

**ПОИСК ГЕНОМНЫХ ОБЛАСТЕЙ, НЕСУЩИХ ЛЕТАЛЬНЫЕ РЕЦЕССИВНЫЕ ВАРИАНТЫ У СВИНЕЙ ПОРОДЫ ДЮРОК\*****О.В. КОСТЮНИНА<sup>1</sup>, А.С. АБДЕЛЬМАНОВА<sup>1</sup>, Е.У. МАРТЫНОВА<sup>2</sup>,  
Н.А. ЗИНОВЬЕВА<sup>1</sup>**

Эмбриональные потери у свиней достигают 30 %, и необходимость их снижения не вызывает сомнений. В качестве одного из генетических факторов, обуславливающих эмбриональную смертность, рассматриваются LoF (loss of function) мутации, которые в гомозиготном состоянии приводят к терминации синтеза белка или синтезу нефункциональных белков. Если у крупного рогатого скота проводится интенсивный поиск LoF мутаций, то у свиней такие исследования носят менее масштабный характер. Полногеномные методы анализа с использованием SNP (single nucleotide polymorphism) чипов средней и высокой плотности, равномерно охватывающих весь геном, позволяют применять новые подходы для идентификации позиционных кандидатов для летальных рецессивных аллелей. Один из таких подходов — анализ степени неравновесия по сцеплению (LD) аллелей SNP маркеров. В представленной работе с использованием анализа степени неравновесия по сцеплению мы впервые провели поиск областей в геноме, которые могут быть связаны с летальными рецессивными эффектами у свиней породы дюрок, и выявили ряд наиболее значимых однонуклеотидных полиморфизмов, локализованных в пределах генов и играющих важную роль в различных физиологических процессах. Нашей целью был поиск областей, несущих презумптивно летальные рецессивные варианты у свиней (*Sus scrofa*) породы дюрок, на основании анализа неравновесия по сцеплению аллелей в SNP локусах. Исследования проводили на 715 хрячках (ООО «Селекционно-гибридный центр», Воронежская обл.) в 2017–2019 годах. Полногеномное генотипирование осуществляли с использованием ДНК-чипов Porcine GGP HD («Neogene/Illumina, Inc.», США), содержащих около 70 тыс. SNP. По результатам контроля качества для анализа был отобран 42981 полиморфный SNP. Поиск референтных последовательностей (reference sequence, rs) и уточнение их локализации проводили в базе данных Ensembl (<http://www.ensembl.org>). Функциональные аннотации генов выполняли с использованием базы данных GeneCards (<http://www.genecards.org>). Анализ сохранения генетического равновесия показал наличие 990 SNP с отсутствием одного из гомозиготных генотипов (2,30 % от общего числа полиморфных SNP), которые были распределены между всеми хромосомами свиней, в том числе 205 SNP, находившихся в неравновесии по сцеплению (0,48 %). Наибольшей долей SNP, которые находились в неравновесии по сцеплению, характеризовались хромосомы SSC9 (0,85 %), SSC5 (0,77 %), SSC7 (0,68 %) и SSC2 (0,68 %), наименьшей — хромосомы SSC13 (0,28 %), SSC4 (0,29 %) и SSC10 (0,30 %). Для 52 SNP, 25 из которых были локализованы внутри генов, различия в частоте наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности оказались статистически значимы ( $p < 0,01$ ). Среди SNP, расположенных в межгенных областях, два (rs81350198 и rs81337222) были ассоциированы с хозяйственно полезными фенотипами (по результатам ранее проведенных GWAS исследований). Для 12 из 25 выявленных позиционных генов-кандидатов (*OR4C45*, *EPHB4*, *EML4*, *SLC4A1AP*, *ZFAT*, *CELSR2*, *NEGRI*, *LRRRC32*, *MYOCD*, *HUNK*, *RPH3A* и *DOCK1*) имеется информация о роли в различных процессах в организме млекопитающих, включая развитие нервной системы, ангиогенез, кардиоогенез, дифференцировку клеток, апоптоз и многих другие. Интеграция в программы селекционно-племенной работы ДНК маркеров, ассоциированных с летальными фенотипами, в дополнение к ДНК маркерам, идентифицированным по результатам GWAS исследований, существенно повысит эффективность программ маркерной и геномной селекции в свиноводстве.

**Ключевые слова:** свиньи, неравновесие по сцеплению, летальные варианты, LoF (loss of function), однонуклеотидные полиморфизмы.

Эмбриональные потери оказывают значительное негативное влияние на эффективность и рентабельность отраслей животноводства. В свиноводстве они составляют до 30 % (1). Среди генетических факторов, ассоциированных с эмбриональной смертностью, рассматриваются так называемые LoF (loss of function) мутации, которые в гомозиготном состоянии

\* При выполнении исследований использовалось оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста. Исследования выполнены в рамках ГЗ 0445-2019-0026, пер. № АААА-А18-118021590138-1.

приводят к терминации синтеза или синтезу нефункциональных белков (2). Наиболее активно поиск LoF мутаций осуществляется у крупного рогатого скота различных пород с использованием соответствующих тест-систем диагностики в практике сельскохозяйственных предприятий (3). В свиноводстве исследования LoF мутаций пока носят менее масштабный характер. Для идентификации мутаций, приводящих к видимым изменениям, часто используется подход, основанный на анализе родословных (4). Однако он непригоден для идентификации LoF мутаций, поскольку их фенотипический эффект проявляется в снижении многоплодия, что может быть обусловлено рядом других причин.

Развитие методов анализа полногеномных данных открыло новые возможности для поиска генетических факторов, ассоциированных с эмбриональной смертностью. Чтобы успешно использовать ДНК маркеры для выявления летальных рецессивных вариантов, вызывающих пренатальную смертность, требуется достаточная степень неравновесия по сцеплению (linkage disequilibrium, LD) между маркерным аллелем (аллелями) и летальным вариантом (вариантами) (5). Два аллеля в различных локусах находятся в неравновесии по сцеплению, если частота состоящего из них гаплотипа значительно отличается от частоты, ожидаемой при случайной сегрегации. Для лучшего выявления редких и нетипичных вариантов, которые не включены в общий массив генотипируемых однонуклеотидных полиморфизмов (single nucleotide polymorphism, SNP), применяют гаплотипический подход. Фазирующие генотипические данные обеспечивают высокую четкость гетерогенности гаплотипов и позволяют сделать вывод о гаплотипах негенотипированных предков и животных, которых генотипировали с использованием матриц более низкой плотности. Такой подход был применен при выявлении летального рецессивного гаплотипа, связанного с числом мертворожденных поросят (6).

M.F.L. Derks с соавт. (7) искали летальные аллели, сегрегирующие в популяциях свиней пород ландрас ( $n = 28085$ ) и дюрок ( $n = 11255$ ), с использованием SNP-чипа средней плотности («Illumina, Inc.», США). Применяв метод с перекрывающимся скользящим окном, они обнаружили один сильный кандидатный гаплотип (DU1), несущий летальный рецессивный аллель в популяции свиней породы дюрок, и четыре гаплотипа-кандидата у породы ландрас (LA1-4). Среди гаплотипов DU1, LA1 и LA3 не выявлялись гомозиготы, в то время как их ожидаемое число составляло соответственно 26, 126 и 16. Для гаплотипов LA2 и LA4 также отмечалось нарушение генетического равновесия, что может свидетельствовать о неполном LD гаплотипов с летальными рецессивными мутациями. Показано влияние всех пяти гаплотипов на значительное снижение общего количества рожденных поросят (total number born, TNB) и числа живорожденных поросят (number born alive, NBA). Вместе с тем существенного увеличения числа мертворожденных или мумифицированных поросят не наблюдали, что свидетельствует о гибели гомозиготных носителей на ранних этапах супоросности (7).

В представленной работе с использованием анализа степени неравновесия по сцеплению мы впервые провели поиск областей в геноме, которые могут быть связаны с летальными рецессивными эффектами у свиней породы дюрок и выявили ряд наиболее значимых однонуклеотидных полиморфизмов, локализованных в пределах генов и играющих важную роль в различных физиологических процессах.

Нашей целью был поиск областей, несущих презумптивно леталь-

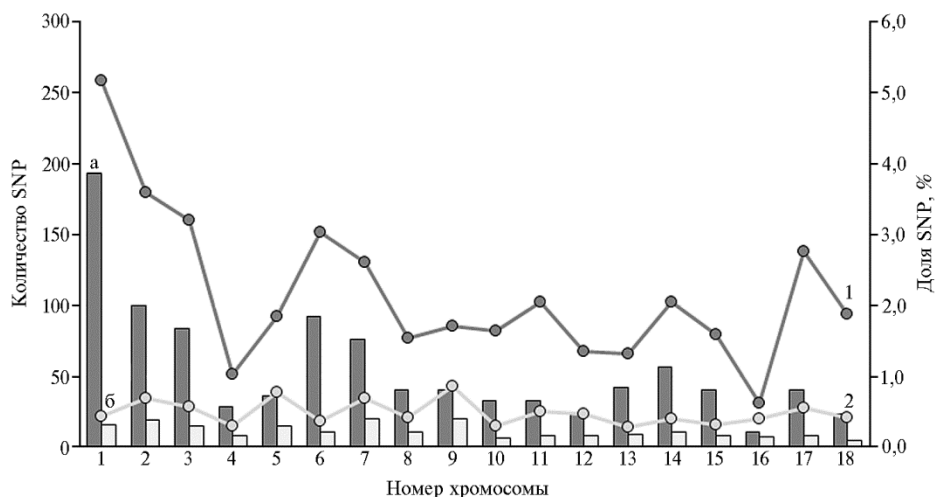
ные рецессивные варианты у свиней (*Sus scrofa*) породы дюрок, на основании анализа степени неравновесия по сцеплению аллелей в SNP локусах.

**Методика.** Исследования проводили на 715 хрячках породы дюрок (ООО «Селекционно-гибридный центр», Воронежская обл., 2017-2019 годы).

Биоматериалом для выделения геномной ДНК с использованием набора реагентов ДНК-Экстран-2 (ООО «Синтол», Россия) были пробы ткани (ушной выщип). Качество и концентрацию ДНК определяли с помощью флуориметра Qubit 2.0 («Invitrogen/Life Technologies», США) и спектрофотометра NanoDrop8000 («Thermo Fisher Scientific», США).

Полногеномное генотипирование проводили с использованием чипов GGP Porcine («Neogene/Illumina, Inc.», США), содержащих около 70 тыс. SNP. В пакете Plink 1.9 (<http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/>) по параметрам качества генотипирования (выше 90 %), частоты минорных аллелей (не более 0,5 %) и неравновесия по сцеплению (с шагом 50 kb) (8) для анализа отобрали 42981 полиморфный SNP. Поиск референтных последовательностей (reference sequence, rs) и уточнение их локализации осуществляли в базе данных Ensembl (<http://www.ensembl.org>, дата обращения: август 2019 года). Функциональные аннотации генов выполняли с помощью базы данных GeneCards (<http://www.genecards.org>, дата обращения: август 2019 года).

**Результаты.** Анализ сохранения генетического равновесия показал наличие 990 SNP с отсутствием одного из гомозиготных генотипов, из которых 205 SNP находились в неравновесии по сцеплению, что составляло соответственно 2,30 и 0,48 % от общего числа полиморфных SNP (рис.).



**Хромосомальное распределение SNP (single nucleotide polymorphism), по которым зафиксировано отсутствие одного из гомозиготных вариантов и нарушение неравновесия по сцеплению у хрячков (*Sus scrofa*) породы дюрок:** а — число SNP, для которых отсутствует один из гомозиготных генотипов, б — число SNP, находящихся в неравновесии по сцеплению (столбчатая диаграмма); 1 — доля SNP, для которых отсутствует один из гомозиготных генотипов, от общего числа полиморфных SNP на хромосоме, 2 — доля SNP, находящихся в неравновесии по сцеплению, от общего числа полиморфных SNP на хромосоме (линейный график) ( $n = 715$ , ООО «Селекционно-гибридный центр», Воронежская обл., 2017-2019 годы).

