|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | ***МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ***  ***ФГБОУ ВПО МГАВМиБ***  ***Ветеринарно-биологический факультет***  ***Кафедра генетики и селекции*** | **Реферат** |
| Лист 1/13 |

# **Реферат**

по дисциплине «Генетика.»

### 

Тема: «Геномная селекция в животноводстве.»

#### **Выполнил:** студент 2 курса 1 группы

##### ВБФ

###### Шиловцев Василий Сергеевич

###### Проверил: Храмов А. П.

**Москва 2018г.**

**Оглавление:**

1)Введение:……………………………………….……………………………………….3

2) Маркерная селекция:……………..………………………..………………………..….3

3) Локусы количественных признаков(QTL):……..……….…………………….……...5

4)Полигенное наследование:….......…………………………………...……………..….5

5)QTL картирование:……………………...…………………………….............………..6

6) Однонуклеотидный полиморфизм(SNP локусы):……………………………………6

7)Преимущества геномной селекции:…………………………………………………..8

8)Экономическая эффективность:………………………………………………..……10

9)Слабые стороны геномной селекции:…………………………………………....….10

10) Современные тенденции в геномной селекции на примере молочного крупного скота:………………………………………………………………………………...........11

11)Геномная селекция в России:…………………………………………………….....12

12)Заключение:…...………………………………………………………………….......12

13)Список использованной литературы:……………………………………………….13

**Введение.**

В последнее 10 лет в мировой селекции происходят значительные изменения, которые связаны с появлением новых технологий в оценке племенной ценности сельскохозяйственных животных на основе молекулярно-генетических маркеров хозяйственно ценных признаков продуктивности. Эти технологии ассоциируются с геномным сканированием, геномной селекцией.

Геномная селекция — это новейший инструмент оценки племенных качеств животных, основанный на установлении очень точной взаимосвязи между структурой ДНК животного, его экстерьером и практическими преимуществами при разведении, за счет ДНК маркирования. Этот термин был предложен учеными Хайли и Вишером в 1998.

**Маркерная селекция.**

Родоначальником геномной селекции является маркерная селекция.

Маркерная селекция(MAS-селекция) – это использование маркеров для маркирования генов количественного признака, что дает возможность установить наличие или отсутствие в геноме определенных генов.

Впервые идею применения маркеров в селекции теоретически обосновал А.С. Серебровский в 20-х годах прошлого столетия. Маркер по мнению Серебровского - это аллель гена, имеющий четко выраженное фенотипическое проявление, локализованный рядом с другим аллелем, определяющим хозяйственно важный изучаемый признак, но, при этом, не имеющим четкого фенотипического проявления. Таким образом, делая отбор по фенотипическому проявлению этого сигнального аллеля, происходит отбор сцепленных аллелей, определяющих проявление изучаемого признака.

Первоначально в качестве генетических маркеров использовались фенотипические признаки, но очень часто количественные признаки имеют сложный характер наследования, их проявление детерминируется условиями среды и количество маркеров, в качестве которых используются фенотипические признаки, ограниченно.

Затем в качестве маркеров использовались продукты генов, т.е. белки. Но опыты показали, что наиболее эффективно тестировать генетический полиморфизм не на уровне продуктов генов, а непосредственно на уровне генов, то есть использовать в качестве маркеров полиморфные нуклеотидные последовательности ДНК.

Ген - это участок ДНК, определенная последовательность нуклеотидов, в которой закодирована информация о синтезе одной молекулы белка, и как следствие, обеспечивающая формирование какого-либо признака и передачу его по наследству.

Обычно фрагменты ДНК, которые лежат близко друг к другу на хромосоме, передаются по наследству вместе. Это свойство позволяет использовать маркер для определения точной картины наследования гена, который еще не был точно локализован.

Таким образом, можно сказать, что маркеры – это полиморфные участки ДНК с известной позицией на хромосоме, но неизвестными функциями, по которым можно выявлять другие гены. Генетические маркеры должны быть легко идентифицируемы, связаны с конкретным локусом и очень полиморфны, потому что гомозиготы не дают никакой информации.

Широкое применение вариантов полиморфизма ДНК в качестве генетических маркеров началось с 1980 г. Молекулярно-генетические маркеры использовались для программ сохранения генофондов пород сельскохозяйственных животных, с их помощью решались задачи происхождения и распространения пород, установления родства, картирования основных локусов количественных признаков, изучения генетических причин наследственных заболеваний, ускорения селекции по отдельным признакам – устойчивости к определенным факторам, по продуктивным показателям. В Европе генетические маркеры начали применяться в селекции свиней еще с начала 1990 гг.

