

Поиск генетических факторов, связанных с дефектами конечностей свиней

Романец Е.А.¹, Романец Т.С.², Колосова М.А.³

1 - Донской государственный аграрный университет, Факультет биотехнологии, товароведения и экспертизы товаров, Благовещенск, Россия, *E-mail: lena9258@mail.ru*; 2 - Донской государственный аграрный университет, Факультет биотехнологии, товароведения и экспертизы товаров, Благовещенск, Россия, *E-mail: timofey_8877@mail.ru*; 3 - Донской государственный аграрный университет, Факультет биотехнологии, товароведения и экспертизы товаров, Благовещенск, Россия, *E-mail: M.LeonovaA@mail.ru*

Одной из серьезных проблем, с которой столкнулись производители свинины, является образование шишек и наростов на конечностях свиней (ЗНШ), это не приводит к хромоте, но влияет на внешность племенных свиней, и они уже не пригодны к продаже, что крайне негативно влияет на эффективности свиноводческих селекционных центров [1, 3]. Обнаружение подписей селекции и определение генов-кандидатов может позволить установить основные гены, ответственные за выбранные признаки.

Целью работы являлся поиск локусов, связанных с ЗНШ у свиней, с помощью метода Fst. Этот метод используется для идентификации областей генома при отборе и полезен для анализа популяций, поскольку выявляет тонкие различия между ними [2].

Исследования проводили на свиньях породы ландрас (n=47). Генотипирование проводили с использованием GeneSeek® GGP Porcine HD Genomic Profiler v1 (Illumina Inc, США).

Использование метода Fst для поиска «подписей селекции» позволило выявить 26 SNP связанных с ЗНШ у свиней породы ландрас. Всего в области генома с сильными выбросами определены 15 генов VAV2, PTPN22, ADORA3, NCF4, LRR1Q1, MARCHF1, ENSSSCG000000607, SLC43A2, ROBO1, KIF13B, GALNT7, LONRF1, ENSSSCG00000028004, PRKAG2, CREB3L2 и др., задействованных в различных физиологических процессах в организме, в том числе связанные с воспалением, различного рода новообразованиями и опухолями. Установленные SNP в основном представлены нуклеотидными заменами в интронах (intron variant) и межгенными вариантами (intergenic variant), что указывает на влияние данных областей на фенотип свиней.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта Российского научного фонда № 22-76-10015 по научному проекту: «Исследование биологических механизмов формирования дефектов конечностей свиней на основе мультимаркерного подхода»

Источники и литература

- 1) 1. Getmantseva L., Kolosova M., Bakoev F., Zimina A., Bakoev S. Genomic Regions and Candidate Genes Linked to Capped Hock in Pig // *Life*. – 2021. – Т. 11, № 6. – С. 510.
- 2) 2. Nielsen R., Williamson S., Kim Y., Hubisz M. J., Clark A. G., Bustamante C. Genomic scans for selective sweeps using SNP data // *Genome research*. – 2005. – Т. 15, № 11. – С. 1566-1575.
- 3) 3. Teixeira D. L., Salazar L. C., Enriquez-Hidalgo D., Boyle L. A. Assessment of Animal-Based Pig Welfare Outcomes on Farm and at the Abattoir: A Case Study // *Frontiers in veterinary science*. – 2020. – Т. 7. – С. 576942.