



# Сравнительная оценка геномного инбридинга и гомозиготности крупного рогатого скота чернопестрой и голштинской пород по STR и SNP маркерам.

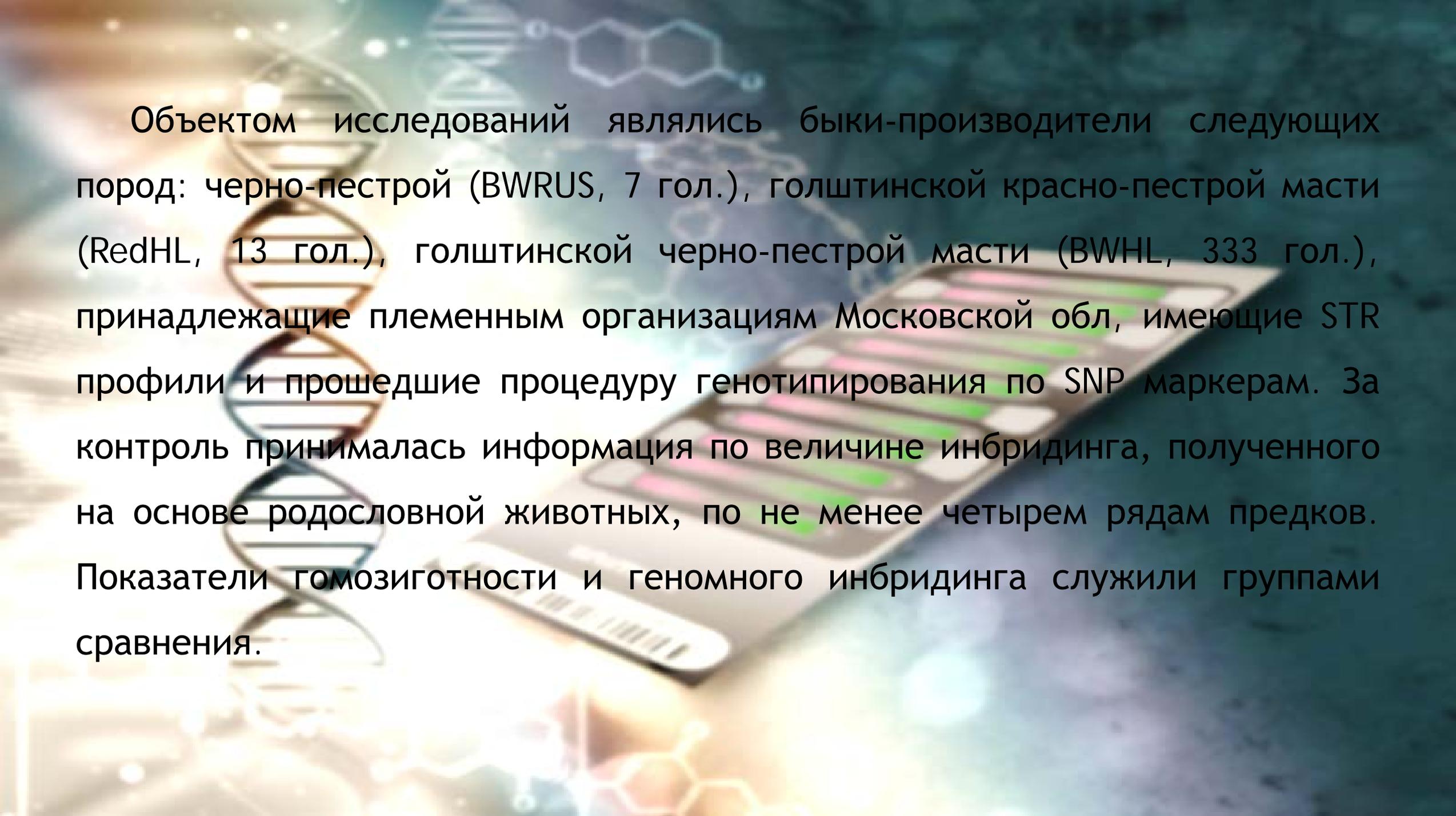
*Недашковский Игорь Сергеевич, м.н.с., ФГБНУ ФИЦ ВИЖ Л.К.Эрнста  
Сермягин Александр Александрович, к.с-х.н, ФГБНУ ФИЦ ВИЖ Л.К.Эрнста  
Костюнина Ольга Васильевна, д.б.н., ФГБНУ ФИЦ ВИЖ Л.К.Эрнста*

