# Когда геном важен. Своя корова нужнее той, что из-за моря

Андрей Субботин

Как удовлетворить потребности людей в продуктах питания животного происхождения? Как минимум, добиваться конкурентоспособности отечественных племенных ресурсов и устойчивости сельхозпроизводства. А для этого в условиях промышленных технологий необходимо совершенствовать методы селекции, которые сегодня базируются на генетических и геномных разработках ученых.

Цель — получить высокопродуктивные поголовья крупнорогатого скота, свободные от наследственных заболеваний, устойчивые в производстве мясной продукции. Говоря простым языком, стада, отары животных, которые легко адаптируются к переменам погоды, даже климата, к потребностям рынка.

Сегодня для этого, утверждают ученые, должен быть обеспечен высокий уровень генетического разнообразия локальных пород сельскохозяйственных животных. Тех самых, что, живя в определенной местности, на протяжении веков сформировали в своем организме уникальный набор аллелей, которые и обеспечивают характеристики, наиболее полно служащие потребностям человека в здоровой пище.

Однако последнюю треть века мы были ориентированы на использование ограниченного числа зарубежных пород, они вроде были лучше. В результате этого численность отечественных ресурсов скота за последние 25 лет драматически снизилась. По ряду пород — более чем в 10 раз.

А это чревато рисками для нашего сельского хозяйства в будущем. Поэтому сохранение биоразнообразия стало одной из приоритетных задач научных исследований и практического животноводства в современной России.

— Ресурсы племенных животных страны представлены сегодня 252 породами 31 вида скота, птицы, пушных зверей, кроликов… Несмотря на то, что задача сохранения генофонда малочисленных и исчезающих пород закреплена в Федеральном законе «О племенном животноводстве», создаваемые согласно положениям этого закона хозяйства не в состоянии полностью решить задачу сохранения биоразнообразия, — считает директор Федерального исследовательского центра Всероссийского института животноводства им. Л.К.Эрнста (ФИЦ ВИЖ) доктор биологических наук, профессор, академик Наталия ЗИНОВЬЕВА. Она — специалист по реконструкции демографической истории и поиска отпечатков селекции у отечественных пород крупного рогатого скота на основе полногеномного анализа современных и исторических образцов. Ее работы поддержаны Российским научным фондом (грант №19-76-20012).

— Племенные хозяйства ориентированы на производство и реализацию животноводческой продукции. Задачу проведения глубоких научных исследований им не ставят.

Пока большинство отечественных пород по уровню продуктивности уступает зарубежным. Так, коровы голштинской черно-пестрой породы — основной, используемой в промышленном производстве молока в стране, — по результатам 2022 года в среднем давали удой 9526 кг молока.

А отечественные, скажем, бестужевская — 4453 кг, красная степная — 5498, красная горбатовская — 5626, сычевская — 4498 и т. д. Как следствие, численность российских пород крупнорогатого скота постоянно снижается, а на оставшейся части поголовья практикуется поглотительное скрещивание с зарубежными породами. И это ведет страну к потере уникальных, ценных генотипов, — констатирует Наталия Анатольевна. — Кроме того, после отказа от племенного статуса (даже на основании решения собственника хозяйства) оно оказывается свободно от обязательств по сохранению генетических ресурсов.

По мнению академика, важнейшей задачей частной генетики и геномики животных должно стать проведение исследований, направленных на оценку современных пород как носителей уникальных форм изменчивости. По сути, необходимо найти ответы на вопросы, сохранились ли в современных российских популяциях домашних животных аутентичные компоненты, отличающие их от зарубежных пород, и если да, то определить животных, являющихся их носителями.

— Исследование современных популяций отечественного скота даже с использованием такого мощного инструмента, как полногеномный анализ, не всегда позволяет однозначно интерпретировать полученные результаты с точки зрения демографической истории пород, — отметила Наталия Зиновьева.

