

## Анализ вариаций числа копий в геноме свиней на основе данных массива SNP

Научный руководитель – Бакоев Сирождин Юсуфович

*Феде Ксения Викторовна*

*Студент (магистр)*

Московский физико-технический институт, Москва, Россия

*E-mail: K.V.Bolotova@yandex.ru*

Вариациями числа копий (CNV) называют многократно повторяющиеся фрагменты генома размером от 50 пар оснований. По сравнению с однонуклеотидными вариантами (SNV) CNV покрывают большую часть генома и тем самым могут оказывать более сильный эффект на разнообразие особей внутри вида [1].

Большинство исследований вариаций числа копий у домашних животных направлены на изучение их роли в появлении заболеваний, восприимчивости к инфекциям, плодовитости, селекционной ценности животных [2,3,5,6]. Целью нашего исследования является изучение и анализ вариаций числа копий в геноме свиней крупной белой породы.

Для исследования были отобраны образцы свиней (n=100). ДНК выделяли с помощью набора реактивов ДНК-Экстра-2 (ООО НПФ «Синтол», Москва, Россия) по протоколу производителя. SNP массив, используемый в исследовании, содержит олигонуклеотиды в количестве 70 000. Для идентификации CNV применили две программы QuantiSNP и PennCNV, основанные на скрытой марковской модели (HMM). Индивидуальные вариации объединили в регионы вариаций числа копий и проанализировали с помощью пакета R GALLO.

С помощью PennCNV и QuantiSNP было найдено 569 и 230 CNVs соответственно, которые были отфильтрованы по качеству и объединены в 142 региона. Лocusы, затронутые найденными регионами вариаций числа копий (CNVR), отвечают за количество мяса и развитие опорно-двигательного аппарата. Изучаемая порода также содержит накопление вариаций, влияющих на чувствительность свиней к *Actinobacillus pleuropneumoniae*. Данный бактериальный патоген является наиболее частым возбудителем респираторной инфекции у свиней [4].

### Источники и литература

- 1) Bickhart D. M., Liu G. E. The challenges and importance of structural variation detection in livestock //Frontiers in genetics. – 2014. – Т. 5. – С. 37.
- 2) Drögemüller C., Distl O., Leeb T. Partial deletion of the bovine ED1 gene causes anhidrotic ectodermal dysplasia in cattle //Genome Research. – 2001. – Т. 11. – №. 10. – С. 1699-1705.
- 3) El Hamidi A. H. et al. CNV analysis of host responses to porcine reproductive and respiratory syndrome virus infection //Journal of Genomics. – 2017. – Т. 5. – С. 58.
- 4) Krejci R., Newberry J., Ceva Sante Animale F. Pleuropneumonia in pigs—its importance and prevention //Mortality. – 2011. – Т. 2. – №. 6.7. – С. 0.0007.
- 5) Olsson M. et al. A novel unstable duplication upstream of HAS2 predisposes to a breed-defining skin phenotype and a periodic fever syndrome in Chinese Shar-Pei dogs //PLoS genetics. – 2011. – Т. 7. – №. 3. – С. e1001332.
- 6) Seroussi E. et al. Analysis of copy loss and gain variations in Holstein cattle autosomes using BeadChip SNPs //BMC genomics. – 2010. – Т. 11. – №. 1. – С. 1-10.