

ВАЖНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ В СЕЛЕКЦИИ ЖИВОТНЫХ

Носирова Мафтуна Бегомоновна

Эксперт, Республиканского центра судебной экспертизы имени Х.Сулеймановой
судебно-биологической экспертизы ДНК человека

Якубов Искандар Тахирович

канд. биол. наук, доцент, Национальный университет Узбекистана имени М.
Улугбека

Аннотация: В статье анализируются попытки исследователей изучить влияние показателей продуктивности животных, в частности генетических маркеров на внутренние и внешние характеристики животных. Подчеркивается влияние генетических локусов на формирование количественных признаков у животных. Особый акцент делается на том, что изменение последовательности ДНК является первопричиной всех будущих изменений в организме. Обоснована значимость работ в области геномного отбора для раннего прогнозирования продуктивности животных.

Ключевые слова: генетические маркеры, локусы, ген, ДНК, геномный отбор.

Развитие селекции всегда было связано с попытками улучшить различные показатели продуктивности, например фенотипические характеристики животных, обычно на примитивном уровне. Считалось, что потомство животных со значимыми показателями будет иметь аналогичные высокие показатели.

С другой стороны, приоритетные характеристики «идеального» животного радикально, иногда диаметрально, различались в разные эпохи и в разных областях животноводства, что вызывало снижение усилий исследователей. Около двух столетий назад устойчиво сформировались многие основные и эффективные показатели животных, имеющие важное значение в осуществлении хозяйственной деятельности человека: ловкость и выносливость в скотоводстве, упитанность и привесы в скотоводстве, количество мяса в свиноводстве, шерсть. в овцеводстве: количество и качество, надой молока у коз, яйценоскость птицы и др. Развитие и совершенствование этих функций в основном было сосредоточено на исследованиях ученых и усилиях

практиков. В дальнейшем, в результате роста знаний общей биологии и бурного развития генетики, все большую популярность приобретали исследования, направленные на определение внутренних показателей, характеризующих те или иные фенотипические и продуктивные характеристики животных. В частности, в 1923 г. автор опубликовал в журнале «Генетика» статью, в которой обобщил данные о размерах семян фасоли (количественный признак) и пигментации кожицы семян (качественный признак). Таким образом, впервые было продемонстрировано, как с помощью маркеров можно определить генетические (внутренние) факторы, влияющие на количественный (внешний) признак. В 1926 году академик А.С. Серебровский и Е.Т. Васина-Попова описала расположение генов в половой хромосоме курицы. В то же время А.С. Серебровский предложил метод «сигнального гена», который используется для поиска гена, определяющего яйценоскость.

В последнее десятилетие была представлена теория обнаружения с использованием маркеров, связанных с локусами количественных признаков, которую не удалось разработать из-за отсутствия последней части. В 60-х годах прошлого века массовые исследования групп крови и полиморфизма белков дали надежду на использование генетических маркеров в селекции животных. Многие исследования, направленные на выявление количественных и полезных корреляций, дали противоречивые результаты. Некоторым авторам не удалось выявить маркеры продуктивности, другим не удалось выявить связи в тех же локусах. Корреляцию обычно интерпретировали как направление, редко как статистически значимое различие. В результате иммуногенетические исследования не смогли дать однозначного ответа о характере и тесноте связи между хозяйственно полезными признаками. Более того, даже если корреляции были значительными, они не были универсальными.

До 90-х годов прошлого века для решения задач, стоящих перед генетикой, использовались генетические полиморфные белковые системы и моногенные морфологические признаки, а количество генетических маркеров было недостаточным. После развития технологии полимеразной цепной реакции (ПЦР) в середине 1980-х годов стало возможным открытие нового класса генетических маркеров, основанных на полиморфизме ДНК. Быстрое развитие методов анализа ДНК привело к распространению ДНК-маркеров. Дальнейшее совершенствование методов

анализа ДНК, статистический анализ, компьютерные технологии и создание программного обеспечения облегчили определение местоположения локусов на хромосомах, отвечающих за количественные признаки (Quantitative Trait Loci, QTL), и метод отбора маркеров (Marker Assisted Selection, МАС) разрешено развиваться.

Сегодня активный отбор осуществляется с использованием SNP (single nucleotide polymorphism) — однонуклеотидного полиморфизма (ОН) или однонуклеотидного сайта полиморфизма. SNP часто представляют как двуаллельную систему из одного нуклеотидного участка последовательности ДНК.

