

год-сезон»). Однако следует понимать, что использование таких коммерческих продуктов не учитывает тот факт, что, хотя базовые принципы построения уравнений смешанных моделей остаются неизменными, но модель, наилучшим образом подходящая для одной популяции, может быть неадекватной для другой. Это свидетельствует о том, что разработка уравнений для условий России остается по-прежнему актуальной.

Кроме того, надо учитывать, что эффективность племенной работы во многих странах за последние годы существенно возросла благодаря разработке, внедрению и широкому распространению методов молекулярной генетики. Эти методы позволяют обеспечить раннее выявление животных с наилучшими генетическими задатками по селекционируемым хозяйственно-полезным признакам, на основе поиска генов, ассоциированных с уровнем проявления этих признаков. Основой этих методов являются ДНК-технологии, позволяющие маркировать некоторые локусы количественных признаков и вести отбор с помощью этих маркеров.

Использование современных достижений генетики для увеличения точности оценки племенных качеств животных разных видов, повышения эффективности реализации селекционных программ представлено в следующих разделах.

### **6.1. Понятие о геноме. Методы молекулярной генетики**

Со времен начала формирования аграрной цивилизации, основанной на одомашнивании растений и животных, человек формировал общую нишу с ними. Это позволило ему уменьшать зависимость от факторов окружающей среды – неустойчивости источников питания, изменений климата, от которых страдала предыдущая цивилизация – охотников-собирателей. С тех пор, примерно 12 тысяч лет, человек пытается решить основные тесно связанные друг с другом задачи: повысить продуктивный и адаптивный потенциал

сельскохозяйственных животных, репродуктивные качества и одновременно сохранить их биоразнообразие, необходимое для ответа на новые потребности и меняющиеся условия окружающей среды.

С начала domestikации человек пытается найти инструменты, позволяющие ему научиться управлять наследственным материалом животных в направлении, обеспечивающим его выживание и благополучие в условиях роста численности человечества и конкуренции.

В то же время, определить, от каких факторов зависит разнообразие фенотипических признаков животных, является непростой задачей. Еще Ч. Дарвин в своей знаменитой книге (Происхождение видов, 1896) писал следующее: «Порода, как диалект какого-нибудь языка, едва ли когда-нибудь имеет определённое начало или момент возникновения. Человек сохраняет и разводит особи, представляющие слабые отклонения, или особенно заботится о подборе лучших производителей и таким образом совершенствует своих животных, которые затем распространяются в ближайшем соседстве. Но они получают какие-нибудь местные провинциальные названия только тогда, когда усовершенствованные ещё более тем же медленным постепенным процессом, будут признаны за нечто самостоятельное и ценное».

Человечество достигло существенного прогресса в этом направлении: на сегодняшний день создано огромное количество пород крупного рогатого скота, овец, лошадей, птицы различного направления продуктивности, приспособленных к самым разным ареалам. Этот процесс продолжается непрерывно. Основой дальнейшего совершенствования домашних и, в первую очередь, сельскохозяйственных животных, является знание о геноме – генетической информации, которая хранится в молекуле ДНК определенного вида животных. Структурной единицей генома является ген – наследственный фактор, который несёт информацию об определённом признаке или функции организма. По размеру геномы всех живых организмов – от вирусов до животных – различаются на шесть порядков: от нескольких тысяч до

миллиардов пар оснований, а по количеству генов - на четыре порядка: 2-3 гена у самых простых вирусов и около 40 тысяч генов у животных (Глазко, 2017).

К основным инструментам молекулярной генетики, которые сегодня используются в селекции животных и создании новых селекционных форм, относятся: ПЦР, ПЦР-РВ, ПЦР-ПДРФ-анализ, секвенирование, а также метод генотипирования с использованием ДНК-чипов.

ПЦР (*полимеразно-цепная реакция* – амплификация *in vitro* заданных фрагментов ДНК) имитирует естественный процесс репликации ДНК и позволяет в течение заданного промежутка времени (от одного до нескольких часов) из одного фрагмента получить от миллиона до миллиардов идентичных копий молекулы ДНК. Для получения достаточного количества копий фрагмента ДНК амплификация включает около 20-40 циклов. Молекула ДНК, имея отрицательный заряд, под воздействием электрического поля в геле разделяется на участки: легкие – 100-200 пар нуклеотидов (п.н.); средние – 300-500 п.н.; тяжелые – 800 п.н. С помощью молекулярных маркеров – фрагментов ДНК известных длин, которые обязательно вносятся в одну из лунок геля, можно точно установить длину молекул в образце.

Метод *ПЦР в реальном времени* (ПЦР-РВ, «*real-time PCR*») позволяет в ходе реакции наблюдать за накоплением ДНК-участков по интенсивности сигнала флуоресценции. Для ПЦР-РВ используется амплификатор, способный считывать флуоресценцию в каждой пробирке. При ПЦР-РВ в реакционной смеси помимо всех реагентов, которые используются при обычной ПЦР, присутствует ДНК-зонд, к одному концу которого присоединён флуорофор, а к другому – гаситель. При копировании ДНК зонд разрушается, флуорофор и гаситель удаляются друг от друга – появляется флуоресценция. Поскольку число копий в ходе ПЦР растёт геометрически, так же растёт и сигнал флуоресценции. При синтезе каждой новой копии ДНК возникает флуоресцентный сигнал, который улавливается детектором. Чем интенсивней флуоресценция, тем больше продуктов амплификации находится в ПЦР-

растворе. Если амплификация не происходит, флуорофор и гаситель находятся недалеко друг от друга и флуоресценции не наблюдается.

## **6.2. Селекция животных с помощью генетических маркеров**

### **6.2.1. Маркерная селекция (MAS – marker assistant selection)**

Большая часть хозяйственно ценных селекционных признаков характеризуется как полигенные. При этом разнообразие этих признаков под воздействием факторов внешней среды может достигать 50% (Веллер, 2018). В то же время имеются гены или группа генов, вклад которых в проявление того или иного признака продуктивности при любых условиях среды существенен и имеет четко выраженный эффект. Такие гены называются основными генами количественных признаков (Quantitative Trait Loci, QTL) и являются основой маркерной селекции (MAS).

Преимущество MAS перед традиционными методами селекции заключается в следующем:

- позволяет генотипировать и отбирать животных в раннем возрасте независимо от пола;
- позволяет осуществлять целенаправленный подбор животных для получения потомства заданных генотипов;
- доступна для широкого использования и не требует больших затрат.
- повышает интенсивность селекции животных как по признакам продуктивности, так и по устойчивости к заболеваниям.

Еще одним современным методом селекции является геномная селекция (genomic selection) – метод, позволяющий при использовании равномерно распределенных по геному ДНК-маркеров проводить отбор по генотипу при отсутствии данных о генах, влияющих на признак.