

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ АССОЦИАЦИЙ ПО ПОКАЗАТЕЛЯМ КОРМОВОГО ПОВЕДЕНИЯ И ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫМ ПРИЗНАКАМ НА ПРИМЕРЕ ОТРАСЛИ СВИНОВОДСТВА

А.А. Белоус

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный
исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»,
г.о. Подольск, поселок Дубровицы, Россия, belousa663@gmail.com

Аннотация. GWAS (Genome-Wide Association Study) – метод, используемый в генетике количественных признаков для получения генетических вариаций (однонуклеотидных полиморфизмов или SNP), которые связаны с конкретным заболеванием или признаком. Целью данного метода является выявление генетических локусов, которые характеризуют определенное заболевание или хозяйственно-полезный признак. Разработка и улучшение моделей BLUP на основании полученной информации с чипов высокой плотности и проведение полногеномного анализа, позволит расширить понимание биологических механизмов, с помощью более достоверной информации, и разработать новые подходы селекционного отбора конкурентноспособных животных в племенное ядро популяции.

Ключевые слова: полногеномное ассоциативное исследование, генетические ассоциации, кормовое поведение, хозяйственно-полезные признаки, отрасль свиноводства

Введение. Разработка и апробация прорывных решений с целью обеспечения устойчивого социально-экономического развития является приоритетным ориентиром программы Стратегии развития агропромышленного и рыбохозяйственного комплекса Российской Федерации на период до 2030 года. Этот ориентир также подразумевает усиление продовольственной безопасности, разработку научно обоснованных инноваций в области генетики и селекции, внедрение научно-информационных технологий [1]. Более того важно, посредством разработки и улучшения селекционных программ, нацеленных на адаптивные особенности, обеспечить генетическое разнообразие пород, с перспективой сохранения породных популяций под воздействием климатических изменений. Для реализации вышестоящих задач необходимо проводить мониторинг и оптимизацию работы селекционно-гибридных центров и промышленных предприятий, для увеличения выхода высококачественных, и, следовательно, рентабельных продуктов животноводства, делая акцент на развитие науки и техники в современном свиноводстве – отрасли наиболее скороспелого и экономически выгодного животноводства [2].

В связи с вышеизложенной актуальностью, целью научной работы стал поиск достоверных генов-кандидатов, отвечающих или взаимосвязанных с показателями кормового поведения и хозяйственно-полезными признаками свиней на основе полногеномного анализа ассоциаций.

Материал и методы. Паратипические и геномные исследования проводили на свиньях породы ландрас, дюрок и F2, которые проходили индивидуальный тестовый откорм на автоматических кормовых станциях. Показатели были следующие: Age₁/Age₂, дн. – возраст постановки/снятия с тестового откорма; BW₀/BW₁, кг - начальная/конечная живая масса; BWG, кг – прирост живой массы за период тестового откорма; ADG, г – среднесуточный прирост; FCR, кг/кг – конверсия корма; ADFI, г/сут - среднесуточное потребление корма; TPD, мин/сут - время нахождения на кормовой станции в сутки; FPV, г - средняя поедаемость корма за одно посещение фид-лота; FR, г/ед – степень потребления корма; TRV, мин - среднее время пребывания на станции за один раз.

Отбор животных для генотипирования формировали по полученным оценкам племенной ценности (EBV). Показатели EBV получили на основании смешанной модели BLUP Animal Model (BLUP AM).

Полногеномное ассоциативное исследование (GWAS) по изучаемой популяции чистопородных животных и товарных гибридов, в сравнительном аспекте, проведено для конверсии корма – основного признака рентабельности в промышленных и племенных хозяйствах. Генетическая информация была получена с ДНК-чипа Porcine GGP HD (платформа GeneSeek Genomic Profiler, «Neogene», США), содержащим ~70 тыс. SNP. Контроль качества и фильтрацию данных генотипирования для каждого SNP и каждого образца выполняли с использованием программного пакета PLINK 1.9 (<http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/>).

На основании полученных генетических и фенотипических данных, мы провели расчет и сформировали показатели EBV по моделям GBLUP и ssGBLUP на референтной популяции свиней породы дюрок.

