

**Генетический мониторинг в стадах симментальской породы по признакам
молочной продуктивности и фертильности**

Научный руководитель – Сермягин Александр Александрович

Мамонтова Анастасия Игоревна

Аспирант

Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика
Л.К. Эрнста, Лаборатория популяционной генетики и разведения животных, поселок

Дубровицы, Россия

E-mail: mamontova@vij.ru

Симментальская порода в России достаточно многочисленна, ее поголовье составляет 179,13 тыс. гол., в том числе 99,9 тыс. коров в племенных стадах. Животные данной породы отличаются высокими показателями удоя, жира и белка в молоке, а также низким содержанием соматических клеток, хорошей мясной продуктивностью. Цель исследования - разработка методологической основы для внедрения принципов геномной селекции в популяции симментальского скота на основе полномасштабного генетического мониторинга для совершенствования продуктивных качеств, признаков фертильности и здоровья. Исследования проводились на основе баз данных 40 племенных хозяйств (ИАС "СЕЛЭКС") 14 регионов России. Для прогнозирования племенной ценности животных было задействовано обеспечение из пакета программ BLUPF90 (Misztal, 2002) согласно методологии BLUP AM. На основе метода REML получены коэффициенты наследуемости для: удоя за 305 дней лактации - 0,183, молочного жира и белка - 0,197 и 0,191, процента жира и белка - 0,142 и 0,145 соответственно. Создана референтная группа быков-производителей симментальской и родственной ей красно-пестрой пород в количестве 174 гол., проводится ее пополнение. Генотипирование проводилось на биочипах GGP Bovine 150K (Neogen). Для анализа "подписей" отбора и выявления встречаемости гаплотипов для двух популяций (от 0,300-0,400) использовали геномные данные средней плотности по 42 немецко-австрийским и 38 российским быкам-производителям. Гаплотипы были определены как непересекающиеся сегменты в пуле десяти однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Фазирование было выполнено с помощью программного обеспечения SHAPEIT (O'Connell et al. 2014), с последующим анализом гаплотипов на основе пакета GMap (Utsumiya Y.T., 2016). Редактирование данных биочипов для построения файлов адаптированного расширения проводили в программе PLINK 1.9 (Chang et al. 2015). Идентифицированы гены, находящиеся непосредственно в высокочастотных гаплотипах на хромосомах BTA (Bos Taurus Autosome) 1, 2, 3, 5, 6, 10-15, 17, 19, 20, 21 и 27. Большая часть генов была ассоциирована со скоростью роста (BTA6: DCAF16, LCORL; BTA14: NKAIN3, GGH, TTPA, YTHDF3) и особенностями качества туш животных (BTA12: MPHOSPH8, PARP4, CENPJ, RNF17, ATR12A), другие же были важны для молочной продуктивности и жирнокислотного состава мяса. Меньшая доля выявленных гаплотипов была связана с признаками репродукции (BTA11: CNNM4, ANKRD23, SEMA4C, FAM178B, COX5B, ASTR1B, ZAP70), иммунной системой (BTA27: DEFV variants, GPM6A) и клеточными процессами, что косвенно влияло в целом на продуктивные и биологические качества симментальского скота. Генетический мониторинг необходим для создания стад молочного скота интенсивного типа на основе новых селекционных решений в области разведения, что будет способствовать генетическому росту по показателям молочной продуктивности и фертильности.

Исследования выполнены при поддержке проекта РФФИ № 17-29-08030 и в рамках ГЗ №0445-2019-0029.

Источники и литература

- 1) Chang, C.C., Chow, C.C. Laurent, Tellier, C.A.M., Vattikuti, S., Purcell, S.M., Lee, J.J. (2015) Second-Generation PLINK: Rising to the Challenge of Larger and Richer Datasets. *GigaScience* 4: 7. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>.
- 2) Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production. Montpellier, Communication. - 2002. - 28 (28-27): 21-22.
- 3) O'Connell, J., Gurdasani, D., Delaneau, O., Pirastu, N., Ulivi, S., Cocca, M., Traglia, M., et al. (2014) A General Approach for Haplotype Phasing across the Full Spectrum of Relatedness. *PLOS Genetics* 10 (4): e1004234. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004234>.
- 4) Utsunomiya, Y.T., Milanese, M., Utsunomiya, A.T.H., Ajmone-Marsan, P., Garcia, J.F. (2016) GHap: An R Package for Genome-Wide Haplotyping. *Bioinformatics*, 32 (18): 2861–2862. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btw356>.