

**МОДЕЛИРОВАНИЕ ПАНЕЛИ  
ПОРОДОСПЕЦИФИЧНЫХ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ  
ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПородНОСТИ  
ДОМАШНИХ СВИНЕЙ ПОРОДЫ МЕЙШАН**

**Кипень В.Н.**

*ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета  
судебных экспертиз Республики Беларусь», 220090, Минск,  
Республика Беларусь*

*E-mail: slavakipen@rambler.ru*

**Введение.** Мейшан (Meishan) – порода домашних свиней, названная по региону происхождения – округу Мэйшань в южном Китае.

Порода знаменита чрезвычайной плодовитостью: самки вступают в период половой зрелости в возрасте 2,5-3 месяца и приносят по 15-16 и более поросят в помете. Мейшаны относятся к сальным породам. Свины этой породы растут медленно, среднесуточный привес 330-440 г. Животные просты в содержании,

устойчивы к большинству заболеваний, могут питаться грубой пищей, побочными продуктами сельского хозяйства, водорослями и комбикормами. Потребность мейшанов в кормах на единицу прироста живого веса до 40 % ниже, чем у свиней западных пород.

Исследования селекционеров направлены на изучение причин высокой плодовитости мейшанов, которые, предположительно, обусловлены гормональными и генетическими отличиями от западных пород. Селекционная работа ведётся в отношении попыток выведения гибридных пород повышенной плодовитости, а также в отношении снижения жирности мяса мейшанов.

В Республике Беларусь данная порода распространена слабо – менее 1% от общей численности поголовья *Sus scrofa domestica*.

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

**Цель и задачи.** Смоделировать с использованием MDR-анализа (Multifactor dimensionality reduction [2]) панель генетических маркеров, способную дифференцировать животных породы мейшань от представителей пород крупная белая, ландрас, дюрок и пьетрен, 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 мейшан – 15, для других пород – 76 (крупная белая – 19, ландрас – 23, пьетрена – 6, 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 четырех строго специфичных SNP-маркеров (породоспецифичный аллель отмечен только у представителей данной породы) для породы мейшан: ALGA0006723 (хромосомная позиция – 1:180980648, частота породоспецифичного аллеля – 25,0%), ALGA0090556 (16:47944374, 57,1%), ALGA0099778 (X:67185873, 100%), ASGA0049066 (10:73784360, 23,3%).

В процессе моделирования нами были использованы высоко консервативные настройки поиска конфигурации модели, 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 мейшана SNP, которое позволило наилучшим образом отличить животных этой породы от других пород в рамках данной работы. В частности, модель включала в себя два SNP (ALGA0099778 и ASGA0049066) и имела следующие характеристики: adj. Balanced accuracy – 1, Sensitivity – 1, Specificity – 1, 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 мейшан от особей пород крупная белая, ландрас, дюрок и пьетрен.

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

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

селекционером: «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.