

# МОДЕЛИРОВАНИЕ ПАНЕЛИ ПОРОДОСПЕЦИФИЧНЫХ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПОРОДНОСТИ ДОМАШНИХ СВИНЕЙ ПОРОДЫ ПЬЕТРЕН

Снытков Е.В.<sup>1</sup>, Кипень В.Н.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>УО «Международный государственный экологический институт им. А.Д. Сахарова» БГУ, 220009, Минск, Республика Беларусь

<sup>2</sup>ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», 220000, Минск, Республика Беларусь

E-mail: [evsnytkov@gmail.com](mailto:evsnytkov@gmail.com)

**Введение.** Пьетрен – порода свиней мясного направления продуктивности. Животные данной породы выведены путем скрещивания свиней английской крупной белой и беркширской породы. В настоящее время свиньи породы пьетрен популярны во всем мире из-за своих мясных качеств. Хряков породы пьетрен используют в промышленном свиноводстве с целью улучшения мясных качеств. Наиболее популярный трехпородный гибрид: крупная белая / ландрас / пьетрен. При скрещивании свиней пород пьетрен и дюрок мясо получается хорошего качества, при скрещивании пьетрена и ландраса свиньи обладают быстрым ростом. Отличительной особенностью пьетренов является то, что они генетически не предрасположены к накоплению жира – даже при скрещивании свиней мясосального и сального направления со свиньями породы пьетрен получают молодняк мясной породы.

На сегодняшний день порода пьетрен широко распространена в европейских странах, особенно в Бельгии, Франции, Великобритании, Нидерландах. В Республике Беларусь данная порода распространена слабо – доли процента от общей численности поголовья *Sus scrofa domesticus*.

Ранее нами была показана возможность с использованием данных полногеномных сиквенсных проектов коммерческих пород свиней для выявления породоспецифичных SNP-маркеров [1].

**Цель и задачи.** Смоделировать с использованием MDR-анализа (Multifactor dimensionality reduction [2]) панель генетических маркеров, способную дифференцировать животных породы пьетрен от представителей пород крупная белая, ландрас, дюрок и мейшан, а также охарактеризовать ее с позиций чувствительности, специфичности и общей точности.

**Материалы и методы.** Поиск породоспецифичных SNP был выполнен с помощью алгоритма SRA Nucleotide BLAST (Sequence Read Archive Nucleotide BLAST) и программы BioEdit v.7.2.5. Количество включенных в анализ SNP – 193 [3]; число полногеномных прочтений для свиней породы пьетрен – 6, для других пород – 85 (крупная белая – 19, ландрас – 23, мейшан – 15, дюрок – 28). Общее количество проанализированных сиквенсов – 32 754 738 518.

Были использованы SRA-данные по полногеномному секвенированию (NGS), размещенные в открытом доступе на облачном сервисе DNAnexus (<http://sra.dnexus.com/>), а также в SRA-NCBI – high-throughput DNA and RNA sequence read archive ([www.ncbi.nlm.nih.gov/sra](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra)).

Построение модели взаимодействий SNP (определение минимального и достаточного количества генетических маркеров для решения поставленной задачи) проводилось с использованием биоинформатического метода MDR.

**Основные результаты.** В результате проведенного исследования нами было выявлено наличие семи строго специфичных SNP-маркеров (породоспецифичный аллель отмечен только у представителей данной породы) для породы пьетрен: ALGA0115746 (хромосомная позиция – 17:47595840, частота породоспецифичного аллеля – 58,3%), ALGA0117988 (X:14724810, 50,0%), ASGA0030130 (6:149172524, 16,7%), ASGA0058793 (13:136017764, 50,0%), ASGA0077092 (17:48426806, 33,3%), ASGA (6:142179174, 66,7%), M1GA (12:49934017, 33,3%).

В процессе моделирования панели генетических маркеров, способной дифференцировать животных породы пьетрен, нами были использованы высоко консервативные настройки поиска конфигурации модели в MDR, которые позволили однозначно дифференцировать наличие/отсутствие статистически значимых эффектов: количество атрибутов (attribute count range) – от 1 до  $n$  (где  $n$  – количество переменных в модели); воспроизводимость модели (cross-validation count) – 100; анализ топ-моделей (track top models) – 1000; поиск конфигурации модели (search method

configuration) – exhaustive; классификация ячеек (ambiguous cell assignment) – unclassified.

В результате проведенного моделирования была определена модель, отражающая такое сочетание породоспецифичных для пьетрена SNP, которое позволило наилучшим образом отличить животных этой породы от других пород в рамках данной работы. В частности, модель включала в себя два SNP (ALGA0115746 и ALGA0117988) и имела следующие характеристики: сбалансированная точность (adj. Balanced accuracy) – 100%, чувствительность (Sensitivity) – 100%, специфичность (Specificity) – 100%, воспроизводимость (Cross Validation Consistency) – 100/100.

**Выводы.** Таким образом, нами предложена и охарактеризована модель, включающая два SNP-маркера, с помощью которой имеется возможность с высокой точностью отличить чистопородных домашних свиней породы пьетрен от особей пород крупная белая, ландрас, дюрок и мейшан.

Полученные нами результаты могут лечь в основу создания панели SNP-маркеров для определения чистопородности особей породы пьетрен подвида *Sus scrofa domestica*.

1. Кипень, В.Н. Выявление породоспецифичных SNP-маркеров для крупной белой породы домашних свиней с использованием полногеномных SRA-данных проектов NGS / В.Н. Кипень, С.А. Котова // Всероссийская конференция с международным участием, посвященная 50-летию Вавиловского (ранее Всесоюзного) Общества генетиков и селекционеров: «50 лет ВОГиС: успехи и перспективы». – РФ, Москва. – 2016. – С.177;
2. Greene, C. Multifactor dimensionality reduction for graphics processing units enables genome-wide testing of epistasis in sporadic ALS // Bioinformatics. – 2010. – p.694-695;
3. Ramos, AM Identification of high utility SNPs for population assignment and traceability purposes in the pig using high-throughput sequencing / Ramos AM, Megens HJ, Crooijmans RP [et al.] // Anim Genet. 2011 Dec;42(6):613-20. doi: 10.1111/j.1365-2052.2011.02198.x. Epub 2011 Apr 25.