

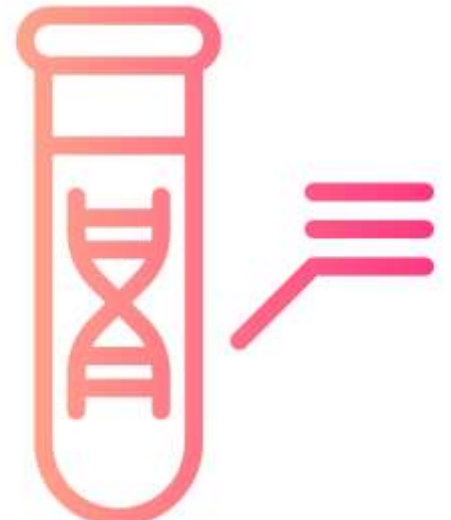
Идентификация геномных вариаций, ассоциированных с живой массой у коров айрширской породы, методом GWAS

Позовникова Марина Владимировна

к.б.н., с.н.с. лаборатории молекулярной генетики ВНИИГРЖ



Международная научно-практическая конференция
«СОВРЕМЕННЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ В
РАЗВЕДЕНИИ И СЕЛЕКЦИИ
АЙРШИРСКОГО СКОТА»



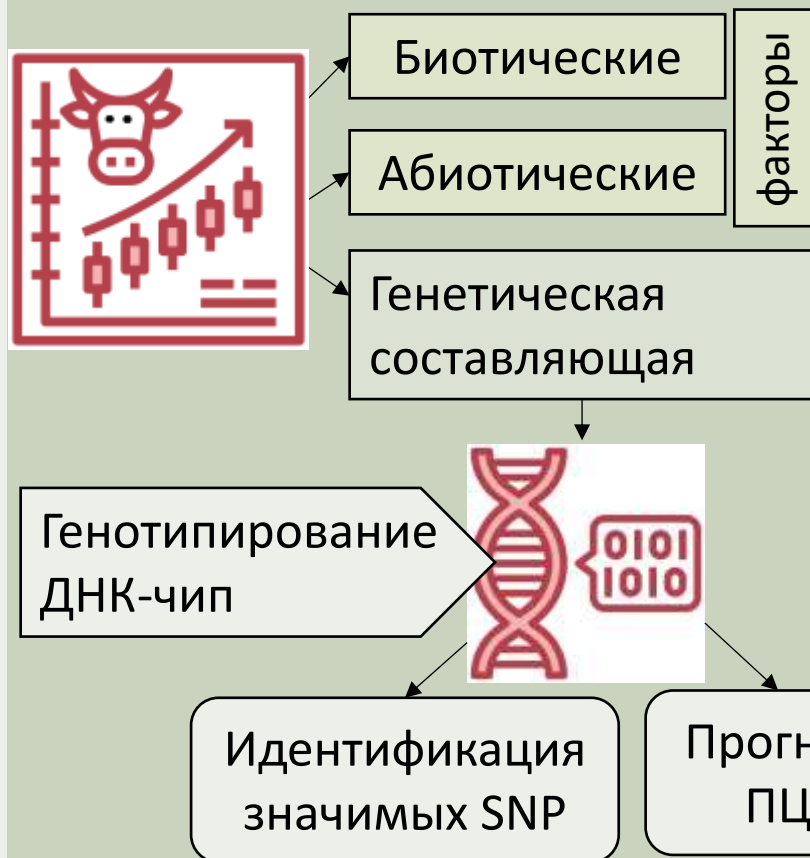
ГЗ НИР № FGGN-2024-0021



Введение

- GWAS -Genome-wide association studies – анализ ассоциаций по всему геному
SNP - Single Nucleotide Polymorphism - однонуклеотидный полиморфизм
- Исследования ассоциаций по всему геному (GWAS) распространенный экспериментальный подход для изучения маркеров SNP, связанных с различными экономическими признаками в животноводстве. Этот подход работает путем «связывания» фенотипа с данными генотипа для исследования причинно-следственных генетических вариантов в аспекте интересующих признаков с использованием статистических моделей.

Рост и развитие



- ✓ достаточная живая масса способствует своевременному введению животных в репродуктивный цикл, в значительной мере обеспечивает успешный отёл и последующую молочную продуктивность.
- ✓ замедленный рост животного до периода полового созревания и недостаточная живая масса увеличивает риск задержки первых родов
- ✓ показатель живой массы, а не возраст, является наиболее важным фактором, определяющим половое созревание тёлочек

02-05
сентября
2025 г



Гармоничное
развитие

залог рентабельности
производства



Цель
исследования:

идентифицировать гены-кандидаты, ассоциированные
с живой массой тёлочек айрширской породы

Материалы и методы

Таблица 1. Хозяйства и число животных

Область /край/регион	Количество хозяйств	Количество голов
Ленинградская	5	741
Московская	1	123
Тульская	1	30
Карелия	2	191
Краснодарский	1	27
Вологодская	2	169
Всего	12	1281

ФЕНОТИПЫ

Живая масса:

- При рождении
- 10 мес
- 12 мес
- 1 осеменение
- 18 мес

База «Селекс»

ГЕНОТИПЫ

ДНК-чип Illumina BovineSNP50
BeadChip (50K) (Illumina Inc.,
США) с плотностью покрытия 54
609 SNP.

02-05 сентября
2025 г



02-05
сентября
2025 г

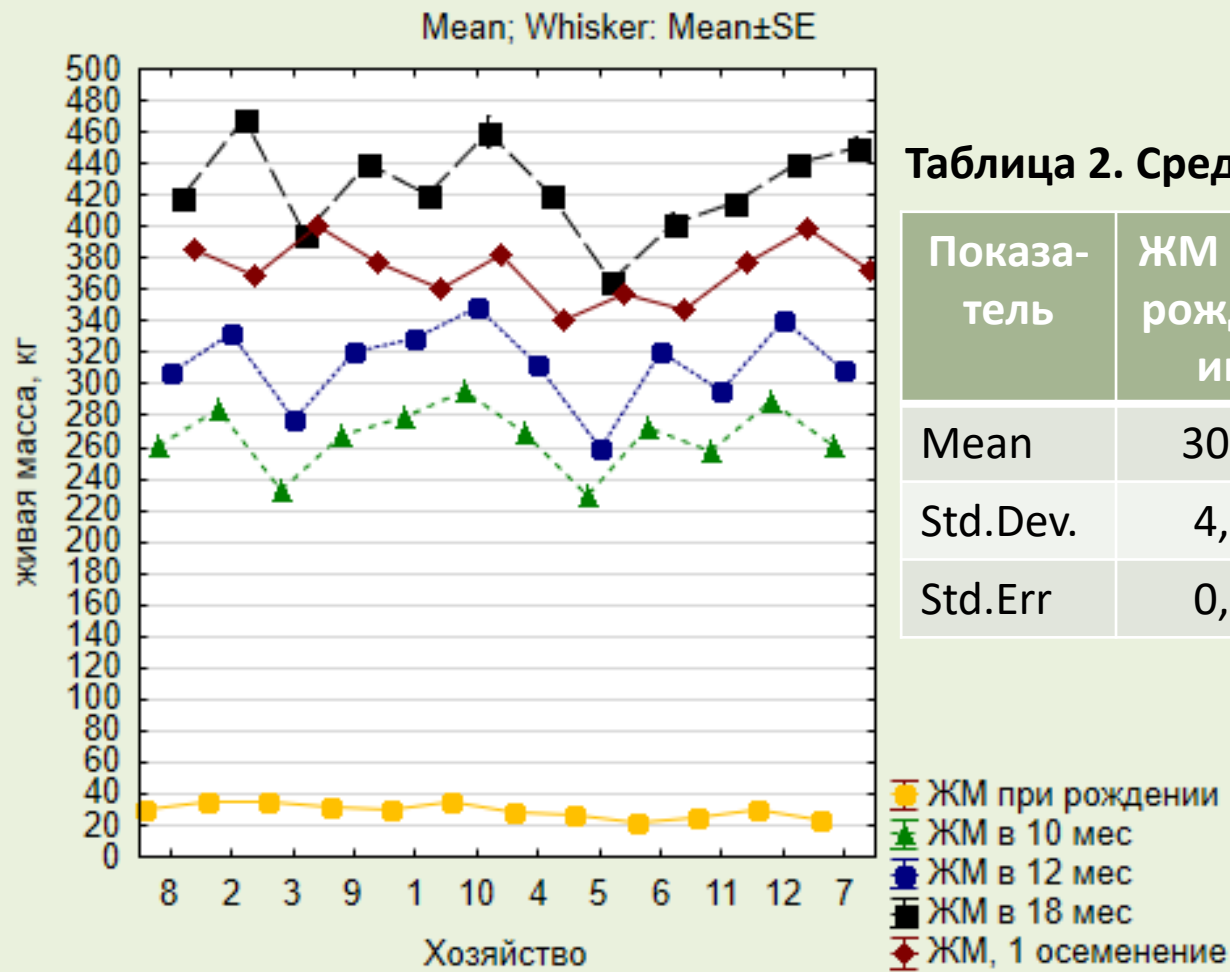


Таблица 2. Средние значения живой массы в выборке тёлочек

Показатель	ЖМ при рождении	ЖМ 10 мес	ЖМ 12 мес	ЖМ 1 осем	ЖМ 18 мес
Mean	30,8	266,9	313,2	372,6	428,8
Std.Dev.	4,7	32,2	38,9	31,8	46,5
Std.Err	0,1	0,9	1,1	0,9	1,3

Рисунок 1. Живая масса тёлочек в разном возрасте



Результаты исследования

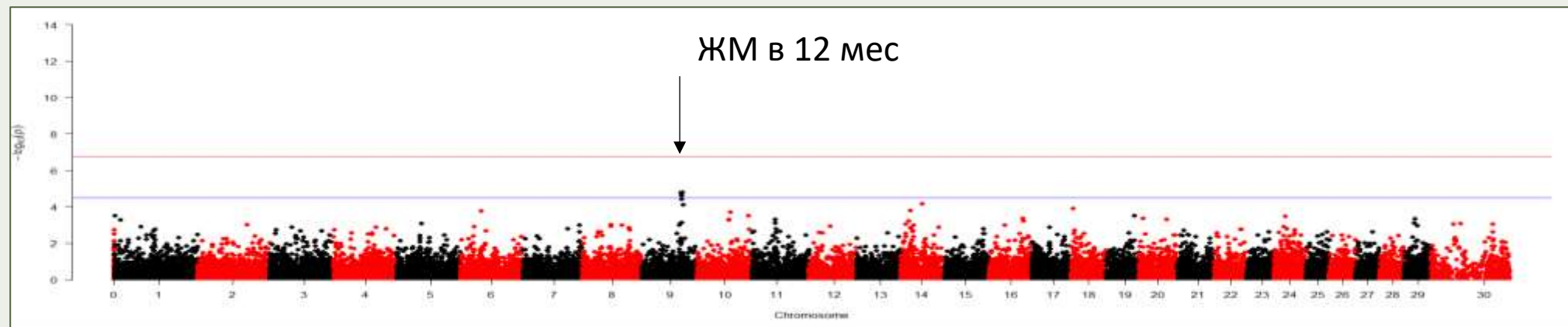
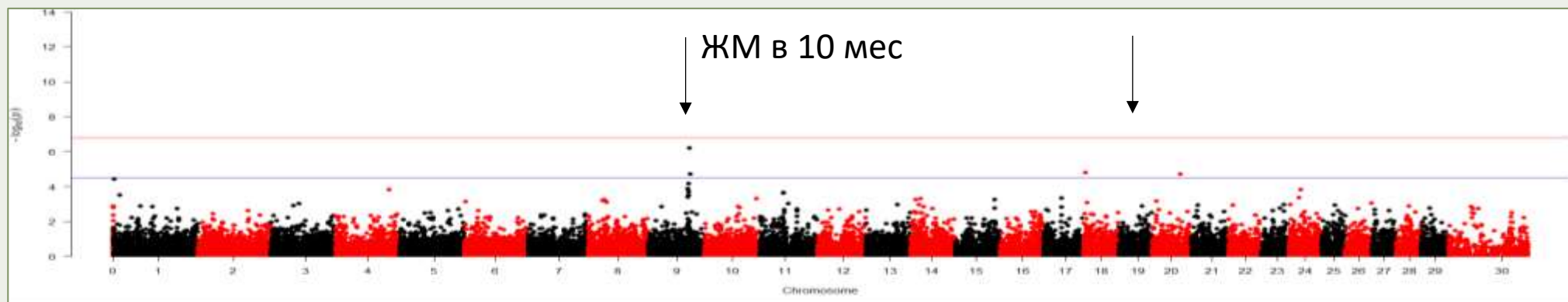
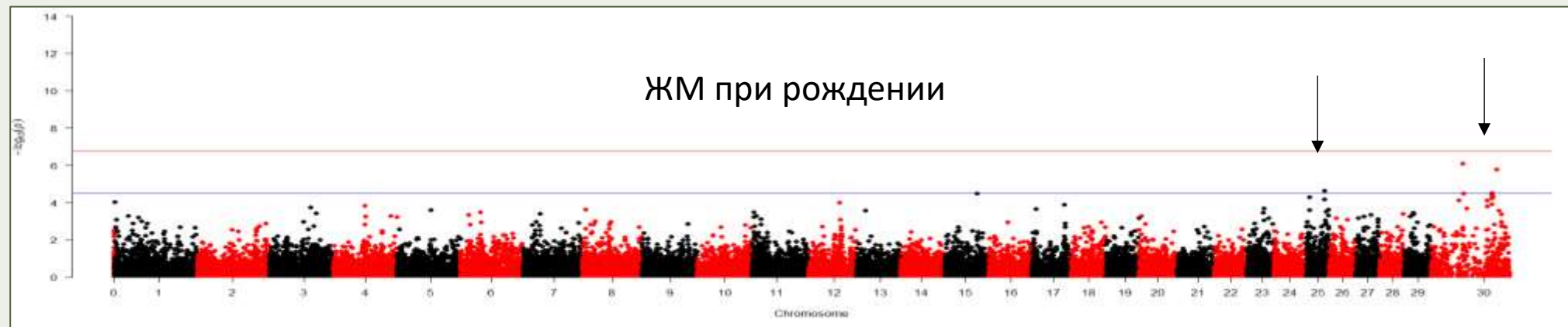
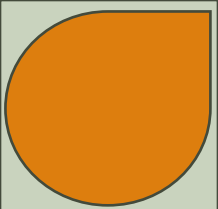


Рисунок 2. Распределение SNP по хромосомам в изученной выборке тёлочек в связи с показателями живой массы

Таблица 3. Значимые SNP с суггестивным уровнем значимости, ассоциированные с показателем «живая масса»

ЖМ при рождении	SNP	Хромосома	P-value	Ген/ ближайший ген	Расположение
	ARS-BFGL-NGS-38247	30	8,13E-07	<i>TRPC5OS</i>	межгенное пространство
	BTA-120449-no-rs	30	1,65E-06	<i>SCML2</i>	межгенное пространство
	ARS-BFGL-NGS-10144	25	2,34E-05	<i>DTX2</i>	в гене
	Harmap54721-rs29023052	30	2,97E-05	<i>PPP4R3C</i>	в гене
	BTB-01177498	15	3,16E-05	<i>DCDC1</i>	в гене
ЖМ 10 мес	Harmap50799-BTA-84323	9	6,08E-07	LncRNA	межгенное пространство
	BTA-106161-no-rs	18	1,59E-05	<i>CNTNAP4</i>	в гене
	Harmap48994-BTA-103486	20	1,88E-05	LncRNA	межгенное пространство
	BTA-16148-no-rs	9	1,95E-05	LncRNA	межгенное пространство
ЖМ 12 мес	Harmap50799-BTA-84323	9	1,58E-05	LncRNA	межгенное пространство
	ARS-BFGL-NGS-107540	9	1,71E-05	<i>AHI1</i>	в гене
	ARS-BFGL-NGS-35569	9	2,27E-05	<i>MAP3K5</i>	в гене



02-05
сентября
2025 г



Таблица 4. Ключевые функции идентифицированных генов, ассоциированных с показателем «ЖМ при рождении»

Ген	Функция, ассоциация	Ссылка
<i>TRPC5OS</i>	Относится к микропротеинам - это полипептиды, состоящие из 100–150 аминокислот или менее. Сложны в аннотировании и описании функций. Участвует в регуляции клеточного цикла.	Jaunbocus, N. et al., 2025.
<i>SCML2</i>	Кодирует один из белков группы Polycomb. Эти белки образуют репрессивные комплексы Polycomb, которые участвуют в репрессии транскрипции. Может участвовать в регуляции экспрессии гомеостатических генов (гены, определяющие процессы роста и дифференцировки в организме) в процессе развития.	https://www.proteinatlas.org/ENSG00000102098-SCML2
<i>DTX2</i>	Кодирует одноименный белок - регулятор сигнального пути Notch, участвующего в межклеточных взаимодействиях и регулирующего широкий спектр определения клеточной судьбы.	https://www.proteinatlas.org/ENSG000000091073-DTX2
<i>PPP4R3C</i>	Не изучена, предположительно участвует в делении клеток	
<i>DCDC1</i>	Участвует в регулировании клеточных процессов: миграция нейронов, нейрогенез и развитие глазных рецепторов. Регуляция сложна и включает множество взаимодействующих белков. Связан с показателями молочной продуктивности у голштинов (анализ GWAS)	Dijkmans, T. F., et al., 2010; Persichilli, C., et al., 2023.

Таблица 5. Ключевые функции идентифицированных генов, ассоциированных с показателем «ЖМ 10 и 12 мес»

Ген	Функция, ассоциация	Ссылка
CNTNAP4	Кодирует белок семейства нейрексинов. Представители этого семейства функционируют в нервной системе позвоночных как молекулы и рецепторы клеточной адгезии (взаимодействие клеток). У коз и тёлочек породы Брахман CNTNAP4 был идентифицирован как один из перспективных генов-кандидатов для репродуктивной функции. Играет важную роль в морфогенезе скелета, остеогенезе, хондрогенезе, ожирении	Forutan, M., et al., 2022; Li, C., et al., 2018; Chen, E. 2018.
ANI1	Необходим для развития мозжечка и коры головного мозга у человека. Связан с размером и массой тела у овец. Экспрессия ANI1 изменяется у молодых телят в кишечнике	Kominakis, A. et al., 2017; Skrivergaard, S., et al., 2023; Zhao, X. W., et al., 2019.
MAP3K5	Играет важную роль в каскадах клеточных реакций, вызванных изменениями окружающей среды. Опосредует передачу сигналов, определяющих судьбу клеток, таких как дифференцировка и выживание. Ассоциирован с ростом и развитием и скороспелостью у мясного скота Анголы, Неллор и Брахман.	Taye, M., et al., 2017; Melo, T. P., 2018.

Заключение

В результате полногеномного поиска ассоциаций у тёлочек айрширской породы было выявлено 12 SNP, ассоциированных с живой массой при рождении в 10 и 12 мес.

Полученные в ходе исследования данные свидетельствуют о перспективности рассматриваемого подхода в качестве дополнительного источника информации при идентификации потенциальных генов-кандидатов и генетических маркеров связанных с ростом и развитием тёлочек.



02-05 сентября
2025 г



Благодарю за внимание!



Марина
Позовникова

pozovnikova@gmail.com

ВНИИГРЖ

