

Анализ геномного инбридинга у животных Голштинской, Ярославской и Холмогорской пород с применением современных статистических методов

Научный руководитель – Зиновьева Наталия Анатольевна

Мишина Арина Игоревна

Аспирант

Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, Лаборатория генетики сельскохозяйственных животных, поселок Дубровицы, Россия

E-mail: arinamishina32@yandex.ru

Холмогорская и ярославская породы крупного рогатого скота - исконно российские породы, поэтому контроль за генетическими характеристиками в их популяциях является важной задачей современного сельского хозяйства в нашей стране [1].

Так как увеличение количества гомозиготных участков в геноме приводит к снижению генетического разнообразия, контроль геномного инбридинга является актуальной проблемой нашего времени. Современные статистические методы, такие как ROH (Run Of Homozygosity), MLH (Multi-Locus Heterozygosity) позволяют более точно отслеживать уровень гомо- и гетерозиготности в популяции [2].

Целью нашего исследования являлся анализ геномного инбридинга в популяциях животных Ярославской, Холмогорской и Голштинской пород.

Исследование проводили на чистопородных животных Ярославской (N=52) Голштинской (N=49) и Холмогорской (N=26) пород. Материалом для исследования служили ушные выщипы и кровь. Выделение ДНК проводилось набором Nexttec (Nexttec Biotechnology GmbH, Германия) в соответствии с инструкцией производителя. Концентрацию и чистоту ДНК проверяли с помощью флуориметра Qubit 3.0 (Life Technologies, США) и на приборе NanoDrop 2000. Генотипирование SNP проводилось на чипе Neogen GeneSeek 150 k.

Обработку данных проводили в программах PLINK 1.07 и RStudio. После осуществления контроля качества для анализа были отобраны более 120000 SNP. Расчет индивидуального инбридинга - F(ROH) проводили «последовательным» методом в R-пакете detectRUNS. При формировании сегментов минимальная длина ROH составляла 1000 kb, минимальное количество SNP в сегменте — 20, при этом допускали 1 гетерозиготный и 1 не генотипированный локус. Показатели стандартизированной мультилокусной гетерозиготности (sMLH) вычисляли с помощью R-пакета inbreedR.

Средние показатели инбридинга F(ROH) у YRSL и HLST составили 0,09 и 0,129 с вариациями у отдельных животных от 0,04 до 0,19 и от 0,04 до 0,22, соответственно. У представителей KHLM средние показатели были равны 0,067 с вариациями у отдельных животных от 0,03 до 0,09. Согласно полученным данным, у животных Ярославской породы количество ROH размером менее 2 Mb составило 2144, также имелись повторы длиной 2-4 Mb - 776, 4-8 Mb - 442, 8-16 Mb - 239, более 16 Mb - 78. Наряду с ярославскими, у животных голштинской породы наблюдались повторы длиной до 2 Mb (2350), 2-4 Mb (1106), 4-8 Mb (670), 8-16 Mb (302) и более 16 Mb (114). У животных Холмогорской породы распределение повторов выглядело так: 0-2 Mb (896), 2-4 Mb (392), 4-8 Mb (216), 8-16 Mb (60), более 16 Mb (10).

Показатели sMLH у холмогорской породы варьировали от 0,981 до 1,063. В ярославской породе минимальные и максимальные значения составляли от 0,843 до 1,045 соответственно. У голштинской породы те же показатели находились в пределах от 0,871 до 1,049.

Таким образом, анализ геномного инбридинга в исследуемых популяциях показал, что наибольшее количество гомозиготных участков имели представители Голштинской породы, кроме того наибольшее количество длинных повторов (более 16Mb) свидетельствует о недавнем инбридинге. Следует заметить, что животные Холмогорской породы напротив имели самый высокий уровень гетерозиготных участков, а распределение повторов разных длин свидетельствует о более давнем инбридинге внутри популяции.

Исследование выполнено при поддержке Российского Фонда Фундаментальных Исследований в рамках научного проекта № 19-316-90017 и Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, тема №0445-2019-0024.

Источники и литература

- 1) 1. Liskun EF. Otechestvennye породы крупного rogatogo skota. Moskva: GISL; 1949. Russian.
- 2) 2. Bosse M., Megens H.-J., Madsen O., Paudel Y., et.al. Regions of Homozygosity in the Porcine Genome: Consequence of Demography and the Recombination Landscape (2012) November 29, <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003100>