Вологда - Молочное, 2022



Начало XXI века ассоциируется с интенсивным развитием биотехнологии и внедрением геномной оценки в практику молочного скотоводства, что послужило отправной точкой открытия геномной эры в селекции. Негативное влияние инбридинга, особенно высоких степеней, отмечается в многочисленных работах отечественных и зарубежных авторов.

Возможность определения гомозиготности и геномного инбридинга посредством STR и SNP маркеров впервые была описана зарубежными учеными, и на данный момент является одной из самых «молодых» метод расчета. Преимущества использования этих расчетов по сравнению с оценками по родословным данным не вызывает сомнений.



Объектом исследований являлись быки-производители следующих пород: черно-пестрой (BWRUS, 7 гол.), голштинской красно-пестрой масти (RedHL, 13 гол.), голштинской черно-пестрой масти (BWHL, 333 гол.), принадлежащие племенным организациям Московской обл, имеющие STR профили и прошедшие процедуру генотипирования по SNP маркерам. За контроль принималась информация по величине инбридинга, полученного на основе родословной животных, по не менее четырех рядам предков. Показатели гомозиготности и геномного инбридинга служили группами сравнения.

Выделение геномной ДНК проводили с помощью колонок Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя, со статистической обработкой в GenAlEx 6.5.

Для полногеномного генотипирования по *SNP*, концентрацию ДНК определяли с помощью флуориметра Qubit 3.0 (Life Technologies, США). Оценка чистоты нуклеиновых кислот проводилась на приборе NanoDrop 2000. *SNP* генотипирование проводили с помощью чипа средней плотности Illumina Bovine 50K Beadchip («Illumina Incorporated», США) включающего в себя 54609 *SNP* маркеров. Для получения надежных результатов был проведен контроль качества *SNP* с использованием программы Plink 1.9: отбирались только маркеры, локализованные на аутосомах, генотипированные не менее чем у 90 % особей, и с частотой минорных аллелей не менее 3 %. После проведения контроля качества было отобрано 42797 *SNP*. Размер паттернов гомозиготности (*ROH*) у быков-производителей определяли с помощью пакета sgaTOH

Для биометрической обработки использовались программы Microsoft Excel, STATISTICA 10. Достоверность разности между средними значениями определяли по критерию Стьюдента.

Непосредственный расчет величины инбридинга производился, как на основе баз племенного учета по средствам процентного выражения коэффициента инбридинга (*F<sub>x</sub>*) по Райту-Кисловскому, так и по результатам генотипирования с помощью STR и *SNP* маркеров.

При анализе использовали 9 пар микросателлитных локусов: TGLA227, BM2113, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, BM1818, ETH225, BM1824. ROH определяли при условии, если 15 или более последовательных гомозиготных SNP присутствовали на исследуемом участке генома при плотности не менее 1 SNP на каждые 100 kb с промежутками между ними не более 1000 kb.

Степень гомозиготности по STR-маркерам определяли как средний суммарный показатель по протестированным микросателлитным локусам.

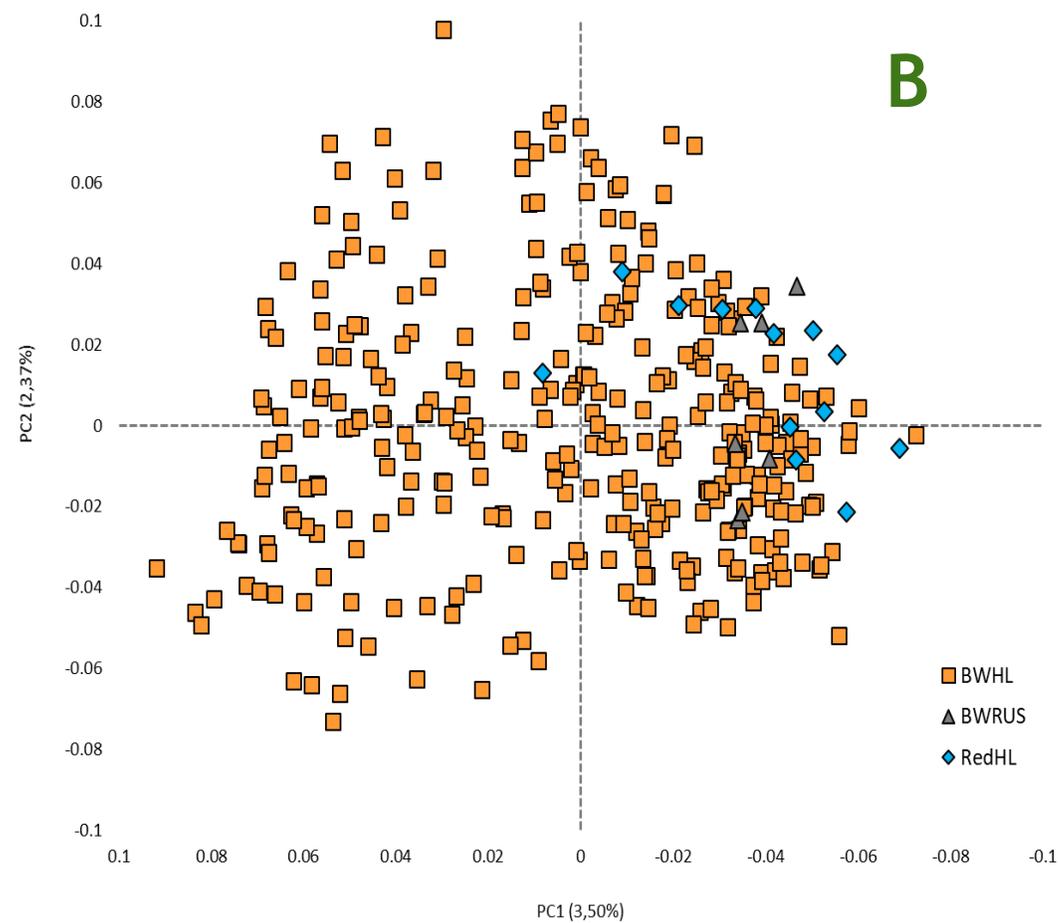
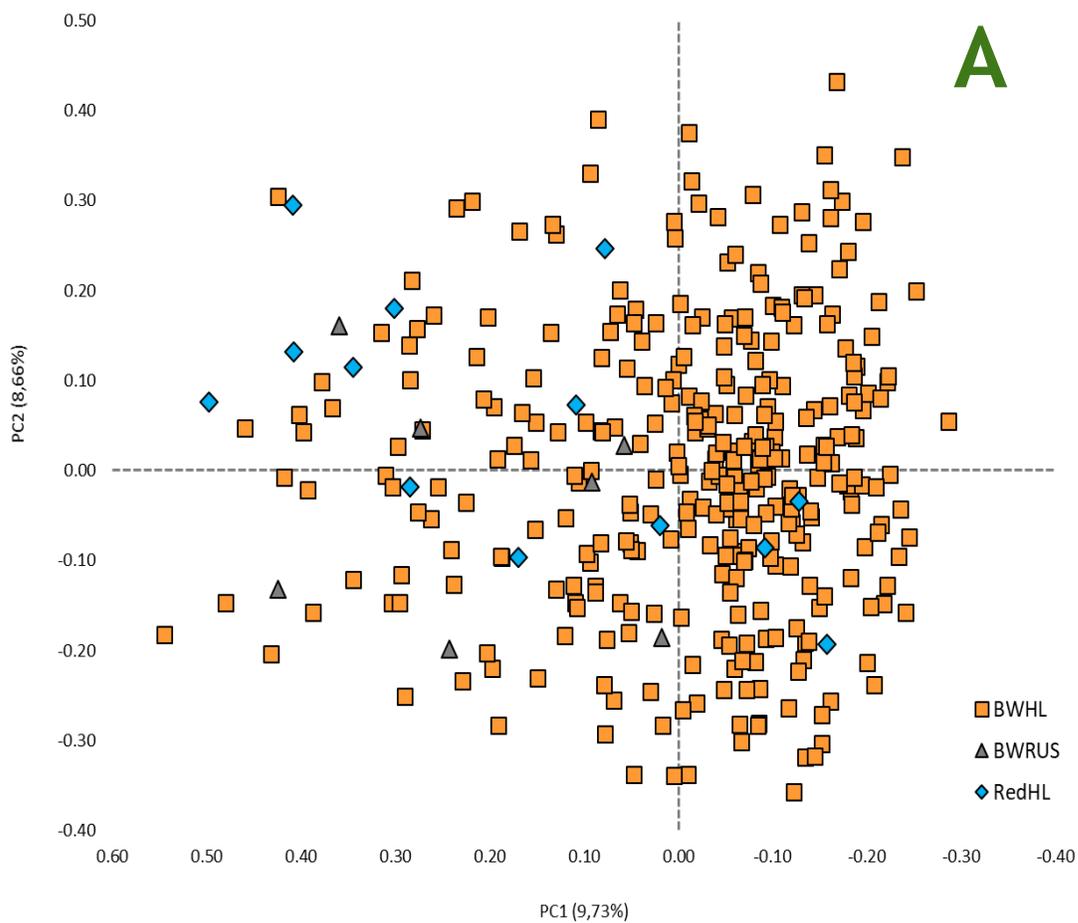
Статистически FROH (inbreeding coefficient determined using ROH) определяется как длина аутосомного генома, присутствующего в ROH, деленная на общую длину аутосомного генома, охватываемого пулом SNP. Для корректной оценки ROH на 50 K панели учитывали ROH более 4 м.п.н.

