Научные конференции

УДК 575.82+575.224 doi: 10.15389/agrobiology.2016.2.264rus

10-я ВСЕРОССИЙСКАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ-ШКОЛА С МЕЖДУНАРОДНЫМ УЧАСТИЕМ «СОВРЕМЕННЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ И ПРОБЛЕМЫ БИОТЕХНОЛОГИИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ»: АНАЛИТИЧЕСКИЙ ОБЗОР

Н.А. ЗИНОВЬЕВА, В.А. БАГИРОВ, Е.А. ГЛАДЫРЬ, О.Ю. ОСАДЧАЯ

8-11 декабря 2015 года во Всероссийском НИИ животноводства им. академика Л.К. Эрнста (Московская обл., Россия) при поддержке Федерального агентства научных организаций (ФАНО России), Российского фонда фундаментальных исследований (РФФИ) и Министерства инноваций и инвестиций Московской области прошла 10-я Всероссийская конференция-школа с международным участием «Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных—БиоТехЖ-2015» (http://www.vij.ru/index.php/ru/konferentsii/). Серия научных конференций-школ «БиоТехЖ» берет начало с 2001 года, когда во Всероссийском НИИ животноводства (ВИЖ) по инициативе вице-президента РАСХН академика Льва Константиновича Эрнста впервые состоялось научное мероприятие по новому для аграрной науки того времени направлению — биотехнологии сельскохозяйственных животных. Юбилейная конференция стала площадкой для обсуждения перспективных и активно развивающихся направлений в биотехнологии сельскохозяйственных животных. В работе конференции приняли участие 281 человек, из них 207 — молодые ученые, аспиранты и студенты из 16 регионов России, а также ученые из Австрии, Белоруссии, Казахстана, Кыргызстана, Таджикистана.

Ключевые слова: сельскохозяйственные животные, промысловые животные, генофонд, молекулярно-генетические исследования, генетическая паспортизация, генная инженерия.

Серия научных конференций-школ «БиоТехЖ» берет начало с 2001 года, когда во Всероссийском НИИ животноводства (ВИЖ) по инициативе вице-президента РАСХН академика Льва Константиновича Эрнста впервые состоялось научное мероприятие по новому для аграрной науки того времени направлению — биотехнологии сельскохозяйственных животных. Направления исследований, которые обсуждались и нашли отражение в резолюции первой конференции, сегодня стали одними из приоритетов научно-технологического развития страны (1, 2).

Следующие 15 лет ознаменовались бурным развитием молекулярной генетики, сделав возможным исследование не только отдельных генов, но и целых геномов. Были секвенированы полные геномы всех основных видов сельскохозяйственных животных — от крупного рогатого скота (*Bos taurus*) в 2009 году (сборка генома Btau 4.0) (3) до домашней козы (*Capra hircus*) в 2013 году (сборка генома CHIR_1.0) (4). В сравнительных исследованиях животных различных пород были идентифицированы и отобраны для дальнейшего использования в геномном анализе однонуклеотидные полиморфизмы (SNP). На платформе BeadArray создана технология полногеномного генотипирования, позволяющая проводить одновременный анализ от нескольких десятков до нескольких сотен тысяч таких SNP (5). Сегодня это наиболее информативный подход в изучении процессов доместикации видов, проведении филогенетических исследований, изучении состояния, структуры и динамики популяций, картировании локусов количественных признаков сельскохозяйственных животных (6-10). Существенные успехи за прошедший период были достигнуты в области геномной инженерии животных, дальнейший прогресс в которой связывают с развитием технологий так называемого активного трансгенеза (11, 12).

В работе 10-й юбилейной конференции, которая стала площадкой для обсуждения направлений развития биотехнологии сельскохозяйственных животных с учетом вышеназванных достижений, приняли участие 281 человек, из них 207 — молодые ученые, аспиранты и студенты из 16 регионов России, а

также ученые из Австрии, Белоруссии, Казахстана, Кыргызстана, Таджикистана.

На пленарном заседании были затронуты все современные аспекты развития биотехнологий сельскохозяйственных и промысловых животных. Действительный член Немецкой и Австрийской академий наук, иностранный член РАН, профессор Готтфрид Брем (Gottfried Brem, Институт животноводства и генетики, Ветеринарно-медицинский университет, г. Вена, Австрия) выступил с докладом «Y-хромосомальные маркеры в исследовании происхождения жеребцов», в котором представил новый взгляд на процесс доместикации лошадей и генеалогию линий в коневодстве.

М.Е. Михайлова (Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, г. Минск, Республика Беларусь) в своем докладе «Исследование генофондов доместицированных и диких видов животных в Республике Беларусь» рассказала об опыте изучения генофонда зубра, сохраняемого в Беловежской пуще, с использованием молекулярно-генетических методов.

Характеристике генофондов локальных пород животных посвятили свои доклады Ф.С. Амиршоев (Институт животноводства ТАСХН, г. Душанбе, Республика Таджикистан), выступивший с сообщением «Генетические ресурсы животных Таджикистана», и Е.М. Лущихина (Киргизский НИИ животноводства, г. Бишкек, Республика Кыргызстан) с сообщением «Состояние генетических ресурсов сельскохозяйственных животных Республики Кыргызстан».

Применению геномных подходов в селекции крупного рогатого скота были посвящены сообщения Т.Н. Карымсакова (Казахский НИИ животноводства и кормопроизводства, г. Астана, Республика Казахстан) на тему «Перспективы использования молекулярно-генетических методов в селекции мясного скота Казахстана» и К.В. Племяшова (Всероссийский НИИ генетики и разведения животных, г. Санкт-Петербург), выступившего с докладом «Верификация племенной ценности быков и коров голштинизированного черно-пестрого скота Ленинградской области».

На вопросах оценки современного состояния популяций видов и пород сельскохозяйственных животных с использованием ДНК-маркеров разных типов остановились Ю.А. Столповский (Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва) в докладе «Исследование пород доместицированных видов животных: оценка генофонда и его рациональное использование», М.И. Селионова (Ставропольский НИИ животноводства и кормопроизводства, г. Ставрополь) в сообщении «Генетические ресурсы овец и коз России и основные биотехнологические направления развития отрасли» и А.М. Зайцев (Всероссийский НИИ коневодства, г. Рязань) в докладе «Изучение уровней внутри- и межпородной генетической изменчивости лошадей для молекулярно-генетической паспортизации».

Характеристика племенных генетических ресурсов, эффективные стратегии в поддержании биоразнообразия, стандартизация подходов в характеристике генофондов — основные вопросы, которые были затронуты в докладе «Организационно-методологические аспекты генетической экспертизы и оценки племенных животных» (Л.А. Калашникова, Всероссийский НИИ племенного дела, Московская обл.).

Большой интерес у участников конференции вызвали результаты исследований генофондов северного оленя и снежного барана. Эти животные — важнейшие элементы экосистем Севера и неотъемлемая часть жизни и культуры коренных народов региона. Были представлены доклады «Современное состояние популяций снежного барана (*Ovis nivicola*) и дикого северного оленя (*Rangifer tarandus*) в Якутии и перспективы использования их ресурсов» (И.М. Охлопков, Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, г. Якутск) и «Генетический мониторинг северных оленей ненецкой породы в Ненецком автономном округе» (Т.М. Романенкова, Нарьян-Марская сельскохозяйственная опытная станция, г. Нарьян-Мар).

Характеристике современного состояния исследований в области по-

лучения биоинженерной птицы и достижениям отечественных ученых был посвящен доклад Н.А. Волковой (ВИЖ им. Л.К. Эрнста) на тему «Современные подходы к получению генетически-модифицированной птицы».

Методические аспекты развития криотехнологий применительно к генеративной плазме сельскохозяйственных животных нашли отражение в докладе Г.П. Маленко (Центр экспериментальной эмбриологии и репродуктивных биотехнологий, г. Москва) «Актуальные вопросы криоконсервации ооцитов и эмбрионов крупного рогатого скота».

С целью поддержки научного потенциала талантливой научной молодежи и повышения публикационной активности молодых ученых в рамках подготовки конференции была проведена оценка их работ, по результатам которой были отобраны 9. Из них 6 опубликованы в журнале «Сельскохозяйственная биология» и 3 — в журнале «Достижения науки и техники АПК».

