и племенных хозяйств.

Одобрена ученым советом ГНУ ЯНИИЖК (протокол № 5 от 13.10.2005 г.) и секцией молочного скотоводства отделения зоотехнии РАСХН (протокол № 4 от 21.12.2005 г.).

© Максименко В.Ф., Лобков В.Ю., Зиновьева Н.А., Сулимова Г.Е., 2006

© ГНУ Ярославский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, 2006

Введение

За последнее столетие антропогенное воздействие привело к исчезновению свыше тысячи видов позвоночных животных. Помимо неблагоприятных паразитических факторов воздействия (загрязнение среды, изменение кормовой структуры, изменение мест обитания и т.д.), сокращающих биоразнообразие, нерациональная хозяйственная деятельность уменьшает генетическую подразделенность видов, структуру видовых генофондов, снижает численность, продуктивность, продолжительность хозяйственного использования сельскохозяйственных животных, их устойчивость к заболеваниям.

В современных условиях ведения животноводства в стране наметилась тенденция вытеснения исторически сложившихся, созданных многолетним трудом селекционеров и народной селекцией аборигенных пород животных, адаптированных к конкретной экологической нише, импортным скотом. На грани исчезновения находятся сотни уникальных пород домашних животных.

Динамичное развитие животноводства невозможно без углубленного применения в практике селекционной работы разработок современной биологии. На данный момент достигнуты значительные успехи в изучении наследственного аппарата животных.

Маркеры различных типов, полученные на основе филогенетических признаков, антигенов крови, белкового полиморфизма, цитогенетического исследования кариотипа давно нашли применение в селекционной работе.

С развитием молекулярно-генетических методов установлены ДНК-маркеры, позволяющие получать информацию о полиморфизме генов, выявлять варианты отдельных генов и генных ансамблей, имеющих преобладающее распространение у групп организмов, несущих желательный комплекс признаков в данных средовых условиях. Современные ДНК тест-системы пригодны для проведения массовых анализов сельскохозяйственных животных. Тестирование генома значительно упростилось с появлением метода амплификации фрагментов ДНК с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР). ДНК-технологии используются для решения различных задач генетики и селекции сельскохозяйственных животных.

Все приведенные методы апробированы и применяются для оценки генетического статуса животных и предоставляют возмож-

ность направлено формировать генофонды с необходимыми генными сочетаниями.

В предлагаемом издании представлены результаты многолетних исследований по генетической сертификации ярославской породы скота.

Генетические особенности скота ярославской породы

Из исторических справок известно, что формирование черно-пестрого скота, как породы, произошло более 400 лет назад в провинции Фрисландия (Нидерланды). Краинологи-систематики относят этот скот к *Bos primigenius*. Издавна в Германии черно-пестрый скот известен под названием остфризского, в Великобритании – британо-фризского, в США, Канаде, Японии – голштино-фризского. В Россию черно-пестрый скот начали завозить в начале XVIII века из Голландии и использовали при создании холмогорской, бестужевской, тагильской и других пород скота (Дмитриев Н., 1978).

Иммуногенетическая характеристика некоторых популяций черно-пестрой и других пород крупного рогатого скота свидетельствует, что частота антигенов групп крови у черно-пестрого скота из разных географических зон колеблется довольно значительно. А. Машуров (1980) это объясняет тем, что данная порода имеет широкий ареал распространения. Однако анализ ЕАВ – аллелей групп крови у пород этого корня позволяет проследить определенное сходство между ними.

Сведения о происхождении ярославского скота в отечественной литературе противоречивы, однако, большинство исследователей склоняются к мысли, что ярославский скот произошел от великорусского скота. Однако, известно, что в разное время, и в небольших количествах, в Ярославскую губернию завозили голландскую, тирольскую, ангельянскую, симментальскую, алатаускую и холмогорскую породы (Дмитриев Н., 1978).

Иммуногенетика ярославского скота в связи с задачами селекции исследована достаточно широко (А.М. Машуров 1980; С.В. Уханов и др., 1993). К сожалению, в цитированных работах отсутствуют сведения о характере иммуногенетических взаимосвязей ярославского скота с другими породами и родственными видами. Материалы экспедиции «Генофонд», собранные в соответствии с проектом по

учету локусов антигенов у пород крупного рогатого скота, позволили высказать некоторые суждения относительно истории и краинологической генеалогии происхождения ярославского скота.

Установлено, что наименьшее сходство ($r = 0,5108...0,6821$) ярославская порода обнаруживает с представителями других родов, видов и подвидов: буйволами, яками, зубрами и зебу.

Среди представителей собственного крупного рогатого скота (*Bos taurus*) наименьшее сходство ($r = 0,7192...0,7342$) ярославская порода имеет с некоторыми мясными породами: кианской, лимузинской и светлой аквитанской. Наибольшее сходство ($r = 0,8566...0,8730$) ярославская порода имеет с группой пород, являющихся представителями разных краинологических корней. В частности, *Bos t. Brachyceros* – был представлен алатауской, aberдин-ангусской и пинцгаусской породами, *Bos t. primigenius* черно-пестрой украинской и ангельнской породами, *Bos t. brachycephalus* – красной горбатовской породами. Это обстоятельство свидетельствует в пользу гипотезы о том, что ярославская порода создана на основе великорусского скота методом народной селекции.

Путем вычисления средних величин иммуногенетического сходства (r), ошибки иммуногенетического сходства (m_r), генетической дистанции (d) определена точка расположения ярославской породы на гипотетической линейной модели подсемейства бычьих.

Координаты этой точки следующие:

$$r \pm m_r = 0,7829 \pm 0,0157$$

$$d = 0,2171$$

Полученные данные могут быть использованы при разработке мер по более рациональному применению генофонда ярославской породы. В частности, при создании новых пород, для передачи им высокого процента жира и белка в молоке, крепкой конституции и резистентности к заболеваниям. Генофонд ярославского скота может быть также эффективно использован в промышленном скрещивании с мясными породами с целью получения более качественной и недорогой говядины. Теоретической основой подбора пород для скрещивания может служить ожидаемый эффект гетерозиса у потомства, который тем существенней, чем выше генетические дистанции между породами.

Проведенными исследованиями установлен аллелофонд ЕАВ-локуса групп крови контролируемой части популяции ярославского скота и ее нового типа – Михайловского (табл. 1).

Таблица 1

**Аллелофонд ЕАВ-системы групп крови у животных
ярославской породы (2005 год)**

№ п/п	Обозначение ЕАВ-аллеля	Количество аллелей, F_i	Частота встречаемости аллеля, q_i	q_i^2
1	2	3	4	5
1	b	115	0,1106	0,01222726
2	A ₂ 'E ₃ 'F ₂ 'TK'	1	0,0010	0,00000092
3	A ₂ 'E ₃ 'GT'Q'	1	0,0010	0,00000092
4	A ₂ 'O'	8	0,0077	0,00005917
5	A ₂ 'O ₂	1	0,0010	0,00000092
6	A ₂ 'Q'	2	0,0019	0,00000370
7	B'E ₃ 'G'	38	0,0365	0,00133506
8	B ₁ O ₂ D'	1	0,0010	0,00000092
9	B ₂ I'P'Q'Y'	63	0,0606	0,00366956
10	B ₂ O ₂	1	0,0010	0,00000092
11	B ₂ O ₂ D'	1	0,0010	0,00000092
12	B ₂ Y ₂ E ₃ 'G"	1	0,0010	0,00000092
13	B ₂ Y ₂ E ₃ 'G'	2	0,0019	0,00000370
14	B ₂ Y ₂ E ₃ 'G'G"	6	0,0058	0,00003328
15	B ₂ Y ₂ E ₃ 'G'Y'	32	0,0308	0,00094675
16	B ₂ Y ₂ E ₃ 'G'Y'G"	3	0,0029	0,00000832
17	B ₂ Y ₂ E ₃ 'Y'	1	0,0010	0,00000092
18	B ₂ Y ₂ G'Y'	1	0,0010	0,00000092
19	D'E ₃ 'F ₂ 'G'O'	35	0,0337	0,00113258
20	D'GT'G"	1	0,0010	0,00000092
21	E ₃ '	2	0,0019	0,00000370
22	E ₃ 'GT'	3	0,0029	0,00000832
23	G ₂ O ₂ E ₂ '	59	0,0567	0,00321838
24	G ₂ O ₂ E ₂ 'Q'	1	0,0010	0,00000092
25	G ₂ O ₂ Y ₂ E ₂ '	1	0,0010	0,00000092
26	G ₂ Y ₂ E ₂ '	1	0,0010	0,00000092
27	G ₂ Y ₂ E ₃ 'Q'	2	0,0019	0,00000370
28	G ₃ O ₃	2	0,0019	0,00000370
29	G ₃ O ₃ Y ₂ A ₂ '	1	0,0010	0,00000092
30	I ₁	1	0,0010	0,00000092
31	I ₁ Y ₂ E ₃ '	1	0,0010	0,00000092
32	I ₂	235	0,2260	0,05105862
33	I ₂ P ₂ Y ₂ GT'G"	1	0,0010	0,00000092
34	O'	3	0,0029	0,00000832
35	O ₁	1	0,0010	0,00000092
36	O ₁ A ₁ '	2	0,0019	0,00000370
37	O ₁ E ₃ '	1	0,0010	0,00000092

Окончание табл. 1

1	2	3	4	5
38	O ₂	3	0,0029	0,00000832
39	O ₂ A ₂ '	1	0,0010	0,00000092
40	O ₂ D'	21	0,0202	0,00040773
41	O ₂ Y ₂ D'	1	0,0010	0,00000092
42	O ₃	2	0,0019	0,00000370
43	O ₃ Y ₂ A ₂ 'D'E ₂ '	3	0,0029	0,00000832
44	P ₂ 'E ₃ T'	207	0,1990	0,03961631
45	Q'	92	0,0885	0,00782544
46	Y ₂	1	0,0010	0,00000092
47	Y ₂ A ₂ '	77	0,0740	0,00548169
48	Y ₂ A ₂ 'O'	1	0,0010	0,00000092
	Итого	1040	1,0000	
			Гомозиготность по ЕАВ-локусу	0,12710059

Аллелофонд специфичен для каждого отдельно взятого породного образования. Он формировался под влиянием как селекционных, так и параптических факторов. Вследствие этого, представляется возможным использование дополнительного критерия (в частности аллелей, детерминирующих локусы групп крови) при определении принадлежности отдельно взятой особи к породному образованию. Данные таблицы 1 свидетельствуют о том, что в популяции ярославского скота, в ЕАВ-системе наиболее часто встречаются аллели: I₂ (генная частота 0,2260); P₂I(P₂E₃T') - 0,1990; Q' - 0,0885; Y₂A₂' - 0,0740; B₂O₂ - 0,0606; G₂O₂E₂' - 0,0567 и др. Всего в современной популяции ярославского скота в ЕАВ-системе выделено 48 аллелей (2005 год).

Изучение аллелофонда животных показало, что проводимая селекционная работа с ярославским скотом способствовала закреплению в генофонде животных со специфическими ЕАВ-аллелями и они поддерживаются отбором и подбором в ряде поколений. Прослежена динамика частот ЕАВ-аллелей за три этапа 1970 г., 2000 г. и 2005 года. В эти периоды наблюдается элиминация BGKO₃E₁'F₂'O', B₂O₁Y₂, B₂QT₁A'E₃'P₂'Q', O₁Y₂, B₂I', I'G'O', I'O', O₁B' аллелей.

В последние 20-25 лет, в связи с расширением селекционных работ по размножению животных нового типа ярославского скота, в стаде-оригинаторе (СПК «Михайловское») широкое распространение получают животные с аллелями, присущими голштинской породе американской, канадской и европейской селекции. К таким генетическим маркерам относятся B₂O₂Y₂D' (q = 0,0650), B₂G₂ (q = 0,0175),

$G_2O_2Y_2D'$ ($q=0,0325$) , $G_3Y_2E_1'Q'$ ($q = 0,1153$), $G_2E_2'Q'$ ($q=0,0173$), $O_2A_2'J_2'K'O'$ ($q=0,0463$), $E_3'G''$ ($q=0,0175$) и др. Ограничение ареала разведения животных ярославской породы требует контроля генетической изменчивости в стадах. Наиболее близкими по степени родства являются стада племзавода СПК «Горшиха» и племзавода СПК «Ярославка» ($r = 0,7045$), наиболее удалены СПК «Красный Октябрь» ($r = 0,2616$) и СПК «Михайловское» ($r = 0,0486$). С точки зрения селекционных проблем подобная разнокачественность ведущих племенных заводов в породе и должна быть. Поддержание данного генетического своеобразия обеспечит прогресс породы и повысит ее конкурентоспособность. Долговременный контроль за состоянием популяционных генофондов, оценка и прогнозирование их динамики во времени и пространстве, определение пределов доступных изменений и составляет основную цель генетического мониторинга.

Филогенетический статус породы

Использование различных методов контроля за генетическим разнообразием у животных генофондных популяций, в том числе и по аллельному составу ЕАВ-системы, является важной задачей сохранения генетического материала аборигенных пород и надежного мониторинга состояния подконтрольных стад.

Определение генетических расстояний между изучаемыми группами животных предоставляет достоверную возможность понимания процессов возникновения и совершенствования популяций, пород. Точность и чувствительность иммуногенетического метода анализа достаточны для выявления генетической дивергенции.

Межпородную генетическую дивергенцию рассматривали на примере: черно-пестрой, холмогорской, голштинской, голландской, истобенской, тагильской, черно-пестрой, ярославской пород и Михайловского типа крупного рогатого скота.

Из анализа показателей генетических дистанций приведенных пород следует, что наименьшее генетическое расстояние отмечается между голландской и истобенской породами ($d = 0,0588$) (рис.1). Соответственно по генетическому расстоянию эти породы наиболее родственны. Кластер Б образуют ярославская порода с породами ($d = 0,0982$), образующими кластер А. Затем по степени родства из исследуемых групп животных разных пород идут (кластер В) черно-пестрая европейского типа и голштинская ($d = 0,2125$).

