

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/377240045>

# Бионформатический анализ геномов диких и домашних представителей вида *Canis lupus* для актуализации модели дифференциации «WOLF/DOG»

Conference Paper · September 2023

CITATIONS

0

READS

4

2 authors:



**Viachaslau Kipen**

Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus

248 PUBLICATIONS 146 CITATIONS

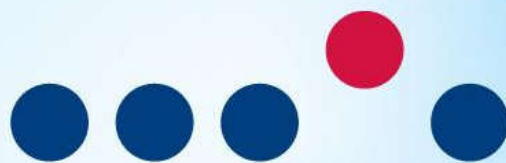
[SEE PROFILE](#)



**Maksim Patrin**

6 PUBLICATIONS 0 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



# МЕТОДЫ СУДЕБНОЙ ГЕНЕТИКИ **2023**



Материалы  
конференции

Москва

14-15

сентября 2023 г.

GORDIZ ...



## ОРГАНИЗАТОРЫ КОНФЕРЕНЦИИ

Организатором конференции «Методы судебной генетики» выступает научно-производственная компания «ГОРДИЗ» при поддержке Инновационного Фонда Сколково.

Российская инновационная биотехнологическая компания «ГОРДИЗ» основана в 2008 году. С самого начала своего существования компания «ГОРДИЗ» ведет активную деятельность в сфере разработки и внедрения новых высокотехнологичных решений в области молекулярной биологии и медицины. С нами работают криминалистические и судебно-медицинские учреждения, научно-исследовательские институты, независимые молекулярно-генетические лаборатории.

На сегодняшний день компания «ГОРДИЗ» является единственным российским производителем продукции для молекулярно-генетической идентификации личности на основе мультиплексного анализа STR-локусов хромосомной ДНК - линейки продуктов COrDIS.

Наличие целого ряда уникальных инновационных технологий позволяет нашей продукции успешно конкурировать с зарубежными лидерами индустрии. Производство продукции полностью локализовано на территории РФ и основано на исходных компонентах и материалах Российского производства. Производство продукции контролируется системой менеджмента качества в соответствии с международными стандартами ISO9001 и ISO18385.

Собственные научные и прикладные исследования, а также тесное сотрудничество с практическими лабораториями и исследовательскими центрами, позволяют компании непрерывно совершенствовать качество существующих решений, расширять перечень предлагаемой продукции и предлагать новые сферы ее применения.

Одним из ключевых факторов успеха нашей продукции, является развитие программы технической и методической поддержки наших клиентов. Высокопрофессиональный коллектив специалистов компании готов оказать всю необходимую помощь по внедрению и адаптации наших технологий в практическую деятельность экспертных и исследовательских лабораторий.

**GOR DIZ** ●●●●



**МЕТОДЫ СУДЕБНОЙ ГЕНЕТИКИ 2023** ●●●●

# БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ ДИКИХ И ДОМАШНИХ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ВИДА *CANIS LUPUS* ДЛЯ АКТУАЛИЗАЦИИ МОДЕЛИ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ «WOLF/DOG»

Кипень В.Н.

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь

Патрин М.М.

ООО «Максим Медикал», Москва, Россия

Дифференциация (различение) биологических образцов, принадлежащих особям биологических видов *Canis lupus* и *Canis lupus familiaris*, с использованием SNP (Single Nucleotide Polymorphism) является актуальной задачей как при решении ряда популяционно-генетических задач, так и в отношении приложений криминалистической направленности.

Ранее проведенный нами анализ с использованием методов биоинформатики (проекты PRJNA263947, PRJNA319610, PRJNA358192, PRJNA417738, PRJNA448733, PRJNA494815, PRJNA517114) позволил выделить несколько значимых для дифференциации образцов волк/собака SNP, например, g.27748425T>C (ген ADCY8) и g.1414373T>C (ген RYR3). Дифференцирующий потенциал для SNP был оценен как очень высокий: g.27748425T>C (ADCY8) – AUC = 0,949 (95% ДИ 0,933–0,965,  $p=2,77E-21$ ); для SNP g.1414373T>C (RYR3) – AUC = 0,874 (95% ДИ 0,817–0,931,  $p=3,20E-15$ ).

Далее, при объединении результатов биоинформатического и молекулярно-генетического анализа по этим SNP для 1095 животных (283 – *Canis lupus*, 812 – *Canis lupus familiaris*), был актуализирован дифференцирующий потенциал для данных SNP: g.27748425T>C (ген ADCY8) – AUC = 0,947 (95% ДИ 0,934–0,960,  $p = 3,45E-112$ ), g.1414373T>C (ген RYR3) – AUC = 0,893 (95% ДИ 0,871–0,915,  $p = 4,31E-87$ ) [2]. Согласно полученным результатам, сбалансированная точность модели из двух SNP составила 96,2% (специфичность модели – 96,3%, чувствительность – 98,9%).

На наш взгляд, особого внимания заслуживают особи волка или собаки, которые могут относиться к волкособам (гибридам между волком и собакой). В этой связи, для усовершенствования ранее предложенной модели дифференциации «WOLF/DOG» необходим дальнейший поиск SNP с высоким дифференцирующим потенциалом, что и явилось целью данного исследования.

В результате расширенного биоинформатического анализа (проекты PRJEB20635, PRJEB34110, PRJEB39198, PRJEB42199, PRJEB43408, PRJEB44869, PRJNA192935, PRJNA208087, PRJNA232497, PRJNA255370, PRJNA263947, PRJNA274504, PRJNA319610, PRJNA358192, PRJNA389294, PRJNA389682, PRJNA448733, PRJNA494719, PRJNA512209, PRJNA517114, PRJNA543877, PRJNA559966 и PRJNA648123) на Chr.1 (NC\_006583.3) в трех удаленных двух от друга кластерах (Chr.1:g.4600000–5000000, Chr.1:g.17600000–17775000, Chr.1:g.108550000–108680000) выявлено более 10 SNP (например, rs21938302, rs21980477, rs22039558, rs21984458, rs22041469, rs21938302, rs21896326 и др.) с расчетным значением AUC больше 0,85. С использованием логистической регрессии (SPSS v.20, метод исключения переменных – отношение правдоподобия) было установлено, что трех SNP из обнаруженных достаточно для достижения точности дифференциации модели «WOLF/DOG» не менее 98%. В перспективе предстоит проверить дифференцирующий потенциал выявленных SNP на сформированных выборках волк/собака для образцов из Беларуси и России.

*Биоинформатический анализ выполнен в рамках НИР Б23-060 (БРФФИ, 2023-2025 гг.).*