В работе Д.В. Белоглазова (http://www.agrobiology.ru/6-2015beloglazov.html, http://www.agrobiology.ru/6-2015beloglazov-eng.html) представлены результаты исследований пролиферативной активности клеток яйцевода кур в разном возрасте, выполненные с целью определения оптимальной стадии для переноса генов, опосредованного ретровирусами. Установлено, что результативность локального трансгенеза клеток яйцевода кур может быть повышена более чем в 3,3 раза посредством стимуляции пролиферации эпителиальных клеток эстрогеновыми гормонами (13). Результаты анализа полногеномных SNP профилей локальных российских пород овец и оценка информативности международной панели однонуклеотидных полиморфизмов приведены в статье Т.Е. Денисковой (http://www.agrobiology.ru/6-2015deniskova.html, http://www.agrobiology.ru/6-2015deniskova-eng.html) (14). В исследованиях О.В. Костюниной (http://www.agrobiology.ru/6-2015kostyunina.html, http://www.agrobiology.ru/6-2015kostyunina-eng.html) установлено количественное влияние генотипа ДНК-маркера *IGF2* на мясную и откормочную продуктивность свиней, а также показано влияние пола на проявление действия маркерных генотипов (15). Целью исследований А.А. Сермягина (http://www.agrobiology.ru/2-2016sermyagin.html, http://www.agrobiology.ru/2-2016sermyagin-eng.html) было изучение полногеномных ассоциаций полиморфизмов единичных нуклеотидов с племенной ценностью голштинских быков-производителей по хозяйственно-полезным признакам. Установлено, что использование полногеномного анализа позволяет с высокой степенью точности картировать QTL низко и умеренно наследуемых признаков продуктивности и воспроизводства (16). Сравнительному анализу информативности морфометрических показателей и высокополиморфных ДНК-маркеров — микросателлитов в оценке разнообразия и степени дифференциации линий серой горной кавказской породы медоносный пчелы (*Apis mellifera caucasica*) посвящена работа М.С. Форнары (http://www.agrobiology.ru/6-2015fornara.html, http://www.agrobiology.ru/6-2015fornara-eng.html) (17). Результатом исследований В.Р. Харзиновой (http://www.agrobiology.ru/6-2015kharzinova.html, http://www.agrobiology.ru/6-2015kharzinova-eng.html) стала разработка первой в мире мультилокусной панели анализа STR-маркеров северных оленей (*Rangifer tarandus*). Показана ее высокая функциональная емкость как для анализа достоверности происхождения, так и для изучения биоразнообразия российских популяций северного оленя (18).

Исследованиями М.А. Жилинского (http://agroapk.ru/70-archive/12-2015/1204-2015-12-27-ru) установлено изменение ряда качественных и количественных показателей семени петухов вследствие интеграции рекомбинантной ДНК, что необходимо учитывать при создании линий трансгенных кур (19). О.С. Романенковой (http://agroapk.ru/68-archive/11-2015/1136-2015-11-27-ru) предложена молекулярно-генетическая тест-система для прямого анализа LoF-мутации в гене *SMC2*, ассоциированной с гаплотипом фертильности HH3. Последний служит причиной ранней эмбриональной смертности у коров. Показана широкое распространение HH3 в популяции голштинского скота в России (20). Сравнительному исследованию состояния обмена веществ у коров-

первотелок при разной степени депрессии овариальной функции в первую треть лактации освящена работа А.А. Соломахина (http://agroapk.ru/68-archive/11-2015/1137-2015-11-28-ru) (21).

Все молодые ученые, прошедшие отбор, получили право представления результатов своих исследований на конференции в рамках секционных заседаний или мастер-классов.

Конференция-школа «Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных» позволила выявить мировые научные приоритеты в сфере био- и клеточных технологий, стала информационной площадкой для обмена актуальным опытом отечественных ученых в области агробиотехнологий. Следует особо отметить, что на конференции были представлены и обсуждены результаты исследований, полученные при выполнении проектов Российского научного фонда (14-36-00039, 15-16-00020), РФФИ (№ 13-04-01888, № 14-48-03681, № 15-08-99473), Минобрнауки России (14.604.21.0141, 14.604.21.0062). Конференция-школа послужила ареной для создания научно-исследовательских альянсов между научными коллективами российских и зарубежных ученых для решения фундаментальных проблем в динамично развивающейся области науки — биотехнологии.

