

Сравнительный анализ информативности STR- и SNP-маркеров для популяционно-генетических исследований животных на примере одиннадцати пород овец

Научный руководитель – Зиновьева Наталия Анатольевна

Денискова Татьяна Евгеньевна

Кандидат наук

Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, Лаборатория молекулярной генетики животных, Генетика, поселок Дубровицы, Россия

E-mail: horarka@yandex.ru

Появление ДНК-чипов на основе генотипирования множественных SNP-маркеров изменило подходы к изучению генетики животных, обеспечив их переход с генного на геномный уровень, и существенно пошатнуло лидерские позиции STR-маркеров, занимаемые ими в течение трех деkad, в качестве наиболее популярного типа ДНК-маркеров для популяционных исследований. Однако высокая стоимость ДНК-чипов остается лимитирующим фактором их рутинного применения. Поэтому актуальным является ответ на вопрос, насколько отстает по своей разрешающей способности стандартная STR- панель от SNP-маркеров для применения в популяционно-генетических исследованиях животных. В связи с этим, цель работы - сравнение эффективности STR- и SNP-маркеров для дифференциации 11 пород овец (15-26 гол. от каждой), в том числе андийской, Буубэй, эдильбаевской, калмыцкой, карачаевской, каракульской, кучугуровской, лезгинской, романовской, тушинской, тувинской короткожирнохвостой. Полиморфизм 11 STR-маркеров был изучен на ABI 3130xl (Applied Biosystems, США). Размеры аллелей были извлечены с помощью программы GeneMapper 4. Генотипирование SNP-маркеров проводилось путем чтения ДНК-чипов *OvineSNP50KBeadChip* («Illumina Inc.», США) на приборе *iScan Reader*. Генотипы были получены с помощью программы *GenomeStudio 2.0*.

Для изучения филогенетических связей между породами овец в программе *SplitsTree 4.14.5* были построены генетические сети *NeighborNet* на основе попарных значений F_{st} , рассчитанных по STR- и SNP - маркерам в R пакете «*diveRsity*». При анализе структуры генетических сетей было установлено, что STR- и SNP - маркеры выявили схожий характер взаимоотношений между 11 породами овец. Так, курдючные породы (эдильбаевская и калмыцкая) формируют свой кластер и характеризуются несущественными значениями показателя F_{st} ($F_{st(STR)} = 0,019$; $F_{st(SNP)} = 0,007$, соответственно. Северокавказские породы (лезгинская, андийская, тушинская) формируют совместную группу, внутри которой были зафиксированы незначительные генетические дистанции: $F_{st(STR)} = 0,031$ и $F_{st(SNP)} = 0,018$ между лезгинской и тушинской; $F_{st(STR)} = 0,019$ и $F_{st(SNP)} = 0,040$ между лезгинской и андийской; $F_{st(STR)} = 0,027$ и $F_{st(SNP)} = 0,038$ между тушинской и андийской. Романовская порода очень четко дифференцирована от остальных пород. Так, например, дистанции между романовской и тушинской породами составили 0,050 ($F_{st(STR)}$) и 0,95 ($F_{st(SNP)}$), соответственно. Максимальная дифференциация романовской породы по SNP-маркерам была с андийской ($F_{st(SNP)} = 0,113$), карачаевской ($F_{st(SNP)} = 0,101$), эдильбаевской ($F_{st(SNP)} = 0,096$) и лезгинской ($F_{st(SNP)} = 0,095$) породами, соответственно.

Таким образом, оба типа ДНК-маркеров позволяют четко дифференцировать породы между собой и выявить характер их взаимоотношений, поэтому можно рекомендовать использовать STR-маркеры для популяционно-генетических исследований в случае, если применение ДНК-чипов недоступно. *Работа проведена в рамках выполнения задания Министерства науки и высшего образования РФ, тема 0445-2019-0026.*