

О. А. Багно, О. Н. Прохоров, С. А. Шевченко [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2018. – Т. 53, № 4. – С. 687-697.

7. Эффективность введения экстракта топинамбура в комбикорма для цыплят-бройлеров / О. А. Багно, С. А. Шевченко, А. И. Шевченко [и др.] // АПК России. – 2024. – Т. 31, № 1. – С. 123-130.

8. Effects of Phytosterol in Feed on Growth and Related Gene Expression in Muscles of Broiler Chickens / T. AA Naji, I. Amadou, R. Zhao [et al.] // Tropical Journal of Pharmaceutical Research January. – 2014. – Vol. 13 (1). – P. 9-16.

9. Livak, K.J. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method / K.J. Livak, T.D. Schmittgen // Methods. – 2001. – Vol. 25(4). – P. 402-408.

УДК 636.082

РАЗВИТИЕ МЕТОДОВ ПРОГНОЗА ПЛЕМЕННОЙ ЦЕННОСТИ ЖИВОТНЫХ В СВИНОВОДСТВЕ

Савинов Антон Васильевич, аспирант кафедры разведения, генетики и биотехнологии животных ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, savinovantonv@mail.ru

Круткина Мария Сергеевна, руководитель аналитического отдела АО «Агроплем», mkrutkina@agroplem.ru

Алтухова Наталья Сергеевна, доцент кафедры разведения, генетики и биотехнологии животных ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, к.с.-х.н. n.altukhova@rgau-msha.ru

Рукин Илья Владимирович, директор по научному развитию и разработкам АО «Агроплем», irukin@agroplem.ru

Аннотация: В статье рассмотрены аспекты применения методов геномного прогноза племенной ценности животных в свиноводстве. Описаны этапы развития методов оценки племенных качеств свиней от субъективной оценки фермеров до внедрения комплексных математических алгоритмов и геномных технологий.

Прогноз племенной ценности животных является основополагающим процессом в племенной работе. Совершенствование массивов животных человеком основано на отборе особей, обладающих желательными качествами, что способствует изменению селекционируемых признаков в масштабе популяции. Точность и эффективность методов прогноза племенной ценности напрямую влияет на результат селекционной работы, поэтому рациональное и обоснованное использование различных методик прогноза племенной ценности, в частности, в свиноводстве является залогом эффективного генетического совершенствования поголовья. За последние 100 лет методика прогноза племенной ценности свиней претерпела значительные изменения.

В начале 20-го века прогноз племенной ценности свиней производился в подавляющем большинстве случаев визуально, желательные характеристики особей, такие как тип и конституция, оценивались по внешнему виду. Большое внимание уделялось ведению племенных книг и проведению выставок. Начиная с 1950-х годов большое внимание уделялось признакам скорости роста и содержанию подкожного жира, а отбор проводился по фенотипическим значениям признака. [1]

Метод наилучшего линейного несмещенного прогноза – BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) был разработан Чарльзом Роем Хендерсоном в 1973 году. [3] Для прогноза племенной ценности свиней BLUP начал использоваться в начале 80-х годов. [4] Данный метод показал высокую эффективность, поскольку основан на информации о фенотипе животного и его родственниках и позволял нивелировать влияние окружающей среды за счет оценки фиксированных факторов и рандомизированных эффектов. Преимуществом BLUP является использование максимального количества информации о продуктивности животных, максимальная точность генетической оценки и возможность сравнения животных из разных стад и популяций. Также, появилась возможность оценивать животных по признакам, проявление которых сцеплено с полом. Однако, метод BLUP имел ряд ограничений, связанных с недостаточным селекционным ответом для признаков с низкой наследуемостью, а также не позволял вести эффективный отбор свиней внутри помета молодых животных, не имеющих записей о фенотипических данных. [1]

Следующие шаги в совершенствовании методики прогноза племенной ценности особей были связаны с разработками в молекулярной генетике, благодаря которым появилась возможность идентифицировать большое количество полиморфизмов в ДНК. Отбор животных на основании маркеров ассоциированных с локусами количественных признаков (QTL, Quantitative trait locus) получил название маркер ассоциированной селекции (MAS, Marker-assisted selection). [5]

Главным преимуществом данного метода стала возможность отбирать животных напрямую по генотипу, что позволяло преодолеть ограничения отбора, основанного на фенотипических данных (например, низкая наследуемость признаков или отбор по признакам, измерение которых требует убоя животного) с более высокой точностью. В то же время маркер ассоциированная селекция обладала рядом ограничений. Во-первых, ассоциированных с локусами количественных признаков маркеров недостаточно, чтобы говорить о полном охвате вариативности QTL. Отбор по ограниченному количеству локусов игнорирует другие локусы и связанную с ними часть генетической вариации. Во-вторых, ассоциация маркеров не всегда воспроизводится в других популяциях и породах животных, что также затрудняет широкое использование MAS. Использование маркер ассоциированной селекции требует дополнительных затрат на генотипирование животных.

