

Динамика биоразнообразия черно-пестрого скота под воздействием кроссбридинга

Н.А. Зиновьева¹, Е.А. Гладырь¹, В.А. Багиров¹, Г. Брем^{1,2}

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства им. академика Л.К. Эрнста», Московская область, Подольский район, пос. Дубровицы, Россия

² Институт животноводства и генетики ветеринарно-медицинского университета, Вена, Австрия

Межпородное скрещивание (кроссбридинг) способствует интродукции новых аллелей, повышению уровня генетического разнообразия крупного рогатого скота, достижению желательных фенотипических характеристик исходных пород. Однако следствием кроссбридинга может стать снижение степени генетической дифференциации пород, обусловленное потерей части их уникального аллелофонда. Цель настоящей работы – изучение влияния кроссбридинга на изменчивость аллелофонда отечественного черно-пестрого скота с использованием 10 локусов микросателлитов (BM1818, BM2113, ETH10, ETH225, TGLA122, TGLA126, TGLA227, ILST005, ETH185, ILST006). Исследования проводили на чистопородных быках-производителях черно-пестрой породы (BW_PB, $n = 14$) и кроссах с голштинской породой с кровностью по черно-пестрой породе 25,0–62,5 % (BW_KR1, $n = 16$) и менее 12,5 % (BW-KR2, $n = 67$). В качестве группы сравнения использовали быков голштинской породы (HOLST, $n = 42$). Установлено, что с увеличением доли кровности по голштинской породе наблюдается снижение генетического разнообразия, оцененного по среднему числу эффективных аллелей (с $4,59 \pm 0,46$ до $3,87 \pm 0,53$), информационному индексу Шеннона (с $1,60 \pm 0,13$ до $1,46 \pm 0,14$) и уровню наблюдаемой гетерозиготности (с $0,779 \pm 0,053$ до $0,687 \pm 0,055$). Показано, что следствием кроссбридинга является повышение генетического сходства с HOLST: $F_{st} = 0,058, 0,036$ и $0,026$, $R_{st} = 0,088, 0,060$ и $0,050$, $D_{Nei} = 0,306, 0,178$ и $0,123$ для BW_PB, BW_KR1 и BW_KR2 соответственно. Снижение генетических различий между черно-пестрой и голштинской породами, обусловленное кроссбридингом, подтверждено результатами кластерного анализа. Таким образом, для эффективного управления генетическими ресурсами сельскохозяйственных животных необходим мониторинг оценки состояния аллелофонда и уровня генетической изменчивости в популяциях.

Ключевые слова: пул аллельной изменчивости; породы крупного рогатого скота; микросателлиты; биоразнообразие; генетическое разнообразие.

КАК ЦИТИРОВАТЬ ЭТУ СТАТЬЮ?

Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А., Багиров В.А., Брем Г. Динамика биоразнообразия отечественного черно-пестрого скота под воздействием кроссбридинга. Вавиловский журнал генетики и селекции. 2015; 19(2):222–225.

HOW TO CITE THIS ARTICLE?

Zinovieva N.A., Gladyr E.A., Bagirov V.A., Brem G. Dynamics of the biodiversity of black and white cattle influenced by cross-breeding. Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii – Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2015;19(2):222–225.

УДК 575.2:636.2

Поступила в редакцию 15.12.2014 г.

Принята к публикации 26.01.2015 г.

© АВТОРЫ, 2015

Dynamics of the biodiversity of black and white cattle influenced by cross-breeding

N.A. Zinovieva¹, E.A. Gladyr¹, V.A. Bagirov¹, G. Brem^{1,2}

¹ L.K. Ernst Institute for Animal Husbandry, Dubrovitsy, Podolsk district, Moscow region, Russia

² Institute of Animal Breeding and Genetics, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria

The inter-breed crossing (crossbreeding) permits one to introduce new alleles, extend genetic diversity, and achieve desired phenotypic characteristics of initial breeds. On the other hand, crossbreeding may cause a decrease in genetic differentiation of indigenous breeds due to loss of the part of their unique allele pool. The objective of the present work was to investigate the effect of crossbreeding on the allele pool variability of Russian Black and White cattle by using 10 microsatellite loci (BM1818, BM2113, ETH10, ETH225, TGLA122, TGLA126, TGLA227, ILST005, ETH185, and ILST006). The study was performed with purebred pedigree bulls of the Russian Black and White breed (BW_PB, $n = 14$) and two groups of their crosses with Holsteins carrying 25,0–62,5 % (BW_KR1, $n = 16$) and less than 12,5 % of the Black and White gene pool (BW_KR2, $n = 67$). Purebred Holstein bulls (HOLST, $n = 42$) were used as a reference group. It was found that the increase in Holstein's blood could lead to the observed decrease in genetic diversity evaluated by the average number of effective alleles per loci (from $4,59 \pm 0,46$ to $3,87 \pm 0,53$), by the value of the Shannon index (from $1,60 \pm 0,13$ to $1,46 \pm 0,14$) and by the observed heterozygosity degree (from $0,779 \pm 0,053$ to $0,687 \pm 0,055$). It is shown that crossbreeding with Holsteins increases the genetic similarity to HOLST: $F_{st} = 0,058, 0,036$, and $0,026$; $R_{st} = 0,088, 0,060$, and $0,050$; $D_{Nei} = 0,306, 0,178$, and $0,123$ for BW_PB, BW_KR1, and BW_KR2, respectively. Decrease in the genetic difference between the Black and White breed and Holsteins due to crossbreeding is confirmed by cluster analysis. Thus, evaluation of the allele pool and the level of genetic variability in populations are necessary for the efficient management of farm animal genetic resources.

Key words: allele pool variability; cattle breeds; microsatellites; biodiversity; genetic differentiation.

Сохранение, повышение и использование биоразнообразия являются фундаментом поддержания устойчивости экосистем в целом и сельскохозяйственных экосистем в частности. Возрастание влияния антропогенных факторов вследствие развития интенсивных систем производства, ориентированных главным образом на увеличение экономической эффективности, приводит к использованию ограниченного числа культурных пород (The State of the World's Animal Genetic Resources ..., 2007). Такие породы постепенно вытесняют массивы, полученные на основе генофонда местного скота, оптимально адаптированного к условиям окружающей среды, но, как правило, уступающего культурным породам по хозяйственным показателям. Наряду со снижением численности наблюдается генетическое «разбавление» местных пород вследствие кроссбридинга с высокопродуктивными породами (Hiemstra et al., 2010). Среди молочных пород крупного рогатого скота под угрозой исчезновения вследствие интенсивного поглотительного скрещивания с голштинской породой находится аллелофонд отечественного черно-пестрого скота, формировавшийся столетиями на основе местного скота и адаптированный к различными природно-климатическим зонам страны. Поскольку локальные породы и региональные массивы скота вносят существенный вклад в генетическое разнообразие одомашненных видов (Muir et al., 2008; Долматова и др., 2011), то сокращение их численности и «разбавление» аллелофонда могут стать одной из основных причин снижения биоразнообразия одомашненных видов. Другим следствием поглощения отечественного генофонда может стать поступательное повышение уровня гомозиготности, обусловленное использованием в культурных породах ограниченного числа элитных быков, с чем связывают негативное проявление LoF мутаций (Van Raden et al., 2011), а также отрицательное воздействие на показатели фертильности (Bjelland et al., 2013).

Целью настоящей работы явилось изучение влияния кроссбридинга на состояние аллелофонда отечественного черно-пестрого скота.

Материалы и методы

Материалом для исследований служили пробы спермы быков отечественной черно-пестрой породы (BW, $n = 97$) и голштинской породы (HOLST, $n = 42$), используемой в кроссбридинге. Выборка BW была представлена группа-

ми чистопородных (BW_PB, $n = 14$) и кроссбредных животных с кровностью по BW от 25,0 до 62,5 % (BW_KR1, $n = 16$) и менее 12,5 % (BW_KR2, $n = 67$).

Выделение ДНК проводили с использованием колонок Nexttec (Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя. Для оценки аллелофонда использовали панель из 10 микросателлитных локусов (BM1818, BM2113, ETH10, ETH225, TGLA122, TGLA126, TGLA227, ILST005, ETH185, ILST006). Для характеристики аллелофонда использовали показатели эффективного числа аллелей (N_e), индекса Шеннона (I), наблюдаемой (H_o) и ожидаемой (H_e) степени гетерозиготности. Влияние кроссбридинга на степень генетической дифференциации оценивали при парном сравнении изучаемых групп по значениям индекса F_{st} , индекса R_{st} , рассчитанного с использованием функции молекулярной дисперсии (AMOVA), и генетическим дистанциям (N_{ei}) (Nei et al., 1983). Влияние кроссбридинга на степень генетического сходства с HOLST оценивали на основании коэффициента подобия (Q), рассчитанного для числа кластеров ($k = 2$) без введения предварительной информации о породной принадлежности исследуемых индивидуумов (Pritchard et al., 2000). Для расчетов использовали программное обеспечение GenAlEx, v.6.1.4 (Peakall, Smouse, 2006) и Structure, v.3.2.1.

