

Использование специализированного программного обеспечения для определения генетической архитектуры признака конверсии корма у коммерческих пород свиней

Научный руководитель – Белоус Анна Александровна

Ромазева Мария Евгеньевна

Сотрудник

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

E-mail: romazevamasha12345@gmail.com

Сотрудниками лаборатории генетических технологий в агро- и аквахозяйстве ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста было проведено полногеномное исследование ассоциаций (Genome-Wide Association Study, GWAS) для трех пород свиней (*Sus scrofa*): Ландрас (Landrace), Крупная белая (Large White) и Дюрок (Duroc). Объектом изучения выступил один из хозяйственно-полезных и экономически значимых признаков - конверсия корма (Feed Conversion Ratio, FCR). Анализ осуществлялся с использованием программного обеспечения, разработанного на языке R, которое интегрирует алгоритмы GWAS с последующей обработкой в интуитивно понятный интерфейс на базе пакета Shiny 1.10 [2].

Программный инструмент позволяет проводить полный цикл GWA-анализа на локальном компьютере пользователя, включая идентификацию ассоциаций геномных вариантов с целевым признаком, визуализацию результатов в виде Manhattan- и QQ-графиков, а также генерацию таблиц с аннотацией значимых SNP и соответствующих генов. Для обработки данных в качестве анализатора использовалась программа PLINK 1.9 [1]. Результаты анализа автоматически сохраняются в рабочей директории и отображаются в графическом интерфейсе. Разработка инструмента направлена на упрощение работы с данными SNP-микрочипов для пользователей без специализированной подготовки в области биоинформатики. Ключевыми целевыми группами являются:

- сельскохозяйственные предприятия, заинтересованные в селекции животных с улучшенными фенотипическими характеристиками;
- образовательные учреждения, внедряющие методы анализа геномных данных в учебные программы;
- исследователи, фокусирующиеся на изучении генетических вариантов, для которых программа снижает временные затраты на освоение биоинформатических платформ.

В результате анализа были идентифицированы статистически значимые и потенциально значимые SNP для всех трех пород (рис. 1):

- Ландрас: 1 значимый (H3GA0001339) и 1 потенциально значимый (WU_10.2_1_27727382) на хромосоме 1;
- Крупная белая: 5 потенциально значимых (WU_10.2_2_38779149, ALGA0013031, ASGA0009944, INRA0013585, WU_10.2_15_71001875) на хромосомах 2, 4, 15;
- Дюрок: 9 значимых (M1GA0010456, H3GA0021970, MARC0015528, DRGA0007711, WU_10.2_7_67341839, ALGA0042359, ASGA0034366, MARC0033686, DRGA0007728) на хромосоме 7 и 42 потенциально значимых на хромосомах 2, 3, 7, 10, 12, 16, 17, 18.

Полученные данные демонстрируют потенциал программы для масштабируемого анализа геномных данных и могут служить основой для дальнейших исследований генетических механизмов, влияющих на эффективность конверсии корма у свиней.

Источники и литература

- 1) Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C.A.M., Vattikuti S., Purcell S.M., Lee J.J. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets // GigaScience. 2015. Vol. 4. No. 1. P. s13742–015–0047–8.
- 2) Chang W, Cheng J, Allaire J, Sievert C, Schloerke B, Xie Y, Allen J, McPherson J, Dipert A, Borges B (2025). shiny: Web Application Framework for R. R package version 1.10.0.9000 <https://github.com/rstudio/shiny>.

Иллюстрации

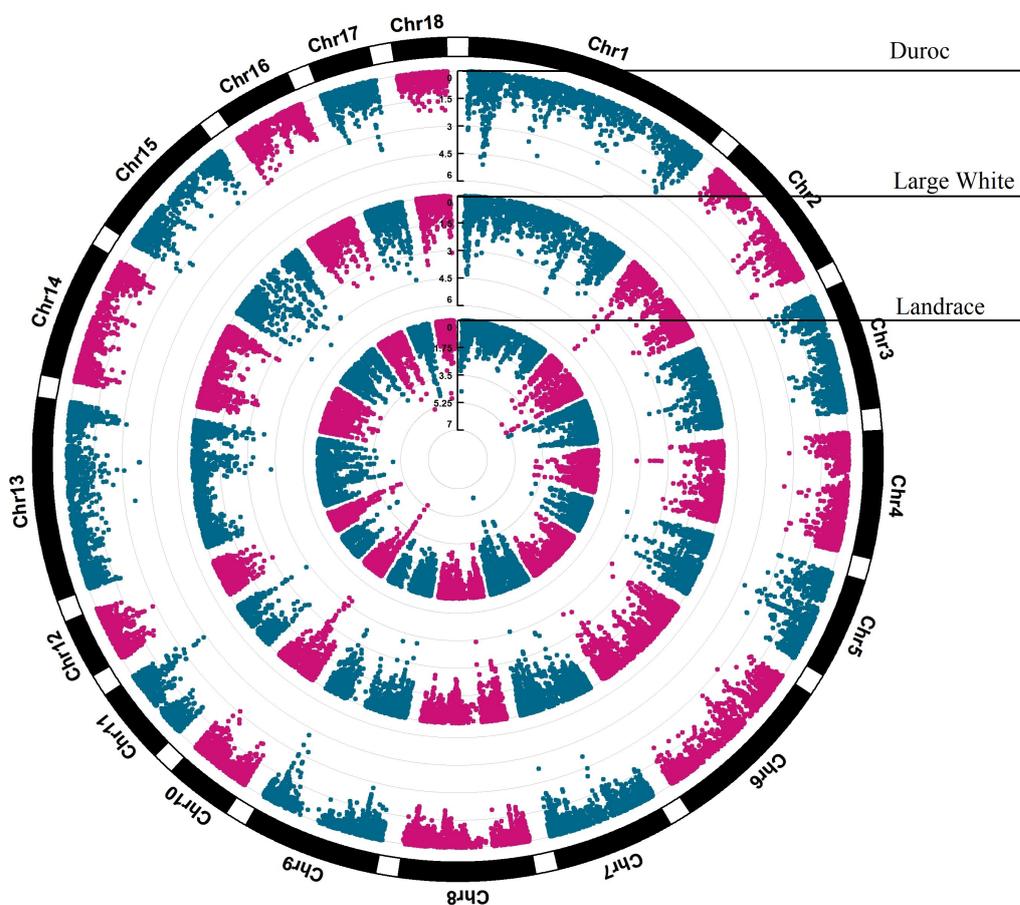


Рис. : Круговой Manhattan график для трех коммерческих пород *Sus scrofa*