

Разработка ученых Политеха поможет выводить новые породы крупного рогатого скота



Ученые Санкт-Петербургского политехнического университета Петра Великого разработали уникальный **метод для предсказания вредных мутаций в геномах сельскохозяйственных животных**. Это открытие сделает процесс геномной селекции более точным и эффективным, что позволит увеличить производительность и снизить риск серьезных генетических заболеваний у крупного рогатого скота.

Человек по-прежнему остается в геномном смысле самым изученным существом. В открытом доступе находятся достаточно обширные базы вредных мутаций, приводящих к различным заболеваниям. А вот с животными всё обстоит несколько сложнее, хотя подобная информация может решить многие проблемы.

Как это работает

Ученые Политехнического университета впервые в мире применили для предсказания вредных мутаций в геномах млекопитающих так называемый метод переноса знаний. Для этого они предложили использовать обширные базы данных по вредным мутациям человека, учитывая при этом схожесть мутаций человека и того вида, для которого делается предсказание. Специалисты Лаборатории математической биологии и биоинформатики СПбПУ в содружестве с кафедрой «Телематика» Института прикладной

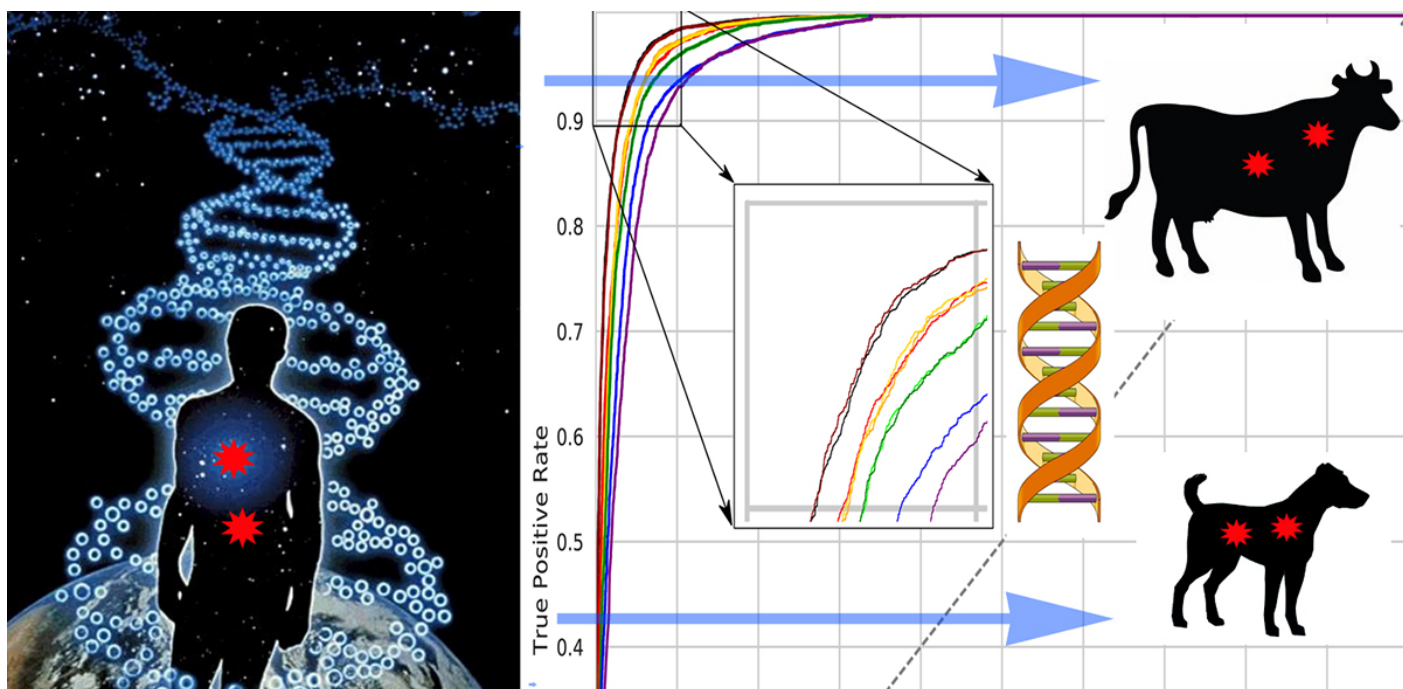
математики и механики СПбПУ разработали программу, которую обучили классифицировать мутации в геномах сельскохозяйственных животных с учетом их близости к мутациям человека.

Работа метода уже протестирована на мышах и собаках. Программа обрабатывала их геномы так же, как и человеческие, не зная, какая из мутаций вредная, а какая нейтральная. Ученые установили, что программа верно соотнесла предсказания с известными данными. Далее метод был применен в отношении крупного рогатого скота и результаты были аналогичны. Таким образом, разработанный алгоритм применим для предсказания в геномах любых сельскохозяйственных животных и растений.

Перспективы использования

«В глобальном смысле наша задача заключается в конструировании новых сортов растений, адаптированных к нуждам селекционеров и условиям возделывания. В нашем распоряжении имеется большое количество растений, в которых мы находим участки генома, отвечающие за важные агрономические признаки, – объяснила заведующая Лабораторией математической биологии и биоинформатики СПбПУ М. Г. САМСОНОВА. – Мы хотим понять, содержат ли эти участки помимо полезных генов вредные мутации. Это важно, поскольку они снижают продуктивность сорта».

Это же применимо и к млекопитающим, виды которых особенно важны для сельского хозяйства. Сейчас при разведении крупного рогатого скота активно используется метод геномной селекции, который позволяет оценить, насколько перспективно в генетическом отношении то или иное скрещивание. Однако из-за отсутствия достаточной информации о вредных мутациях этот фактор вообще не учитывается. Восполнив пробел, ученые Политеха сделают процесс селекции еще более эффективным.



Почему это важно

Все животные и растения, которые используются сегодня в сельском хозяйстве, изначально были дикими. Человек отбирал необходимые для жизни породы и сорта по определенным признакам: в преимуществе был крупный рогатый скот, который давал больше молока и мяса, и наиболее устойчивые к неблагоприятным климатическим условиям растения. Побочным эффектом такого отбора является накопление вредных мутаций – в изолированных группах с малым количеством особей изменения ДНК, снижающие приспособленность организма, накапливаются быстрее, так как нет притока «хороших» генов от особей извне. Этот процесс неизбежно ведет к сужению генетического разнообразия – вплоть до потери ценных признаков и свойств.

В силу особенностей организации генома при селекции по конкретному признаку отбирается не только ген, его контролирующий, но и крупный участок генома, который может содержать вредные признаки, влияющие на приспособленность. Для того, чтобы создавать новые сорта и выводить новые породы, улучшенные по определенным характеристикам, необходимо уметь идентифицировать вредные мутации, а потом при помощи современных специальных методов оценивать ценность генотипов для селекции с поправкой на эти мутации.

Мария Гайворонская
Сектор научных коммуникаций