

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕАЛОГИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ КОСТРОМСКОЙ ПОРОДЫ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

С.Г. БЕЛОКУРОВ¹, Г.А. БАДИН², О.С. ЕГОРОВ², А.В. ПЕРЧУН²,
Г.Е. СУЛИМОВА³

Генеалогическую структуру породы проанализировали по группам крови быков-производителей из основных заводских линий костромского скота и современных родственных групп с различной долей кровности по швицкой породе, использовавшихся в последние годы в племенных хозяйствах Костромской области при создании молочного типа. Был изучен спектр аллелей EAB-локуса групп крови и оценено генетическое разнообразие, степень гомозиготности и генетической консолидированности рассмотренных генеалогических групп. Выявлено, что, несмотря на большое влияние, которое оказали и продолжают оказывать быки-производители бурой швицкой породы американской, канадской и австрийской селекции, между изученными заводскими линиями и родственными группами наблюдаются значительные генетические различия, о чем свидетельствует рассчитанный нами показатель генетической дистанции (D_N), равный 0,647.

Ключевые слова: генеалогическая структура, генетическое разнообразие, родственная группа, заводская линия, группы крови, EAB-аллели, генофонд.

Keywords: genealogical structure, genetic diversity, related group, breeding line, blood groups, EAB-alleles, gene pool.

В зоотехнической практике генетическое разнообразие в популяциях животных принято определять по генеалогической структуре породы или ее структурных единиц (линий, семейств, типов, родственных групп). Этот метод прост, но имеет значительный недостаток: многих животных в линиях обычно получают от предков, представляющих разные линии.

В последние десятилетия метод оценки генеалогической структуры породы нередко дополняется анализом особенностей исследуемых животных по полиморфным белкам и группам крови. Они не изменяются в онтогенезе, как правило, имеют кодоминантный тип наследования и их легко определять на ранних стадиях развития животного в лабораторных условиях. Благодаря этому полиморфные белки биологических жидкостей и группы крови — хорошие генетические маркеры, которые широко используются в животноводстве при решении ряда вопросов теоретического и прикладного характера. В частности, они играют большую роль в прогнозированном управлении генеалогической структурой породы и степенью ее консолидированности, в достижении результатов при тех или иных методах внутривидового совершенствования и эффекта сочетаемости с другими породами с целью получения гетерозиса и улучшения племенных качеств скота. Кроме того, сравнительное изучение внутривидовых популяций иммуногенетическими методами важно для понимания механизмов, обеспечивающих относительное постоянство структурных единиц породы и ее дальнейшее развитие.

Наследованием групп крови у крупного рогатого скота управляют аллеломорфные гены, представленные 13 локусами разных хромосом. В соответствии с этим у указанного вида различают 13 независимых систем групп крови, которые подразделяют на простые и сложные. Простые состоят из одного или двух антигенных факторов, а в локусах, ответственных за их наследование, имеются по два альтернативных аллеля. В сложных системах антигенов больше двух и группы крови обычно состоят из нескольких факторов. В самой сложной В-системе, включающей почти половину всех

известных антигенов, установлено свыше 400 групп крови. Каждая группа в сложных системах, независимо от числа антигенов в ней, передается от родителей к потомкам как единое целое и контролируется отдельным аллелем (1).

Костромская порода крупного рогатого скота — одна из наиболее ценных отечественных пород молочно-мясного направления продуктивности. Порода создана с использованием сложного воспроизводительного скрещивания в хозяйствах Костромского и Нерехтского районов Костромской области. Основой породы стал местный великорусский скот, который постепенно изменялся благодаря приобретению ценных наследственных свойств высокой продуктивности от альгаусской, швицкой и других заводских пород. Животные костромской породы молочно-мясного направления продуктивности характеризуются уникальными биологическими качествами. Они хорошо приспособлены к местным условиям кормления и содержания, обладают крепкой конституцией, хорошим здоровьем, высокой устойчивостью к заболеванию лейкозом, имеют высокие удои в течение длительного срока хозяйственного использования. Генетический потенциал продуктивности у коров этой породы позволяет получать в год более 6000 кг молока (от рекордисток — 10-16 тыс. кг) с высоким содержанием жира (3,9-4,0 %) и белка (3,49-3,64 %) (2). Повышенное содержание белка в молоке и высокий качественный состав белковых фракций — уникальная особенность костромской породы. Исследования коров стада ПЗ «Караваяево» по гену κ -казеина молока методом ДНК-диагностики показали, что 14 % особей имели гомозиготный генотип AA, 52 % — гетерозиготный генотип АВ и 34 % животных оказались с желательным генотипом ВВ, определяющим сыродельческие качества молока и повышенный выход продукции (твердых и полутвердых сыров, а также творога) с единицы сдаваемого молока (3).

За последние годы в связи с приоритетом получения животных молочно-мясного типа на генеалогическую структуру костромской породы большое влияние оказало использование быков-производителей бурой швицкой породы из США, Канады, Австрии и Германии (4).

Особая роль в совершенствовании породы должна уделяться, как и прежде, разведению по линиям, в связи с чем необходима четкая организация системы получения, испытания, отбора и интенсивного использования лучших быков-производителей (5).

Цель нашей работы заключалась в изучении и систематизации аллелотипа быков-производителей костромской породы, использовавшихся в последние годы в племенных хозяйствах Костромской области, с тем чтобы определить генетические дистанции между генеалогическими группами, существующими в породе, и дать рекомендации по дальнейшей племенной работе с ними.

Методика. Материалом для анализа послужили данные по 589 быкам-производителям, представляющим современную генеалогическую структуру костромской породы. Часть из них принадлежат к восьми заводским линиям: Каро КТКС-101 ($n = 46$), Ладка КТКС-253 ($n = 74$), Пика КТКС-419 ($n = 15$), Салата КТКС-83 ($n = 10$), Силача КТКС-84 ($n = 5$), Банана КТКС-333 ($n = 17$), Бархата ВДКС-6 ($n = 4$) и Ограда ВДКС-24 ($n = 4$), остальные — к восьми родственным группам с различной долей кровности по швицкой породе: Концентрата 106157 ($n = 69$), Меридиана 90827 ($n = 156$), Мастера 106902 ($n = 133$), Батлера 107506 ($n = 23$), Хилла 76059 ($n = 10$), Кипера 55163 ($n = 5$), Орегона 342995 ($n = 8$) и Лэйрда 71151 ($n = 10$).

Для изучения спектра аллелей EAB-локуса групп крови всех животных протестировали по антигенным факторам групп крови согласно методическим рекомендациям П.Ф. Сорокового (6) с помощью стандартных иммуноспецифических сывороток (в том числе собственного производства), полученных в лаборатории иммуногенетики Селекционного центра (ассоциации) по бурым породам крупного рогатого скота и проверены в сравнительных испытаниях. В тестах использовали 48-65 сывороток-реагентов, выявляющих антигены десяти систем групп крови. Для установления генетических особенностей заводских линий и родственных групп применяли алгоритмы, характеризующие генетическое сходство (r_m) по К. Majjala и G. Lindstrom (7) и генетические дистанции (D_N) по М. Nei (8). Степень гомозиготности (C_a) определяли суммированием квадратов частот аллелей EAB-локуса по формуле, предложенной Й. Матушеком (9). Дендрограммы иммуногенетических расстояний строили методом невзвешенной попарной кластеризации показателей в соответствии с рекомендациями А. Машурова и В. Черкащенко (10). Аллели быков-производителей корректировали по справочному каталогу (11).

Статистическую обработку данных выполняли с использованием программного обеспечения Microsoft Excel.

Результаты. Анализ аллелофонда быков-производителей позволил выявить особенности как по частоте, так и по специфике EAB-аллелей. Всего в изученных заводских линиях и родственных группах быков-производителей в EAB-локусе выявили 32 аллеля, из которых наиболее широкое распространение имели $V_1O_3Y_2A_2E_3G'P'Q'Y'$ (0,1474), $V_1G_2KE_3F_2O'$ (0,0757), $V_2G_3QT_1A_1P'$ (0,0681), $V_2P_1Y_2G'Y'$ (0,0539), $G_3O_1T_1Y_2E_3F_2$ (0,1776), $I_1G'G''$ (0,1121), O' (0,0903), «b» (0,1818). Суммарная частота указанных аллелей составила 0,9069. При этом характерными для заводских линий были маркерные аллели $V_1G_2KE_3F_2O'$ (Салат КТКС-83), $V_2G_3QT_1A_1P'$ (Каро КТКС-101), $I_1G'G''$ и «b» (Ладок КТКС-253) с общей частотой, равной 0,6713, для родственных групп — $V_1O_3Y_2A_2E_3G'P'Q'Y'$ (Меридиан 90827), $V_2P_1Y_2G'Y'$ и $G_3O_1T_1Y_2E_3F_2$ (Мастер 106902) с общей частотой 0,5289. Аллели $V_1O_3Y_2A_2E_3G'P'Q'Y'$ и «b» оказались представлены с достаточно большой частотой как в заводских линиях (соответственно 0,1133 и 0,1874), так и в родственных группах (0,1814 и 0,1761). Было установлено, что аллели $A_2G'G''$ (0,0564) и $Y_2A_1D'E_1$ (0,0290), маркерные для родственной группы Концентра 106157, не выявлялись в заводских линиях скота костромской породы.

Средняя степень гомозиготности (C_a) по всем протестированным быкам-производителям составила 19,54 %, причем в родственных группах она была равна 17,42 %, в заводских линиях — 20,39 %. Такой высокий уровень гомозиготности объясняется тем, что с целью повышения продуктивности при скрещиваниях интенсивно использовалось семя ограниченного числа высокоценных быков-производителей (в основном швицкой породы и их потомков с разной долей кровности), что привело к элиминации некоторых аллельных вариантов EAB-локуса групп крови. В связи с этим возникает риск снижения воспроизводительных, адаптационных и приспособительных качеств костромского скота.

Индекс генетического сходства (r_m) между быками-производителями основных заводских линий и родственных групп в среднем равнялся 0,510 (табл.). Наименьшее сходство (0,059) наблюдали между родственной группой Лэирда 71151 и линией Бархата ВДКС-6, наибольшее (0,921) — между родственными группами Меридиана 90827 и Мастера 106902. Кроме того, было установлено, что сходство между быками-производителями из родст-

венной группы Хилла 76059 и заводской линии Силача КТКС-84 характеризовалось показателем, равным 0,712, между той же родственной группой и заводскими линиями Салата КТКС-83, Бархата ВДКС-6 и Ограда ВДКС-24 — величиной 0,621, что также свидетельствует о накоплении однотипных аллелей из-за использования одних и тех же быков-производителей в селекции костромского скота молочного типа. Аналогичные генетические последствия выявили при сравнении других заводских линий и родственных групп породы.

Генетическое сходство (r_m) и генетическое расстояние (D_N) между заводскими линиями и родственными группами крупного рогатого скота костромской породы, рассчитанные по данным анализа частоты ЕАВ-аллелей у представляющих их быков-производителей ($n = 589$)

r_m	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
D_N																
1		0,644	0,538	0,450	0,584	0,759	0,626	0,722	0,345	0,376	0,259	0,430	0,428	0,202	0,280	0,194
2	0,356		0,406	0,419	0,577	0,472	0,434	0,535	0,392	0,403	0,469	0,452	0,284	0,422	0,472	0,440
3	0,462	0,594		0,654	0,601	0,626	0,595	0,384	0,335	0,319	0,444	0,418	0,262	0,484	0,457	0,401
4	0,550	0,581	0,346		0,622	0,443	0,344	0,476	0,346	0,295	0,318	0,481	0,350	0,299	0,327	0,168
5	0,416	0,423	0,399	0,378		0,580	0,428	0,559	0,429	0,335	0,466	0,406	0,285	0,621	0,406	0,299
6	0,241	0,528	0,374	0,557	0,420		0,693	0,504	0,408	0,347	0,570	0,352	0,208	0,712	0,611	0,686
7	0,374	0,566	0,405	0,656	0,572	0,307		0,500	0,227	0,155	0,399	0,316	0,059	0,621	0,441	0,583
8	0,278	0,465	0,616	0,524	0,441	0,496	0,500		0,595	0,436	0,573	0,449	0,295	0,621	0,378	0,583
9	0,655	0,608	0,665	0,654	0,571	0,592	0,773	0,405		0,921	0,882	0,762	0,727	0,779	0,726	0,712
10	0,624	0,597	0,681	0,705	0,665	0,653	0,845	0,564	0,079		0,879	0,774	0,772	0,740	0,812	0,724
11	0,741	0,531	0,556	0,682	0,534	0,430	0,601	0,427	0,118	0,121		0,720	0,617	0,850	0,837	0,828
12	0,570	0,548	0,582	0,519	0,594	0,648	0,684	0,551	0,238	0,226	0,280		0,598	0,593	0,675	0,536
13	0,572	0,716	0,738	0,650	0,715	0,792	0,941	0,705	0,273	0,228	0,383	0,402		0,565	0,547	0,442
14	0,798	0,578	0,516	0,701	0,379	0,288	0,379	0,221	0,260	0,150	0,407	0,435			0,822	0,913
15	0,720	0,528	0,543	0,673	0,594	0,389	0,559	0,622	0,274	0,188	0,163	0,325	0,453	0,178		0,812
16	0,806	0,560	0,599	0,832	0,701	0,314	0,417	0,417	0,288	0,276	0,172	0,464	0,558	0,087	0,188	

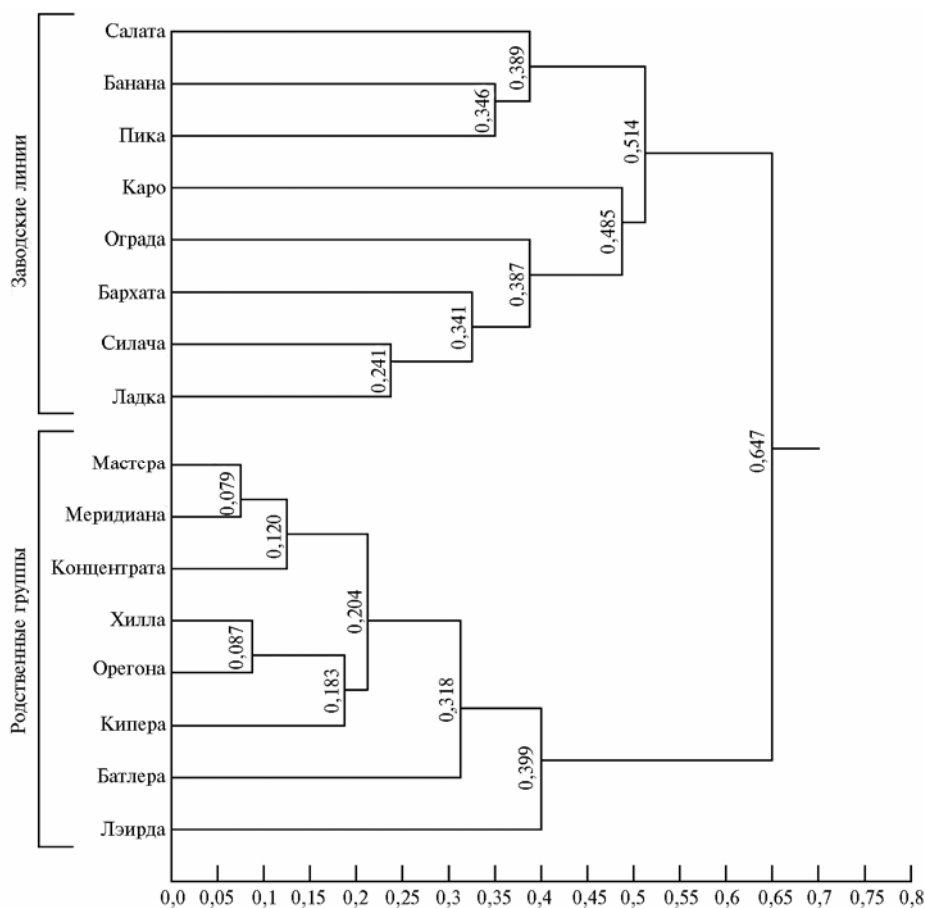
Примечание. Заводские линии Ладка (1), Каро (2), Банана (3), Пика (4), Салата (5), Силача (6), Бархата (7) и Ограда (8); родственные группы Меридиана (9), Мастера (10), Концентрата (11), Батлера (12), Лэйрда (13), Хилла (14), Кипера (15) и Орегона (16).