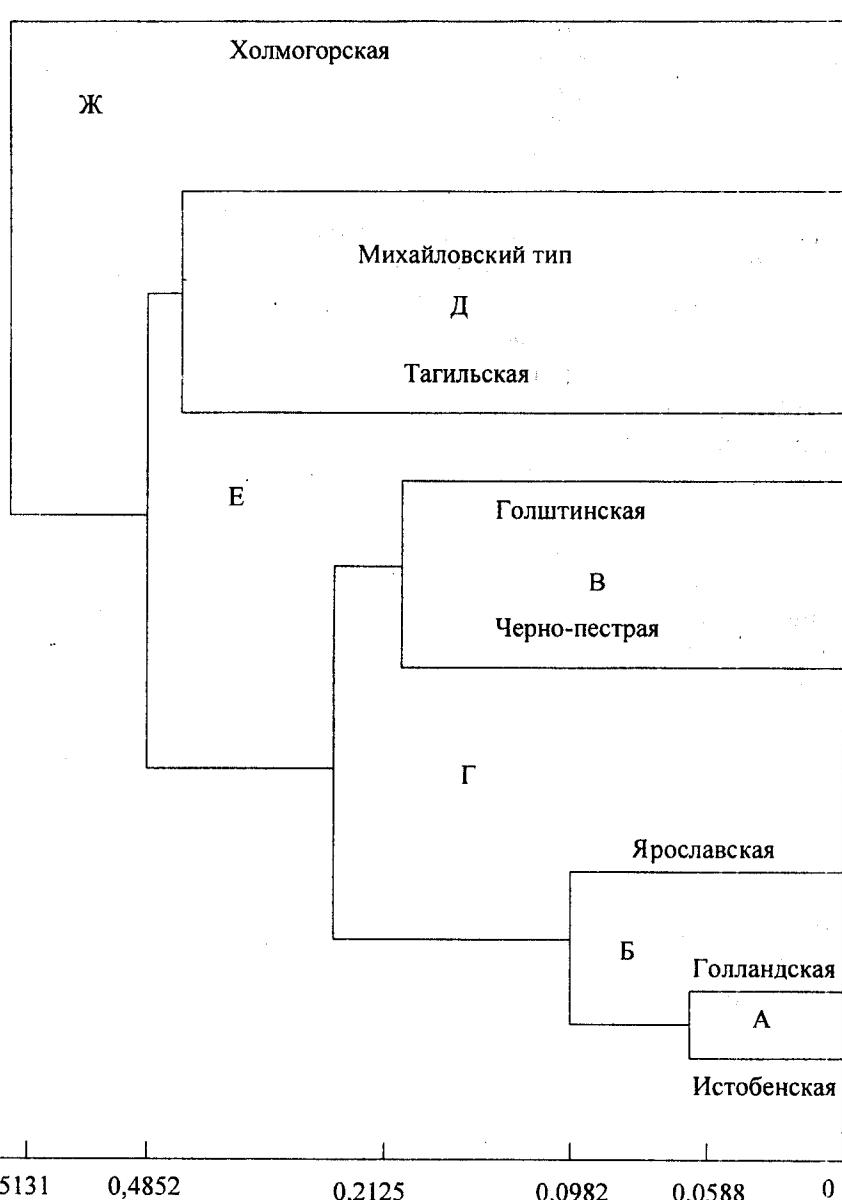


Рис. 1. Дендрограмма, характеризующая генетическое расстояние между породами крупного рогатого скота черно-пестрого корня

Обособленность этих двух пород подтверждает определенное генетическое различие между ними, в то же время, небольшая величина генетической дистанции указывает на генетическую родственность этих популяций. Тагильская порода и Михайловский тип образуют кластер Д ($d = 0,4852$).

Особое место занимает холмогорская порода. Значительная генетическая дистанция, в сравнении с другими исследуемыми породами ($d = 0,5131$), указывает на генетическую отдаленность этой породы. В то же время по результатам исследований можно определить, что в образовании холмогорского скота в той или иной степени принимали участие вышеприведенные породы.

Проведенная по подсистеме Correl GK оценка минимальных и максимальных расстояний по ЕАВ-системе показала, что основа черно-пестрой породы по ЕА-системе крови прослеживается практически по всем популяциям.

Подтверждением выше изложенных данных являются характеристики, показывающие степень консолидации подконтрольных популяций с наиболее общим генотипом. Оценка проведена с учетом распределения Х-критерия Ван-дер-Вардена. Полученные результаты показывают, что без ущерба точности оценки для определения генетической дистанции породных групп можно использовать 21-26 антигенов ЕАВ-системы.

Разведение по линиям давно считается одним из эффективных методов совершенствования пород скота. Возникшее новое изменение у отдельных особей в популяции не может удержаться без изоляции этих особей. Основой дальнейшей работы с такими особями является внутрилинейный подбор, составляющий сущность метода разведения по линиям. Многие авторы указывают на большую сложность метода разведения по линиям и доступность его только талантливым селекционерам.

Все это свидетельствует о незаконченности разработки метода линейного разведения, что создает определенные трудности в работе селекционеров, решающих эти задачи.

До последнего времени заводские линии в ярославской породе крупного рогатого скота дифференцировались, главным образом, по родословным, особенностям экстерьера и продуктивности животных. При этом оценка генетического сходства продолжателей линий с родоначальниками, отбираемых обычно в молодом возрасте, в значи-

тельной степени зависит от интуиции селекционера. Большую помощь в этом могут оказать генетические маркеры групп крови.

Основное влияние на формирование генофонда племенных стад, благодаря широкому применению искусственного осеменения и разведению по линиям, оказывают быки-производители Ярославского племпредприятия. Поэтому в первую очередь мы исследовали аллелофонд групп крови быков-производителей.

Генетический анализ популяции быков-производителей был начат с уточнения родословных, установления аллелей и генотипов. Спектр аллелей и их частота в анализируемых линиях имеет свои особенности. В сложных локусах, как, например B , C и S , у быков каждой линии можно найти специфические аллели. Высокая концентрация определенных аллелей объясняется широким использованием в стадах отдельных быков-производителей с данным аллелем. В других линиях частоты маркерных EAB -аллелей не столь значительны, так как у многих быков-производителей они были заменены в процессе селекции аллелями, унаследованными со стороны матерей. Не менее различительными оказались различия в C -системе групп крови. В остальных локусах групп крови, кроме S -системы, линии различались только частотами аллелей. В этой связи можно отметить довольно высокую частоту аллелей V в FV -системе и R' в $R' S'$ -системе групп крови. Детальный генетический анализ с учетом EAB -аллелей групп крови показал, что среди быков-производителей той или иной линии самыми распространенными являются аллели родоначальника (табл.2). Частота этих аллелей у быков-продолжателей линий, как правило, выше, чем у коров этих же линий и их потомства.

Основой разведения по линиям является поддержание максимального генетического сходства потомства с родоначальником. Однако зоотехнической наукой пока еще не до конца отработаны научные методы определения генетического сходства с родоначальником, хотя попытки в этом направлении предпринимались неоднократно.

В последние годы в соответствии с программой селекции удалось ограничить кроссирование линий, в особенности тех, в которых сформировалось несколько ветвей (родственных групп). Более строгое разведение по линиям способствовало их консолидации, особенно при выведении быков-продолжателей линий, а использование генетических маркеров групп крови позволило контролировать их уровень гомогенности.

Таблица 2

Индексы генетического сходства быков - производителей по группам крови

Линии	Чародей	Невод	Вольный	Добрый	Март	Мурат	Магнат	Марс	Чибис
Чародей	X	-	-	-	-	-	-	-	-
Невод	0,48	X	-	-	-	-	-	-	-
Вольный	0,38	0,61	X	-	-	-	-	-	-
Добрый	0,62	0,52	0,69	X	-	-	-	-	-
Март	0,51	0,77	0,71	0,74	X	-	-	-	-
Мурат	0,63	0,69	0,61	0,58	0,72	X	-	-	-
Магнат	0,49	0,66	0,39	0,64	0,48	0,59	X	-	-
Марс	0,65	0,49	0,58	0,51	0,39	0,65	0,49	X	-
Чибис	0,57	0,43	0,59	0,57	0,42	0,51	0,62	0,52	X
Жилет	0,42	0,68	0,75	0,72	0,84	0,77	0,47	0,58	0,72

Так, относительную самостоятельность сохраняют быки линий Магната, Чибиса, Марса.

Один из принципов линейного разведения состоит в создании внутри породы высокопродуктивных групп животных с консолидированной наследственностью, сохранении у них удачных комбинаций генов, передачи их по наследству и усилении в потомстве.

Гипотетически установлено, что в генотипах линейных животных происходит концентрация аддитивных генов и формируются ассоциации генетических маркеров с селекционными признаками (Быковченко Ю., 1991; Чернушенко В., 1992). Однако наглядно проследить за этим процессом в практической работе нельзя, об этом может свидетельствовать лишь косвенный эффект, который проявляется в фенотипе животного. Методы иммуногенетики позволяют наглядно видеть сходство животных по ряду маркерных генов.

Деление породы на микропопуляции (родственные группы, семейства, линии, типы) позволяет в последующем соединять их для повышения жизненности, плодовитости, продуктивности, получения комбинационного эффекта за счет использования действия неаддитивных генов, а также снижения действия полулетальных генов, накапливающихся при родственном линейном подборе (инбридинге).

Однако, все эти приемы оказываются эффективными тогда, когда между линиями достигнута определенная дифференциация как в фенотипическом, так и в генетическом плане.

Для фенотипических признаков эта задача решается просто, так как показатели продуктивности постоянно учитываются и фиксируются в зоотехнических документах. Сложнее обнаружить генетическую дифференциацию. Исследования показали, что в ярославской породе величина генетической дистанции (Δd) достаточно выражена и составляет в среднем 0,2940, с колебаниями от 0,1020 (Чародей - Мак) до 0,5880 (Вольный - Мак).

Анализ рангового положения линий по среднему их генетическому расстоянию от всей совокупности линейных животных показал, что оно соответствует селекционной значимости линий в породе и их вкладу в общий аллелофонд. Так, генеалогическая линия Чародея оказалась наиболее удалена от других линий, а новые родственные группы Мака, Твердого и Невода имеют наименьшую дистанцию от всех других линий, то есть они ближе к основным заводским линиям (табл. 3).

Таблица 3
Генетическая дистанция между заводскими линиями и родственными группами по ЕАВ-аллелям

Линия (родственная группа)	группы крови								P.J. Heboza 492		
	Lodopro	Marptra	Martara	Borhoro	Hapoeae	Knijera	P.R. Makra 105	P.R. Tepatiro 577			
Доброго	X	0,1826	0,2230	0,3140	0,1620	0,2630	0,1415	0,4430	0,1128	0,1230	0,1826
Марта	-	X	0,3440	0,4620	0,3280	0,2840	0,1840	0,4230	0,2240	0,3132	0,3440
Магната	-	-	X	0,2630	0,2840	0,3240	0,4930	0,3020	0,2780	0,2026	0,2018
Мурата	-	-	-	X	0,2240	0,4430	0,3980	0,4260	0,3440	0,3180	0,1840
Марса	-	-	-	-	X	0,2640	0,4048	0,3620	0,2640	0,2430	0,1920
Вольного	-	-	-	-	-	X	0,3040	0,5230	0,5880	0,4082	0,3440
Чародея	-	-	-	-	-	-	X	0,4240	0,1020	0,3890	0,4680
Жилета	-	-	-	-	-	-	-	X	0,3440	0,3280	0,5480
P.R. Makra 105	-	-	-	-	-	-	-	-	X	0,2840	0,1840
P.R. Тверского	-	-	-	-	-	-	-	-	-	X	0,2060
P.R. Невода 492	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	X

Данные исследований показали, что сформировавшиеся в последнее время линии и родственные группы отличаются, главным образом, частотами ЕАВ-аллелей групп крови, которые могут быть использованы в качестве их генетических маркеров (табл. 4).

Таблица 4

Частота основных ЕАВ-аллелей групп крови в потомстве отдельных линий ярославской породы крупного рогатого скота

№ п/п	Линия	Вольного	Марта	Доброго	Марса	Мурата	Магната
		Число быков, продолжателей линии					
	Аллель	8	4	4	5	6	4
	Число потомков	336	168	274	192	97	120
1	BGKE ₂ 'F'O'	-	-	0,025	0,072	-	-
2	BQT ₁ A'P'	0,005	0,003	0,001	-	0,046	0,016
3	BQT ₂ GP'B"	0,009	0,007	0,005	0,060	-	0,033
4	BO ₁	0,045	0,050	0,032	0,053	0,032	0,060
5	B ₂ TP'Q'Y'	0,022	0,138	0,231	0,009	-	0,041
6	BE ₃ 'G'	0,032	0,011	0,027	-	-	-
7	G ₂ O ₂ E ₂ '	0,009	0,045	0,013	0,018	0,007	0,100
8	I ₁	0,003	0,018	0,018	0,040	0,059	0,059
9	I ₂	0,167	0,090	0,060	0,024	0,026	0,100
10	O ₂	0,030	0,045	0,136	0,081	0,013	0,012
11	O ₂ Y ₂	0,007	0,015	0,005	0,003	0,247	0,012
12	O ₂ D'	0,096	0,056	0,083	0,050	0,032	0,133
13	P ₁ E ₂ 'T'	0,082	0,250	0,025	0,012	0,039	0,016
14	Y ₂ A ₂ '	0,076	0,042	0,050	0,015	0,007	0,020
15	A ₂ 'O'	0,008	0,009	0,021	0,119	0,071	0,080
16	D'E ₃ 'F ₂ 'G'O''	0,010	0,015	0,020	0,148	0,234	0,033
17	b	0,329	0,100	0,166	0,150	0,084	0,170
	Итого	0,930	0,898	0,918	0,854	0,897	0,885

Приведенные данные свидетельствуют о том, что заводские линии в популяции ярославского скота дифференцируются по некоторым генам групп крови. Однако у них встречается и много общих генов, причем в сравнительно высоких концентрациях. Это объясняется тем, что в небольших популяциях, какими являются стада «Горшиха», «Красный Октябрь», «Михайловское» и «Ярославка», из-за опасения тесного инбридинга часто использовались межлинейные кроссы. Именно они способствовали перераспределению генов и повышению сходства между линиями.

Таким образом, при достаточной изученности высокопродуктивных племенных стад возникает возможность участвовать в поро-дообразовательном процессе на молекулярном уровне и сделать выбор оптимальной стратегии селекции при внутрипородном совершенствовании молочного скота (Быковченко Ю., 1991 и др.).

Руководствуясь накопленными знаниями в области иммуногенетики ярославского скота, мы попытались использовать их в селекции для совершенствования существующих и закладке новых родственных групп в породе, маркируя быков-продолжателей ЕАВ-аллелями их родоначальников. Примеры генетической дифференциации родственных групп и их маркирования представлены на рисунке 2.

Бык Номер 497, линия Жилета

Племенная ценность:

По удою	+281 кг
По % жира	+0,25%
По м.ж.	+22,1 кг
По % белка	+0,02%

Категория А₁Б₁

Дифференциация родственной группы по группам крови

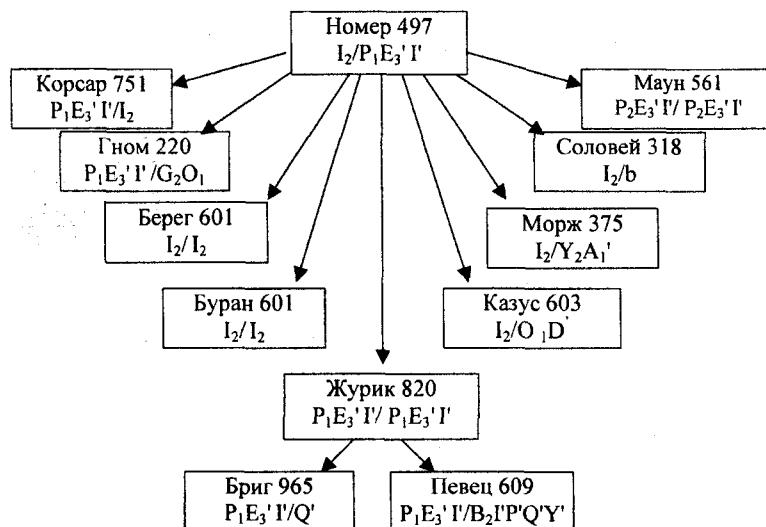


Рис. 2. Дифференциация родственной группы Номера 497

Обобщая изложенное по иммуногенетической характеристике ярославского скота, можно сделать следующее заключение:

1. Селекция популяций крупного рогатого скота неизбежно сопровождается изменением их генетической структуры. Эти изменения касаются не только селекционируемых признаков, но также и тех признаков, по которым отбор непосредственно не проводился, например, по генетическим маркерам групп крови. На генетическую структуру популяций по маркерным генам влияют: система спаривания, генетико-автоматические процессы, иммуногенетические взаимоотношения родителей и потомков.

2. Руководствуясь выявленными закономерностями можно предположить, что основой всестороннего улучшения и регуляции генетической структуры породы является научно обоснованная система использования линейных животных - улучшателей, лидеров породы, характеризующихся консолидированной наследственностью, высокой продуктивностью, выявленных с использованием маркерных генов. Это направление закладывает основу зоомаркерной селекции.

Сочетание иммуногенетической оценки генетического сходства между особями с анализом их генотипов может оказать несомненную помощь в более обоснованном и целенаправленном планировании селекционно-племенной работы, способствовать повышению ее эффективности. Задача состоит в том, чтобы накопить иммуногенетические данные по нескольким поколениям животных, прежде всего в заводских стадах, существенно влияющих на генетический потенциал породы.

3. Генетический анализ селекционных процессов в структуре линейных быков-производителей позволил установить, что отбор и подбор животных в сочетании с инбридингом способствует концентрации в линиях аллелей родоначальника.

Система селекции быков-производителей в работе по выведению генетически маркированных линий отвечает основным задачам линейного разведения – быстрее консолидировать в потомстве гены выдающегося предка, не допуская при этом инбредной депрессии.

Полученные материалы предоставляют возможность использовать наследственную информацию на генном уровне для управления генетической структурой популяции, направленной на сохранение и тиражирование требуемых качеств животного, определять пути использования ЕА-систем групп крови при разведении ярославской по-

роды крупного рогатого скота, сохранения и рационального использования ее генофонда.

Предполагаемые методические основы зоомаркерной селекции позволяют повысить эффективность селекции ярославского скота при чистопородном разведении и значительно сократить сроки выведения новых заводских линий.

Усовершенствованный метод получения хромосом крупного рогатого скота с низкой спирализацией

Для культивирования клеток использовалась среда Игla с глютамином (табл.5).

Таблица 5

Схемы приготовления хромосомных препаратов

Се- рия	Среда	ФГА, МО22 или- тельн. кон- центр.	Колхи- цин, Ф071	Гипотон. обработка	1 Фикса- тор, 60 g	2 Фик- сатор, 60 g	3 Фик- сатор, 60 g	Предметное стекло
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	Игла с глютами- ном	72 часа 0,1 мл	2 часа, 5 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4 ⁰ C	10 мин	10 мин	Охлажден- ное +2+4 ⁰ C
1a	2 паралл.							
2	Игла с глютами- ном	72 часа 0,1 мл	2 часа, 10 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4 ⁰ C	10 мин	10 мин	Охлажден- ное +2+4 ⁰ C
2a	2 паралл.							
3	Игла с глютами- ном	72 часа 0,1 мл	2 часа, 15 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4 ⁰ C	10 мин	10 мин	Охлажден- ное +2+4 ⁰ C
3a	2 паралл.							
4	Игла с глютами- ном	72 часа 0,1 мл	2 часа, 10 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4 ⁰ C	10 мин	10 мин	Влажное
4a	2 паралл.							
5	Игла с глютами- ном	72 часа 0,1 мл	2 часа, 10 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4 ⁰ C	10 мин	10 мин	фламбирова- ние
5a	2 паралл.							
6	Игла с глютами- ном	72 часа 0,1 мл	2 часа, 10 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4 ⁰ C	10 мин	10 мин	фламбирова- ние
6a	2 паралл.							

Окончание табл. 5

1	2	3	4	5	6	7	8	9
7	Игла с глютамином	72 часа 0,1 мл	2 часа, 10 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4°C	10 мин	10 мин	фламбирование
7a	2 паралл.							
8	Игла с глютамином	72 часа 0,1 мл	1,5 часа, 5 мкг	KCL 0,56% 10 мин	10 мин+20 мин при +4°C	10 мин	10 мин	фламбирование
8a	2 паралл.							

Качество препаратов контролировали под микроскопом при увеличении 10x-20x и вносили соответствующие корректизы по густоте, качеству и чистоте препарата. При низкой концентрации образец центрифугировали, клетки ресуспендировали в меньшем объеме. Если препарат был слишком густым, взвесь разбавляли фиксатором. При сильном загрязнении сопутствующими белками или плохом разбросе хромосом, заменяли фиксатор на содержащий большое количество уксусной кислоты (до 1/3 объема), или проводили через несколько смен фиксатора. С этой же целью можно отмыть клетки в 45% уксусной кислоте (в этом случае препарат пригоден только для монохромной окраски). Кроме того, в данном случае перед центрифугированием в пробирку необходимо добавить около трети от объема взвеси метанола.

Анализ свыше 800 метафазных пластинок показал, что оптимальный вариант получен при культивировании лимфоцитов продолжительностью 72 часа в питательной среде Игла с глютамином, концентрацией ФГА 0,1 мл маточного раствора, концентрацией колхицина 10 мкг при длительности обработки в течение 2 часов, гипотонической обработкой 0,56% KCL в течение 10 минут и 40 минутной фиксацией (рис 3).



Рис.3. Метафаза белой кровяной клетки крови у животного ярославской породы

По данным таблицы 6 видно, что существуют определенные различия параметров хромосом гаплоидного набора у крупного рогатого скота.

Таблица 6

Размеры хромосом гаплоидного набора у крупного рогатого скота

Номер хро-мосомы	Черно-пестрая порода (Гольдман И.Л., 1969)	Ярославская порода (Лобков В.Ю., 1993, 2003)	Номер хромо-сомы	Черно-пестрая порода (Гольдман И.Л., 1969)	Ярославская порода (Лобков В.Ю., 1993, 2003)
1	59,2 ± 1,0	61,7 ± 1,2	16	29,1 ± 0,2	30,8 ± 0,3
2	52,6 ± 0,6	55,6 ± 0,7	17	27,5 ± 0,4	29,6 ± 0,5
3	49,6 ± 0,9	52,6 ± 0,8	18	26,8 ± 0,3	28,7 ± 0,4
4	47,3 ± 0,5	50,5 ± 0,6	19	26,1 ± 0,4	27,9 ± 0,5
5	45,5 ± 0,6	49,5 ± 0,5	20	24,8 ± 0,4	26,7 ± 0,5
6	43,6 ± 0,4	46,8 ± 0,3	21	24,0 ± 0,4	26,2 ± 0,5
7	41,4 ± 0,4	45,4 ± 0,4	22	23,1 ± 0,4	25,4 ± 0,4
8	40,3 ± 0,4	42,3 ± 0,3	23	22,4 ± 0,3	24,6 ± 0,4
9	39,0 ± 0,4	41,1 ± 0,4	24	21,3 ± 0,3	23,2 ± 0,4
10	37,8 ± 0,3	39,6 ± 0,3	25	20,4 ± 0,5	22,3 ± 0,6
11	36,5 ± 0,5	37,3 ± 0,4	26	19,6 ± 0,5	21,5 ± 0,5
12	35,0 ± 0,4	36,2 ± 0,3	27	18,5 ± 0,4	20,6 ± 0,5
13	33,1 ± 0,4	34,3 ± 0,4	28	17,5 ± 0,4	19,5 ± 0,3
14	31,4 ± 0,4	33,4 ± 0,4	29	16,0 ± 0,2	18,3 ± 0,2
15	30,1 ± 0,2	31,9 ± 0,3	X	59,9 ± 1,3	61,9 ± 1,1
			Y	22,4 ± 0,9	24,6 ± 0,8

Наибольшие расхождения в длине аутосом отмечаются у первых хромосом. Относительные размеры средней группы (12-16) аутосом у всех исследователей практически идентичны.

Различия по длине между X-хромосомами коров достигают 12-15%. Центромерный индекс X-хромосомы составляет около 30%. Как мы полагаем, различия в линейных размерах хромосом, полученные разными исследователями объясняются не столько породными особенностями, а в большей мере различной степенью спирализации метафазных пластинок, взятых в анализируемые выборки.

Полученные экспериментальные данные позволяют сделать следующие заключения:

1. Из апробированных режимов лучшие метафазные пластиинки получали при культивировании лимфоцитов в питательной среде Иг-ла с глютамином, концентрацией ФГА 0,1 мл маточного раствора, продолжительностью культивирования 72 часа, концентрацией кол-

хицина 10 мкг при длительности обработки в течение 2 часов, гипотонической обработкой 0,56% KCL в течение 10 минут и 40 минутной фиксацией (серия 6).

2. Препараты из клеточной суспензии хорошего качества можно получать при различном состоянии предметного стекла: влажном, охлажденном (до +2⁰ +4⁰), подогретом (до 40⁰-50⁰С).

3. Сушка препаратов возможна как на воздухе, так и над пламенем спиртовки. Обработка огнем дает хороший разброс хромосом.

Новые системы молекулярно-генетического маркирования генома ярославского скота

Новый класс генетических маркеров появился в середине 1980-х гг., после открытия полиморфизма ДНК, благодаря развитию методов выделения, клонирования и рестрикции генов. Решающую роль в становлении и развитии «новой генетики» сыграло открытие полиморфной цепной реакции. Поскольку преобладающая часть генома не вовлечена в какие-либо известные и важные функции, соответствующие участки не кодирующей ДНК обнаруживают уровни полиморфизма, многократно превосходящие все, что известно о полиморфизме белков.

Успешное развитие большинства генетических, молекулярно-генетических и генетико-селекционных исследований определяется наличием достаточного количества информативных генетических маркеров. Для определения генетических маркеров используются различные методические подходы. Наиболее эффективным оказались молекулярные методы, позволившие создать тест-системы белкового полиморфизма.

Изучение полиморфизма генов каппа-казеина, бета-казеина, альфа-лактальбумина, гормона роста и пролактина у животных ярославской породы проведено в 2003-2005 гг.

Генотипирование ярославского скота по вариантам каппа-казеина

Среди множества генов, контролирующих молочную продуктивность и качество молока, можно выделить группу мажорных генов, вносящих наибольший вклад в формирование и функционирование данного количественного признака. К таким генам относится ген каппа-казеина.

В конце 80-х годов XX века появились сообщения о том, что качество молока и возможность его использования в сыроварении в значительной степени зависит от аллельных вариантов каппа-казеина. Определение аллельных вариантов по белкам молока не представляет трудностей, но их нельзя определить у молодняка и производителей. Классическим способом на такие исследования требуется минимум 5 лет.

Результаты исследований показали, что популяция чистопородного ярославского скота характеризуется большим разнообразием генотипов каппа-казеина, по сравнению с животными Михайловского типа (табл. 7).

Таблица 7
Частоты встречаемости аллелей и генотипов каппа-казеина

	Частоты встречаемости, %	
	Ярославская порода, n = 50 гол.	Михайловский тип, n = 50 гол.
Аллели		
A	57,0	68,0
B	31,0	25,0
E
F	3,0	1,0
C	5,0	4,0
G	4,0	2,0
Генотипы		
AA	44,0	40,0
AB	26,0	50,0
BB	14,00	...
AC	...	4,0
CG	4,0	4,0
AF	...	2,0
GG	2,0	...
BC	2,0	...
AG
BE
AE
CC	2,0	...
CE
BF	6,0	...

У ярославских коров было выявлено 8 генотипов, среди них частота встречаемости генотипа AA составила 44%, AB-26%, BB-14%. У коров Михайловского типа соответственно AA - 40%, AB - 50%, а животных с гомозиготным генотипом BB не установлено.

В стаде СПК «Михайловское» установлены редкие аллельные варианты каппа-казеина, такие как F, C и G.

Сыр, сделанный из молока животных, имеющих генотип BB, содержит больше белка и меньше жира (24,7% и 33,18% соответственно), чем при генотипе AA (24,22 и 33,71%).

Возрастающее значение производства белковой продукции с пониженным содержанием жира диктует необходимость использования генетических и селекционных методов для повышения экономической эффективности этого производства. В связи с этим было предложено считать генотип каппа-казеина экономически важным селекционным критерием для молочных пород крупного рогатого скота.

В ведущих генетических центрах мира проводятся исследования пород крупного рогатого скота по идентификации и рациональной утилизации казеиновых генотипов (Л. Калашникова и др., 1999). Данные, опубликованные в США, показывают, что соотношение генотипов BB каппа-казеина для джерсейской породы составляет 80%, бурой швицкой- 65%, голштино-фризской – 20 %.

Установлено, что все локальные породы существенно отличаются более высоким уровнем гетерозиготности, по сравнению с коммерческими. Так, для всех групп голштинов, гетерозиготность не превышала 31%, для симменталов гетерозиготность наблюдалась на уровне 8%, тогда как для локальных пород она варьировала от 44 % до 72%.

Таким образом, полученные данные свидетельствуют о том, что исследованные локальные породы могут служить источником повышения частот встречаемости генотипов BB каппа-казеина. Увеличение частоты встречаемости B-аллеля у ряда локальных пород может быть связано с тем, что среди животных этих групп отсутствует интенсивность отбора, поскольку имеются литературные данные о том, что при увеличении интенсивности отбора наблюдается снижение частоты встречаемости аллельного варианта B каппа-казеина (Г.Сулимова и др., 1992).

Исследования коров ярославской породы в стаде СПК «Михайловское» выявили тенденцию, указывающую на связь генотипа BB с отдельными параметрами молочной продуктивности: с удоем BB>AA, +570 кг, P>0,95; МДЖ BB>AA, +0,11%; молочным жиром BB>AA, +31,9 кг, P>0,99; МДБ BB>AA, +0,21%, P>0,95; молочным белком BB>AA, +28,1 кг, P>0,99 (табл.8).

Таблица 8

Молочная продуктивность коров ярославской породы в связи с отдельными генотипами каппа-казеина по I лактации ($n = 220$ гол.)

Наименование селекционных параметров	Генотипы каппа-казеина		
	АА	АВ	ВВ
«Горшиха»			
Удой, кг	4107	4146	4053
МДЖ, %	4,46	4,39	4,34
Мол.жир, кг	183,0	181,8	175,9
МДБ, %	3,39	3,40	3,45
Мол.белок, кг	139,1	140,9	139,8
«Михайловское»			
Удой, кг	4157	4462	4727
МДЖ, %	4,66	4,59	4,77
Мол.жир, кг	193,6	204,8	225,5
МДБ, %	3,18	3,21	3,39
Мол.белок, кг	132,1	143,4	160,2

Несколько иные тенденции наблюдаются в стаде «Горшиха», что связано, вероятно, с разной интенсивностью отбора коров.

Результаты исследований свидетельствуют о том, что ярославская порода представляет большую ценность для селекционной практики, поскольку является носителем ценных хозяйствственно-полезных аллелей каппа-казеина.

Животные заводских линий Марта и Мурата ярославской породы могут служить источником повышения частот встречаемости генотипов каппа-казеина ВВ.

Генотипирование ярославского скота по вариантам бета-казеина (CSN2)

Содержание бета-казеина в молоке коров составляет 46-61% от общего казеина и характеризуется наличием 10 полиморфных вариантов, а также пяти вариантов, которые описаны недостаточно полно.

В процессе исследований у ярославского скота установлены следующие аллельные варианты (табл. 9).

В исследованной популяции установлены два аллельных варианта бета-казеина: А ($q = 0,64$) и В ($q=0,36$). Доля гомозиготных генотипов бета-казеина АА в исследованных группах была выше, по сравнению с частотой встречаемости генотипа ВВ.

Таблица 9

Частоты встречаемости аллелей и генотипов бета-казеина

Порода, тип	n	Частоты аллелей (%)		Частоты генотипов (%)		
		A	B	AA	AB	BB
Ярославская	50	64,0	36,0	46,0	36,0	18,0
Михайловский тип	50	71,0	29,0	50,0	42,0	8,0

Следует отметить, что частота встречаемости аллеля B в породах отечественной селекции значительно выше, чем в зарубежных породах.

Анализ молочной продуктивности коров СПК «Михайловское» выявил различия у животных ярославской породы по выходу молочного жира AA<AB< BB, по выходу молочного белка AA<AB<BB; у животных нового типа по выходу молочного белка AA>AB>BB (данные предварительные, требующие дополнительных исследований в других стадах породной популяции).

Генотипирование ярославского скота по вариантам альфа-лактальбумина (LALBA)

В таблице 10 представлены результаты анализа животных по аллелям и генотипам LALBA.

Таблица 10

Частоты встречаемости аллелей и генотипов гена альфа-лактальбумина

Порода, тип	n	Частоты аллелей (%)		Частоты генотипов (%)		
		A	B	AA	AB	BB
Ярославская	50	75,0	25,0	60,0	30,0	10,0
Михайловский тип	50	73,0	23,0	58,0	30,0	12,0

У ярославской породы установлено два аллельных варианта A ($q = 0,75$) и B ($q = 0,25$), которые формируют у животных три генотипа AA ($q = 0,60$), AB ($q = 0,30$), BB ($q = 0,10$).

Данные по частотам распределения аллелей и генотипов альфа-лактальбумина у исследованных породных групп почти идентичны.

Предварительные данные уровня молочной продуктивности коров с разными генотипами указывают на неравнозначное и разнонаправленное влияние породных групп на проявление связи альфа-лактальбумина с продуктивными признаками. Необходимо дальней-

шее накопление экспериментальных данных по рассматриваемому молекулярно-генетическому маркеру.

Полиморфизм гена пролактина у ярославского скота

Пролактин (PRL) представляет собой семейство белковых гормонов, которые принимают участие в инициации и поддержании лактации у млекопитающих и могут рассматриваться как потенциальные генетические маркеры молочной продуктивности крупного рогатого скота.

С использованием двух методов: микросателлитного анализа и ПЦР-ПДРФ были установлены два аллеля пролактина и выявлены животные с генотипами AA, AB и BB. Частота аллеля A (q) составила $0,65 \pm 0,043$, аллеля B - $0,35 \pm 0,043$. Наблюданное распределение частот генотипов в исследованных выборках для локуса пролактина соответствует теоретически ожидаемому равновесному распределению Харди-Вайнберга (табл.11).

Таблица 11
Распределение частот генотипов и аллелей гена пролактина
в исследованных выборках ярославской породы

N	ПЦР-ПДРФ- RsaI					χ^2	МИКРОСАТЕЛЛИТЫ						
	Частоты ге- нотипов, %			Частоты ал- лелей +Sp			Частоты ге- нотипов, %			Частоты ал- лелей +Sp		χ^2	
	AA	AB	BB	A	B		AA	AB	BB	A	B		
120	43	43	13	$0,65 \pm 0,043$	$0,35 \pm 0,043$	0,089	50	76	24	0	$0,88 \pm 0,046$	$0,12 \pm 0,046$	0,043

Изученная нами ярославская порода относится к породам с высоким содержанием B-аллеля гена PRL, который ранее был описан только у зебувидного и монгольского скота.

Показана отрицательная зависимость жирности молока от BB-генотипа гена PRL: количество животных с жирностью молока менее 4,5% на 17-18% больше, чем животных с генотипами AA и AB.

При использовании микросателлитного анализа полиморфизма гена PRL, во всех изученных выборках было выявлено только два аллеля из трех: 162/162 и 158/162 п.н. Наиболее широко представлен у ярославского скота микросателлитный аллель 162 п.н. Исследованный микросателлитный маркер оказался малоинформационным у ярославского скота. Это явление, по видимому, можно объяснить более

интенсивной и направленной селекцией, что приводит к обеднению генофонда породы.

Полиморфизм гена гормона роста у ярославского скота

Ген гормона роста (GH) представляет собой также ассоциацию белковых гормонов, участвующих в формировании признака молочной продуктивности у животных.

У ярославского скота отмечена чрезвычайно низкая частота Mspl (-) – аллелей ($q=0,02$). В литературе такая низкая частота описана только у голштинской породы. Обращает на себя внимание высокий уровень гетерозиготности по AluI –маркеру (более 50%). К сожалению, пока в литературе нет данных о различиях в функциональной значимости V и L аллельных вариантов гормона роста. Тем не менее, нельзя исключить, что такие различия имеются, и распределение частот V и L аллелей гена GH и уровень гетерозиготности поддерживается искусственным отбором (табл.12).

Таблица 12

Распределение частот генотипов и аллелей гена гормона роста
в исследованных выборках ярославской породы

N	ПЦР-ПДРФ- Mspl					χ^2	N	ПЦР-ПДРФ- AluI			χ^2			
	Генотип			Частоты аллелей +Sp				Генотип						
	Mspl (+/+)	Mspl (-/+)	Mspl (-/-)	Mspl -	Mspl +			LL	LV	VV				
120	97	3	0	0,02+ 0,01	0,35+ 0,01	0,0001	50	29	55	16	0,43+ 0,045	0,57+ 0,045	0,71	

Изучена связь аллелей исследуемых генов с показателями молочной продуктивности: впервые выявлены значимые ассоциации AluI- маркера гормона роста с жирностью молока ($F = 4,50$; $P = 0,014$).

Таким образом, в подвыборке животных с генотипом LL гена GH доля особей с более низким содержанием белка в молоке (3,2-3,4%) выше на 9-10%, чем в подвыборках с генотипами VL и VV. Среди животных с генотипом VL было больше особей с жирностью молока выше 4,5 %. Среди животных с генотипом VV количество высокопродуктивных коров (>6000 кг молока) было в 1,75 раза выше других. L-аллель гена гормона роста, особенно в гомозиготном состоя-

нии, менее благоприятен с точки зрения хозяйственной ценности, чем V-аллель.

Проведенные молекулярно-генетические исследования генома животных ярославской породы позволили сделать следующее заключение:

1. Ярославская порода представляет большую ценность для селекционной практики, поскольку является носителем ценных хозяйственных аллелей каппа-казеина, пролактина и гормона роста.

2. Выявленные наиболее значимые связи ассоциации генов пролактина и гормона роста необходимо использовать в селекционной практике при совершенствовании методов отбора и подбора для выведения животных с ценными генотипами.

3. Впервые получены экспериментальные данные по полиморфизму каппа-казеина, пролактина и гормона роста у животных ярославской породы, которые могут быть использованы в маркер зависимой селекции.

