

**Полногеномное ассоциативное исследование хозяйственно-полезных признаков свиней породы ландрас**

**Научный руководитель – Белоус Анна Александровна**

***Ракова Алиса Сергеевна***

*Студент (бакалавр)*

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

*E-mail: myapaeidae@list.ru*

Свиноводство как отрасль животноводства составляет значимую долю рынка для многих стран. Существует множество факторов продуктивности животных, влияющих на стоимость продукции. Многие из них определяются генетикой конкретного вида животного сельскохозяйственного направления, в связи с чем, в настоящее время, проводится поиск новых маркеров, взаимосвязанных с продуктивностью.

GWAS (genome-wide association study) - один из достоверных методов статистического определения взаимосвязи генотипа и фенотипа животных, на которого также влияют внешние факторы, такие как освещенность, модификация кормовой станции, температура. Учесть данные параметры и спрогнозировать племенную ценность особи возможно с помощью модели BLUP AM, разработанной для анализа данных в области селекции животных [2].

Генотипирование осуществляли на высокоплотном ДНК-чипе Porcine GGP HD, содержащим 70К. Поправки на воздействия окружающей среды рассчитывались программой BLUPF90, составлены модели для признаков: количество съеденного корма (ADFI), среднесуточный прирост (ADG) и конверсия корма (FCR). GWAS выполнен с помощью PLINK 1.9 (<http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/>) [3]. Данные визуализировали с помощью библиотеки ggplot в R.

Для структурной аннотации использовали геномный ресурс Sscrofa11.1 (GCF\_000003025.6). Функциональную аннотацию генов выполняли с привлечением базы данных DAVID (<http://david.ncifcrf.gov/summary.jsp>) [1].

Наибольшее количество продуктов генов, отвечающих за ADFI, локализовано в цитоплазме (50/174), выполняет функцию связывания РНК (12/174) и ионов кальция (10/174). Также часто встречаются функции ответа на повреждение ДНК, связывания сигнальных рецепторов и процесса катаболизма жиров. Продукты генов-кандидатов ADG отвечают за развитие многоклеточного организма, иммунный ответ и дифференциацию клеток (по 3/32). Продукты генов-кандидатов FCR участвуют в связывании идентичных протеинов (8/45), связывании металлов (10/45) и положительной регуляции активности ГТФазы (6/45) [4].

### **Источники и литература**

- 1) Huang D.W., Sherman B.T., Lempicki R.A. Systematic and integrative analysis of large gene lists using DAVID Bioinformatics Resources. Nature Protoc. 2009;4(1):44-57. [PubMed]
- 2) Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D.A.L., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. 2014. Manual for BLUPF90 family of programs.

- 3) Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, de Bakker PIW, Daly MJ & Sham PC (in press) PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. American Journal of Human Genetics.
- 4) Sherman B.T., Hao M., Qiu J., Jiao X., Baseler M.W., Lane H.C., Imamichi T., Chang W. DAVID: a web server for functional enrichment analysis and functional annotation of gene lists (2021 update). Nucleic Acids Research. 23 March 2022. doi:10.1093/nar/gkac194.[PubMed]

### Иллюстрации

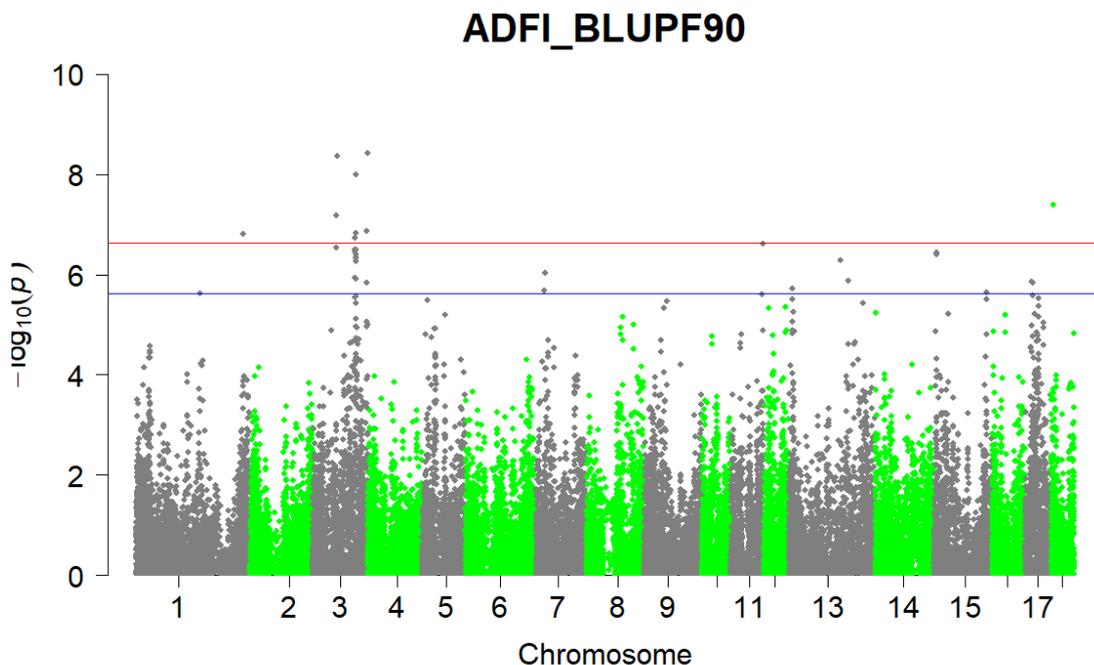


Рис. : Полногеномное ассоциативное исследование признака ADFI у свиней породы ланд-рас.

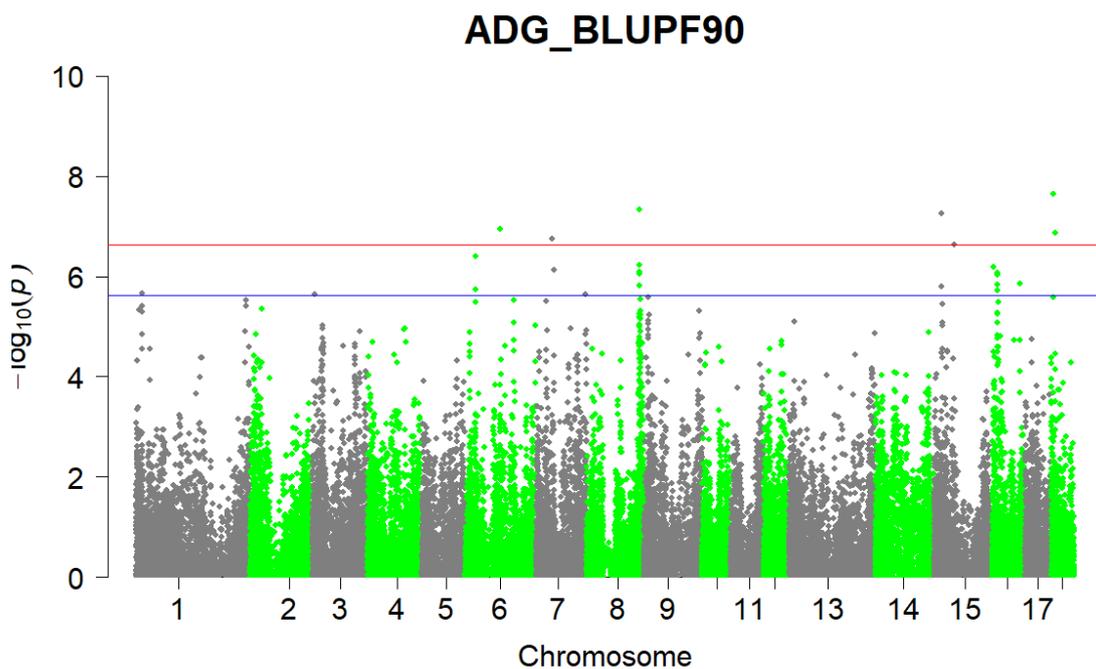


Рис. : Полногеномное ассоциативное исследование признака ADG у свиней породы ланд-рас.

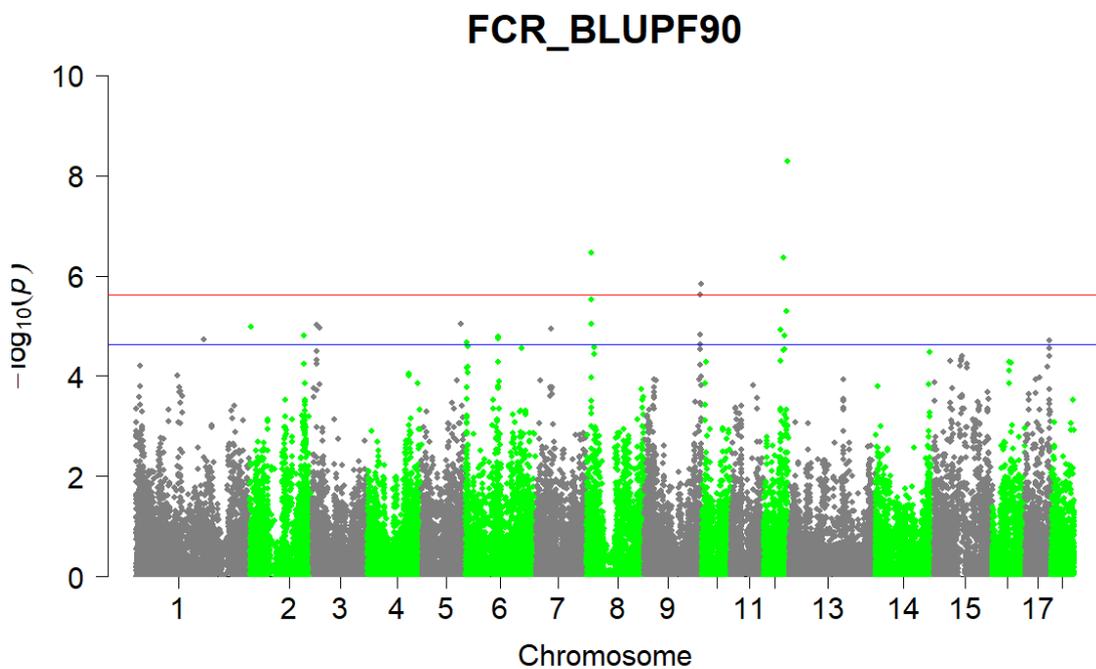


Рис. : Полногеномное ассоциативное исследование признака FCR у свиней породы ланд-рас.