Оценка уровня инбридинга по родословной и геномным данным, гомозиготности для популяции быков-производителей черно-пестрой и голштинской пород

Коэффициент инбридинга (F <sub>x</sub> )	n	F <sub>x</sub>	F <sub>ROH</sub>	Ca12	Ca9
I) 0,00	92	0.000±0.000	0.061±0.003	0.234±0.012	0.305±0.014
II) 0,00-0.98	212	0.306±0.022	0.066±0.002	0.224±0.008	0.300±0.010
III) 0.20-0.98	120	0.054±0.023*	0.069±0.002	0.217±0.011	0.296±0.014
IV) 1.03-1.97	54	1.600±0.035 <sup>***</sup> / <sup>***</sup>	0.072±0.004*	0.227±0.017	0.292±0.020
V) 2.05-3.91	61	2.963±0.080 <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup>	0.100±0.003 <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup>	0.258±0.015 <sup>н.д</sup> / <sup>*</sup>	0.304±0.018
VI) 4.01-6.69	16	4.769±0.221 <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup>	0.109±0.008 <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup>	0.281±0.027 <sup>н.д</sup> / <sup>*</sup>	0.326±0.031
VII) 7.03-12.50	10	7.918±0.526 <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup>	0.120±0.013 <sup>***</sup> / <sup>***</sup> / <sup>***</sup>	0.350±0.043 <sup>*</sup> / <sup>**</sup> / <sup>*</sup>	0.367±0.055
R	353	-	0.009	0.014	0.006

\*\*\* P<0,001; \*\* P<0,01; \* P<0,05;

Сравнительная популяционно-генетическая характеристика пространственного положения групп животных черно-пестрой (BWRUS) и голштинской пород (BWHL, RedHL): на основе данных STR-маркеров (слева, А), на основе данных SNP-маркеров (справа, В)



# Субпопуляционный индекс фиксации $F_{st}$ у изученных пород животных

Красно-пестрая голштинская	Черно-пестрая голштинская	Черно-пестрая	Порода
-	0.012	0.027	Красно-пестрая голштинская
0.014	-	0.025	Черно-пестрая голштинская
0.008	0.012	-	Черно-пестрая

Над диагональю значения  $F_{st}$  по данным  $STR$  (9  $STR$ ), под диагональю по данным  $SNP$

# Благодарю за внимание !

*Исследования выполнены при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (0445-2021-0016)*