Основными типами молекулярно-генетических маркеров являются QTL и SNP чипирование.

**Локусы количественных признаков**(**QTL).**

Гены, представленные в популяции несколькими формами аллелей – это полиморфные гены. Аллели генов разделяются на доминантные и рецессивные. Полиморфизм генов обеспечивает разнообразие признаков внутри вида.

Однако лишь некоторые признаки находятся под контролем отдельных генов (например, цвет волос). Показатели продуктивности, являются количественными признаками, за развитие и проявление которых отвечают многие гены. Некоторые из этих генов могут иметь более выраженный эффект. Такие гены называются основными генами локусов количественных признаков (QTL). Локусы количественных признаков (QTL) являются участками ДНК, либо содержащими гены, либо сцепленными с генами, которые отвечают за тот или иной количественный признак.

У сельскохозяйственных животных множество хозяйственно полезных признаков, такие как продуктивность, качество яиц, наследуются по сложному полигенному типу и находятся под контролем многих генов, расположенных в QTL-локусах. Сведения о нуклеотидных последовательностях из районов QTL могут быть использованы, в практическом животноводстве для проведения селекции посредством молекулярных маркеров. Исследование комплексной молекулярной архитектуры этих локусов является важным и с точки зрения общей генетики. При этом часто применяют методику позиционного клонирования районов хромосом, контролирующих количественные признаки, которые предварительно локализованы с помощью полиморфных маркеров.

**Полигенное наследование.**

Для количественных признаков характерно полигенное наследование, также известное как мультифакторное (множественное). Оно относится к наследованию характеристик фенотипа, за которые отвечают два или более гена. Полигенные признаки не подчиняются законам Менделя. Вместо этого фенотипические признаки обычно варьируют с равномерным отклонением, изображаемым при помощи кривой нормального распределения.

Примером полигенных признаков является цвет кожи. За определение естественного цвета кожи индивида отвечают многие гены, так что изменение лишь одного из них едва ли приведёт к существенным переменам в цвете.

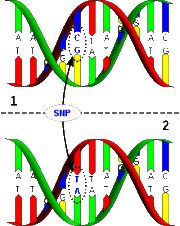
**QTL картирование.**

Картирование участков генома, включающих гены, связанные с определённым количественным признаком, производится при помощи молекулярных маркеров, таких как AFLP (полиморфизм длин амплифицированных микросателлитов) или SNP(однонуклеотидный полиморфизм).

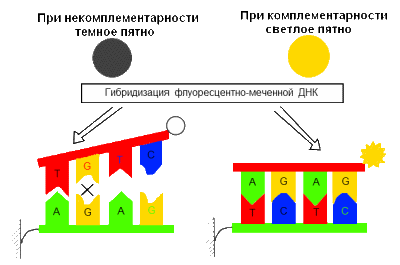
Это первый шаг в идентификации и определении генов, отвечающих за изменчивость признаков. Затем проводят анализ последовательности ДНК и определяют кандидатные гены, которые могут участвовать в контроле изучаемого количественного признака. В тех случаях, когда геном организма ещё не секвенирован полностью, прибегают к позиционному клонированию. На основе данных сцепления количественного признака с генетически локализоваными полиморфными маркерами, выделяют геномные клоны, соответствующие картированному локусу, и путём их секвенирования идентифицируют вероятные гены, связанные с проявлением признака.

**Однонуклеотидный полиморфизм(SNP локусы).**

Успехи в совершенствовании методов биологии и молекулярной генетики, накопление фундаментальных знаний в этих областях позволило к 2010 году расшифровать геномы основных видов сельскохозяйственных животных – крупного рогатого скота, свиней, овец и проводить генотипирование животных по тысячам ДНК-маркеров. Было установлено, что из всех генетических маркеров наиболее информативным и удобным для использования в практической прикладной селекции является SNP (Single Nucleotide Polymorphism), так называемый снип или однонуклеотидный полиморфизм, т.е. отличие в последовательности ДНК размером в один нуклеотид (A, T, C или G), которое может быть причиной изменения последовательности чередования аминокислот в белке.

