

УДК 636.082.2

## МОЛОЧНАЯ ПРОДУКТИВНОСТЬ КОРОВ С РАЗЛИЧНЫМИ ГЕНОТИПАМИ КАППА-КАЗЕИНА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ЛИНЕЙНОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ

© Е.И. Кийко

*Ключевые слова:* линии, молочный белок, каппа-казеин, генотипы.

Проведен анализ молочной продуктивности двух линий коров черно-пестрой породы с различными генотипами каппа-казеина. Анализ показывает преимущество коров с генотипом каппа-казеина АВ.

Опыт мирового животноводства доказывает, что высокой продуктивности молочного скота можно достигнуть только при хорошей организации племенного дела. В комплексе общепринятых зоотехнических мероприятий разведение по линиям рассматривается как высшая форма организации селекционно-племенной работы со стадом и породой в целом. Метод разведения по линиям является наиболее надежным для получения животных с желательными для специалиста качествами. Линия является составной частью породы и поэтому между ними нет резких контрастов, но тем не менее каждая из них имеет свои характерные особенности.

Биологическая сущность разведения по линиям заключается в усилении (или закреплении) наследственных свойств и признаков животных. Основная цель разведения по линиям – не только сохранение наследственных достоинств родоначальника, но и обогащение линии путем накопления в течение нескольких поколений новой ценной наследственности, что включает в себя максимальное использование выдающегося родоначальника и его потомства. Данный метод создает определенную систему рационального использования племенных животных, предотвращает их распыление в общей массе стада или породы.

Почти все авторы, анализируя методы разведения по линиям, оценивают с точки зрения влияния их на молочность и жирномолочность. Вопрос же о влиянии методов разведения на содержание белка и на генетическую структуру стада по частотам встречаемости аллелей и генотипов каппа-казеина и качество линий по данному признаку остается малоизученным. Поэтому были проведены исследования по изучению влияния линейной принадлежности животных черно-пестрой породы на их продуктивность в зависимости от генотипа по каппа-казеину.

Фенотипическое проявление аллельных вариантов гена каппа-казеина зависит от сочетания аллельных вариантов других генов, участвующих в формировании признаков молочной продуктивности. Комбинация аллелей генов различных локусов у животных связана с их линейной принадлежностью. Для анализа характеристик продуктивности отдельных линий в зависимости от генотипа по каппа-казеину нами были отобраны коровы черно-пестрой породы из колхоза им. Ленина

Тамбовской области, принадлежащие к 2-м генеалогическим линиям: Аннас Адема 30587 ( $n = 23$ ) и Рикуса 25415 ( $n = 17$ ), т. к. на их долю приходится 78,4 % от количества исследованных нами животных ( $n = 51$ ).

Коровы с генотипом АВ по каппа-казеину у обеих изученных линий превосходили животных с генотипом АА по всем указанным параметрам (табл. 1).

Таблица 1

Молочная продуктивность коров с различными генотипами каппа-казеина в зависимости от линейной принадлежности

Генотип каппа-казеина	Кол-во голов	Показатели продуктивности		
		Удой, кг	Белок, %	Мол. белок, кг
<i>Линия Аннас Адема 30587</i>				
АА	17	4467 ± 73,5	3,16 ± 0,029	141,2 ± 1,87
АВ	6	4670 ± 93,3	3,3 ± 0,04	154,1 ± 2,81
АВ ± к АА		+203	+0,14	+12,9
<i>Линия Рикуса 25415</i>				
АА	13	4375 ± 81,1	3,17 ± 0,029	138,9 ± 2,27
АВ	4	4517 ± 47,8	3,26 ± 0,048	147,3 ± 3,18
АВ ± к АА		+142	+0,09	+8,4

Различие между генотипами каппа-казеина АА и АВ по удою составило 4,32 % (линия Аннас Адема 30587,  $P < 0,95$ ) и 3,24 % (линия Рикуса 25415,  $P < 0,95$ ). Различия между генотипами каппа-казеина по процентному содержанию белка в молоке составили соответственно 4,24 ( $P > 0,95$ ) и 2,76 % ( $P < 0,95$ ).

В обеих исследованных линиях гетерозиготные по каппа-казеину животные (АВ) имели более высокий выход молочного белка, чем гомозиготные (АА) животные. Различие между группами животных с генотипами АА и АВ составило 12,9 кг молочного белка для линии Аннас Адема 30587 ( $P > 0,99$ ) и 8,4 кг для линии Рикуса 25415 ( $P > 0,95$ ).

Поступила в редакцию 14 ноября 2009 г.

Kijko E.I. Milk efficiency of cows with various genotypes of kappa-casein depending on a linear accessory.

The analysis of dairy efficiency of two lines of cows of black-motley breed with various genotypes of kappa-casein is carried

out. The analysis shows advantage of cows with a genotype of kappa-casein AB.

*Key words:* lines; dairy fiber; kappa-casein; genotypes.

УДК 636.082.2

## ПРИНЦИПЫ МАРКЕРНОЙ СЕЛЕКЦИИ В МОЛОЧНОМ СКОТОВОДСТВЕ

© Е.И. Кийко

*Ключевые слова:* молочное скотоводство; маркерная селекция; ДНК-маркеры; локусы количественных признаков (QTL); ген.

Дано обоснование необходимости селекции молочного скота с помощью ДНК-маркеров, что дает возможность оценить генотип по желательным признакам независимо от возраста и пола животного, а также ускорить селекционный процесс и повысить его эффективность.

Основной задачей молочного скотоводства является получение высокопродуктивных животных, дающих молоко с высоким содержанием белка и обладающее хорошими технологическими свойствами. Большинство этих показателей имеет полигенную природу и детерминирована многими генами при взаимодействии с условиями внешней среды. Эффективность селекционной работы определяется успешностью подбора к конкретным средовым условиям генотипов, носители которых в таких условиях отличаются желательной продуктивностью. Увеличение эффективности селекционной работы может достигаться по пути выявления генотипов, для носителей которых имеющиеся условия позволяют развивать комплекс желательных признаков продуктивности. С этой целью используются молекулярно-генетические маркеры генов. Они позволяют получать информацию о разных состояниях генов (аллельных вариантах) и непосредственно экспериментально исследовать, какие варианты отдельных генов и генных ансамблей имеют преимущественное распространение у групп организмов, несущих желательный комплекс признаков в конкретных средовых условиях. Использование большого количества генетических маркеров в качестве критериев селекционных процессов позволяет более достоверно оценивать генетический потенциал пород, популяций и отдельно взятых особей, более точно контролировать селекционные процессы в стадах, корректировать их направленность. Так, например, учет максимально большого количества генов позволяет более точно оценить уровень гомозиготности, а значит и степень консолидации стад [1–2].

Особую актуальность имеет картирование локусов количественных признаков (QTL) для оценки генетических параметров (разный вклад локусов количественных признаков у каждого индивида) и аддитивного генетического влияния. Для решения этой проблемы возникло новое направление в племенном деле – селекция с помощью маркеров (Marker Assisted Selection – MAS). Целью маркерной селекции является замена селекции по фенотипу на селекцию на уровне ДНК. В идеале MAS должна базироваться на скрининге на

уровне ДНК специфических вариантов каждого QTL, которые положительно влияют на проявление признака. Основой маркерной селекции является картирование локусов количественных признаков, которые маркируют экономически важные продуктивные признаки. В сложных локусах количественных признаков анализируют фланкирующие маркеры с неизвестной функцией, сцепленные с генами QTL. Практически, достаточно идентифицировать маркер или группу маркеров, связанных с QTL, и определить связь сцепления между специфическими аллелями или гаплотипами в маркерном локусе и предпочтительными аллелями в QTL [3].

Одним из основных направлений в этой работе является поиск маркеров, позволяющих выявить генотипы животных, обладающих хозяйственно-полезными признаками, а также поиск новых систем генетического маркирования. В этом отношении наиболее перспективны исследования непосредственно на уровне ДНК генома животных и, в частности, по полиморфизму длин рестриктных фрагментов (ПДРФ). Если ген, кодирующий важный признак, сцеплен или сам содержит ПДРФ, то с помощью соответствующего рестриктозного фермента может быть создана тест-система данного признака продуктивности. Повторяющиеся последовательности ДНК обладают более высокой вариабельностью, чем структурные гены. Полиморфные рестриктные фрагменты повторяющейся ДНК представляют собой специфические генетические маркеры [4–5]. Одновременно тестируется множество аллелей. Соответствующие аллельные варианты могут быть использованы как маркеры отдельных сегментов хромосом и, соответственно, лежащих в этих сегментах тесно сцепленных с ними генов. Причем некоторые из таких генов, тесно сцепленных с аллельными вариантами, могут участвовать в детерминации признаков продуктивности.

Для маркерной селекции ДНК-маркеры имеют следующие принципиальные преимущества:

– наследование происходит по законам Менделя по типу кодминирования, что делает возможным непосредственный анализ генотипа;