

Тема 1. ГЕНОМНАЯ СЕЛЕКЦИЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

Цель занятия: ознакомиться с основными понятиями, направлениями и перспективами развития геномной селекции за рубежом и в Республике Беларусь.

Контрольные вопросы:

1. История открытия нуклеиновых кислот и их биологическая роль.
2. Структура и биологическая роль ДНК.
3. История появления геномной селекции.
4. Основные понятия и термины геномной селекции.
5. Этапы развития методов анализа ДНК-маркеров.

Теоретическая часть

Термин «геномная селекция» был предложен Хайли и Вишером в 1998 году, а Мовиссен с соавторами в 2001 году разработали методологию аналитической оценки племенной ценности на основе ДНК-маркеров, которые охватывают весь геном животного.

Геномная селекция - метод современной селекции растений и животных, позволяющий при использовании равномерно распределенных по геному ДНК-маркеров проводить отбор по генотипу в отсутствие данных о генах, влияющих на признак. Эта методика внедрена в селекционные программы во многих странах мира.

Ген- это участок ДНК, определенная последовательность нуклеотидов, в которой закодирована информация о синтезе одной молекулы белка (или РНК), и как следствие, обеспечивающая формирование какого-либо признака и передачу его по наследству.

Большая часть хозяйственно ценных селекционных признаков имеет полигенный характер, т.е. контролируется множеством генов. При этом изменчивость признаков под воздействием факторов внешней среды может достигать 50%. В то же время имеются гены или аллели этих генов, вклад которых в проявление того или иного признака продуктивности при любых условиях среды более значителен и имеет четко выраженный эффект. Такие гены называются основными генами количественных признаков (Quantitative Trait Loci, QTL).

Впервые идею применения маркеров в селекции теоретически обосновал А.С. Серебровский еще в 20-х годах прошлого столетия.

Маркер (называемый тогда «сигналь», английский термин «маркер» стал использоваться позже) по А.С. Серебровскому - это аллель гена, имеющий четко выраженное фенотипическое проявление, локализованный рядом с другим аллелем, определяющим хозяйственно важный изучаемый признак, но не имеющим четкого фенотипического проявления.

Первоначально в качестве генетических маркеров использовались морфологические (фенотипические) признаки. Однако очень часто количественные признаки имеют сложный характер наследования, их

проявление детерминировано условиями среды и количество маркеров ограничено.

Затем в качестве маркеров использовались продукты генов (белки). Но наиболее эффективно тестировать генетический полиморфизм не на уровне продуктов генов, а непосредственно на уровне генов, то есть использовать в качестве маркеров полиморфные нуклеотидные последовательности ДНК.

Обычно фрагменты ДНК, которые лежат близко друг к другу на хромосоме, передаются по наследству вместе. Это свойство позволяет использовать маркер для определения точной картины наследования гена, который еще не был точно локализован.

Маркеры - это полиморфные участки ДНК с известной позицией на хромосоме, но неизвестными функциями, по которым можно выявлять другие гены. Генетические маркеры должны быть легко идентифицируемы, связаны с конкретным локусом и очень полиморфны, потому что гомозиготы не дают никакой информации.

С помощью результатов маркерной селекции можно оценить частоту встречаемости желательных и нежелательных аллелей для породы или линии, проводить в дальнейшем селекцию, чтобы все животные в породе имели только предпочтительные аллели генов.

С 1 января 2009 года Министерством сельского хозяйства США была введена новая официальная оценка молочного скота - геномная, и в сертификатах племенных быков голштинской и джерсейской пород появилось обозначение GPTA (Genomic Predicted Transmitting Abilities или геномная прогнозируемая ценность), которая вычисляется в лаборатории, разрабатывающей программы совершенствования животных (Animal Improvement Programs Laboratory). В этом же году она была признана в Канаде, Дании, Швеции, Финляндии, Франции, Германии, Голландии и Австралии. В Австрии и Италии геномную селекцию стали использовать с 2011 года, Испании и Польше - с 2012 года.

Суть технологии геномной оценки заключается в том, что благодаря современному оборудованию существует возможность проводить анализ десятков тысяч маркеров ДНК одновременно. На основе выявленных научно обоснованных взаимосвязей между наличием и расположением этих маркеров с характеристиками продуктивности животного, содержанием соматических клеток в молоке, продолжительностью продуктивного периода использования и другими ключевыми признаками устанавливается племенная ценность тестируемого животного.

К 2010 году расшифрованы геномы основных видов сельскохозяйственных животных - крупного рогатого скота, свиней, овец, что позволило проводить генотипирование животных по тысячам ДНК-маркеров. Из всех генетических маркеров наиболее информативным и удобным для использования в практической прикладной селекции является SNP (Single Nucleotide Polymorphism), так называемый снп или однонуклеотидный полиморфизм, т.е. отличие в последовательности ДНК размером в один нуклеотид (А, Т, С или G), которое может быть причиной

изменения последовательности чередования аминокислот в белке. У сельскохозяйственных животных насчитывается несколько сотен тысяч таких маркеров, в среднем один на 50 тысяч нуклеотидов, которые равномерно распределены по всему геному. Для быстрого получения информации о геномных профилях животного компании ILLUMINA и AFFYMETRIX разработали ДНК-чипы, позволяющие типировать генотип животного более чем по 50 тысячам SNP-маркеров. Наличие SNP определяется путем выделения ДНК из биологического материала: семени, крови, эпителия или волосяных луковиц и нанесением на чип высокой плотности.

Сегодня более 25 стран ведут геномные исследования разных видов сельскохозяйственных животных. Только в США в настоящее время реализуется около 10 проектов, связанных как с использованием фундаментальных основ геномной селекции, так и с практическим освоением этих технологий в животноводстве. Для увеличения количества SNP-маркеров многие зарубежные молекулярно-генетические лаборатории объединяют усилия, создавая единую базу данных, с тем, чтобы иметь возможность сопоставить генотипы большого количества животных, оцененных по продуктивности, и определить наличие связей между известными точечными мутациями (SNP) и показателями племенной ценности. Например, европейские страны - Нидерланды, Бельгия, Испания, Франция, Германия, Финляндия, Швеция, Дания и Польша - объединились в консорциум EuroGenomics (CRV, CONAFE, UNCEIA, VikingGenetics, DHV, VIT, Genomika Polska) с целью увеличения суммарного поголовья референтной популяции голштинского скота. В связи с созданием общего большого массива данных по племенной оценке молочного скота разных стран ведется разработка математической программы GMTACE (Genome Multi Trait Across CountryEvaluation) для получения унифицированных результатов.

В новой системе геномной оценки за вопросы достоверности происхождения будут отвечать 94 маркера - SNP. В настоящее время в большинстве стран мира, в том числе и в Республике Беларусь, генетическая экспертиза проводится в среднем по 11-13 микросателлитным локусам.

Геномная оценка решает одновременно в одной пробе ДНК широкий спектр задач:

*Определение достоверности происхождения сельскохозяйственных животных.

* Степени родства и генетической гетерогенности.

* Выявление генетических аномалий сельскохозяйственных животных.

* Улучшение продуктивных признаков животных.

* Повышение устойчивости сельскохозяйственных животных к заболеваниям.

Экономическая эффективность геномной селекции:

* Традиционная селекция новых сортов овощных культур занимает 10-12 лет. С помощью геномной селекции этот срок можно сократить до 3-4 лет.

* Геномная селекция позволяет сэкономить до 90% средств, затрачиваемых на оценку быков-производителей, и сократить время оценки с 6 лет до 1 года и 9 месяцев.

* Геномная селекция позволяет получать на 25% больше выгоды в свиноводстве.

* При постоянном совершенствовании геномных технологий продолжит снижаться относительная стоимость генотипирования, что откроет возможности для широкого применения геномной селекции.

Первые шаги на пути к геномной оценке в Республике уже пройдены:

* введена идентификация поголовья в рамках Республики Беларусь;

* создана лаборатория для определения наличия и последовательности SNP-маркеров в геноме каждой особи на базе Гродненского государственного аграрного университета.

Задание 1. Приведите схему строения фрагмента молекулы ДНК. Заполните таблицу 1 «Различия в строении ДНК и РНК».

Таблица 1 - Различия в строении ДНК и РНК

Нуклеиновая кислота	Структура	Углевод	Азотистое основание	Название 3-х нуклеотидов
ДНК РНК				
ДНК РНК				

Задание 2. Решение задач на моделирование синтеза ДНК и белка (по индивидуальным заданиям).

Задание 3. Записать основные понятия и термины, а также этапы проведения геномной селекции.

Задание 4. Записать основные этапы формирования референтной популяции