В зависимости от такого изменения действие белка в цепочке биохимических реакций усиливается или ослабляется, что в свою очередь изменяет в ту или иную сторону проявление признака продуктивности. Многолетними исследованиями было установлено, что у сельскохозяйственных животных насчитывается несколько сотен тысяч таких маркеров, в среднем один на 50 тысяч нуклеотидов, которые равномерно распределены по всему геному.

ДНК-чип представляет собой подложку с нанесенными на нее ячейками, в которых помещено вещество-реагент. Как правило, исследуемый материал помечают различными метками, обычно это флуоресцентный краситель и наносят на ДНК-биочип. Как показано на рисунке, вещество-реагент (олигонуклеотид) при классической ПЦР-реакции связывает в исследуемом материале ДНК только комплементарный фрагмент. В результате в той ячейке, где произошла реакция, регистрируется свечение. Таким образом, в 50 тысячах локусов можно выявить присутствие или отсутствие желательного для селекции аллеля.



Для каждого SNP-маркера путем использования генетико-статистического анализа, определяется значение и его доля в общей племенной ценности. Таким образом, геномная оценка животного складывается из суммирования показателей общего индекса племенной ценности с учетом коэффициентов значимости каждого SNP-маркера.

Для увеличения количества SNP-маркеров в последнее время ряд зарубежных компаний объединяют свои усилия, создавая единую базу данных, чтобы иметь возможность, протестировав большое количество животных, проверенных по продуктивности на полиморфизм, выявить наличие связей между известными точечными мутациями и продуктивностью.

В настоящее время определено большое количество полиморфных вариантов генов и их взаимовлияние на продуктивные признаки свиней. Некоторые генетические тесты с использованием маркеров, определяющих продуктивные качества, публично доступны и используются в программах разведения. Используя такие маркеры, можно улучшить некоторые продуктивные показатели.

Примеры маркеров продуктивности:

* маркеры плодовитости: ESR – ген эстрогенного рецептора;
* маркеры устойчивости к заболеваниям – ген рецептора ECR F18;

**Преимущества геномной селекции.**

Основное преимущество геномной селекции – это возможность установить наследование в генах определенных ценных аллелей практически сразу после рождении. Таким образом, селекционное значение генотипа животного оценивается напрямую, а не через фенотипическое проявление в период продуктивного использования. Прогнозировать племенную ценность животного можно в самом раннем возрасте, что на порядок повышает эффективность селекционного отбора.

Специалистами стран ЕС подсчитано, что экономический эффект от использования геномной селекции в расчете на одного быка-производителя составляет около 20 тыс. евро. Он складывается за счет экономии средств на проведение традиционной оценки по продуктивности потомков, которая занимает, как правило, в молочном скотоводстве 4-5 лет, при этом далеко не все производители признаются улучшателями. Так из 500 бычков, оцениваемых по качеству потомства, лишь десятая часть отбирается для дальнейшего племенного использования. Стоимость геномной оценки сегодня составляет около 250 евро, но вызывает сомнения то, что с развитием ДНК-технологий цена геномного сканирования будет снижаться. Привлекательность геномной оценки повышается за счет возможности генотипировать потенциальных коров-матерей быков-производителей. Преимущество геномной селекции значительно возрастает и при использовании технологии пересадки эмбрионов, эффективность которой во многом определяется точностью отбора коров-доноров.

Сегодня более 25 стран ведут геномные исследования разных видов сельскохозяйственных животных, на реализацию которых выделяются значительные средства. Достаточно сказать, что только в США в настоящее время реализуется около 10 проектов, связанных как с использованием фундаментальных основ геномной селекции, так и с практическим освоением этих технологий в животноводстве. При этом бюджет этих проектов составляет сотни миллионов долларов. Для получения возможности генотипов большего количества животных, оценки по продуктивности, и определения наличия связей между известными точечными мутациями (SNP) и показателями племенной ценности, в последнее время многие зарубежные молекулярно-генетические лаборатории объединяют усилия, создавая единую базу данных. Это позволяет увеличить SNP-маркеров.

На практике, геномная селекция позволит сделать животноводство максимально точным производством, а использование генетических маркеров полученных в ходе научных исследований по программе геномной селекции позволит ускорить процесс отбора наиболее ценных животных. Эффективность этого отбора обеспечит использование индексных методов.

При использовании геномной селекции, увеличится надежность и достоверность племенной ценности, что позволит определять крайних животных как на верхнем так и на нижнем уровнях этого диапазона племенной ценности. Очевидно, что животные с наиболее низкими племенными индексами подвергнуться выбраковке, а животные с высокими индексами наоборот будут использоваться в производстве.