Наибольшее число SNP, для которых наблюдалось отсутствие одного из гомозиготных генотипов, было локализовано на 1-й хромосоме (*Sus scrofa* chromosome 1, SSC1) — 193 SNP, а находящихся в неравновесии по сцеплению — на SSC7 и SSC9 (20 SNP), наименьшее — соответ-

ственно на SSC16 (11 SNP) и SSC18 (5 SNP). Наибольшей долей SNP, находящихся в неравновесии по сцеплению, характеризовались хромосомы SSC9 (0,85 %), SSC5 (0,77 %), SSC7 (0,68 %) и SSC2 (0,68 %), наименьшей — SSC13 (0,28 %), SSC4 (0,29 %) и SSC10 (0,30 %).

Наиболее значимые полиморфизмы, для которых отмечалось неравновесие по сцеплению ( $p \leq 0,01$ ), представлены в таблице 1.

**1. Наиболее значимые однонуклеотидные полиморфизмы, находящиеся в неравновесном сцеплении у хрячков (*Sus scrofa*) породы дюрок ( $n = 715$ , ООО «Селекционно-гибридный центр», Воронежская обл., 2017-2019 годы)**

SSC	RS	Позиция на хромосоме (сборка 10.2)	A1A1	A1A2	A2A2	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	p
1	rs81350198	226 188 042	0	163	547	0,2296	0,2032	$5,1 \times 10^{-5}$
1	rs80795638	277 854 630	0	227	440	0,3403	0,2824	$1,7 \times 10^{-10}$
1	rs81002425	296 461 073	0	700	9	0,9873	0,4999	$5,4 \times 10^{-195}$
1	rs334911415	312 050 746	0	662	45	0,9364	0,4980	$1,2 \times 10^{-152}$
1	rs342062641	312 083 991	0	645	63	0,9110	0,4960	$1,2 \times 10^{-137}$
2	rs81362641	12 082 068	0	618	92	0,8704	0,4916	$1,7 \times 10^{-117}$
2	rs81255095	14 056 188	0	345	309	0,5275	0,3884	$5,2 \times 10^{-28}$
2	rs319913462	14 759 005	0	522	126	0,8056	0,4811	$4,0 \times 10^{-84}$
2	rs323641934	15 384 171	0	537	172	0,7574	0,4706	$1,1 \times 10^{-76}$
2	rs343381067	15 551 096	0	665	45	0,9366	0,4980	$2,0 \times 10^{-153}$
2	rs80911461	160 111 983	0	186	506	0,2688	0,2327	$7,8 \times 10^{-7}$
3	rs344115015	8 107 291	0	139	570	0,1961	0,1768	$9,7 \times 10^{-4}$
3	rs323044318	104 257 589	0	120	590	0,1690	0,1547	$6,4 \times 10^{-3}$
3	rs81375606	116 445 052	0	124	586	0,1746	0,1594	$4,1 \times 10^{-3}$
3	rs81375903	118 615 471	0	142	568	0,2000	0,1800	$6,0 \times 10^{-4}$
3	rs80828678	132 719 179	0	348	305	0,5329	0,3909	$1,9 \times 10^{-28}$
3	rs327044542	141265 677	0	170	540	0,2394	0,2108	$1,8 \times 10^{-5}$
4	rs331053365	4 353 353	0	156	554	0,2197	0,1956	$1,4 \times 10^{-4}$
4	rs323787335	7 185 799	0	591	114	0,8383	0,4869	$1,8 \times 10^{-103}$
4	rs343205058	109 273 333	0	604	106	0,8507	0,4889	$5,1 \times 10^{-109}$
4	rs80949619	121 334 654	0	123	587	0,1732	0,1582	$6,7 \times 10^{-3}$
5	rs340620949	1 453 085	0	163	546	0,2299	0,2035	$5,1 \times 10^{-5}$
5	rs81323749	18 046 364	0	184	526	0,2592	0,2256	$2,4 \times 10^{-6}$
5	rs80875559	99 245 749	0	119	591	0,1676	0,1536	$6,5 \times 10^{-3}$
6	rs81337222	13 141	0	709	1	0,9986	0,5000	$3,3 \times 10^{-210}$
6	rs81476539	67 022 132	0	237	471	0,3347	0,2787	$6,2 \times 10^{-11}$
6	rs337799081	130 798 722	0	130	580	0,1831	0,1663	$2,5 \times 10^{-3}$
7	rs319008071	27 213 610	0	237	451	0,3445	0,2851	$3,0 \times 10^{-11}$
7	rs80944793	129 041 116	0	120	590	0,1690	0,1547	$6,4 \times 10^{-3}$
7	rs331172717	131 889 604	0	614	79	0,8860	0,4935	$4,5 \times 10^{-122}$
8	rs81399201	31 445 286	0	134	576	0,1887	0,1709	$1,6 \times 10^{-3}$
8	rs322099448	78 592 741	0	580	127	0,8204	0,4839	$5,5 \times 10^{-97}$
9	rs343201786	11 913 668	0	137	573	0,1930	0,1743	$9,8 \times 10^{-4}$
9	rs346413844	12 946 073	0	638	3	0,9953	0,5000	$2,7 \times 10^{-185}$
9	rs81337172	15 049 063	0	125	585	0,1761	0,1606	$4,0 \times 10^{-3}$
10	rs81305281	76 905 575	0	520	189	0,7334	0,4645	$4,7 \times 10^{-70}$
11	rs80816476	939 424	0	131	579	0,1845	0,1675	$2,5 \times 10^{-3}$
11	rs325221950	21 018 670	0	145	561	0,2054	0,1843	$3,7 \times 10^{-4}$
11	rs329067201	21 371 677	0	148	562	0,2085	0,1867	$3,7 \times 10^{-4}$
12	rs81478101	26 712 700	0	697	13	0,9817	0,4998	$2,4 \times 10^{-189}$
12	rs81436301	50 907 615	0	342	368	0,4817	0,3657	$1,9 \times 10^{-24}$
12	rs81228589	59 880 454	0	137	573	0,1930	0,1743	$9,8 \times 10^{-4}$
13	rs329645817	5 325 304	0	320	390	0,4507	0,3491	$5,3 \times 10^{-21}$
13	rs322958990	205 932 444	0	276	404	0,4059	0,3235	$7,0 \times 10^{-16}$
13	rs328137225	218 478 357	0	135	575	0,1901	0,1721	$1,6 \times 10^{-3}$
14	rs80958173	41 518 669	0	125	585	0,1761	0,1606	$4,0 \times 10^{-3}$
14	rs80862470	95 881 035	0	624	86	0,8789	0,4927	$1,6 \times 10^{-121}$
14	rs80993446	148 199 735	0	128	582	0,1803	0,1640	$4,3 \times 10^{-3}$
15	rs337254355	2 154 617	0	138	570	0,1949	0,1759	$9,6 \times 10^{-4}$
16	rs334615079	81 560 836	0	381	321	0,5427	0,3955	$5,0 \times 10^{-120}$
17	rs80988530	36 703 557	0	587	68	0,8962	0,4946	$4,3 \times 10^{-120}$
17	rs345268841	66 549 094	0	258	450	0,3644	0,2980	$5,09 \times 10^{-13}$