Результаты. Описательная статистика анализируемых признаков двух пород и их помесей показало, что отклонение от нормального распределения было умеренным, а средний коэффициент вариации составил 6,57-16,14 % (порода дюрок), 4,15-17,41 % (порода ландрас) и 3,09-14,57% (гибрид F2). Все животные проходили тестовый откорм на автоматических кормовых станциях. Период откорма составил 78 дней (порода дюрок), 69 дней - порода ландрас и 79 дней у помесей второго поколения. Среднесуточный прирост составил 958, 954 и 950 г, соответственно, для вышеуказанных пород. Коэффициент конверсии корма у представленных пород свиней и помесей различался незначительно и составил 2,21, 2,13 и 2,20 кг/кг, соответственно.

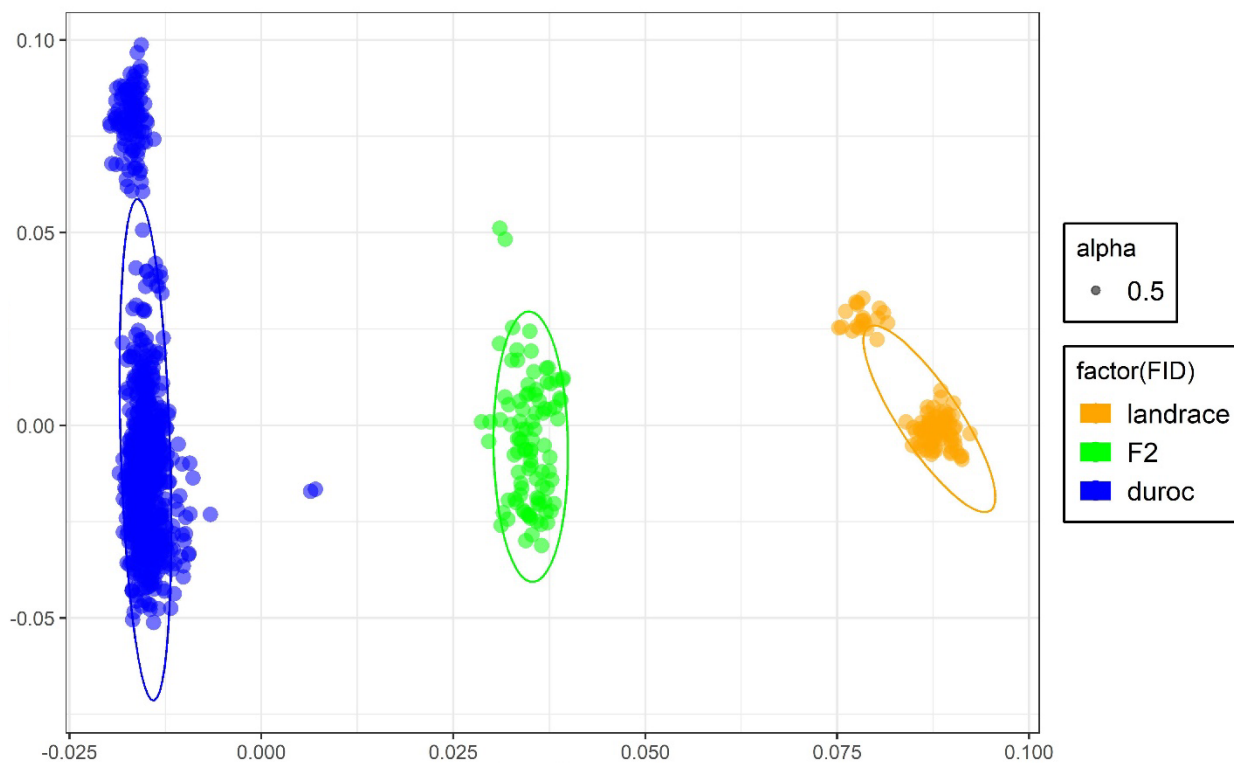


Рисунок 1. График анализа главных компонент (PCA - principal component analysis) показывающий распределение по двум породам свиней и товарных гибридов.