ФГБНУ Всероссийский НИИ животноводства им. академика Л.К. Эрнста,
142132 Россия, Московская обл., Подольский р-н, пос. Дубровицы,
e-mail: n_zinovieva@mail.ru, vugarbagirov@mail.ru, elenagladyr@mail.ru

Поступила в редакцию 25 января 2016 года

Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [*Agricultural Biology*], 2016, V. 51, № 2, pp. 264-268

RECENT ACHIEVEMENTS AND CHALLENGES IN FARM ANIMAL BIOTECHNOLOGY (10th Anniversary Scientific Conference with international participation — analytical review)

N.A. Zinovieva, V.A. Bagirov, E.A. Gladyr', O.Yu. Osadchaya

L.K. Ernst All-Russian Research Institute of Animal Husbandry, Federal Agency of Scientific Organizations, pos. Dubrovitsy, Podolsk Region, Moscow Province, 142132 Russia, e-mail n_zinovieva@mail.ru, vugarbagirov@mail.ru, elenagladyr@mail.ru

Acknowledgements:
Supported by Federal Agency of Scientific Organizations, Russian Foundation for Basic Research, Ministry of Innovations and Investments of the Moscow Province
Received January 25, 2016 doi: 10.15389/agrobiology.2016.2.264eng

Abstract

10th All-Russian scientific conference and school «Recent achievements and challenges in farm animals biotechnology — BioTechZh-2015» (http://www.vij.ru/index.php/ru/konferentsii/) was held on December 8-11, 2015 at the L.K. Ernst All-Russian Research Institute of Animal Husbandry (Moscow Province, Russia) with the support of the Federal Agency of Scientific Organizations of the Russian Federation, Russian Foundation for Basic Research (RFBR) and the Ministry of Innovations and Investments of the Moscow region. A series of these scientific conferences dates back to 2001, when on the basis of the All-Russian Research Institute of Animal Husbandry (VIZh) a scientific event on farm animal biotechnology as a new research area in biology of that time has been initiated due to Professor Lev K. Ernst, the Vice-President of the Russian Academy of Agricultural Sciences. In 2015, the anniversary conference brought together experts and young scientists (207 young scientists, graduate students and students of a total of 281 participants) to discuss promising and rapidly developing areas in biotechnology of farm animals. The conference was attended by scientists from 16 Russian regions as well as scientists from Austria, Belarus, Kazakhstan, Kyrgyzstan, Tajikistan.

Keywords: farm animals, game animals, gene pool, molecular and genetic research, molecular genetic studies, genetic profiling, genetic engineering.

REFERENCES

1. Prognoz nauchno-tekhnologicheskogo razvitiya Rossii: 2030 /Pod. red. L.M. Gokhberg [Scientific and technological development of Russia up to 2030 — a forecast. L.M. Gokhberg (ed.) (in Russ.)].Moscow, 2014 (ISBN 978-5-906737-01-4).
2. Kompleksnaya programma razvitiya biotekhnologii v RF na period do 2020 goda (VP-P8-2322).