Результаты и обсуждение

Проведенные исследования показали, что отечественная черно-пестрая порода исходно обладает более высоким уровнем генетического разнообразия по сравнению с HOLST, оцененным по показателям N_e , I и H_o . Вследствие кроссбридинга с увеличением доли кровности по HOLST наблюдается поступательное снижение значений всех вышеназванных показателей (табл. 1).

Как следует из данных табл. 2, вне зависимости от используемых критериев оценки (F_{st} , R_{st} (AMOVA), N_{ei}) установлено повышение генетического сходства черно-пестрого скота по отношению к голштинской породе под воздействием кроссбридинга.

Кластерный анализ выявил распределение черно-пестрой и голштинской пород между двумя различными кластерами, что подтверждает их общее историческое происхождение. На различия в аллелофондах пород указывают более высокие значения членства индивидуумов BW_PB в первом кластере ($Q_1 = 0,272$ и $Q_2 = 0,728$), а

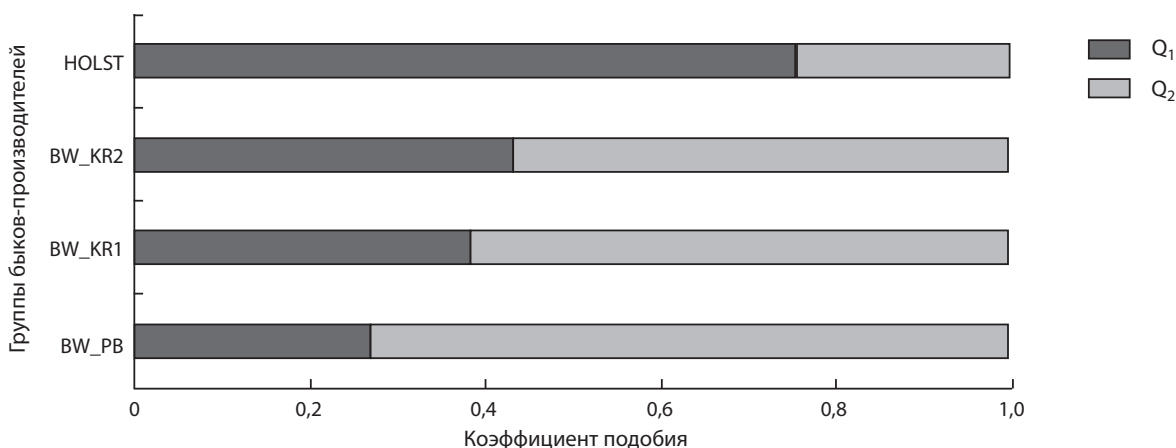
Таблица 1. Динамика генетического разнообразия у отечественного черно-пестрого скота под воздействием кроссбридинга с голштинской породой

Группа	Показатели генетического разнообразия			
	число эффективных аллелей, N_e	информационный индекс Шеннона, I	степень гомозиготности	
			наблюдаемая, H_o	ожидаемая, H_e
BW_PB	4,59 ± 0,46	1,60 ± 0,13	0,779 ± 0,053	0,751 ± 0,037
BW_KR1	4,00 ± 0,46	1,47 ± 0,13	0,719 ± 0,040	0,712 ± 0,039
BW_KR2	3,87 ± 0,53	1,46 ± 0,14	0,687 ± 0,055	0,692 ± 0,049
HOLST	3,48 ± 0,43	1,32 ± 0,14	0,657 ± 0,042	0,662 ± 0,049

Таблица 2. Изменение степени генетической дифференциации отечественного черно-пестрого скота под воздействием кроссбридинга

Группа	Показатели генетического разнообразия*		
	Fst	Rst (AMOVA)	Nei
BW_PB	0,058	0,088	0,306
BW_KR1	0,036	0,060	0,178
BW_KR2	0,026	0,050	0,123

* Значения показателей приведены в сравнении с HOLST.