Примечание. SSC — номер хромосомы, RS — референтная последовательность, A1 — аллель 1, A2 — аллель 2, H<sub>o</sub> — наблюдаемая гетерозиготность, H<sub>e</sub> — ожидаемая гетерозиготность, p — уровень статистической значимости.

Всего идентифицировали 52 значимых полиморфизма, для которых

различия в наблюдаемой и ожидаемой частоте гетерозиготности были статистически значимы. Эти SNP распределялись между 17 хромосомами (кроме SSC18), в том числе 5 SNP на SSC1, 6 — на SSC2, 6 — на SSC3, 4 — на SSC4, 3 — на SSC5, 3 — на SSC6, 3 — на SSC7, 2 — на SSC8, 3 — на SSC9, 1 — на SSC10, 3 — на SSC11, 3 — на SSC12, 3 — на SSC13, 3 — на SSC14, 1 — на SSC15, 1 — на SSC16, 2 — на SSC17. Два SNP (rs81350198 на SSC1 и rs81337222 на SSC6) по результатам GWAS (genome-wide association study, полногеномный поиск ассоциаций) идентифицированы в качестве ДНК маркеров, ассоциированных с хозяйственно полезными фенотипами (9, 10). Полиморфизм rs81350198 ассоциирован со вкусом мяса у некастрированных хряков, обусловленным накоплением скатола и андростенона в период половой зрелости (9). Для полиморфизма rs81337222 выявлена умеренная ассоциация ( $p = 2,4 \times 10^{-5}$ ) с возникновением пупочной грыжи (10). Несмотря на то, что в непосредственной близости от rs81337222 не были идентифицированы QTL (quantitative trait loci), которые связаны с пупочной грыжей, и не локализованы описанные гены, для которых подтверждена связь с этим фенотипическим признаком, его презумптивный QTL может быть расположен в up-stream регионе SSC6 (6:3 814 021-3 870 534), выявленном при анализе CNV (copy number variation) (11). Следовательно, в начале SSC6 имеются регуляторные области, которые требуют дополнительного исследования.

**2. Однонуклеотидные полиморфизмы, локализованные внутри генов и презумптивно ассоциированные с летальными рецессивными вариантами у свиней (*Sus scrofa*) породы дюрок ( $n = 715$ , ООО «Селекционно-гибридный центр», Воронежская обл., 2017-2019 годы)**

RS (p)	Название гена в системе Ensembl	Ген-кандидат	Тип мутации
rs343381067 ( $2,0 \times 10^{-153}$ )	ENSSSCG00000031436	<i>OR4C45</i>	Замена внутри интрона
rs344115015 ( $9,7 \times 10^{-4}$ )	ENSSSCG00000007675	<i>EPHB4</i>	Замена внутри интрона
rs323044318 ( $6,4 \times 10^{-3}$ )	ENSSSCG00000008467	<i>EML4</i>	Замена внутри интрона
rs81375606 ( $4,1 \times 10^{-3}$ )	ENSSSCG00000008533	—	Замена внутри интрона
rs81375903 ( $6,0 \times 10^{-4}$ )	ENSSSCG00000008549	<i>SLC4A1AP</i>	Замена на 3'-конце гена
rs327044542 ( $1,8 \times 10^{-5}$ )	ENSSSCG00000049737	—	Замена внутри интрона
rs323787335 ( $1,8 \times 10^{-103}$ )	ENSSSCG00000030947	<i>ZFAT</i>	Мутация в 3'-UTR
rs343205058 ( $5,1 \times 10^{-109}$ )	ENSSSCG00000006694	—	Замена внутри интрона
rs80949619 ( $6,7 \times 10^{-3}$ )	ENSSSCG00000034360	<i>CELSR2</i>	Замена внутри интрона
rs340620949 ( $5,1 \times 10^{-5}$ )	ENSSSCG00000024474	—	Замена на 3'-конце гена
rs81323749 ( $2,4 \times 10^{-6}$ )	ENSSSCG00000024474	—	Замена на 3'-конце гена
rs81476539 ( $6,2 \times 10^{-11}$ )	ENSSSCG00000003444	—	Замена на 3'-конце гена
rs337799081 ( $2,5 \times 10^{-3}$ )	ENSSSCG00000025085	<i>NEGR1</i>	Замена внутри интрона
rs319008071 ( $3,0 \times 10^{-11}$ )	ENSSSCG00000001395	—	Синонимическая мутация
rs343201786 ( $9,8 \times 10^{-4}$ )	ENSSSCG00000014869	<i>LRR32</i>	Мутация в 3'-UTR
rs325221950 ( $3,7 \times 10^{-4}$ )	ENSSSCG00000045677	—	Замена на 3'-конце гена
rs81436301 ( $1,9 \times 10^{-24}$ )	ENSSSCG00000017853	—	Замена на 3'-конце гена
rs81228589 ( $9,8 \times 10^{-4}$ )	ENSSSCG00000031988	<i>MYOCD</i>	Замена внутри интрона
rs322958990 ( $7,0 \times 10^{-16}$ )	ENSSSCG00000029392	<i>HUNK</i>	Замена внутри интрона
rs80958173 ( $4,0 \times 10^{-3}$ )	ENSSSCG00000009883	<i>RPH3A</i>	Замена внутри интрона
rs80862470 ( $1,6 \times 10^{-121}$ )	ENSSSCG00000043778	—	Замена внутри интрона
rs809934446 ( $4,3 \times 10^{-3}$ )	ENSSSCG00000035045	<i>DOCK1</i>	Замена внутри интрона
rs337254355 ( $9,6 \times 10^{-4}$ )	ENSSSCG00000044919	—	Замена внутри интрона
rs80988530 ( $4,3 \times 10^{-120}$ )	ENSSSCG00000007155	<i>C20orf194</i>	Замена внутри интрона
rs345268841 ( $5,09 \times 10^{-13}$ )	ENSSSCG00000007525	—	Миссенс-мутация