Особенности распространения антигенов BoLA-А и аллелей гена BoLA-DRB3 у ярославского скота в связи с ассоциацией с лейкозом

Лейкоз крупного рогатого скота – хроническое заболевание опухолевой природы, широко распространенное по всему миру. Естественным хозяином вируса в природе является крупный рогатый скот. Лейкоз наносит большой экономический ущерб животноводству, особенно племенному генофонду высокопродуктивного скота.

Впервые на молекулярно-генетическом уровне охарактеризован генофонд ярославской породы и его дифференциация по аллелям гена BoLA-DRB3. Более ранние исследования показали, что у животных черно-пестрой породы выявлен 21 аллель, айрширской – 18, монгольской – 17. У животных ярославской породы по данному гену выявлено 35 аллелей (самое высокое разнообразие среди исследованных пород). Установлен неоднородный профиль частот аллелей: на долю пяти (DRB3 *12, *13, *15, *24, *28) из 35 выявленных аллелей приходится 51,6%. Наиболее широко представлены аллели DRB3 *24 и *28 (14,68% и 14,37% соответственно). В популяции ярославского скота аллели распределены относительно заболеваемости следующим образом:

Частоты аллелей BoLA-DRB3 в ярославской породе:

I группа – аллели, ассоциирующиеся с чувствительностью к лейкозу.

*8 - 0,94%; *16 - 4,37%; *22 - 2,18%; *24 - 14,68%: $q = 22,17\%$

II – группа – аллели, ассоциирующиеся с устойчивостью к лейкозу.

*11-0,31%; *23-3,43%; *28 -14,37%: $q = 18,11\%$

III – группа – аллели, нейтральные по отношению к лейкозу.

*2 -1,25%; *6 - 0,63%; *10 - 1,87%; *12 - 8,43%; *13 - 7,81%; *14 - 3,43%; *15 - 6,25%; *17 - 0,31%; *18 - 1,25%; *20 -1,25%; *21- 0,31%; *25 - 0,62%; *26 – 1,25 %; *27 -0,62%; *31 - 4,37%; *32 - 0,93%; *33 - 0,31%; *36-1,25%; *37 - 0,62%; *40 -3,75%; *42 -2,81%; *43 - 0,31%; *44 - 3,12%; *48 - 0,93%; *50 - 0,62%; *51 - 2,5%; *53 - 0,93%; * 54 – 0,93 %: $q = 59,72 \%$

На рис.4 представлено распределение частот аллелей BoLA – DRB3 у животных ярославской породы.

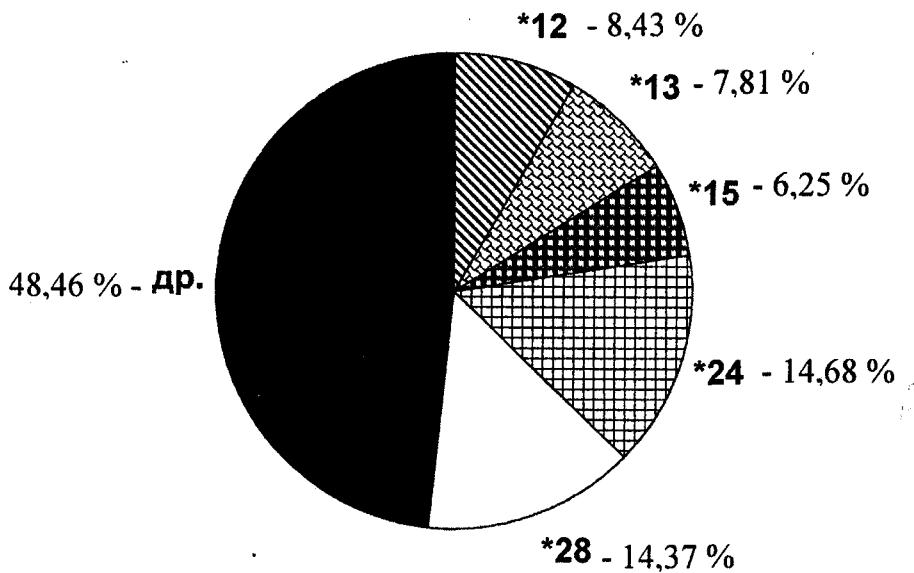


Рис. 4. Характер распределения частот аллелей BoLA – DRB3 у животных ярославской породы

Доля редких аллелей (с частотой ниже 5%) у ярославской породы составляет 48,46 %, что свидетельствует о сохранении резерва изменчивости и способствует поддержанию полиморфизма по марке-

рам гистосовместимости, необходимого для сохранения способности популяции к адекватному иммунному ответу на чужеродные антигены.

Чувствительность к лейкозу у ярославского скота определяют аллели I группы с суммарной генной частотой 22,17%, превышающей генную частоту животных, ассоциирующихся с устойчивостью к лейкозу (18,11%). По литературным данным содержание аллелей чувствительности к лейкозу у голштинского скота в различных выборках варьировало от 47,0% до 67,4%, доля аллелей определяющих устойчивость к лейкозу, у животных немецкой черно-пестрой породы составило – 10,1%, у монгольских пород – 11%.

Доля аллелей, нейтральных к лейкозу у ярославского скота составляет 59,72%, одна из самых высоких в популяциях отечественных пород.

Вполне очевидно, что проведение работ по размножению и дальнейшему совершенствованию нового типа ярославского скота и использование в качестве производителей быков голштинской породы может привести к накоплению аллелей гена BoLA-DRB3, ответственных за чувствительность к лейкозу (гипотеза). Проведение селекции нуждается в постоянном контроле за накоплением указанных аллелей с использованием ДНК-маркеров. Все быки-производители нового типа должны быть типированы по гену BoLA-DRB3.

Таким образом, аллели гена BoLA-DRB3 типировали методом ПЦР-ПДРФ с использованием трех рестриктаз: *Rsa*I, *Hae*III и *Xba*II. Для ярославской породы нами показано высокое содержание BoLA-DRB3 аллелей устойчивости к лейкозу. Их суммарная частота составила 18,11%. При этом в исследуемой выборке 10,9% животных несут оба аллеля BoLA-DRB3, ответственных за устойчивость к лейкозу.

Литература

- 1 Быковченко Ю. Генетические маркеры и их использование в селекции алатауской породы скота: Автореферат. С.П., 1991.
- 2 Дмитриев Н.Г. Породы скота по странам мира: Справочник. М., 1978.
- 3 Калашникова Л.А., Дунин И.М., Глазко В.И., Рыжова Н.В., Голубина Е.П. ДНК-технологии оценки сельскохозяйственных животных. М.О., Лесные поляны, 1999.
- 4 Машуров А.М. Генетические маркеры в селекции животных. М., 1980.
- 5 Уханов С.В., Столповский Ю.А., Банникова Л.В., Зубарева Л.А., Иванова З.И., Верднев З.К. Генетические ресурсы крупного рогатого скота: редкие и исчезающие отечественные породы. М., 1993.
- 6 Сулимова Г.Е., Салменкова Е.А., Политов Д.В., Зинченко В.В., Глазер В.М. Практикум по полиморфизму ДНК и белков: Методическое пособие. М., 2002.
- 7 Чернушенко В.К. Повышение эффекта селекции молочного скота при использовании иммуногенетических маркеров: Автореферат, Дубровицы, 1992.

Лицензия ПД 00661. Подписано в печать 6.06.06.
Формат 60x84 1/16. Бумага белая. Печать ризограф.
Печ. л. 2,0. Тираж 100. Заказ 1030.

Отпечатано в типографии Ярославского государственного
технического университета

150000. Ярославль, ул. Советская, 14а. Тел. 30-56-63