РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ ЖИВОТНЫХ/BREEDING, SELECTION, GENETICS AND BIOTECHNOLOGY OF ANIMALS

DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ АРХИТЕКТУРА ОЦЕНОК ПЛЕМЕННОЙ ЦЕННОСТИ МЕТОДОМ ПОЛНОГЕНОМНОГО АНАЛИЗА АССОЦИАЦИЙ СВИНЕЙ ПОРОДЫ ДЮРОК

Научная статья

Белоус А.А.[1,] *, Рудиянов Д.М.[2], Решетникова А.А.[3]
[1] ORCID : 0000-0001-7533-4281;
[2] ORCID : 0000-0003-1734-9834;
[3] ORCID : 0000-0002-4874-2615;
[1] Федеральный исследовательский центр животноводства имени Л. К. Эрнста, Подольск, Российская Федерация
[2, 3] Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, Подольск, Российская Федерация

* Корреспондирующий автор (belousa663[at]gmail.com)

Аннотация

Отрасль свиноводство является одной из лидирующих направлений современного животноводства. По данным Федеральной службы государственной статистики свинина, в структуре Российского рынка, на конец 2022 года занимает 38% всего производимого мяса, имея при этом поголовье около 27,6 млн. голов. Постоянное увеличение спроса и рост объемов производства создают необходимость в разработке и внедрении новых подходов отбора особей, одним из которых является геномная селекция животных. В данной статье рассматриваются результаты по генетической архитектуре оценок племенной ценности свиней породы дюрок по показателям: конверсия корма, среднесуточный прирост и прогнозируемое остаточное потребление корма. Структурная аннотация обнаружила наличие 55 генов, расположенных на 8 из 18 хромосомах. Наибольшее количество генов выявлено по прогнозируемому остаточному потреблению корма – 32 гена, по конверсии корма – 14 генов и по среднесуточному приросту – 9 генов. Из 55 выявленных генов только у четырех была значимая функциональная аннотация, которая связана с технологическими свойствами мяса и физиологическими процессами организма свиней: ген *BEST1*, *FADS2*, *CRB1* и *PLB4*.

Ключевые слова: полногеномные ассоциативные исследования, конверсия корма, среднесуточный прирост, эффективность использования корма, геномная селекция, хряки породы дюрок.

GENETIC ARCHITECTURE OF BREEDING VALUE ASSESSMENTS BY GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES OF DUROC PIG ASSOCIATIONS

Research article

Belous A.A.[1,] *, Rudiyanov D.M.[2], Reshetnikova A.A.[3]
[1] ORCID : 0000-0001-7533-4281;
[2] ORCID : 0000-0003-1734-9834;
[3] ORCID : 0000-0002-4874-2615;
[1] L.K. Ernst Federal Research Center, Podolsk, Russian Federation
[2, 3] Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Podolsk, Russian Federation

* Corresponding author (belousa663[at]gmail.com)

Abstract

The pork industry is one of the leading areas of modern livestock farming. According to the Federal State Statistics Service, in the structure of the Russian market, pork accounts for 38% of all meat produced at the end of 2022, with a population of about 27.6 million heads. The constant increase in demand and the growth in production volumes create the necessity to develop and implement new approaches to select individuals, one of which is genomic selection of animals. This article discusses the results on the genetic architecture of breeding value estimates of Duroc pigs in terms of feed conversion, average daily gain and predicted residual feed intake. Structural annotation found the presence of 55 genes located on 8 out of 18 chromosomes. The highest number of genes identified were 32 genes for predicted residual feed intake, 14 genes for feed conversion and 9 genes for average daily gain. Of the 55 genes identified, only four had a significant functional annotation that is related to the technological properties of meat and physiological processes of the pig organism: the *BEST1* gene, *FADS2*, *CRB1* and *PLB4*.

Keywords: genome-wide association studies, feed conversion, average daily gain, feed utilization efficiency, genomic selection, Duroc boars.

Введение

Активная интенсификация производства свинины и увеличение темпов роста предприятий в конечном итоге приводят к необходимости модернизации различных этапов цепочки производственных процессов за счет внедрения более современных подходов к решению поставленных задач. В последнее время одной из наиболее значимых перспектив для развития свиноводства является освоение методов учёта и контроля генетического фактора.

Современные методы селекции животных не ограничиваются отбором и подбором только взрослого поголовья. Геномная селекция получила широкое признание как инструмент генетического контроля, позволяющий выявлять высокопродуктивных животных в раннем возрасте, а также эффективно предупреждать о наличиях или предрасположенности к различным наследственным заболеваниям. Оценка и дальнейшее использование генетического потенциала свиней с помощью современных подходов для повышения эффективности и устойчивости производства играет крайне важную роль в развитии отрасли [1].

Метод полногеномного поиска ассоциаций (GWAS) нашёл применение во многих передовых биологических исследованиях и является современным подходом в генетике, представляющим собой совокупность статистических приёмов, направленных на выявление взаимосвязи генетических полиморфизмов с различными хозяйственно-полезными признаками. Благодаря повышению доступности технологий генотипирования, использование SNP-чипов высокой плотности в различных исследованиях по всему миру считается общепринятым методом получения информации о генотипе животных. Выполняемый на основе SNP-генотипирования поиск значимых полиморфизмов и аннотация найденных генов позволяет создавать универсальные таргетные генетические панели, обеспечивающие быстрый и недорогой способ ранней селекции [2].

В нашем исследовании целью работы являлось проведение полногеномного поиска ассоциаций (GWAS), основанного на результатах генетических оценок животных, полученных методом наилучшего линейного несмещенного прогноза (BLUP) с последующей функциональной аннотацией генов, достоверно взаимосвязанных с изменчивостью исследованных признаков, по биологическим функциям.

Новизна исследований заключается в выявлении методом GWA-анализа генов, достоверно ассоциированных с оценками племенной ценности животных, полученными на основе BLUP Animal Model, по признакам конверсии корма, среднесуточного прироста и прогнозируемого остаточного потребления корма, для последующей разработки и апробации геномной селекции у свиней породы дюрок.

Методы и принципы исследования

Материалом исследования являлись данные первичного учёта признаков кормового поведения 1417 хряков породы дюрок 2017-2020 годов рождения, являвшихся потомками 120 хряков и 499 свиноматок и проходивших откорм на автоматизированных кормовых станциях.

Анализировались следующие признаки: конверсия корма (FCR, кг/кг), среднесуточный прирост (ADG, г), прогнозируемое остаточное потребление корма (RFI, г/сут.), среднесуточное потребление корма (ADFI, г), число посещений кормовой станции в сутки (NVD, шт.), среднее время посещения кормовой станции (TPV, мин.), среднее время, проведенное на кормовой станции в сутки (TPD, мин.), скорость потребления корма (FR, г/мин.), среднее количество корма, потребленного за посещение (FPV, г).

По данным показателям проведен расчет оценок племенной ценности методом BLUP Animal Model. Сформированная модель в линейной форме имела вид:

$$y = \mu + YM + \text{DFSM} + \text{party} + b_1 \text{period} + b_2 BW_0 + a + e,$$

где y – наблюдаемое значение исследуемого признака, μ – популяционная константа, YM – эффект «Год-месяц рождения животного», DFSM – эффект «Дата постановки-возраст в неделях-кормовая станция», party – эффект номера партии, period – эффект продолжительности откорма, BW_0 – эффект живой массы в при постановке на откорм, b_1-b_2 – коэффициенты линейной регрессии компонентов ковариации оцениваемого признака, a – случайный эффект животного (оценка племенной ценности), e – эффект неучтенных в модели факторов (остаток модели).

Было проведено полногеномное ассоциативное исследование трёх признаков, являющихся главными критериями отбора племенных животных в ООО «СГЦ Топ Ген». Анализу были подвергнуты показатели 100 лучших и 100 худших особей, отсортированных по исследованным признакам в соответствии с предпочтительным с селекционной точки зрения направлением селекции (FCR-ADG-RFI). GWA-анализ проводили на основе данных генотипирования, полученных с применением ДНК-чипа Porcine GGP HD (платформа GeneSeek Genomic Profiler, «Neogene», США), содержащим ~70 тыс. SNP. Контроль качества и фильтрацию данных генотипирования для каждого SNP и каждого образца выполняли с использованием программного пакета PLINK 1.9 (http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/), применяя следующие фильтры:

1. Call-rate по всем исследуемым SNP для индивидуального образца не ниже 90% (--mind 0.10).
2. Call-rate для каждого из исследованных SNP по всем генотипированным образцам не ниже 90% (--geno 0.10).
3. Частота встречаемости минорных аллелей (MAF) ≥0,05 (--maf 0.05).
4. Отклонение генотипов по SNP от распределения по Харди-Вайнбергу в совокупности протестированных образцов не выше 0,001 (--hwe 1e-3).

По итогу фильтрации данных, для проведения анализа ассоциаций были отобраны 40549 SNP.

Для выявления ассоциаций SNP-маркеров с изучаемыми признаками применяли регрессионный анализ, реализованный в PLINK 1.90 (--assoc --adjust --qt-means). Для подтверждения достоверного влияния SNP и определения значимых регионов в геноме свиней использовали тест для множественной проверки нулевых гипотез по Бонферрони при пороговом значении $p < 1{,}23 \times 10^{-5}$ ($^{0{,}05}/_{40549}$). Данные визуализировали при помощи пакета qqman версии 0.1.9, реализованного в рамках языка программирования R.

Для поиска генов-кандидатов, локализованных в области идентифицированных SNP, использовали геномный ресурс Sscrofa11.1 (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000003025.6). Функциональные аннотации генов выполняли с привлечением базы данных DAVID (https://david.ncifcrf.gov/summary.jsp) и Pig QTL Database (https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/index).

