

Исследование генетической структуры свиней крупной белой породы в условиях интенсификации животноводства

Научный руководитель – Гетманцева Любовь Владимировна

Романец Тимофей Сергеевич

Аспирант

Донской государственный аграрный университет, Факультет технологии сельскохозяйственного производства, Кафедра разведение селекции и генетики сельскохозяйственных животных, Благовещенск, Россия

E-mail: timofey_8877@mail.ru

Свиньи являются одними из стратегически важных животных для сельского хозяйства. Большой интерес представляет оценка генетической дифференциации между свиньями, подвергшимся и не подвергшимся селекционной интенсификации [2]. В данном направлении перспективным является использование метода, основанного на модели множественных классов HBD (поиск сегментов гомозиготного происхождения). Исследования, направленные на изучение наличия и локализацию подписей селекции (FST), а также определение областей гомозиготности (HBD) у двух групп свиней разводимых в разное время в одном хозяйстве, позволят выявить различия между популяциями, оценить аутозиготность в соответствии с возрастом предков [1]. Средняя длина HBD, распределение по хромосомам, а также доля генома, покрываемая HBD могут быть использованы в качестве показателей происхождения и истории популяции, а также отражать события искусственного отбора [3].

Исследование проведено на двух группах свиней крупной белой породы, которые содержались в одном хозяйстве, но в разные годы. Для работы были отобраны 165 образцов, из них 78 LW_A (n=78, российской селекции) и LW_B (n=87, коммерческое поголовье). Для генотипирования использовали GeneSeek® GGP Porcine HD Genomic Profiler v1 (Illumina Inc, США). Для определения характеристик отбора использовали исследования, направленные на изучение наличия и локализацию подписей селекции (FST) и идентификацию сегментов HBD.

По результатам наших исследований самые короткий HBD были унаследованы от предков около 128 лет назад, что в целом совпадает с периодом формирования крупной свиней белой породы. Результаты исследования FST показали 20 областей генома с сильными выбросами, расположенными на всех хромосомах, за исключением SSC2, SSC3 и SSC8. В среднем реализованная аутозиготность составила у свиней крупной белой породы отечественной селекции (LW_A) - 0,21, у LW_B - 0,29. У LW_A определено 13 338 сегментов HBD, 171 на одного животного; у LW_B - 15 747 сегментов HBD, 181 на одного животного. Выбросы, обнаруженные методом FST, частично локализованы в регионах HBD. В этих областях определены гены ((NCBP1, PLPPR1, GRIN3A, NBEA, TRPC4, HS6ST3, NALCN, SMG6, TTC3, KCNJ6, IKZF2, OBSL1, CARD10, ETV6, VWF, CCND2, TSPAN9, CDH13, SERP128, SERPINA11, PIK3CG, COG5, BCAP29, SLC26A4). Наличие QTL находящихся на участках гомозиготности и связанных, в том числе, с признаками, на улучшение которых была направлена селекционная работа с породой, делает такие участки наиболее перспективные для поиска потенциальных генов кандидатов связанных с уровнем продуктивности и наличием заболеваний. Выявленные гены представляют особый интерес для дальнейшего изучения их влияния на организм животного, так как могут выступать в качестве генов-кандидатов, связанных с селекционно-значимыми признаками.

Работа выполнена при поддержке проекта Российского научного фонда (РНФ) № 19-76-10012.

Источники и литература

- 1) Bakoev, S.; Kolosov, A.; Bakoev, F.; Kostyunina, O.; Bakoev, N.; Romanets, T.; Koshkina, O.; Getmantseva, L. Analysis of Homozygous-by-Descent (HBD) Segments for Purebred and Crossbred Pigs in Russia. *Life* 2021, 11, 861 <https://www.mdpi.com/2075-1729/11/8/861/htm>
- 2) Li, X.; Yang, S.; Dong, K.; Tang, Z.; Li, K.; Fan, B.; Wang, Z.; Liu, B. Identification of positive selection signatures in pigs by comparing linkage disequilibrium variances. *Anim. Genet.* 2017, 48, pp.600–605 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28736898/>
- 3) Zhan, H.; Zhang, S.; Zhang, K.; Peng, X.; Xie, S.; Li, X.; Zhao, S.; Ma, Y. Genome-Wide Patterns of Homozygosity and Relevant Characterizations on the Population Structure in Piétrain Pigs. *Genes* 2020, 11, 577 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32455573/>