Анализ структуры популяции показал, что ландрас и дюрок сформировали первые две независимые популяции (рисунок 1). Генетический анализ PCA сформировал группу гибридов (F2) равноудаленную от отцовской породы дюрок и ландрас.

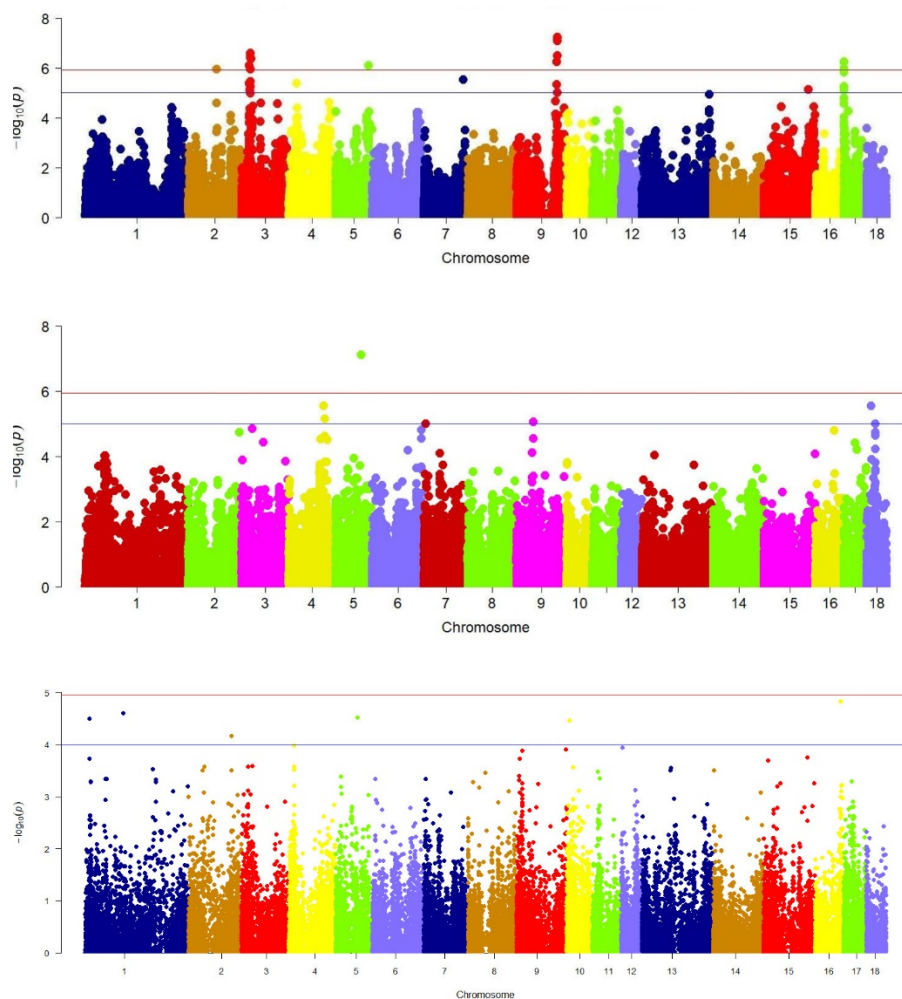


Рисунок 2. Результаты GWAS по конверсии корма свиней: а) породы дюрок; б) породы ландрас; в) гибридов второго поколения (F2)

Конверсия корма двух групп чистопородных свиней и одной группы гибридов была проанализирована с помощью процедуры GWAS. Значимые SNP были обнаружены на SSA3, SSA7 и SSA15 у хряков породы дюрок (рисунок 2а). Гены, отвечающие за биологические функции, связаны с перечисленными SNP: *SDR42E2* (ASGA0094620), *ZP2* (WU_10.2_3_25638011), *DNAH3* (WU_10.2_3_25638011), *CRYM* (WU_10.2_3_25638011), *GDE1* (ASGA0089442), *TC2N* (H154GA0023) и *EPHA* (ASGA0070788).

