



# Государственное учреждение «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь»

220114, Республика Беларусь, г. Минск, ул. Филимонова, 25

## Кипень Вячеслав Николаевич

научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории  
молекулярно-биологических исследований, [slavakipen@rambler.ru](mailto:slavakipen@rambler.ru)



# ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ПОЛНОГЕНОМНЫХ ДАННЫХ ПРОЕКТОВ NGS ДЛЯ ПОИСКА РЕШЕНИЯ КРИМИНАЛИСТИЧЕСКОЙ ЗАДАЧИ ПО ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ДИКИХ КАБАНОВ И ДОМАШНИХ СВИНЕЙ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА SNP

В экспертной практике ГУ «НПЦ Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь» (г. Минск, Республика Беларусь) за период 2015-2016 гг. было исследовано более 40 случаев незаконной добычи дикого кабана (*Sus scrofa scrofa*). Ущерб от незаконного извлечения одной взрослой особи животного из естественной среды обитания оценивается приблизительно в 2000\$ в эквиваленте. Несмотря на массовый отстрел дикого кабана в связи со вспышкой африканской чумы свиней в 2014 г. и сокращения общего поголовья данного вида более чем на 80%, численность дикого кабана в 2016 г. в некоторых охотничьих угодьях Республики Беларусь приблизилась к показателям эпидемического периода.

### Свинья домашняя (*Sus scrofa domestica*)



Юридическая квалификация правонарушения зависит от решения экспертной задачи по дифференциации дикого кабана (*Sus scrofa scrofa*) от его ближайшего сородича – домашней свиньи (*Sus scrofa domestica*). В Республике Беларусь распространены следующие породы домашней свиньи: крупная белая, белорусская черно-пестрая, белорусская мясная, дюрок, ландрас, йоркшир, пьетрен и др. Крупная белая свинья, а также созданные на ее основе заводские типы, доминируют в племенном поголовье – на ее долю в Республике Беларусь приходится более 92% всех особей вида, в Российской Федерации – не менее 85 %.



Дикий кабан (*Sus scrofa scrofa*)

На данный момент в экспертной практике задача по дифференциации дикого кабана от домашней свиньи может быть решена двумя способами: 1) анализ однонуклеотидного полиморфизма (SNP) в белок-кодирующих генах, полиморфизм в которых напрямую связан с фенотипом животных – MC1R [1], NR6A1 [2]; 2) совокупный анализ большого количества видоспецифичных STR-локусов и математический аппарат для корректной интерпретации результатов генотипирования с отнесением особи к той или иной группе с определенной долей вероятности на основании Байесовского вывода [3,4].



PorcineSNP60 DNA Analysis Kit v2 (Illumina®)

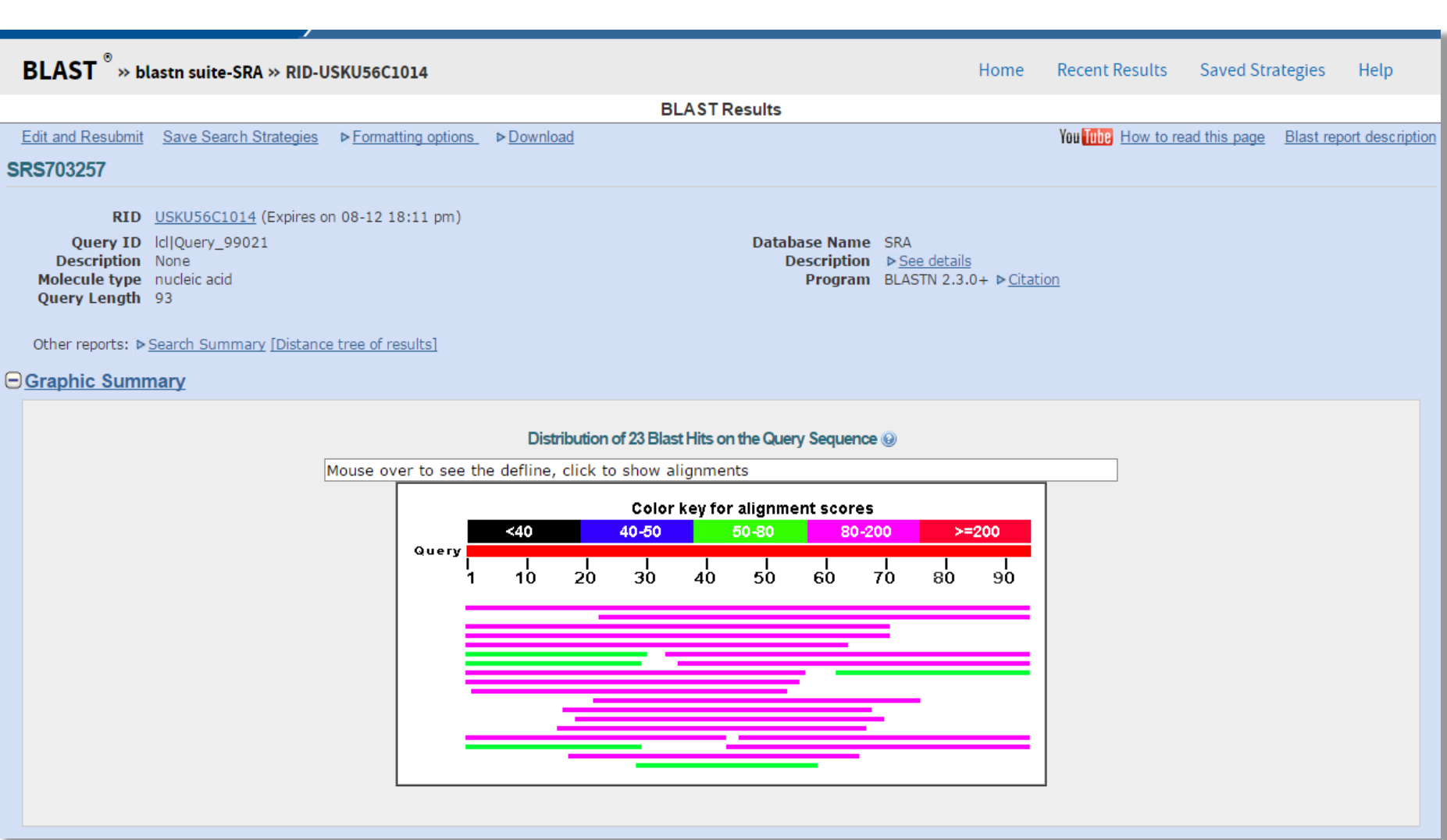
**Цель данного исследования:** поиск видоспецифичных SNP для дикого кабана (*Sus scrofa scrofa*) относительно домашних свиней (*Sus scrofa domestica*) в SRA-данных по полногеномному секвенированию (NGS), размещенных в открытом доступе на облачном сервисе DNAnexus (<http://sra.dnexus.com/>). Поисковой основой служили ранее опубликованные результаты исследования [5], полученные с использованием SNP-чипа «PorcineSNP60» (Illumina).

### Материалы и методы:

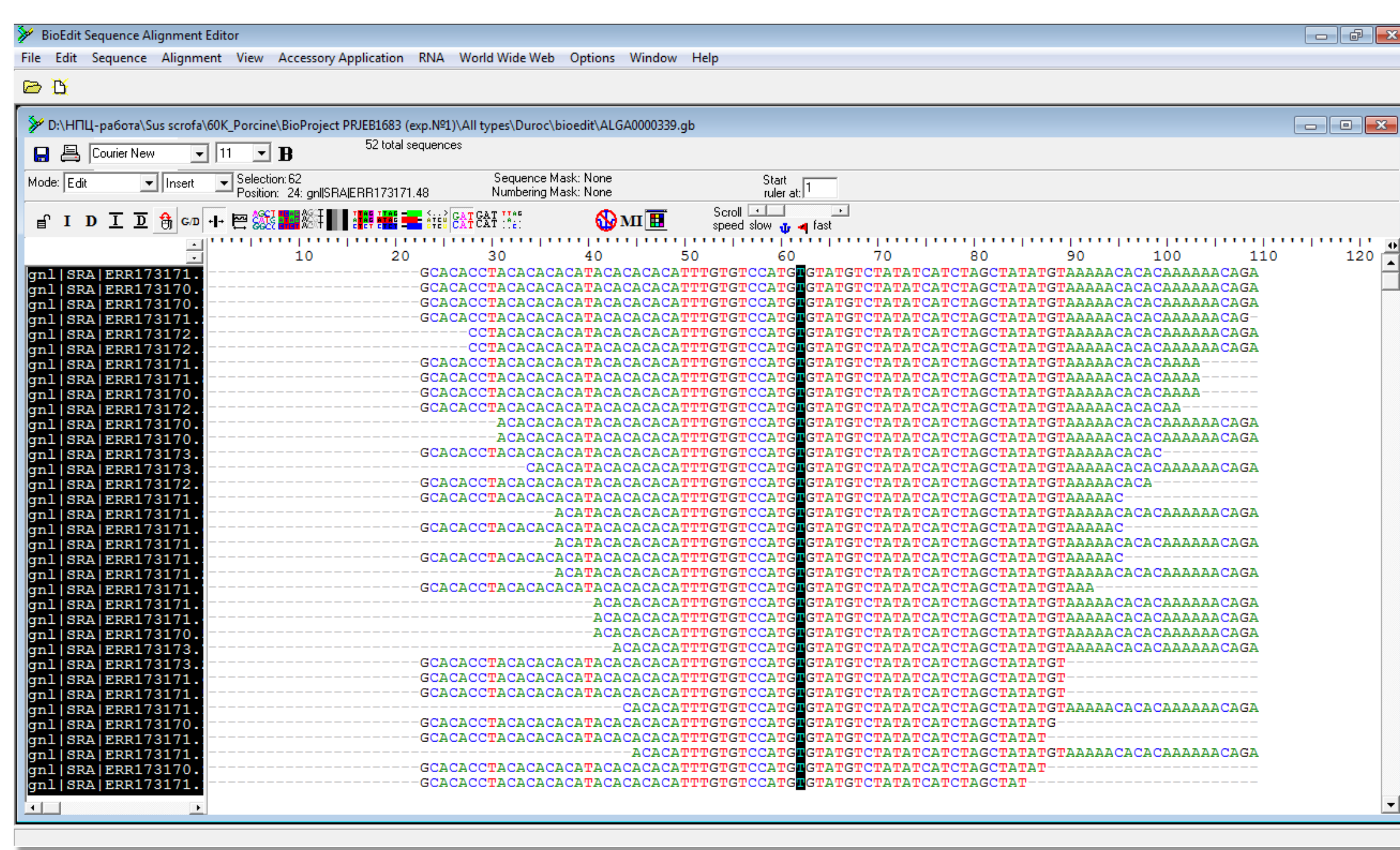
анализ был выполнен с помощью алгоритма SRA Nucleotide BLAST и программы BioEdit v.7.2.5. Количество включенных в анализ SNP – 193; число полногеномных прочтений для дикого кабана – 24, для коммерческих пород домашних свиней (крупная белая, ландрас, дюрок, пьетрен, мейшань) – 91.

| Breed                | No of animals | # of Spots, M    | Size, Gb       |
|----------------------|---------------|------------------|----------------|
| Duroc (DU)           | 28            | 4 972.55         | 648.4          |
| Large white (LW)     | 19            | 1 716.37         | 199.5          |
| Landrace (LA)        | 23            | 3 141.24         | 402.2          |
| Pietrain (PI)        | 6             | 653.95           | 73.5           |
| Meishan (ME)         | 15            | 1 915.56         | 243.8          |
| Wild boar (European) | 24            | 4 009.53         | 452.7          |
| <b>TOTAL</b>         | <b>115</b>    | <b>16 409.20</b> | <b>2 020.1</b> |

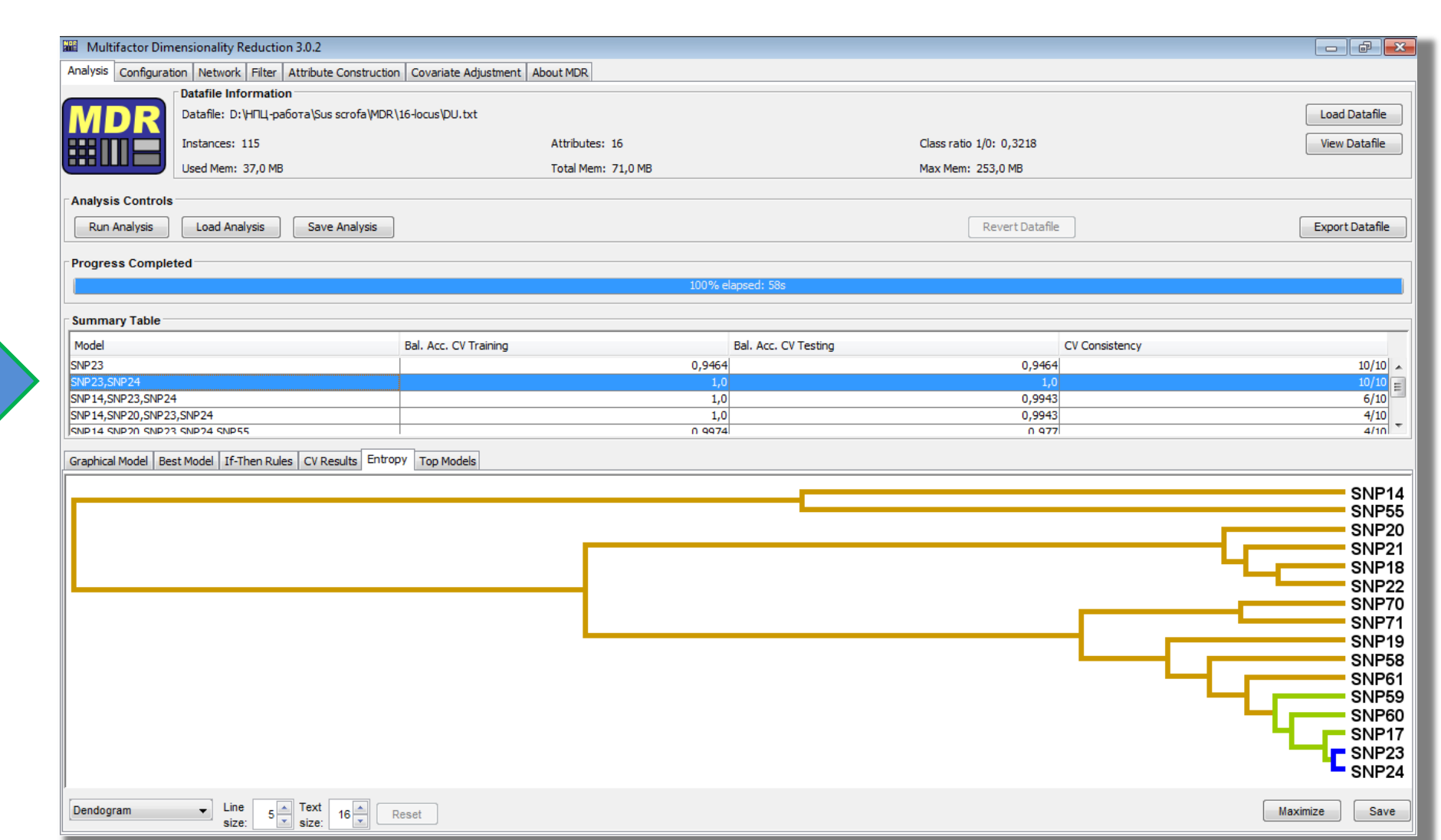
### 1. Sequence Read Archive Nucleotide BLAST



### 2. BioEdit v.7.2.5 (ClustalW Multiple alignment)



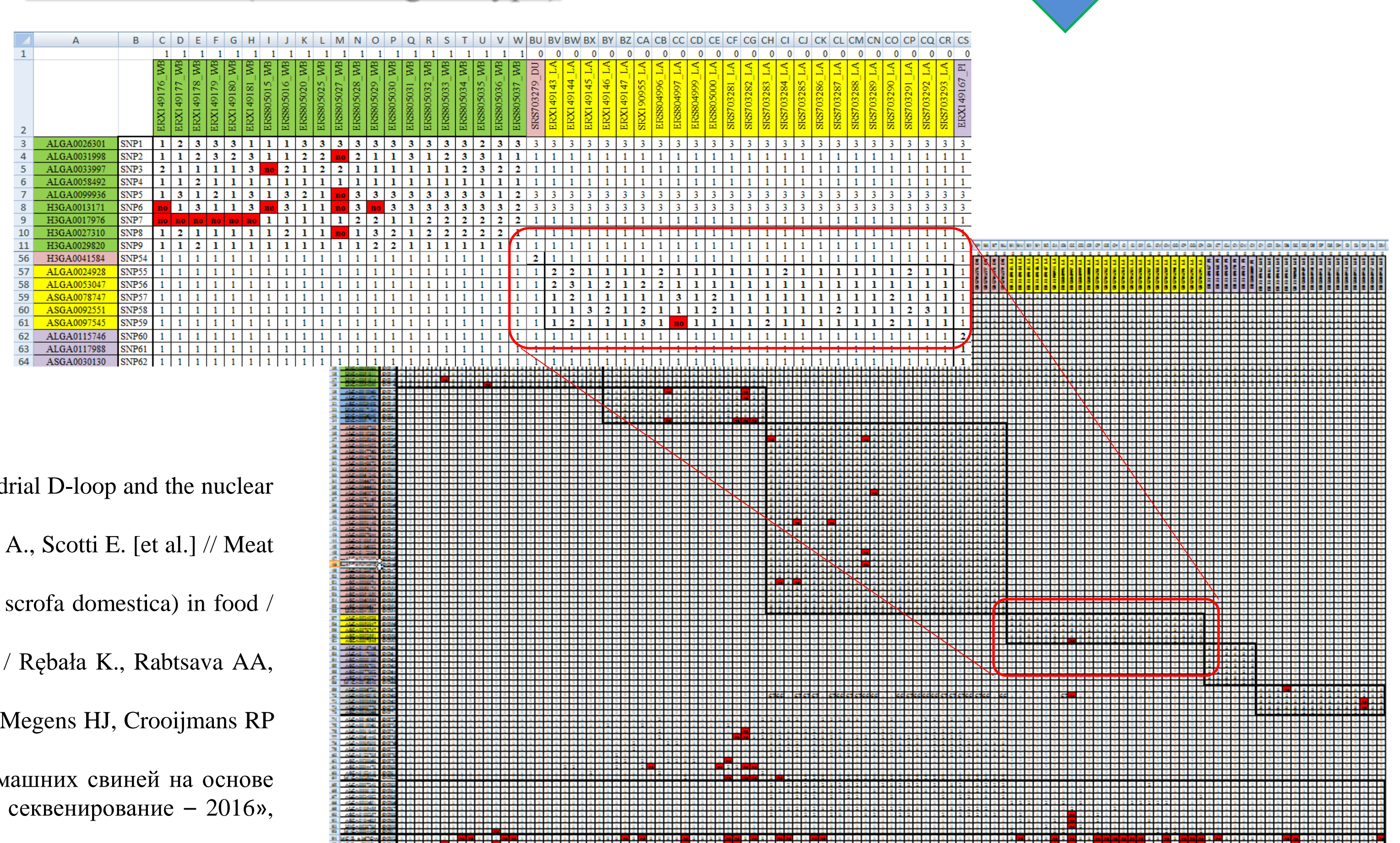
### 3. Multifactor Dimensionality Reduction (MDR)



### Выводы:

Проведен крупномасштабный анализ результатов полногеномного секвенирования для дикого кабана (*Sus scrofa scrofa*) и его разновидности – домашней свиньи (*Sus scrofa domestica*). Проанализировано более 2 Тб «сырых» данных. Из предложенных в [5] 193 SNP отобраны 16, обладающие дифференцирующей способностью для решения задачи по различению образцов дикого кабана и домашней свиньи. Полученные результаты предстоит проверить на практике, ввиду возможного наличия межпопуляционных различий по частоте распространенности того или иного SNP [6].

### 4. Raw result (> 20 000 genotype)



- Fajardo, V. Differentiation of European wild boar (*Sus scrofa scrofa*) and domestic swine (*Sus scrofa domestica*) meats by PCR analysis targeting the mitochondrial D-loop and the nuclear melanocortin receptor 1 (MC1R) genes / Fajardo V., González I., Martín I. [et al.] // Meat Sci. 2008 Mar;78(3):314-22. doi: 10.1016/j.meatsci.2007.06.018.;
- Fontanesi, L. Differentiation of meat from European wild boars and domestic pigs using polymorphisms in the MC1R and NR6A1 genes / Fontanesi L., Ribani A., Scotti E. [et al.] // Meat Sci. 2014 Dec;98(4):781-4. doi: 10.1016/j.meatsci.2014.07.026;
- Conyers, CM Development of a microsatellite-based method for the differentiation of European wild boar (*Sus scrofa scrofa*) from domestic pig breeds (*Sus scrofa domestica*) in food / Conyers CM, Allnutt TR, Hird HJ [et al.] // J Agric Food Chem. 2012 Apr 4;60(13):3341-7. doi: 10.1021/jf205109b;
- Rebala, K. STR Profiling for Discrimination between Wild and Domestic Swine Specimens and between Main Breeds of Domestic Pigs Reared in Belarus / Rebala K., Rabsava AA, Kotova SA [et al.] // PLoS One. 2016 Nov 16;11(11):e0166563. doi: 10.1371/journal.pone.0166563;
- 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.
- Кипень, В.Н. Анализ полногеномных SRA-данных проектов NGS для решения криминалистической задачи дифференциации диких кабанов и домашних свиней на основе уникальных SNP / Кипень В.Н., Котова С.А. // 4-я Всероссийская научно-практическая конференция по геномному секвенированию «Геномное секвенирование – 2016», Москва, 2016, с.21.