Примечание. *OR4C45* — обонятельный рецептор, семейство 4, подсемейство С, член 45; *EPHB4* — EPH-рецептор В4; *EML4* — белок, связанный с избыточно экспрессированной пролиферацией; *SLC4A1AP* — канадаптин; *ZFAT* — белок цинкового пальца; *CELSR2* — семиповторный рецептор 2 кадгерина G-типа; *NEGR1* — регулятор роста нейронов 1; *LRR32* — богатый лейцином повторяющийся белок 32; *MYOCD* — миокардин; *HUNK* — гормонально активируемая Neu-ассоциированная киназа; *RPH3A* — рабфилин 3А; *DOCK1* — дедикатор цитокinesis. RS — референтная последовательность, p — уровень статистической значимости, UTR — нетранслируемая область гена. Тип мутации приведен по Д.И. Борисевичу с соавт. (12). Прочерки означают отсутствие данных.

Анализ геномных регионов, в которых мы обнаружили SNP, показал, что 25 SNP находились внутри генов. По типу локализации большинство SNP представляли собой мутации внутри интронов (всего 15 мутаций). Были также обнаружены замены в 3'-последовательности генов (6 мутаций) и в 3'-нетранслируемой области гена (2 мутации), а также одна миссенс-мутация и одна синонимическая мутация (табл. 2).

Для 12 из 25 выявленных позиционных генов-кандидатов известна информация об их роли в различных процессах в организме млекопитающих. Так, ген *OR4C45* кодирует белок обонятельного рецептора (ОР), который важен для поддержания кишечного гомеостаза. ОР экспрессируется в энтерохромаффинных клетках слизистой оболочки. Одорантные лиганды через ОР, присутствующие в клетках энтерохромаффина, вызывают высвобождение серотонина, который контролирует моторику и секрецию кишечника и вовлечен в патологические состояния, такие как рвота, диарея (13). Сообщается о роли ОР лиганда в регуляции проницаемости эпителия и секреции электрогенных анионов в толстой кишке человека (14). *EPHB4* играет особую роль в разнообразных биологических процессах, таких как развитие нейронов, гомеостаз костей, ангиогенез (15). Генетически модифицированные эмбрионы мышей, гомозиготные по аллелю *EphB4<sup>taulacZ</sup>*, имели сердечно-сосудистые дефекты и характеризовались эмбриональной летальностью с очень высокой пенетрантностью. У таких эмбрионов отмечалось замедление роста, отсутствие кровотока и остановка развития сердца (16). EML4 — плохо охарактеризованный белок, ассоциированный с микротрубочками. Предполагается, что его естественная функция заключается в стабилизации микротрубочек в аксонах и дендритах нейрональных клеток. Химерный EML4-ALK обуславливает развитие рака легких у человека (17).

Канадаптин (SLC4A1AP) — ядерный белок с неизвестной функцией, который широко экспрессируется в тканях млекопитающих. Повсеместное распространение канадаптина у млекопитающих предполагает, что он должен играть важную физиологическую роль (18). ZFAT принимает участие в развитии и периферическом гомеостазе Т-клеток. Имеются сведения, что делеция в гене *Zfat* у мышей приводит к эмбриональной смерти и нарушает примитивный гематопоез в кровяных островках желточного мешка (19, 20). У свиней ZFAT связан с подверженностью энтеротоксигенной инфекции, вызываемой *Escherichia coli* (21). CELSR2 экспрессируется во всех областях мозга и регулирует поддержание и рост дендритов. У гомозиготных по мутации в *CELSR2* мышах развивается гидроцефалия из-за снижения количества, размера и ориентации эпендимальных ресничек (22). NEGR1 участвует в регуляции разрастания нейритов в развивающемся мозге (23). В результате поиска QTL, связанных с ожирением у человека и свиней, выявлены три наиболее вероятных гена, в том числе *NEGR1*, ответственный за генетическую предрасположенность к распространенным формам ожирения, в особенности за толщину подкожного жира (24). LRRC32 функционирует как рецептор для молекул латентного трансформирующего фактора роста, он был обнаружен в регуляторных Т-клетках (25). Отмечается его важная роль в иммунной регуляции. GWAS исследования показали ассоциацию между rs11236909, расположенным примерно на расстоянии 58 kb up-stream от гена *LRRC32*, и некоторыми параметрами подвижности сперматозоидов человека (26).

MYOCD вносит вклад в развитие сердца и дифференцировку кардиомиоцитов. Отмечается, что у мышей-мутантов с нокаутом гена *MYOCD* развивалась дилатационная кардиомиопатия, которая сопровождалась нарушением структурной организации кардиомиоцитов и выраженной депрессией систолической функции (27). Функции гена *HUNK* еще уточняются. Вероятно, он участвует в переносе фосфорсодержащих групп, проявлении активности трансферазы и тирозинкиназы белка. *RPH3A* играет важную роль в адгезии нейтрофилов на эндотелиальных клетках во время воспалительных реакций (28). *DOCK1* регулирует фагоцитоз, слияние микробластов и миграцию клеток, участвует в эмбриональном развитии. Выявленное уменьшение развития всех тканей скелетных мышц у эмбрионов с нокаутом по *Dock1* позволило идентифицировать *DOCK1* как важный регулятор стадии слияния в миогенезе у млекопитающих (29). Информацию о роли гена *ENSSSCG00000024474* в открытых базах данных обнаружить не удалось, но при GWAS анализе метилирования ДНК у сальных, постных и миниатюрных пород свиней он был идентифицирован как дифференциально метилированная область (30). Ген *C20orf194* (194-я открытая рамка считывания 20-й хромосомы) кодирует неохарактеризованный белок с С-концевой областью спиральной катушки. Ген расположен на хромосоме 20p13 в области 1,8 Mb, связанной с фенотипом спиноцереbellлярной атаксии у человека. Исследования S. Ponsuksili с соавт. (31) по определению регионов, связанных с поведенческими реакциями у свиней породы ландрас, показали наличие в пределах этого гена SNP rs80988530, выявленного нами в регионе с высоким неравновесным сцеплением.

Таким образом, полногеномные исследования, которые мы проведенные с использованием чипов GGP Porcine HD, позволили определить регионы, мутации в которых могут стать причиной возникновения летальных эффектов. Наиболее значимые однонуклеотидные полиморфизмы, находящиеся в неравновесном сцеплении у хрячков породы дюрок, локализованы нами в пределах следующих генов: *OR4C45* — обонятельный рецептор, семейство 4, подсемейство C, член 45; *EPHB4* — EPH-рецептор B4; *EML4* — белок, связанный с избыточно экспрессированной пролиферацией; *SLC4A1AP* — канадаптин; *ZFAT* — белок цинкового пальца; *CELSR2* — семиповторный рецептор 2 кадгерина G-типа; *NEGR1* — регулятор роста нейронов 1; *LRR32* — богатый лейцином повторяющийся белок 32; *MYOCD* — миокардин; *HUNK* — гормонально активируемая Neu-ассоциированная киназа; *RPH3A* — рабфилин 3A; *DOCK1* — дедикатор цитокинеза. Практически для каждого идентифицированного ген-кандидата к настоящему времени охарактеризована его важная роль в различных процессах: развитии нервной системы, ангиогенезе, кардиогенезе, дифференцировке клеток, апоптозе и др. У человека многие из этих генов ассоциированы с заболеваниями различных органов и тканей, не исключено их участие в возникновении летальных эффектов у свиней. Понимание процессов, протекающих в период роста и развития эмбрионов, и использование этих знаний при анализе фактических данных зоотехнического учета расширяют арсенал средств, позволяющих своевременно предлагать подходы по генетическому совершенствованию племенной продукции. Интеграция в программы селекционно-племенной работы ДНК маркеров, ассоциированных с летальными фенотипами, в дополнение к ДНК маркерам, идентифицированным по результатам GWAS анализа, существенно повысит эффективность программ маркерной и геномной селекции в сви-

ЛИТЕРАТУРА

1. Pope W.F. Embryonic mortality in swine. In: *Embryonic mortality in domestic species* /M.T. Zavy, R.D. Geisert (eds.). CRC Press, Boca Raton, 1994: 53-77.
2. Bickhart D.M., Hou Y., Schroeder S.G., Alkan C., Cardone M.F., Matukumalli L.K., Song J., Schnabel R.D., Ventura M., Taylor J.F., Garcia J.F., Van Tassell C.P., Sonstegard T.S., Eichler E.E., Liu G.E. Copy number variation of individual cattle genomes using next-generation sequencing. *Genome Res.*, 2012, 22(4): 778-790 (doi: 10.1101/gr.133967.111).
3. Зиновьева Н.А. Гаплотипы фертильности голштинского скота. *Сельскохозяйственная биология*, 2016, 51(4): 423-435 (doi: 10.15389/agrobiology.2016.4.423rus).
4. Gorbach D., Mote B., Totir L., Fernando R., Rothschild M. Polydactyl inheritance in the pig. *Journal of Heredity*, 2010, 101(4): 469-475 (doi: 10.1093/jhered/esq037).
5. Howard D.M., Pong-Wong R., Knap P.W., Woolliams J.A. Use of haplotypes to identify regions harbouring lethal recessive variants in pigs. *Genetics Selection Evolution*, 2017, 49: 57 (doi: 10.1186/s12711-017-0332-3).
6. Häggman J., Uimari P. Novel harmful recessive haplotypes for reproductive traits in pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, 2017, 134(2): 129-135 (doi: 10.1111/jbg.12240).
7. Derks M.F.L., Gjuvsland A.B., Bosse M., Lopes M.S., van Son M., Harlizius B., Tan B.F., Hamland H., Grindfle E., Groenen M.A.M., Megens H.-J. Loss of function mutations in essential genes cause embryonic lethality in pigs. *PLoS Genet.*, 2019, 15(3): e1008055 (doi: 10.1371/journal.pgen.1008055).
8. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A.R., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P.I.W., Daly M.J., Sham P.C. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*, 2007, 81(3): 559-575 (doi: 10.1086/519795).
9. Drag M., Hansen M.B., Kadarmideen H.N. Systems genomics study reveals expression quantitative trait loci, regulator genes and pathways associated with boar taint in pigs. *PLoS ONE*, 2018, 13(2): e0192673 (doi: 10.1371/journal.pone.0192673).
10. Fernandes L.T., Ono R.K., Ibelli A.M.G., Lagos E.B., Morés M.A.Z., Cantão M.E., Lorenzetti W.R., Peixoto J. de O., Pedrosa V.B., Ledur M.C. Novel putative candidate genes associated with umbilical hernia in pigs. *Proc. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Electronic Poster Session. Species. Porcine 2.* Auckland, New Zealand, 2018: 743.
11. Long Y., Su Y., Ai H., Zhang Z., Yang B., Ruan G., Xiao S., Liao X., Ren J., Huang L., Ding N. A genome-wide association study of copy number variations with umbilical hernia in swine. *Anim. Genet.*, 2016, 47(3): 298-305 (doi: 10.1111/age.12402).
12. Борисевич Д.И., Шаталова Л.В., Коростин Д.О., Ильинский В.В. Уточнение статуса некоторых мутаций, считающихся патогенными, с помощью признаков безвредных мутаций. *Вестник Российского государственного медицинского университета*, 2016, 1: 20-24.
13. Braun T., Volland P., Kunz L., Prinz C., Gratzl M. Enterochromaffin cells of the human gut: sensors for spices and odorants. *Gastroenterology*, 2007, 132(5): 1890-1901 (doi: 10.1053/j.gastro.2007.02.036).
14. Kaji I., Karaki S., Kuwahara A. Effects of luminal thymol on epithelial transport in human and rat colon. *American Journal of Physiology-Gastrointestinal and Liver Physiology*, 2011, 300(6): G1132-G1143 (doi: 10.1152/ajpgi.00503.2010).
15. Becerikli M., Merwart B., Lam M.C., Suppelta P., Rittig A., Mirmohammedsadeh A., Stricker I., Theiss C., Singer B.B., Jacobsen F., Steinstraesser L. EPHB4 tyrosine-kinase receptor expression and biological significance in soft tissue sarcoma. *Int. J. Cancer.*, 2015, 136(8): 1781-1791 (doi: 10.1002/ijc.29244).
16. Gerety S.S., Wang H.U., Chen Z.F., Anderson D.J. Symmetrical mutant phenotypes of the receptor EphB4 and its specific transmembrane ligand ephrin-B2 in cardiovascular development. *Molecular Cell*, 1999, 4(3): 403-414 (doi: 10.1016/s1097-2765(00)80342-1).
17. Fry A.M., O'Regan L., Montgomery J., Adib R., Bayliss R. EML proteins in microtubule regulation and human disease. *Biochemical Society Transactions*, 2016, 44(5): 1281-1288 (doi: 10.1042/BST20160125).
18. Xu Q., Deller M.C., Nielsen T.K., Grant J.C., Lesley S.A., Elsliger M.A., Deacon A.M., Wilson I.A. Structural insights into the recognition of phosphopeptide by the FHA domain of kanadaplin. *PLoS ONE*, 2014, 9(9): e107309 (doi: 10.1371/journal.pone.0107309).
19. Tsunoda T., Doi K., Ishikura S., Luo H., Nishi K., Matsuzaki H., Koyanagi M., Tanaka Y., Okamura T., Shirasawa S. Zfat expression in ZsGreen reporter gene knock in mice: Implications for a novel function of Zfat in definitive erythropoiesis. *International Journal of Molecular Medicine*, 2018, 42(5): 2595-2603 (doi: 10.3892/ijmm.2018.3806).