Utv. Predsedatelem Pravitel'stva RF 24 aprelya 2012 [The program of biotechnology development in the Russian Federation up to 2020 (VP-P8-2322) (in Russ.)]. Moscow, 2012.
3. The bovine genome sequencing and analysis consortium. The genome sequence of Taurine cattle: A window to ruminant biology and evolution. *Science*, 2009, 324: 522-528.
4. Assembly information by organism. National Center for Biotechnology Information. Available http://www.ncbi.nlm.nih.gov. Accessed March 23, 2016.
5. Steemers F.J., Gunderson K.L. Whole genomegenotyping technologies on the BeadArrayTM platform. *Biotechnol. J.*, 2007, 2: 41-49.
6. McTavisha E.J., Deckerb J.E., Schnabelb R.D., Taylorb J.F., Hillisa D.M. New World cattle show ancestry from multiple independent domestication events. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, 110(15): E1398-E1406 (doi: 10.1073/pnas.1303367110).
7. Ai H., Huang L., Ren J. Genetic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures in Chinese and Western pigs revealed by genome-wide SNP markers. *PLoS ONE*, 2013, 8(2): e56001 (doi: 10.1371/journal.pone.0056001).
8. Tosser-Klopp G., Bardou P., Bouchez O., Cabau C., Crooijmans R., Dong Y., Donnadieu-Tonon C., Eggen A., Heuven H.C.M., Jamli S., Jiken A.J., Klopp C., Lawley C.T., McEwan J., Martin P., Moreno C.R., Mulsant P., Nabihoudine I., Pailhoux E., Palhière I., Rupp R., Sarry J., Sayre B.L., Tircazes A., Wang J., Wang W., Zhang W., and the International Goat Genome Consortium. Design and characterization of a 52K SNP chip for goats. *PLoS ONE*, 2014, 9(1): e86227 (doi: 10.1371/journal.pone.0086227).
9. Kharzinova V.R., Sermyagin A.A., Gladyr E.A., Okhlopkov I.M., Brem G., Zinovieva N.A. A study of applicability of SNP chips developed for Bovine and Ovine species to whole-genome analysis of reindeer *Rangifer tarandus*. *J. Heredity*, 2015, 106(6): 758-761 (doi: 10.1093/jhered/esv081).
10. Bush W.S., Moore J.H. Chapter 11: Genome-wide association studies. F. Lewitter, M. Kann (eds.). *PLoS Computational Biology*, 2012, 8(12): e1002822 (doi: 10.1371/journal.pcbi.1002822).
11. Bosch P., Forcato D.O., Alustiza F.E., Alessio A.P., Fili A.E., Olmos Nicotra M.F., Liaudat A.C., Rodríguez N., Talluri T.R., Kues W.A. Exogenous enzymes upgrade transgenesis and genetic engineering of farm animals. *Cell. Mol. Life Sci.*, 2015, 72: 1907-1929 (doi: 10.1007/s00018-015-1842-1).
12. Zinov'eva N.A., Volkova N.A., Bagirov V.A., Brem G. *Ekologicheskaya genetika*, 2015, XIII(2): 58-76 (in Russ.).
13. Beloglazov D.V., Volkova N.A., Volkova L.A., Zinovieva N.A. Efficiency of local transgenesis of the oviduct cells in chicken as influenced by hormonal stimulation. *Agricultural Biology*, 2015, 50(6): 729-735 (doi: 10.15389/agrobiology.2015.6.729eng).
14. Deniskova T.E., Dotsev A.V., Gladyr' E.A., Sermyagin A.A., Bagirov V.A., Hompodoeva U.V., Il'in A.N., Brem G., Zinovieva N.A. Validation of the SNP panel for parentage assignment in local Russian sheep breeds. *Agricultural Biology*, 2015, 50(6): 746-755 (doi: 10.15389/agrobiology.2015.6.746eng).
15. Kostyunina O.V., Kramarenko S.S., Svezhentseva N.A., Sizareva E.I., Zinovieva N.A. The association of *IGF2* with productive traits of pigs of large white breed in the aspect of sexual differentiation. *Agricultural Biology*, 2015, 50(6): 736-745 (doi: 10.15389/agrobiology.2015.6.736eng).
16. Sermyagin A.A., Gladyr' E.A., Kharitonov S.N., Ermilov A.N., Strekozov N.I., Brem G., Zinovieva N.A. Genome-wide association study for milk production and reproduction traits in Russian Holstein cattle population. *Sel'skokhozyaistvennaya biologya* [*Agricultural Biology*], 2016, 51(2): 182-193 (doi: 10.15389/agrobiology.2016.2.182rus, 10.15389/agrobiology.2016.2.182eng).
17. Fornara M.S., Kramarenko A.S., Svistunov S.V., Lyubimov E.M., Sokol'skii S.S., Zinovieva N.A. Morphometric and molecular genetic differentiation of *Apis mellifera caucasica* L. honey bee lines reared in Sochi region. *Agricultural Biology*, 2015, 50(6): 776-784 (doi: 10.15389/agrobiology.2015.6.776eng).
18. Kharzinova V.R., Gladyr' E.A., Fedorov V.I., Romanenko T.M., Shimit L.D., Layshev K.A., Kalashnikova L.A., Zinovieva N.A. Development of multiplex microsatellite panel to assess the parentage verification and differentiation degree of reindeer population (*Rangifer tarandus*). *Agricultural Biology*, 2015, 50(6): 756-765 (doi: 10.15389/agrobiology.2015.6.756eng).
19. Zhilinskii M.A., Vetokh A.N., Volkova N.A., Iolchiev B.S., Bagirov V.A., Zinov'eva N.A. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*, 2015, 12: 98-100 (in Russ.).
20. Romanenkova O.V., Gladyr' E.A., Kostyunina O.V., Zinov'eva N.A. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*, 2015, 11: 91-94 (in Russ.).
21. Solomakhin A.A., Mityashova O.S., Rykov R.A., Smekalova A.A., Lebedeva I.Yu. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*, 2015, 11: 95-98 (in Russ.).