Результаты кластерного анализа чистопородных и кроссбредных быков-производителей отечественной черно-пестрой и голштинской пород.

Ось X – коэффициент подобия Q (Pritchard et al., 20008), рассчитанный для числа кластеров $k=2$ (Q_1 и Q_2); ось Y – изучаемые группы быков-производителей: BW_PB – черно-пестрая чистопородная, BW_KR1, BW_KR2 – кроссы черно-пестрой и голштинской пород (25,0–62,5 % и менее 12,5 % крови черно-пестрой породы соответственно), HOLST – чистопородная голштинская.

индивидуумов HOLST – во втором кластере ($Q_1 = 0,756$ и $Q_2 = 0,244$). Следствием кроссбридинга отечественного черно-пестрого скота является возрастание степени его генетического сходства с голштинской породой. Это проявляется в поступательном росте значений Q_1 с возрастанием доли кровности голштинского скота у кроссбредных особей до $Q_1 = 0,388$ в группе BW_KR1 и $Q_1 = 0,435$ – в группе BW_KR (рисунок).

Таким образом, проведенные нами исследования показали, что следствием кроссбридинга отечественного черно-пестрого скота являются поступательное снижение биоразнообразия и возрастание его генетического сходства с голштинской породой.

Снижение генетического разнообразия отечественного генофонда пород крупного рогатого скота в целом и черно-пестрой породы в частности отражает опасную мировую тенденцию в животноводстве. Генетическое разнообразие – основа для поддержания разнообразия нутриентов в производимой с использованием животных пищевой продукции. Принимая во внимание, что более 90 % производства молока в Российской Федерации обеспечивается животными черно-пестрой породы, ее замещение или поглощение голштинской породой ставит под угрозу реализацию концепции рационального питания, которая рассматривается сегодня в качестве фундамента

для поддержания и улучшения среды обитания человека (Sustainable diets ..., 2010). Для сохранения биоразнообразия необходимо проведение постоянного мониторинга и контроля генетической изменчивости в породах сельскохозяйственных животных. Геномная информация может стать инструментом для оценки популяционно-генетических параметров пород животных и разработки оптимальных стратегий управления генетическими ресурсами в меняющихся условиях окружающей среды.

Благодарности

Исследования выполнены при финансовой поддержке Минобрнауки России, проект RFMEFI60414X0062 и Российского научного фонда, проект № 14-36-00039.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

- Долматова И.Ю., Зиновьева Н.А., Горелов П.В., Ильясов А.Д., Гладырь Е.А., Траспов А.А., Сельцов В.И. Особенности аллелофонда башкирской популяции симментальского скота по микросателлитам. С.-х. биология. 2011;6:70-74.
Bjelland D.W., Weigel K.A., Vukasinovic N., Nkrumah J.D. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome

- SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. *J. Dairy Sci.* 2013;96(7):4697-4706. DOI: 10.3168/jds.2012-6435
- Hiemstra S.J., Haas Y., Mäki-Tanila A., Gandini G. Local cattle breeds in Europe Development of policies and strategies for self-sustaining breeds. The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, 2010.
- Muir W.M., Wong G.K.-S., Zhang Y., Wang J., Groenen M.A.M., Crooijmans R.P.M.A., Megens H.-J., Zhange H., Okimoto R., Vereijkeng A., Jungerius A., Albers G.A.A., Lawley C.T., Delany M.E., MacEachern S., Cheng H.H. Genome-wide assessment of worldwide chicken SNP genetic diversity indicates significant absence of rare alleles in commercial breeds. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2008;105(45):17312-17317. DOI: 10.1073/pnas.0806569105
- Nei M., Tajima F., Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data. *J. Mol. Evol.* 1983;19(2):153-170.
- Peakall R., Smouse P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes.* 2006;6:288-295. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics.* 2000;155(2):945-959.
- Sustainable diets and biodiversity: direction and solutions for policy, research and action. Eds B. Burlingame, S. Dernini. Rome: FAO, 2010.
- The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture – in brief. Eds D. Pilling, B. Rischkowsky. Rome: FAO, 2007.
- Van Raden P.M., Olson K.M., Null D.J., Hutchison J.L. Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *J. Dairy Sci.* 2011;94(12):6153-6161. DOI: 10.3168/jds.2011-4624