

ВЛКРС телят уровень инфицированности стремительно возрастает. Далее инфицированных ВЛКРС телят переводить в группу откорма, а отрицательно реагирующих исследовать в возрасте 6 месяцев серологическими методами по стандартной схеме.

Полученные результаты применения ПЦР использованы при разработке проекта «Ветеринарных правил осуществления профилактических, диагностических, ограничительных и иных мероприятий, установления и отмены карантина и иных ограничений, направленных на предотвращение распространения и ликвидацию очагов лейкоза крупного рогатого скота». Проект был направлен в Департамент ветеринарии МСХ РФ на утверждение и размещен на официальном сайте «Федеральный портал проектов нормативных правовых актов».

Заключение/выводы. Определен уровень перинатального заражения ВЛКРС молодняка, который находится

в диапазоне от 8,8 до 17,3% и превышает минимальный уровень инфицированности, указывает на наличие в этих хозяйствах факторов, повышающих проницаемость плацентарного барьера. Такая ситуация в животноводческих хозяйствах РФ встречается довольно часто и тормозит проведение противоэпизоотических мероприятий.

По результатам проведенных исследований установлено, что применение ПЦР-диагностики позволяет своевременно удалять инфицированных особей.

Обоснована необходимость применения ПЦР для диагностики перинатального заражения, начиная с самого раннего периода от 0 до 20 дней, оптимально – при первой вакцинации – с целью наименьшего травмирования животного.

Оптимизирована схема противоэпизоотических мероприятий при лейкозе крупного рогатого скота с применением метода молекулярной диагностики – ПЦР.

МОДЕЛИРОВАНИЕ ПАНЕЛИ ПОРОДОСПЕЦИФИЧНЫХ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПородНОСТИ ДОМАШНИХ СВИНЕЙ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ

Кипень В.Н.

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

Введение. В Республике Беларусь распространены следующие породы домашней свиньи: белорусская крупная белая, белорусская мясная, белорусская черно-пестрая, дюрок, ландрас, пьетрен и др. Крупная белая свинья, а также созданные на ее основе заводские типы доминируют в племенном поголовье, на долю же первых пяти пород приходится более 98% всего поголовья *Sus scrofa domestica* в Республике Беларусь [1].

Современная крупная белая порода обладает отличной акклиматизационной способностью. Эта универсальная высокопродуктивная и относительно других крупная порода отлично сочетается со многими другими. Порода интенсивно используют для повсеместного улучшения аборигенного примитивного свиноводства путем вводного и поглотительного скрещивания, а также для выведения многих существующих пород. В современном свиноводстве она широко применяется для промышленного скрещивания в основном в качестве материнской благодаря выдающейся репродуктивной способности и крепкой конституции, хорошей приспособленности к условиям промышленных технологий.

Порода доминирует в племенном поголовье – на ее долю в России приходится не менее 85% (в Центральном Черноземье – свыше 90%), в Республике Беларусь – 92%.

Ранее нами было показано [2] наличие породоспецифичных SNP-маркеров для животных данной породы.

Цель и задачи. Смоделировать с использованием MDR-анализа (Multifactor dimensionality reduction [3]) панель генетических маркеров, способную дифференцировать животных породы крупная белая от представителей пород ландрас, дюрок, пьетрен и мейшань, 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; число полногеномных прочтений для крупной белой свиньи – 19, для других пород – 72 (ландрас – 23, пьетрен – 6, дюрок – 28, мейшань – 15). 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.dnanexus.com/>), а также в SRA-NCBI – high-throughput DNA and RNA sequence read archive (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 ранее проведенном исследовании [2] нами было показано наличие шести строго специфичных SNP-маркеров (породоспецифичная аллель отмечена только у представителей данной породы) для породы крупная белая: H3GA0026949 (хромосомная позиция – 9:34974276, частота породоспецифичной аллели – 23,7%), H3GA0051716 (X:40047092, 13,3%), ALGA0091472 (16:74053569, 11,1%), H3GA0017134 (5:97244415, 10,5%), ALGA0019968 (3:90473255, 8,3%), ASGA0025498 (5:48649643, 7,9%).

В процессе моделирования нами были использованы высококонсервативные 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); вос-

производимость 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 крупной белой свиньи SNP, которое позволило наилучшим образом отличить животных этой породы от других пород в рамках данной работы. В частности, модель включала в себя пять SNP (ALGA0019968, ALGA0091472, ASGA0025498, H3GA0026949, H3GA0051716) и имела следующие характеристики: adj. Balanced accuracy – 0,8947, Sensitivity – 0,7895, Specificity – 1,0, Cross Validation Consistency – 9/10.

Выводы. Таким образом, нами предложена и охарактеризована модель, включающая пять SNP-маркеров, с помощью которой имеется возможность с высокой точностью отличить чистопородных домашних свиной

породы крупная белая от особей пород ландрас, дюрок, пьетрен и мейшань.

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

Литература

1. Шейко, И.П. Свиноводство: учебник / И.П. Шейко, В.С. Смирнов. – Минск: Новое знание, 2005, 384 с.

2. Кипень, В.Н. Выявление породоспецифичных SNP-маркеров для крупной белой породы домашних свиной с использованием полногеномных SRA-данных проектов NGS // Сборник материалов Всероссийской конференции с международным участием «50 лет ВОГиС: успехи и перспективы», РФ, Москва, 2016, с. 177.

3. Greene, C. Multifactor dimensionality reduction for graphics processing units enables genome-wide testing of epistasis in sporadic ALS // *Bioinformatics*, 2010, p. 694-695.