

МИРОВЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ В ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ




ВОПРОСЫ:


1. Геномная селекция молочного скота.
2. Секвенирование.

Геномная оценка молочного скота

Американская компания разработала чип, доступный для генотипирования у животных. Это позволяет определять генотип животного при исследовании его крови. В чипе – 54 тыс маркеров, охватывающих все хозяйственно-полезные признаки животных, необходимые для селекционной работы. Метод позволяет прогнозировать необходимые признаки у животных даже при отсутствии информации о их предках.



Геномный отбор все значительно упрощает. Уже после рождения у бычков можно взять кровь и сделать полную геномную оценку. И использовать такого быка можно сразу, как только он начнет производить семя. Геномный отбор намного дешевле, не нужно ждать 5 лет, а значит можно сэкономить на содержании быка все это время.



Чтобы делать генетическое улучшение популяции, необходима надежная оценка, высокая степень наследования и небольшой интервал между поколениями. Если сравнить геномный отбор и традиционную селекцию, по уровню качества потомства он практически такой же надежный, но более быстрый – здесь меньше интервал между поколениями. Геномный отбор может ускорить генетический прогресс.

У быков, которые оценивались по потомству, достоверность характеристик 80% и более, если смотреть достоверность индексов молодого бычка, у которого оценка только геномная, здесь достоверность 65-70% в зависимости от характеристик.

При оценке только по селекции и родословной достоверность не более 30%.

Чтобы создать геномную оценку необходимо:

Прежде всего – стандартная популяция животных – это популяция, у которой уже есть хорошая оценка по потомству. Быки, имеющие поколение дочерей, генотип которых также уже изучен. Такая популяция служит для создания таблицы сравнительных характеристик по маркерам. Когда есть и таблица и популяция, можно произвести генотипирование или геномную оценку у кандидатов и искать гены, которые приносит узкая геномная селекция.


Кандидаты – это бычки или телки, у которых нет еще оценки по потомству. Есть лишь проба крови и геномный анализ. Можно подсчитать индексы или показатели улучшения для данных характеристик.

Итак, оценка состоит из следующих этапов:

1. Хороший контроль продуктивности коров;
2. Оценка быков по потомству методом BLUP;
3. Информация о геномной оценке стандартной популяции – самый важный этап, позволяющий посмотреть влияние маркеров на хозяйственно-полезные признаки популяции;
4. Геномная оценка кандидатов в популяции;
5. Считывание индексов и отбор лучших быков для селекции.

Необходима информация о родословной, о фенотипе (по дочерям) и информацию по маркерам (из анализа крови), после этого идет отбор и тестирование различных моделей, существующих в мире.

Стандартная популяция необходима для создания сравнительной таблицы. Чем она больше, тем информация по геномной оценке достовернее. К примеру, если мы рассматриваем только 4 тысячи животных, достоверность будет 40-50%, если 5 тысяч – достоверность приближается к 70%. Это самая важная задача – создать большую стандартную популяцию.




В Европе мы это сделали совместно с другими странами – у нас есть информация о животных совместной европейской популяции. В нее входят Германия, Франция, Скандинавия, Дания, Швеция, Испания, Польша и многие другие. В популяцию входят 25 тысяч быков с оценкой по потомству и геномной оценкой. А все новые геномные быки, которые есть в Европе, оцениваются и сравниваются с этой популяцией.

Северо-Американская популяция животных объединяет всех быков из США и Канады. Сегодня их стандартная популяция – 18,5 тысяч быков.

2. Секвенирование.

Секвенирование — это метод определения нуклеотидной последовательности ДНК и РНК. Тестирование используется для определения генетических повреждений (мутаций) в ДНК, которые являются причиной наследственных болезней, наследственных предрасположенностей или особенностей организма. Существует несколько разновидностей секвенирования, которые позволяют выявлять возможные генетические отклонения и редкие генетические варианты, тонко влияющие на появление определенных патологий в организме животных.



Интерпретация всего генома потенциально может обеспечить более точный диагноз. Для многих генетических заболеваний достоверность диагноза возрастает, если проводят анализ образцов нескольких родственников. Вариант «трио», когда изучают ДНК трех ключевых производителей, дает лучший результат по сравнению с анализом генетического материала только лишь одного.

Секвенирование бывает:

1. Полное (полногеномный анализ);
2. Таргетное (Таргетное секвенирование позволяет сосредоточиться на конкретных областях генома или отдельных генах).

Преимущества секвенирования:

- Экономия. Исключение каждого возможного генетического заболевания по отдельности получится намного дороже, чем использование теста, основанного на методе секвенирования;
- Высокая точность;
- Надёжные технологии и качественное оборудование;

Ход анализа

В качестве образца для анализа берется около 10 мл крови.

Геномная ДНК - контроль качества геномной ДНК - подготовка ДНК библиотек - запуск ДНК-секвенатора - биоинформатический анализ

Подготовка ДНК библиотек - (Nextera - примерно 2 часа, TruSeq < 6 часов) → создание кластеров → секвенирование (от 1,5 до 11 дней) → демультимплексирование с помощью программы CASAVA.

Демультимплексирование — разделение суммарного агрегированного потока на несколько составляющих его потоков. Мультимплексирование — образование из нескольких отдельных потоков общего агрегированного потока, который передается по одному физическому каналу связи,