20. Tsunoda T., Takashima Y., Tanaka Y., Fujimoto T., Doi K., Hirose Y., Koyanagi M., Yoshida Y., Okamura T., Kuroki M., Sasazuki T., Shirasawa S. Immune-related zinc finger gene ZFAT is an essential transcriptional regulator for hematopoietic differentiation in blood islands. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2010, 107(32): 14199-14204 (doi: 10.1073/pnas.1002494107).
21. Ji H.Y., Yang B., Zhang Z.Y., Ouyang J., Yang M., Zhang X.F., Zhang W.C., Su Y., Zhao K.W., Xiao S.J., Yan X.M., Ren J., Huang L.S. A genome-wide association analysis for susceptibility of pigs to enterotoxigenic *Escherichia coli* F41. *Animal*, 2016, 10(10): 1602-1608 (doi: 10.1017/S1751731116000306).
22. Tissir F., Qu Y., Montcouquiol M., Zhou L., Komatsu K., Shi D., Fujimori T., Labeau J., Tyteca D., Courtoy P., Poumay Y., Uemura T., Goffinet A.M. Lack of cadherins Celsr2 and Celsr3 impairs ependymal ciliogenesis, leading to fatal hydrocephalus. *Nat. Neurosci.*, 2010, 13: 700-707 (doi: 10.1038/nn.2555).
23. Schäfer M., Bräuer A.U., Savaskan N.E., Rathjen F.G., Brümmendorf T. Neurotractin/kilon promotes neurite outgrowth and is expressed on reactive astrocytes after entorhinal cortex lesion. *Molecular and Cellular Neuroscience*, 2005, 29(4): 580-590 (doi: 10.1016/j.mcn.2005.04.010).
24. Lee K.-T., Byun M.-J., Kang K.-S., Park E.-W., Lee S.-H., Cho S., Kim H.Y., Kim K.-W., Lee T.H., Park J.-E., Park W.C., Shin D.H., Park H.-S., Jeon J.-T., Choi B.-H., Jang G.-W., Choi S.-H., Kim D.-W., Lim D., Park H.-S., Park M.-R., Ott J., Schook L. B., Kim T.-H., Kim H. Neuronal genes for subcutaneous fat thickness in human and pig are identified by local genomic sequencing and combined SNP association study. *PLoS ONE*, 2011, 6(2): e16356 (doi: 10.1371/journal.pone.0016356).
25. Stockis J., Colau D., Coulie P.G., Lucas S. Membrane protein GARP is a receptor for latent TGF- $\beta$  on the surface of activated human Treg. *Eur. J. Immunol.*, 2009, 39(12): 3315-3322 (doi: 10.1002/eji.200939684).
26. Kosova G., Scott N.M., Niederberger C., Prins G.S., Ober C. Genome-wide association study identifies candidate genes for male fertility traits in humans. *The American Journal of Human Genetics*, 2012, 90(6): 950-961 (doi: 10.1016/j.ajhg.2012.04.016).
27. Hoofnagle M.H., Nepl R.L., Berzin E.L., Teg Pipes G.C., Olson E.N., Wamhoff B.W., Somlyo A.V., Owens G.K. Myocardin is differentially required for the development of smooth muscle cells and cardiomyocytes. *American Journal of Physiology-Heart and Circulatory Physiology*, 2011, 300(5): H1707-H1721 (doi: 10.1152/ajpheart.01192.2010).
28. Lin C.-C., Huang C.-C., Lin K.-H., Cheng K.-H., Yang D.-M., Tsai Y.-S., Ong R.-Y., Huang Y.N., Kao L.-S. Visualization of Rab3A dissociation during exocytosis: a study by total internal reflection microscopy. *J. Cell. Physiol.*, 2007, 211(2): 316-326 (doi: 10.1002/jcp.20938).
29. Laurin M., Fradet N., Blangy A., Hall A., Vuori K., Côté J.-F. The atypical Rac activator Dock180 (Dock1) regulates myoblast fusion in vivo. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2008, 105(40): 15446-15451 (doi: 10.1073/pnas.0805546105).
30. Yang Y., Zhou R., Mu Y., Hou X., Tang Z., Li K. Genome-wide analysis of DNA methylation in obese, lean, and miniature pig breeds. *Scientific Reports*, 2016, 6: 30160 (doi: 10.1038/srep30160).
31. Ponsuksili S., Zebunke M., Murani E., Trakooljul N., Krieter J., Puppe B., Schwerin M., Wimmers K. Integrated Genome-wide association and hypothalamus eQTL studies indicate a link between the circadian rhythm-related gene PER1 and coping behavior. *Scientific Reports*, 2015, 5: 16264 (doi: 10.1038/srep16264).
32. Белоус А.А., Сермягин А.А., Костюнина О.В., Врем Г., Зиновьева Н.А. Изучение генетической архитектуры конверсии корма у хряков (*Sus scrofa*) породы дюрок на основе полногеномного анализа SNP. *Сельскохозяйственная биология*, 2019, 54(4): 705-712 (doi: 10.15389/agrobio.2019.4.705rus).