К основным преимуществам геномной селекции относят:

1. Более высокую точность исследований

2. Новые характеристики учета и оценки

3. Высокую скорость селекции

4. Ускоренный генетический прогресс поголовья животных благодаря лучшему пониманию структуры ДНК

**Экономическая эффективность.**

Геномная селекция позволяет сэкономить до 90 % средств, затрачиваемых на оценку быков-производителей, и сократить время оценки с 6 лет до 1 года и 9 месяцев. Геномная селекция позволяет получать на 25% больше выгоды в свиноводстве. При постоянном совершенствовании геномных технологий продолжит снижаться относительная стоимость генотипирования, что откроет возможности для широкого применения геномной селекции.

**Слабые стороны геномной селекции.**

Главная трудность для проведения геномной селекции заключается в том, что требуется генотипирование и фенотипирование стандартной популяции. Причем чем больше численность популяции, тем выше точность геномной селекции. Для генотипирования стандартной популяции проводится дорогостоящее геномное секвенирование с последующим поиском однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), но с каждым годом стоимость геномного секвенирования становится ниже, это обуславливает рост использования геномной селекции в сельскохозяйственном производстве.

**Современные тенденции в геномной селекции на примере молочного крупного скота.**

Достижения в генетическом анализе и методах картирования генов количественных признаков в XX веке позволили в начале нынешнего столетия разработать и успешно реализовать, в особенности на крупном рогатом скоте молочного направления, метод геномной селекции.

Геномная селекция наиболее эффективна для распространенных в мире пород, таких как голштинская. При этом повышение точности геномных оценок зависит от числа индивидов, добавленных к контрольной популяции, надежности их фенотипирования, а также их родственных отношений. Например, объединение голштинских референсных популяций по 4 тыс. быков каждая, из четырех основных европейских племенных компаний (UNCEIA, VikingGenetics, German Holstein Association и CRV Holding BV) повысило надежность геномных предсказаний в среднем на 10 % по сравнению с результатами, полученными при использовании только национальных референсных популяций.

Современные методы вычисления геномных оценок, как правило, предполагают, что смешанная контрольная популяция является гомогенной в отношении QTL, контролирующих данные признаки. Исследования на модели, в которой предполагалось, что животные в этой объединенной популяции могут нести эффекты породоспецифических QTL, показали, что, по сравнению с гомогенной референсной популяцией, такая модель позволяла лишь незначительно повысить точность предсказания признаков молочной продуктивности.

Таким образом, использование многопородных референсных популяций может улучшить точность оценок при геномной селекции у малочисленных пород.

**Геномная селекция в России.**

Геномная селекция – это будущее российского сельского хозяйства, она послужит ощутимым импульсом к развитию многих отраслей животноводства, поможет вывести качественные и количественные показатели на новый уровень. На сегодняшний день геномная селекция в России находится в фазе становления. Дальнейшего развития возможно при финансовых вложениях и разработках нормативно-правовой базы по данному вопросу.

**Заключение.**

Геномная селекция – это мощный инструмент для использования в будущем. В настоящее время эффективность геномной селекции ограничена различным характером взаимодействия между локусами количественных признаков, изменчивостью количественных признаков у разных пород,  влиянием на проявление признака факторов внешней среды. По результатам исследований во многих странах можно сказать, что использование статистических методов совместно с геномным сканированием увеличивает надежность прогноза племенной ценности.

**Список использованной литературы.**

1. “Геномные технологии в селекции сельскохозяйственных животных” М. И. Селионова;
2. Генетические основы современной селекции, учебно-методическое пособие Моисейкина Л.Г.;
3. Генетические основы селекции в скотоводстве, Меркурьева Е.К.
4. “Внутривидовой полиморфизм выявляемый SNP-маркерами”, С.А. Рамазанова, Т.С. Антонова;
5. “Геномная селекция – будущее в разведении животных”, Груздев Д.А., Пантюх Е.С.;
6. <https://ru.wikipedia.org> – свободная энциклопедия “Википедия”;
7. **”Геномная селекция”, DanAvl(Датская генетическая компания);**
8. Юдин Н.С., Лукьянов К.И., Воевода М.И., Колчанов Н.А. “Применение репродуктивных технологий для повышения эффективности

геномной селекции молочного крупного рогатого скота.” Вавиловский журнал генетики и селекции. 2015;19(3):277-285.