

Выявление генетических локусов и генов-кандидатов, связанных с конверсией корма, у хряков породы дюрок**Научный руководитель – Зиновьева Наталия Анатольевна***Белоус А.А.¹, Требунских Е.А.²*

1 - Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, Лаборатория популяционной генетики и разведения животных, поселок Дубровицы, Россия, *E-mail: belousa663@gmail.com*; 2 - Воронежский государственный аграрный университет имени императора Петра I, Воронеж, Россия, *E-mail: terramio7@mail.ru*

В настоящее время одним из высокоэффективных и наиболее широко используемых методов идентификации локусов количественных признаков (QTL) является полногеномное ассоциативное исследование (GWAS). Данный метод позволяет с высокой достоверностью решать вопросы эффективного использования кормовых ресурсов, с помощью идентификации участков генома, контролируемых изучаемые особенности. В связи с необходимостью увеличения выхода качественной продукции, получаемой от сельскохозяйственных животных, при небольших затратах корма, актуальным является проведение исследований по признакам конверсии корма (FCR, кг/кг), среднесуточному потреблению корма (ADFI, г/сут) и среднесуточному приросту (ADG, г).

Исследования проводились на хряках породы дюрок (n=312), разводимых в ООО «СПЦ» (Воронежская область, п. Верхняя Хава). Генотипирование образцов ткани (ушные выщипы) осуществлялось на чипах Porcine GGP HD (GeneSeek / Neogene) плотностью >68 тыс. SNP. Несмотря на ограниченный размер выборки, исследование ассоциаций по всему геному были приемлемыми для выявления регионов с генами-кандидатами. Для анализа данных использовали программное обеспечение R-studio и PLINK.

По результатам анализа изучаемых признаков (рис.1), выявлены значимые SNP с пороговым значением $p < 0,05$. Аннотация SNP показала, что по признаку FCR наиболее высокую достоверность имеет SNP, локализованный в гене *NEK10* ($p < 7,4 \times 10^{-5}$) на SSA13, который кодирует белок, отвечающий за связывание АТФ с ионами металла; по признаку ADFI - SNP в гене *GPR15* на SSA13, который известен как рецептор, связанный с G-белком. Для признака ADG установлена ассоциация с SNP в гене *NCK2* на SSA3, который участвует в развитии скелета.

Результаты исследований будут использованы для усовершенствования программ разведения свиней в Российской Федерации.

Исследования выполнены в рамках Государственного задания Минобрнауки России № 0445-2019-0029.

Источники и литература

- 1) Baumung R., Lercher G., Willam A., Sölkner J. Feed intake behavior of different pig breeds during performance testing on station. Arch. Tierz., Dummerstorf 49 (2006) 1, 77-88.
- 2) Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. 7th World Congress on genetics applied to livestock production. Montpellier, 2002, 28(28-27): 21-22.
- 3) Белоус А.А., Сермягин А.А., Костюнина О.В., Требунских Е.А., Зиновьева Н.А. Генетические и паратипические факторы, характеризующие эффективность использования корма у свиней породы дюрок. Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 4. С. 712-722. doi: 10.15389/agrobiology.2018.4.712rus.

- 4) Сермягин А.А., Гладырь Е.А., С.Н. Харитонов С.Н., Ермилов А.Н., Стрекозов Н.И., Брем Г., Зиновьева Н.А. Полногеномный анализ ассоциаций по хозяйственно-полезным признакам скота в российской популяции голштинской породы. *Сельскохозяйственная биология*, 2016, 51(2): 182-193. doi: 10.15389/agrobiology.2016.2.182rus.
- 5) Зиновьева Н.А., Сермягин А.А., Костюнина О.В. Геномная селекция – новая стратегия генетического совершенствования свиней. *Животноводство России*, 2018, тематический выпуск «Свиноводство», с. 53-55.

Иллюстрации

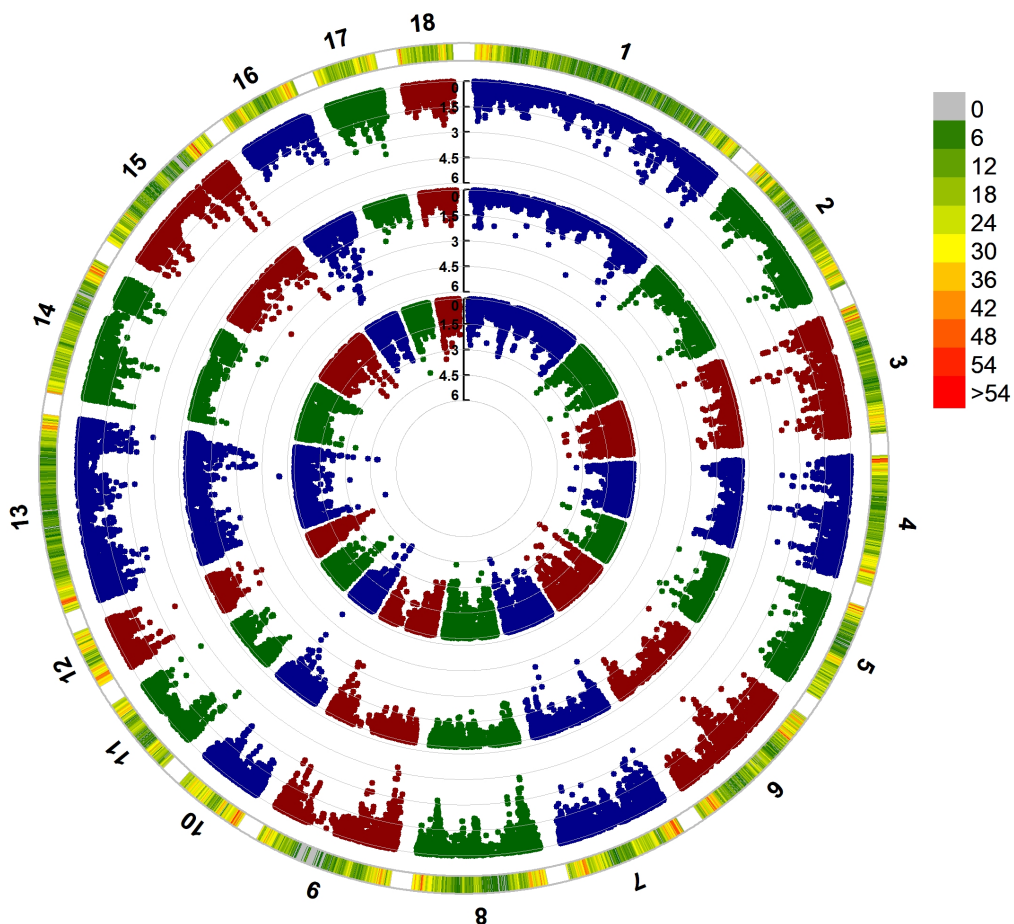


Рис. 1. Полногеномное ассоциативное исследование конверсии корма, среднесуточного потребления корма и среднесуточного прироста в популяции хряков породы дюрок