По антигенному составу групп крови заводские линии и родственные группы разделились на два больших кластера (рис.). В первый вошли быки-производители из родственных групп Концентрата 106157, Меридиана 90827, Мастера 106902, Батлера 107506, Хилла 76059, Кипера 55163, Орегона 342995 и Лэйрда 71151, во второй — только быки-производители из заводских линий Силача КТКС-84, Ладка КТКС-253, Каро КТКС-101, Пика КТКС-419, Салата КТКС-83, Банана КТКС-333, Ограда ВДКС-24 и Бархата ВДКС-6.

В кластере, включающем заводские линии, наименьшую генетическую дистанцию обнаружили между линиями Ладка КТКС-253 и Силача КТКС-84 ($D_N = 0,241$), наибольшую ($D_N = 0,514$) — между кластером, объединяющим линии Салата КТКС-83, Банана КТКС-33, Пика КТКС-419, и кластером, который образовали линии Каро КТКС-101, Ограда ВДКС-24, Бархата ВДКС-6, Силача КТКС-84 и Ладка КТКС-253. В кластере, включающем родственные группы, наименьшую генетическую дистанцию отмечали между родственными группами Меридиана 90827 и Мастера 106902 ($D_N = 0,079$), наибольшую ($D_N = 0,399$) — между родственной группой Лэйрда 71151 и кластером, в который вошли родственные группы Мастера 106902, Меридиана 90827, Концентрата 106157, Хилла 76059, Орегона 342995, Кипера 55163 и Батлера 107506.

Величина генетического расстояния (D_N) между быками-производителями из первого и второго кластера составила 0,647, что указывает на генетическую разобщенность этих групп животных. Следовательно, с целью получения эффекта гетерозиса для скрещивания с животными из первого кластера, включающего родственные группы, желательно подбирать особей,

относящихся ко второму кластеру, представляющему заводские линии.



Дендрограмма, отражающая генетические взаимоотношения между основными заводскими линиями и родственными группами породы крупного рогатого скота, построенная по данным анализа частоты EAV-аллелей у представляющих их быков-производителей методом невзвешенной попарной кластеризации (по А. Машурову и В. Черкашенко) (10). Цифрами обозначаются генетические расстояния, рассчитанные по М. Nei (8) ($n = 589$).

Таким образом, несмотря на большое влияние, которое оказали и продолжают оказывать быки-производители бурой швицкой породы разной селекции на генофонд костромской породы крупного рогатого скота, между изученными заводскими линиями и родственными группами наблюдаются определенные генетические различия. Для сохранения и оптимизации генофонда, типичного для костромской породы, в селекционных программах племенных стад и породы в целом необходимо при отборе ремонтного поголовья, заказных спариваниях, закреплении быков-производителей учитывать их генеалогическую принадлежность с поправкой на генетические особенности по группам крови.

Л И Т Е Р А Т У Р А

1. Колесник Н.Н. Иммуногенетические системы в селекции животных. Киев, 1972.
2. Лягин Ф.Ф., Бадин Г.А. Костромская порода крупного рогатого скота — наша марка. В сб.: 60 лет костромской породе крупного рогатого скота: материалы юбилейной научно-практической конференции. Кострома, 2004: 58-67.
3. Богданова Т.В., Бадин Г.А., Калашникова Л.А. и др. Оценка костромских племенных животных по ДНК. Мат. 54-й Межвуз. науч.-прак. конф. «Актуальные проблемы науки в агропромышленном комплексе», т. 1. Кострома, 2003: 60-61.
4. Баранов А.В. Генетическое маркирование и его использование при совершенствовании

- нии системы разведения молочного скота. Автореф. докт. дис. М., 1997.
5. Шалугин Б.В., Смирнова В.С., Королева Е.А. Характеристика генетического потенциала генеалогических групп костромской породы скота, селекционируемых в племязаводах, и его реализация. Мат. 63-й Межд. науч.-практ. конф. «Актуальные проблемы науки в агропромышленном комплексе», т. I. Кострома, 2012: 149-153.
 6. Сороковой П.Ф. Методические рекомендации по исследованию и использованию групп крови в селекции крупного рогатого скота. Дубровицы, 1974.
 7. Majjala K., Lindstrom G. Frequencies of blood group genes and factors in the Finnish cattle breeds with special regard to breed comparison. Ann. Agr. Fenn., 1966, 5: 76-93.
 8. Nei M. Genetic distance between populations. Amer. Naturalist, 1972, 106: 283-292.
 9. Матюшек Й. Группы крови у крупного рогатого скота. Киев, 1964.
 10. Машуров А.М., Черкашенко В.И. Учитывать генетические дистанции между породами при селекции. Животноводство, 1987, 2: 21-23.
 11. Попов Н.А., Ескин Г.В. Аллелофонд пород крупного рогатого скота по EAB-локусу. Справочный каталог. М., 2000.

¹ФГБОУ ВПО Костромская государственная сельскохозяйственная академия,
156530 Костромская обл., Костромской р-н, пос. Караваево,
учебный городок;

²Селекционный центр (ассоциация) по бурым породам крупного рогатого скота,
156530 Костромская обл., Костромской р-н, пос. Караваево,
учебный городок,
e-mail: ol.egoroff2010@yandex.ru, zooaleks@mail.ru;

³ФГБУН Институт общей генетики
им. Н.И. Вавилова РАН,
119991 г. Москва, ул. Губкина, 3,
e-mail: sge@vigg.ru, galina_sulimova@mail.ru

Поступила в редакцию
14 марта 2012 года

GENETIC CHARACTERISTIC OF GENEALOGICAL STRUCTURE OF KOSTROMSKAYA CATTLE BREED

S.G. Belokurov¹, G.A. Badin², O.S. Egorov², A.V. Perchun², G.E. Sulimova³

S u m m a r y

The present study investigated a genealogical structure of Kostromskaya cattle breed on blood groups in bulls-sires from the main farm bloodlines and related animal groups with different portion of Schwiss cattle blood used during the last years in breeding farms to improve milk productivity of Kostromskaya cattle. The spectrum of EAB-locus alleles of blood groups was analyzed and the genetic diversity, the degree of homozygosis and genetic consolidity of these genealogical groups were estimated. It was revealed, that Schwiss bulls-sires of American, Canadian and Austrian selection continue to influence, however, the studied farm lines and related groups have significant genetic distinguishes, confirmed by an index of genetic distance ($D_N = 0.647$).

Научные собрания



**МЕЖДУНАРОДНАЯ НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ
«ГЕНЕТИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ XXI ВЕКА: ПРОБЛЕМЫ, ДОСТИЖЕНИЯ,
ПЕРСПЕКТИВЫ»** (к 100-летию со дня рождения академика Н.В. Турбина)
X СЪЕЗД БЕЛОРУССКОГО ОБЩЕСТВА ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ
(8-11 октября 2012 года, г. Минск, Республика Беларусь)

Организаторы: Национальная академия наук Беларуси, Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Общественное объединение «Белорусское общество генетиков и селекционеров»

Тематика:

- Общая, молекулярная генетика
- Генетика растений
- Генетика животных
- Генетика микроорганизмов
- Генетика человека и медицинская генетика

Контакты и информация:

220072 Республика Беларусь, г. Минск, ул. Академическая, 27, Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, www.gens.by, redactor@igc.bas-net.by