<sup>1</sup>ФГБНУ ФНЦ животноводства —  
ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,

142132 Россия, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, 60,  
e-mail: kostolan@mail.ru ✉, preevetic@mail.ru, n\_zinovieva@mail.ru;

<sup>2</sup>Центр наук о жизни, АНОА ВО Сколковский институт  
науки и технологий,

143026 Россия, г. Москва, ул. Нобеля, 3,  
e-mail: elenamartynovaster@gmail.com

Поступила в редакцию  
31 октября 2019 года

## SEARCH FOR GENOMIC REGIONS CARRYING THE LETHAL GENETIC VARIANTS IN THE DUROC PIGS

O.V. Kostyunina<sup>1</sup>, A.S. Abdelmanova<sup>1</sup>, E.U. Martynova<sup>2</sup>, N.A. Zinovieva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, 60, pos. Dubrovitsy, Podolsk District, Moscow Province, 142132 Russia, e-mail kostolan@mail.ru (✉ corresponding author), preevetic@mail.ru, n\_zinovieva@mail.ru;

<sup>2</sup>Center of Life Sciences, Skolkovo Institute of Science and Technology, 3, ul. Nobelya, Moscow, 143026 Russia, e-mail elenamartynovaster@gmail.com

ORCID:

Kostyunina O.V. orcid.org/0000-0001-8206-3221

Martynova E.U. orcid.org/0000-0003-0802-0236

Abdelmanova A.S. orcid.org/0000-0003-4752-0727

Zinovieva N.A. orcid.org/0000-0003-4017-6863

The authors declare no conflict of interests

Acknowledgements:

The equipment of the Center for Biological Resources and Bioengineering of Farm Animals (Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry) was used for the study. Supported financially within the frame of GZ 0445-2019-0026, No. AAAA-A18-118021590138-1

Received October 31, 2019

doi: 10.15389/agrobiol.2020.2.275eng

## Abstract

The necessity to address the problem of reducing embryonic losses, which in pigs are estimated at the level up to 30 %, is not in doubt. LoF (Loss of Function) mutations, which in the homozygous state can lead to the termination of synthesis or synthesis of non-functional proteins, are considered as one of the genetic factors that cause embryonic mortality. While in cattle, an intensive search for LoF mutations is carried out, in pigs, studies of such mutations are still performed on a smaller scale. Whole-genome analysis using medium- and high-density SNP chips which are uniformly covering the entire genome allows researchers to apply new approaches to identify positional candidates for lethal recessive variants. One of such approaches is the analysis of the level of the linkage disequilibrium (LD) of alleles of SNP markers. The aim of our research was to search for genomic regions that carry presumed lethal recessive variants in Duroc pigs, based on the analysis of the linkage disequilibrium of alleles in SNP loci. Studies were carried out with 715 Duroc boars bred in JSC Top Gen (Voronezh region) in 2017-2019. Whole-genome genotyping was carried out using Porcine GGP HD DNA chips (Neogene/Illumina Inc., USA) containing about 70 thousand SNP. After the quality control, 42981 polymorphic SNP were selected for analysis. Search of reference sequences (rs) and clarification of their localization was carried out using the Ensembl database (<http://www.ensembl.org>). Functional gene annotations were performed using the GeneCards database (<http://www.genecards.org/>). Analysis of the maintenance of genetic equilibrium showed the presence of 990 SNPs with the absence of one of the homozygous genotypes (2.30 % of the total number of polymorphic SNPs), which were distributed among all pig chromosomes, including 205 SNPs, which were in the linkage disequilibrium (0.48 %). Chromosomes SSC9 (0.8 %), SSC5 (0.77 %), SSC7 (0.68 %) and SSC2 (0.68 %) were characterized by the highest ratio of SNPs in linkage disequilibrium, while chromosomes SSC13 (0.28 %), SSC4 (0.29 %) and SSC10 (0.30 %) were the lowest. For 52 SNPs, of which 25 SNPs were localized within genes, differences in observed and expected heterozygosity frequencies were statistically significant ( $p < 0.01$ ). Among SNPs located in intergenic regions, two SNPs (rs81350198 and rs81337222) are associated with important phenotypes from earlier GWAS studies. For 12 of the 25 identified positional candidate genes (*OR4C45*, *EPHB4*, *EML4*, *SLC4A1AP*, *ZFAT*, *CELSR2*, *NEGRI*, *LRR32*, *MYOCD*, *HUNK*, *RPH3A*, and *DOCK1*), we obtained the information on their role in various processes in organisms of mammals, including nervous system development, angiogenesis, cardiogenesis, cell differentiation, apoptosis and many others. The integration of DNA markers associated with lethal phenotypes into breeding programs, in addition to DNA markers identified by GWAS studies, will significantly improve the efficiency of marker and genomic breeding programs in pigs.

Keywords: pigs, linkage disequilibrium, lethal variants, LoF (loss of function), single nucleotide polymorphisms.