— Это связано с тем, что аллелофонд современных популяций как российских пород, так и пород, предположительно, принимавших участие в их формировании, в процессе развития подвергся существенным изменениям.

С одной стороны, это вызвано влиянием меняющихся условий внешней среды, с другой — корректировкой направлений и методов селекции. Иной причиной, затрудняющей идентификацию аутентичных генетических компонентов у современных популяций, является активно практикуемое в последние десятилетия использование кроссбридинга с высокопродуктивными трансграничными породами.

По мнению профессора, информационная значимость результатов исследований демографической истории пород, полученных молекулярно-генетическими методами, может быть существенно повышена за счет вовлечения в работу исторических образцов ДНК животных, существовавших до начала использования интенсивной селекции (с середины XX века).

Благодаря поддержке РНФ нам удалось заложить в нашем центре новые научные направления и развить недостающие компетенции, что и определило готовность к решению приоритетных задач научно-технологического развития страны.

А цель проекта — изучение изменчивости генофондов отечественных пород крупного рогатого скота на основании проведения комплексных сравнительных молекулярно-генетических исследований современных и исторических (музейных) образцов, датированных концом XIX — серединой XX века.

В своих исследованиях источником ДНК мы используем современные образцы (кровь, ушные выщипы) от животных отечественных пород крупного рогатого скота, а также исторические образцы (костная ткань), взятые из черепов, хранящихся в Музее животноводства им. Е.Ф.Лискуна РГАУ — МСХА им. К.А.Тимирязева. Отмечу, коллекционные фонды музея насчитывают более 350 образцов черепов более 20 локальных популяций скота.

Уже первые проведенные исследования геномов 10 пород показали, что отечественные генетические ресурсы сохранили свои уникальные геномные компоненты, отличающие их от всех других пород Евразии. Это позволяет рассматривать родные породы в качестве резерва уникальных форм изменчивости, необходимого для обеспечения устойчивости агросистем.

Для получения более объективной информации исследованы различные типы полиморфизмов, включая микросателлиты, полиморфизмы митохондриальной ДНК, выявляемые на основе секвенирования полных митохондриальных геномов, однонуклеотидные полиморфизмы (SNP), идентифицируемые на основе полногеномного анализа с использованием ДНК-чипов высокой плотности.

В результате комплексных молекулярно-генетических исследований современных и исторических образцов отечественных пород крупного рогатого скота и привлечения информации о полногеномных типах других евразийских пород уточнена демографическая история пород России (ярославская, холмогорская, черно-пестрая, калмыцкая, якутская и др.) и оценена доля аутентичной геномной компоненты, сохранившаяся в современных популяциях.

Исследователи определяют регионы, где геном подвергся наибольшим изменениям вследствие адаптации к меняющимся условиям внешней среды и проводимой в течение последних десятилетий селекции на повышение уровня продуктивности.

Полученные данные сопоставляются с результатами исследований других евразийских пород крупного рогатого скота и служат основой для разработки программ маркер-ориентированной и геномной селекции отечественных пород.

На основании обобщения результатов исследований по проекту даются предложения по разработке программ разведения отечественных пород, направленных на повышение уровня продуктивных показателей при сохранении уникальности их аллелофонда.

— Какие, например?

— Результаты исследований исторических образцов будут использованы в качестве эталона при определении генофондного статуса современных популяций скота, а также для идентификации в современных популяциях животных, являющихся носителями уникальных аутентичных аллелей или аллельных сочетаний.

Уже сегодня на основе полученной генетической информации мы отбираем таких животных и используем их в качестве доноров яйцеклеток для последующего получения эмбрионов методом экстракорпорального оплодотворения и закладки в криобанк.

Сейчас в криобанке присутствуют эмбрионы ярославской, якутской и тагильской. На очереди — остальные двенадцать сохранившихся до настоящего времени отечественных пород молочного и молочно-мясного скота.

— Вы же занимаетесь и геномной селекцией, Наталия Анатольевна…

— Да, конечно. Это целое направление генетических технологий в животноводстве — маркерная и геномная селекция.