Четыре характеристики нуклеотидной последовательности отражают различия между отдельными животными, популяциями и породами. Это генетические маркеры, некоторые из которых могут быть связаны с количественными и качественными признаками животных. SNP распределены по всему геному, и такие маркеры получили название «геномной селекции» (GS). Развитие технологии полногеномного секвенирования ДНК (секвенирования) молочных пород крупного рогатого скота позволило проанализировать полиморфные ассоциации сотен тысяч однонуклеотидных маркеров.

Процесс генотипирования включает получение биологического материала (кровь, сперма, ткань, корень волоса), выделение ДНК, секвенирование генома с регистрацией SNP, компьютерный сравнительный анализ с картами ассоциации отдельных полиморфизмов с генетическими особенностями фенотипа данного животного. В результате определяется генетическая ценность животного в раннем возрасте и разрабатывается прогноз ценности для его будущих поколений. В нашей стране подобные исследования находятся на стадии организации.

Образцы ДНК пород крупного рогатого скота используются в сравнительных молекулярно-генетических исследованиях. Генотипирование проводят по 15 микросателлитным локусам с использованием набора CORDIS Cattle. На основе мультиплексного ПЦР-анализа 15 локусов, содержащих короткие tandemные повторы (STR), также известных как COrDIS Cattle-микросателлитные локусы, рассчитан набор реагентов, разработанный с учетом молекулярно-генетических характеристик крупного рогатого скота для анализа родства животных и индивидуализации ДНК. Из 15 проанализированных локусов STR 12 составляют стандартную панель маркеров, рекомендованную Международным обществом генетики животных (ISAG): ETH3,

INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818. Кроме того, в коллекцию вошли три дополнительных высокополиморфных микросателлитных локуса: CSSM66, ILSTS006 и CSRM60. Данный набор имеет относительно низкую трудоемкость за счет высокой информативности, автоматизации и возможности изучения множества локусов за одну реакцию, наличия широкого спектра применения, меньшей стоимости по сравнению с зарубежными тест-системами, диагностики в раннем возрасте. независимо от пола животных. Он также имеет преимущества, заключающиеся в возможности тестировать образцы после длительного хранения при низкой температуре, высокой специфичности и возможности документировать результаты в электронном виде, точности подтверждения и исключения родителей.

Учитывая вышеизложенное, результаты исследований используются при проведении генетических экспертиз, а также при разработке методов эффективного использования при осуществлении фундаментальных и прикладных исследований, направленных на изучение состояния и динамики аллелофонда животных. популяций, а также сельскохозяйственных объектов и разведения пород позволяет использовать в управлении генофондом.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ:

1. Айбазов, М.М. Современные биотехнологические методы и приемы интенсификации воспроизводства овец и коз / М.М. Айбазов// Овцы, козы, шерстяное дело. - 2007. - № 4. - С. 54-56.
2. Айбазов, М.М. Криорезистентность эмбрионов коз в зависимости от стадии развития / М.М. Айбазов, Т. Мамонтова //Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. - 2013. - Т. 3. - № 6. - С. 14-17.
3. Айбазов, М.М. Перспективная биотехнология воспроизводства овец и коз / М.М. Айбазов, Т.В. Мамонтова, М.С. Сеитов //Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. - 2014. - Т. 1. - № 7 (1).- С. 3-7
4. Алтухов, Ю.П. Полиморфизм ДНК в популяционной генетике. / Ю.П. Алтухов, Е.А. Салменкова // Генетика. - 2002.- Т. 38. - № 9. - С. 1173-1195.

5. Амбросьева, Е.Д. Биохимические маркеры в свиноводстве (обзор). / Е.Д. Амбросьева // Аграрная Россия.- 2002. - № 5. - С. 19-30.
6. Аульченко, Ю.С. Методологические подходы и стратегии картирования генов, контролирующих комплексные признаки человека. / Ю.С. Аульченко, Т.И. Аксенович // Вестник ВОГиС, 2006. - Т. 10. - № 1. - С.189-202.
7. Багиров, В.А. Сохранение и рациональное использование генофонда животных / В.А. Багиров, Ш.Н.Насибов, П.М. Кленовицкий, С.А. Лесин, В.А. Воеводин, Н.А. Зиновьева, Л.К. Эрнст, В.В. Калашников, В.А.Солошенко / Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. - 2010. - № 2. - С. 37.
8. Глазко, В.И. Введение в ДНК-технологии. /В.И. Глазко, И.М. Дунин, Г.В. Глазко, Л.А. Калашникова / М.:Росинформагротех, - 2001.- 436 с.
9. Зиновьева, Н. Методы маркер-зависимой селекции. / Н. Зиновьева, Е. Гладырь, Г. Державина, Е. Кунаева // Животноводство России. - 2006. - № 3. - С. 29-31.
10. Инструкция по пользованию набора COrDIS Cattle.