

Генетические механизмы регуляции синтеза компонентного состава молока коров на основе полногеномного скрининга и инфраспектрометрического анализа

Научный руководитель – Сермягин Александр Александрович

Лашнева Ирина Алексеевна

Аспирант

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

E-mail: lashnevaira@gmail.com

Современные тенденции развития молочной индустрии изменили концепцию в подходе к качеству продукции с учетом требований рынка. Введение дополнительных параметров оценки количественного и качественного состава молока для возможности определения потенциальных биомаркеров, отвечающих за формирование и последующую реализацию продуктивности особей, представляется одной из наиболее значимых задач настоящих исследований.

С использованием данных биочипов Illumina 50K для 222 быков-производителей, относящихся к популяции черно-пестрого и голштинского скота Московской области, были проведены полногеномные ассоциативные исследования для 26 показателей состава молока коров. После контроля качества генотипов на основе программы Plink 1.07, для анализа были выбраны 39051 SNP. Расчет параметров наследуемости и генетических корреляций проводили с помощью программы REML90 (Misztal, 2002).

Генетическая обусловленность (h^2) состава молока была наибольшей для процента белка - 22,4%, казеиновой фракции - 20,1%, процента лактозы - 30,0%, соматических клеток - 21,1%, СОМО - 15,2%. Спектр жирных кислот (ЖК) отличался умеренными коэффициентами наследуемости - 6,6-13,5%, с максимум величины для миристиновой - С14:0 ($h^2=13,5\%$), мононенасыщенных - MUFA ($h^2=10,2\%$), среднецепочечных - MCFA ($h^2=10,9\%$) и короткоцепочечных ЖК - SCFA ($h^2=10,6\%$). Доля наследования насыщенных ЖК (SFA) составляла 8,4%, в то время как для наиболее желательных полиненасыщенных ЖК (PUFA) всего лишь 1,0% генетической изменчивости. Общая доля «желательных» ненасыщенных ЖК составила - 24,5%. Наиболее индикаторными показателями по взаимосвязи с жирными кислотами молока оказались метаболиты белкового и липидного обмена веществ: ацетон, оксимасляная кислота и мочевины. Особенный интерес представляют взаимосвязи по спектрам жирных кислот между собой, в частности с транс-изомерами: наблюдалась положительная корреляция с олеиновой - С18:1 ($r=0,38$), длинноцепочечными ЖК - LCFA ($r=0,39$), PUFA, ($r=0,48$), а также отрицательные с MCFA ($r=-0,64$), включая пальмитиновую - С16:0 ($r=-0,46$). Ненасыщенные ЖК (MUFA, PUFA) отрицательно коррелировали с насыщенными, что подтверждает возможность за счет селекции по ним снизить долю менее желательных липидных соединений. Уровень достоверности GWAS-анализа в большей степени по ряду полиморфизмов соответствовал критерию исключения ложных гипотез (10^{-4}), но не превышал порога значимости по Бонферрони (10^{-6}), что мы связываем с некоторой ограниченностью выборки (21 тыс. суточных наблюдений). Наибольшая встречаемость значимых SNP детектирована на хромосомах 5, 6, 7, 10, 14, 15, 20 и 22, которые были сопряжены с метаболическими путями регуляции синтеза диглицеридов, протеин-кодирующих генов, связанных с резистентностью организма. Использование комплекса биомаркеров позволит улучшить здоровье и функциональное

состояние коров с целью сохранения долголетия и производства продукции с высокой экономической составляющей компонентов молока.

Исследования выполнены в рамках ГЗ №0445-2019-0029