Исследование ДНК-маркеров — неотъемлемая составляющая программ разведения племенных животных во всем мире, в том числе и в России. О востребованности ДНК-маркеров в практическом животноводстве свидетельствует поступательный рост количества исследований по заказам предприятий.

Маркерные технологии находят применение в контроле за распространением наследственных заболеваний, а также идентификации животных с желательными генотипами по ДНК-маркерам хозяйственно-полезных признаков.

Для понимания силы эффекта ДНК-маркеров на продуктивные показатели приведу пример, основанный на фактических результатах исследований более 5 тысяч голов свиней. Учет генотипа только одного ДНК-маркера позволяет более чем на 8% повысить интенсивность роста свиней, что в расчете на 1000 товарных свиней дает шанс дополнительно получать более 6 тонн мяса в тушах.

Разработанные и апробированные в Московской и Ленинградской областях технологии геномной оценки быков-производителей по ряду признаков позволяют прогнозировать увеличение более чем в 3 раза степени генетического прогресса в селекции.

Необходимо вовлечение в исследования новых регионов. Это — начало создания национальной системы геномной оценки крупного рогатого скота, что сделает отечественное племенное животноводство конкурентоспособным и независимым от импорта семени быков-производителей.

Впервые в стране нами разработана и проходит апробацию в селекционно-гибридном центре «Топ Ген» система геномной оценки свиней, направленная на повышение эффективности использования корма.

— Принятие Федерального закона РФ «О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях» (БРК) коснется вашей работы?

— Принятие этого ФЗ позволит создать в стране правовую основу для сохранения генетических ресурсов вне систем сельскохозяйственного производства, используя для этих целей имеющуюся базу и компетенции научных и образовательных организаций — держателей коллекций. Они обладают сегодня необходимой инфраструктурной для проведения научных исследований генетических ресурсов и, что самое главное, высококвалифицированными научными кадрами.

— Кто поддерживал ваши исследования? Вы ведь ведете их не первый год…

— РНФ. Он поддержал целый ряд проектов, направленных на создание фундаментального задела для развития генетических технологий в животноводстве.

В качестве конкретного примера приведу поддержку исследований в области генетики и геномики доместицированных видов животных, заявленных научными коллективами семи различных научных и образовательных организаций, на базе объекта научной инфраструктуры ВИЖ им. академика Л.К.Эрнста. Среди участников — коллективы исследователей как биологического, так и сельскохозяйственного профиля. Это кроме ФИЦ ВИЖ им. Л.К.Эрнста, Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, Институт цитологии и генетики СО РАН, Российский государственный аграрный университет — МСХА им. К.А.Тимирязева, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий РАН, Федеральный научный центр пищевых систем им. В.М.Горбатова, Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Институт коневодства.

Результатом такого сотрудничества является получение новых знаний в области структурной, эволюционной и функциональной геномики отечественных пород крупного рогатого скота, овец, коз и лошадей как основы повышения эффективности агросистем в животноводстве.

— Какие результаты ожидаете получить в скором времени?

— Нам удалось обработать данные о полных последовательностях геномов исторических образцов трех отечественных пород. Используя эту информацию, мы верифицируем полученные ранее результаты на основании исследований однонуклеотидных полиморфизмов.

Стоит задача расширения спектра пород, по которым получены полногеномные данные. Результаты исследований по проекту составят научный задел для работы Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных и их диких родственных видов.

Создание такого центра в соответствии с поручением Владимира Владимировича Путина запланировано на базе ФИЦ ВИЖ им. Л.К.Эрнста. Основной целью работы национального центра станут сохранение, изучение и использование генетического разнообразия сельскохозяйственных животных для решения задач научно-технологического развития страны.

Поиск. - 2022. - **2 марта**. - **URL:** <https://poisknews.ru/genetics/kogda-genom-vazhen-svoya-korova-nuzhnee-toj-chto-iz-za-morya/>