Для преодоления ограничений и увеличения эффективности MAS были разработаны различные комбинированные стратегии отбора с использованием фенотипических данных и данных о маркерах. Это мог быть и предварительный отбор по маркерам в раннем возрасте, с последующим отбором с использованием фенотипических данных, или включения маркеров в уравнение селекционного индекса при комплексной оценке племенной ценности. [1]

Секвенирование генома, в результате которого было обнаружено, что большая часть вариативности определяется однонуклеотидными заменами (SNP, Single Nucleotide Polymorphism.) дало развитие новым методам прогноза племенной ценности. Геномная селекция – это усовершенствование методов MAS селекции, в котором пользуется информация о десятках тысяч SNP, распределенных по всему геному. [2]

Метод линейного несмещенного прогноза был модифицирован с целью использования данных о геноме животного при формировании матрицы родства. Данный метод предполагает, что каждый однонуклеотидный полиморфизм объясняет малую часть генетической вариации. Использование геномных данных в оценке племенной ценности животных может повысить точность оценки, а также более достоверно оценивать молодых животных. Модификация геномного BLUP, в котором матрица геномных отношений представляет собой комбинированную матрицу, основанную на данных генотипов и родословной, получила название одношагового геномного наилучшего линейного несмещенного прогноза (ssGBLUP, Single-step genomic best linear unbiased prediction). Этот метод позволяет прогнозировать племенную ценность как генотипированных, так и не генотипированных животных в одной модели уравнения. Метод нашел широкое применение в свиноводстве для прогноза племенной ценности признаков с низкой наследуемостью, или признаков, измерение которых затруднено или связано с убоем животного. Также использование геномных данных в прогнозе племенной ценности свиней позволяет эффективно производить отбор внутри одного помета и отбирать молодых животных, не имеющих записей о фенотипических данных. [1, 6]

Использование геномных данных при прогнозе племенной ценности особей повышает точность прогноза и позволяет преодолевать недостатки статистических методов генетического прогноза племенной ценности. Однако для достоверности геномного прогноза необходимы корректные фенотипические данные, составляющие основу модели прогноза племенной ценности.

Библиографический список

1. Dekkers J. C. M., Mathur P. K., Knol E. F. Genetic improvement of the pig //The genetics of the pig. – Wallingford UK : CAB International, 2011. – С. 390-425.

2. Samorè A. B., Fontanesi L. Genomic selection in pigs: state of the art and perspectives //Italian Journal of Animal Science. – 2016. – Т. 15. – №. 2. – С. 211-232.

3. Henderson C. R. Sire evaluation and genetic trends //Journal of Animal Science. – 1973. – Т. 1973. – №. Symposium. – С. 10-41.

4. Bampton P. R. Best linear unbiased prediction for pigs-the commercial experience. – 1992.

5. Wakchaure R. et al. Marker assisted selection (MAS) in animal breeding: a review //J Drug Metab Toxicol. – 2015. – Т. 6. – №. 5. – С. e127.

6. Christensen O. F. et al. Single-step methods for genomic evaluation in pigs //animal. – 2012. – Т. 6. – №. 10. – С. 1565-1571.

УДК 639.3.034.2

ОЦЕНКА ЭЯКУЛЯТОВ ЛЕНСКОГО ОСЕТРА, ВЫРАЩЕННОГО В САДКАХ, УСТАНОВЛЕННЫХ НА ОБВОДНЁННЫХ КАРЬЕРАХ

Сусова Елена Евгеньевна, аспирант кафедры аквакультуры и пчеловодства, ФГБОУ ВО РГАУ – МСХА имени К. А. Тимирязева; e mail: Saya445@yandex.ru

Бубунец Эдуард Владимирович, Д.с.-х.н.; доцент кафедры аквакультуры и пчеловодства, ФГБОУ ВО РГАУ – МСХА имени К. А. Тимирязева; e mail: ed_fish_69@mail.ru

Седлецкая Евгения Сергеевна, К.в.н; доцент кафедры ветеринарной медицины, ФГБОУ ВО РГАУ – МСХА имени К. А. Тимирязева, sedletskaia@internet.ru

Олег Александрович Аньшаков гл. рыбовод Мансуровское рыбоводное хозяйство

***Аннотация:** В работе описывается определение качества спермы Ленского осетра. Исследования проведены на обводненных карьерах «Мансуровского карьероуправления». Проведён анализ взаимосвязи массы самцов на сперматокрит и других показателей эякулята*

***Ключевые слова:** ленский осетр, концентрация спермиев, качество спермы, сперматокрит*

Введение. Осетр ленский – *Acipenser baeri* – ценная промысловая рыба из семейства Осетровых (*Acipenseridae*), является разновидностью (подвидом) сибирского осетра, может достигать длины более 2 метров и массы до 200 кг.

Определение качества, сохранности спермы в зависимости от времени, условий получения и хранения для искусственного воспроизводства в аквакультуре является актуальной задачей.

Цель исследования изучить основные показатели эякулятов ленского осетра выращенных в условиях садкового хозяйства

Задачи исследования: