

001-57150110-2015/ Ю.В. Беленький, Л.А. Шинкаренко, Н.Г. Щербакова, А.Ч. Бескоровайная – с. Обильное, 2015. – 8с.

8. Технология инкубации яиц сельскохозяй-

ственной птицы/ В. И. Фисинин, Л. Ф. Дядичкина, Ю. С. Голдин, Л. А. Шинкаренко и др. – Сергиев Посад, 2016. С. 51–54.

DOI: 10.48612/sbornik-2022-1-81

УДК 636.4.082:575.113

ПОИСК ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ СЕЛЕКЦИОННО-ЗНАЧИМЫХ ПРИЗНАКОВ СВИНЕЙ НА ОСНОВЕ ПОЛНОГЕНОМНОГО ГЕНОТИПИРОВАНИЯ

Романец Елена Андреевна, аспирант

Колосова Мария Анатольевна, канд. с.-х. наук

Романец Тимофей Сергеевич, канд. с.-х. наук

Гетманцева Любовь Владимировна, д-р биол. наук

ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет»,

п. Персиановский, Российская Федерация

Проведены исследования генома свиней на основе данных полногеномного генотипирования свиноматок крупной белой породы с 2013–2019 года рождения. Общая выборка составила 627 голов. Получены новые данные об областях отбора («подписях селекции») в геноме свиней крупной белой породы, и определены гены-кандидаты, прямо или косвенно связанные с селекционно-значимыми признаками. Преимущество исследований на основе «подписей селекции» заключается в том, что они не зависят от информации о фенотипе отдельных животных и применимы к относительно небольшим исследуемым популяциям.

Ключевые слова: свинья ; подписи селекции ; сглаживание FST; геном; гены-кандидаты

SEARCH FOR CANDIDATE GENES FOR SELECTION SIGNIFICANT TRAITS OF PIGS BASED ON WHOLE GENOME GENOTYPING

Romanets Elena Andreevna, PhD student

Kolosova Maria Anatolyevna, PhD Agr. Sci.

Romanets Timofey Sergeevich, PhD Agr. Sci.

Hetmantseva Lyubov Vladimirovna, Dr. Biol. Sci.

FGBOU VO "Don State Agrarian University", Persianovsky, Russian Federation

Studies of the pig genome based on the data of genome-wide genotyping of sows of Large white breed from 2013-2019 year of birth have been carried out. The total sample was 627 heads. New data on selection areas ("selection signatures") in the genome of Large white breed pigs have been obtained, and candidate genes directly or indirectly related to selection-significant traits have been identified. The advantage of studies based on "selection signatures" is that they do not depend on information about the phenotype of individual animals and are applicable to relatively small populations under study.

Key words: pig; breeding signatures; FST smoothing; genome; candidate genes

На сегодняшний день большое внимание ученых привлекают молекулярно-генетические методы оценки племенных и продуктивных качеств с.-х. животных. Использование определенных участков ДНК (для ко-

торых установлен полиморфизм) в качестве генетических маркеров, получило широкое распространение в восьмидесятых годах XX века. На основе ДНК-маркеров были разработаны методы для решения таких задач как со-

хранение генофондов пород сельскохозяйственных животных, идентификация родственных связей, повышение эффективности селекции по отдельным признакам, установление происхождения пород и отдельных особей и др. [1].

Селекция, основанная на использовании молекулярно-генетических методов, заключается в том, что определяются перспективные гены-кандидаты, связанные с продуктивными качествами животного. Такой подход к селекционному процессу приводит к улучшению экономически значимых признаков с.-х. животных [2–4].

Определить участки генома, прямо или косвенно связанные с селекционно-ценными признаками, устойчивостью к различным инфекциям позволяет подход, реализуемый на основе идентификации «подписей селекции»). Подписями селекции называют области в геноме, подвергшиеся значимым изменениям в результате целенаправленного отбора (селекции). Поиск этих областей (подписей селекции) позволяет получать информацию о локусах, подвергнутых селекции, а также причинных мутациях и генах, связанных с изменением биологических процессов, обеспечивающих изменчивость признаков продуктивности животных. Преимущество исследований на основе «подписей селекции» заключается в том, что они (в отличие от полногеномных ассоциативных исследований) применимы к относительно небольшим исследуемым популяциям.

В связи с этим, цель работы состоит в поиске потенциальных генов-кандидатов у свиней крупной белой породы, на основе подхода «подписей селекции».

Актуальность исследований обусловлена тем, что в современных условиях ведения свиноводства по интенсивной технологии повышаются требования к использованию генетических ресурсов, сохранение и совершенствование которых зависит от эффективного управления селекционно-племенной работой и требует всесторонних знаний о породах, включая данные о геномной структуре и генах-кандидатах продуктивности.

Методика исследований. Для исследования были выбраны свиноматки крупной белой породы 2013–2019 года рождения, разводимые в ЗАО «Племзавод-Юбилейный». Воспроизводительные признаки свиноматок были оценены по 3-ем опоросам: количество по-

росят при рождении (гол.), многоплодие (гол.), масса гнезда при рождении (кг) и масса одного поросенка при рождении (кг). Общая выборка составила 627 гол. Для анализа использовали показатели описательной статистики.

На втором этапе проводили исследование генома свиней на основе данных полногеномного генотипирования свиноматок крупной белой породы. Были отобраны свиноматки ($n=72$) в две группы: 1 группа ($lw1$, $n=30$) – это свиньи 2013–2014 года рождения; 2 группа ($lw2$, $n=42$) – 2016–2018 года рождения. Геномную ДНК выделяли из ткани (ушной выщип) с использованием набора реактивов ДНК-Экстран-2 (ООО НПФ «Синтол», Россия). Для генотипирования использовали GeneSeek®. GGP Porcine HD Genomic Profiler v1, который включал 68516 SNP, равномерно распределенных со средним интервалом 25 т.п.о. (Illumina Inc, Сан-Диего, Калифорния, США). Качество генотипирования составило 0,99. Фильтрацию данных провели по следующим критериям: $hwe 1 \times 10^{-7}$; $maf 0,01$; $geno 0,2$; $mind 0,2$; $indep-pairwise 50 5 0,2$. Для поиска подписей селекции использовали метод сглаженного FST (smoothing FST).

Результаты исследований и их обсуждение. Достоверных различий по количеству поросят при рождении и многоплодию с 2013 по 2019 нет, при этом масса гнезда и масса одного поросенка с 2014–2018 гг., относительно 2013 г., снизились в среднем на 2,4 и 0,28 кг. В 2019 г. наблюдается тенденции к повышению массы гнезда и одного поросенка, но еще не достигается уровень 2013 г.

Обнаружены области генома с сильными выбросами на хромосомах SSC3:46641455-47489076 (22 SNPs) и SSSC8:64942564-66322384 (17 SNPs). В этих областях определены 6 генов: SNRNP200, STARD7, SH3RF3, EDAR, UBA6 и UGT2B31. Функциональная аннотация этих генов показала, что они связаны с иммунной системой, репродуктивными качествами и ростовыми характеристиками.

Выводы. При изучении воспроизводительных качеств свиноматок крупной белой породы с 2013 по 2019 годы рождения отмечено снижение массы гнезда и одного поросенка при рождении. «Подписи селекции» определены на хромосомах SSC3:46641455-47489076 (22 SNPs) и SSSC8:64942564-66322384 (17 SNPs). В этих областях установлено 6 генов: SNRNP200, STARD7, SH3RF3, EDAR, UBA6 и UGT2B31.

Данные полногеномного генотипирования были получены в рамках проекта РФФ №19-76-10012.

Список литературы

1. Cooke N.E., Baxter J.D. Structural analysis of the prolactin gene suggests a separate origin for its 5' end. *Nature* 1982; 297: 603-606.
2. Dekkers J., Hospital F. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Reviews Genetics* 2002; 3: 22-32.

3. Do C., Cho B., Lee D. Study on the prolactin receptor 3 (PRLR3) gene and the retinol-binding protein 4 (RBP4) gene as candidate genes for production traits in Berkshire pigs. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* 2012; 25: 183.

4. Drogemuller C., Hamann H., Distl O. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *Journal of animal science* 2001; 79: 2565-2570.

DOI: 10.48612/sbornik-2022-1-82
УДК 619.615.4/9:616-092.9

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ХРОНИЧЕСКОЙ ТОКСИЧНОСТИ АДАПТОГЕННОГО ПРЕПАРАТА НА ЛАБОРАТОРНЫХ ЖИВОТНЫХ

Рудь Екатерина Николаевна, аспирант
Кузьминова Елена Васильевна, д-р вет. наук
Семененко Ксения Андреевна, канд. экон. наук
*ФГБНУ «Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии»,
г. Краснодар, Российская Федерация*

В статье представлены материалы по определению хронической токсичности адаптогенного препарата флавобетин на лабораторных животных. Результаты проведенных исследований показали, что при длительном применении флавобетина нелинейным крысам в дозах, составляющих 1/10 и 1/20 от максимально введенной дозы в остром опыте (0,66 и 0,33 г/кг массы тела) не выявлено его токсического действия на организм лабораторных животных. При этом флавобетин оказывает положительное влияние на ряд показателей крови, стимулируя эритропоэз и белковый обмен, проявляет ростостимулирующее действие.

Ключевые слова: адаптогенный препарат; флавобетин; доклинические исследования; лабораторные крысы; хроническая токсичность

DETERMINATION OF CHRONIC TOXICITY OF ADAPTOGENIC DRUG ON LABORATORY ANIMALS

Rud Ekaterina Nikolaevna, PhD student
Kuzminova Elena Vasilievna, Dr. Vet. Sci.
Semenenko Ksenia Andreevna, PhD Econ.
Krasnodar Research Centre for Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Russia, Krasnodar

The article presents materials on the determination of chronic toxicity of the adaptogenic drug flavobetin on laboratory animals. The results of the studies showed that the long-term use of flavobetin in non-linear rats at doses of 1/10 and 1/20 of the maximum administered dose in the acute experiment (0.66 and 0.33 g/kg of body weight) did not reveal its toxic effect on body of laboratory animals. At the same time, flavobetin has a positive effect on a number of blood parameters, stimulating erythropoiesis and protein metabolism, and exhibits a growth-stimulating effect.

Key words: adaptogenic drug; flavobetin; preclinical studies; laboratory rats; chronic toxicity

«Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта