

**Оценка гомозиготности в популяции молочного скота на основе
использования полногеномных данных**

Научный руководитель – Сермягин Александр Александрович

Недашковский Игорь Сергеевич

Аспирант

Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика
Л.К. Эрнста, Лаборатория популяционной генетики и разведения животных, поселок
Дубровицы, Россия

E-mail: nedashkovsky_is@mail.ru

Стартовавший в начале XXI века проект по внедрению геномной оценки в практику молочного скотоводства положил начало геномной эре в селекции. Используя полногеномное сканирование, можно с большей точностью оценить ожидаемый уровень инбридинга или вероятности аутозиготности. Целью исследований являлось изучение распределения в геноме участков, ответственных за возникновение инбредной депрессии по ряду продуктивных и хозяйственных показателей от протяженности участков гомозиготности (RON) вместе с идентификацией летальных мутаций. Было отобрано по 50 гол. быков-производителей из Московской (МО) и Ленинградской (ЛО) областей, генотипированных с помощью биочипа Illumina Bovine SNP50K v2 BeadChip плотностью 54609 SNP. Для расчета прогноза племенной ценности (EBV) использовался подход BLUP Sire Model по ранее апробированной модели смешанного типа. Общая база данных включала информацию по 77375 гол. коров-первотелок из 124 племенных стад (35190 гол). из 77 стад - МО, 42185 гол. из 47 стад - ЛО. Путем обнуления EBV для случайно отобранных 10 быков-производителей из каждой региональной популяции, были пересчитаны оценки по средней племенной ценности предков (PA) и получен геномный прогноз (DGV, непосредственная геномная племенная ценность) согласно методу GBLUP. Верифицируемая выборка состояла из 68175 гол. наблюдений (31485 гол. - МО, 36690 - ЛО). Расчет вариационно-ковариационных компонентов проводился по методу ограниченного максимального правдоподобия с учетом популяционных констант наследуемости по удою - 0,180, массовая доля жира - 0,221, молочный жир (МЖ, кг) - 0,177, массовая доля белка - 0,173, молочный белок (МБ, кг) - 0,142. Для получения EBV быков-производителей использовали программу BLUPF90 (Misztal I., UGA), включая REMLF90. Общее число предков в родословной быков-производителей составляло 1050 гол. Для расчета коэффициента инбридинга (F_x) применялась программа INBUPGF90. Анализ RON, величины генетических дистанций между популяциями (F_{st}), а также многомерного шкалирования с оценкой неравновесия по сцеплению между маркерами проводилось с использованием пакетов Plink 1.07 и Plink 1.9. Дисперсионным анализом установлено достоверное влияние по уровню инбридинга для показателей суммы RON-паттернов ($R^2=0,250$, $P<0,001$), числа гомозиготных сегментов RON ($R^2=0,221$, $P<0,001$), общего числа гомозиготных локусов вида AA/BB ($R^2=0,194$, $P<0,01$), а также по признакам молочной продуктивности: удои за 305 дн. лактации ($R^2=0,208$, $P<0,01$), МЖ ($R^2=0,152$, $P<0,05$) и МБ ($R^2=0,178$, $P<0,01$). При возрастании уровня гомозиготности в геноме по FRON, наблюдалась положительная взаимосвязь с удоем (0,305), МЖ (0,244), МБ (0,276), в сравнении с показателями, полученными на основе родословной - F_x , соответственно, 0,231, 0,233 и 0,197