У свиней породы ландрас GWAS-анализ конверсии корма выявил значительные SNP на SSA3, SSA4, SSA6, SSA9, SSA13, SSA16, SSA17 и SSA18 (рис. 2б). Гены, отвечающие за биологические функции, связаны с перечисленными SNP: *LRRTM1* (ASGA0105548, ASGA0098125), *TNP2* (ALGA0114914), *CELF3* (WU_10.2_4_106851436), *SPATA6* (WU_10.2_6_150765383, ASGA0088896), *PRM1* (ALGA011496), (ALGA0114914), *CGN* (WU_10.2_4_106851436), *NOTCH2* (AL-GA0027376), *F11R* (MARC0111312), *ITLN2* (MARC0111312), *CD244* (MARC0111312), *LCP2* (ASGA0073470), *MEP1B* (ALGA003_68.68), *DEFB116* (ASGA0082732), *ID1* (ASGA0082732), *PTPRZ1* (ALGA0097585, ALGA0097562, MARC0006039, ALGA0097573, ASGA0079333).

У товарных гибридов GWAS-анализ конверсии корма выявил значительные SNP на SSA1, SSA2, SSA4, SSA5, SSA6, SSA9, SSA10, SSA12, SSA14, SSA17 и SSA18 (рисунок 2с). Кроме того, путем скрининга фланкирующих областей на расстоянии ± 200 п.н. были обнаружены следующие значимые гены-кандидаты: *CGA* (ALGA0003587), *FAF2* (WU_10.2_2_82907810), *CDIPT* (WU_10.2_3_18327266), *SEZ6L* (ALGA0077290), *SEZ6L2* (WU_10. MARC0063505), *NDUFAB1* (MARC0081878), *TEKT3* (H3GA0053278), *HPS4*

(ALGA0077290), *BPI* (WU_10.2_17_46816653), *LBP* (ALGA0095152), *ADIG* (ALGA0095152), *IFRD1* (ALGA0105398). В этом случае гены *OXR1* и *BPI* находятся в самой позиции SNP. Стоит отметить, что SNP WU_10.2 был обнаружен в исследованиях Lijun Shi et al. [3] и Jiuhong-H Nan et al. [4] о свиньях ландрас и йокшир. Исследования были сосредоточены на мышечной дистрофии Беккера (BMD) и продуктивности свиноматок.

Обсуждение и заключение. Большинство целевых экономических признаков в животноводстве являются количественными признаками и обычно имеют сложную генетическую архитектуру. В связи с чем, выявление значимых SNP и генов-кандидатов, лежащих в основе изучаемых признаков, является необходимой частью исследований в области генетики и селекции в отрасли свиноводства. В нашем исследовании проведен GWAS примерно на 1500 чистопородных и помесных свиней. Все образцы были генотипированы чипом 70K SNP. GWAS был выполнен в сравнительном аспекте по конверсии корма, фактические значения которых были переведены в оценки племенной ценности. Обнаружено 43 гена-кандидата, которые находятся в пределах ± 200 Мб и расположены на самом SNP. Обнаруженные значимые SNP и идентифицированные гены-кандидаты в нашем исследовании могут быть применены в отрасли свиноводства, и информация может быть также включена в геномную селекцию признака конверсии корма для достижения более достоверного результата.

Библиографический список

1. Указ Президента РФ от 01.12.2016 №642 "О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации". Электронный ресурс: [<http://kremlin.ru/acts/bank/41449>].
2. Белоус А.А., Требунских Е.А. Сравнительное исследование особенностей кормового поведения свиней пород ландрас и дюрок. Достижения науки и техники АПК. 2021. Т. 35. № 10. С. 61-65. DOI: https://doi.org/10.53859/02352451_2021_35_10_61.
3. Shi L., Li Y., Liu Q., Zhang L., Wang L., Liu X., Gao H., Hou X., Zhao F., Yan H., Wang L. Identification of SNPs and Candidate Genes for Milk Produce Ability in Yorkshire Pig. Research Square, 2021. DOI: <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-585023/v1>.
4. Nan J.-H., Yin L.-L., Tang Z.-S., Xiang T., Ma G.-J., Li X.-Y., Liu X.-L., Zhao S.-H., Liu X.-D. Identification of novel variants and candidate genes associated with porcine bone mineral density using genome-wide association study. Journal of Animal Science, V. 98, Iss. 4, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1093/jas/skaa052>.