Результаты

Для достижения поставленной цели исследований одной из задач являлось изучение эффективности использования корма и особенностей кормового поведения в популяции хрячков породы дюрок (n=1417). Как показано в таблице 1, постановку животных на выращивание на кормовых станциях осуществляли в возрасте 79 дней со средней начальной живой массой (BW_1), равной 37,1 кг. Средний возраст животных при завершении выращивания составил 153 дня, конечная живая масса (BW_2) – 110,1 кг. Среднесуточный прирост животных в течение периода тестирования составил 0,993 кг, что, с одной стороны, свидетельствует о высоком генетическом потенциале продуктивности хрячков, а с другой стороны – указывает на хорошую адаптацию животных к выращиванию в условиях автоматических кормовых станций. Уровни среднесуточных приростов, наблюдаемые нами в выборке хрячков породы дюрок, соответствуют результатам, полученным зарубежными авторами при проведении аналогичных исследований [3].

Уровень конверсии корма (FCR) хрячками в течение периода тестирования варьировал от 1,96 до 3,9 кг/кг и в среднем составил 2,45 кг/кг при среднесуточном потреблении корма 5,41 кг, что согласуется с результатами исследований других авторов [3], [4]. В целом, следует отметить умеренный уровень вариабельности среднесуточных приростов (C_v = 13,0%), показателей эффективности использования корма ADFI (C_v = 14,0%) и FCR (C_v = 10,1%), что, по всей видимости, является следствием высокого селекционного давления при отборе хрячков по вышеназванным показателям.

Таблица 1 - Характеристика показателей исследуемой выборки животных (n=1419)

DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1.1

Показатели	M±m	min	max	SD	C_v, %
TPD, мин.	71,05±0,34	39,81	139,91	12,86	18,09
ADFI, г/сут.	2407,98±9,23	1140,92	3951,19	347,41	14,43
NVD, ед.	9,1±0,08	3,50	27.35	2.84	31.18
TPV, мин.	9,33±0,11	2,25	25,98	4,13	44,27
FR, г/мин.	35,59±0,20	16,56	74,49	7,63	21,44
FPV, г	310,8±3,57	82,28	798,94	134,58	43,28
Age_0, сут.	79,12±0,26	59,00	342,00	9,57	12,11
Age_1, сут.	153,01±0,30	131,00	430,00	11,24	7,35
FCR, кг/кг	2,45±0,01	1,96	3,85	0,25	10,09
BW_0, кг	37,1±0,17	18,00	65,00	6,48	17,47
BW_1, кг	110,1±0,29	79,90	157,00	10,76	9,77
ADG, г	993,4±3,37	579,17	1507,69	127,00	12,78
RFI, г	-0,18±8,23	-1054,25	1638,17	309,89	—

Примечание: TPD – время нахождения на кормовой станции в сутки, мин.; ADFI – среднесуточное потребление корма, г/сут.; NVD – количество посещений кормовой станции в сутки, ед.; TPV – среднее время пребывания на станции за посещение, мин.; FR – скорость потребления корма, г/мин.; FPV – средняя поедаемость корма за одно посещение кормовой станции, г; Age_0 – возраст начала периода откорма, сут.; Age_1- возраст окончания периода откорма, сут.; FCR – конверсия корма, кг/кг; BW_0 – начальная живая масса, кг; BW_1 – конечная живая масса, кг; BWG – прирост живой массы за период откорма, кг; ADG – среднесуточный прирост, г; RFI – прогнозируемое остаточное потребление корма, г

При ранжировании выборки по показателям ADG и RFI, популяция была разделена на 4 контрастных группы (табл. 4). Из них только две группы, I и IV, характеризуются совокупностью значений, предпочтительных с практической точки зрения. Так хряки, относящиеся к I и IV группам, в среднем, имеют наивысшие показатели кормового поведения и продуктивности, и сравнительно низкий показатель конверсии корма – 2,15 кг/кг и 2,32 кг/кг соответственно. Как следствие, среднесуточный прирост, превышающий среднее по изучаемой популяции, при

среднесуточном потреблении корма ниже среднего по популяции, характеризует особей, составляющих эти группы, как наиболее рентабельных в производстве, делая их предпочтительными для использования в товарных и племенных хозяйствах. Подобный вывод также был сделан в раннем исследовании А. А. Сермягина с соавтор. (2022) на хряках породы дюрок [5].

Таблица 2 - Распределение изучаемых признаков по группам остаточного потребления корма

DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1.2

Признак	Группа RFI			
	I	II	III	IV
TPD, мин.	68,23	73,44	77,35	68,04
ADFI, г/сут.	2325,02	2789,55	2633,00	2089,48
NVD, ед.	10,11	8,50	7,50	9,60
TPV, мин.	7,69	10,21	12,47	8,25
FR, г/мин.	35,58	40,09	36,36	32,14
FPV, г	256,61	385,37	412,77	246,07
Age_0, сут.	79,80	80,28	77,09	79,06
Age_1, сут.	150,03	153,72	157,79	152,20
FCR, кг/кг	2,15	2,52	3,00	2,32
BW_0, кг	38,31	37,63	34,97	37,03
BW_1, кг	114,22	118,93	106,18	103,11
BWG, кг	75,91	81,30	71,21	66,08
ADG, г	1082,78	1111,28	885,03	904,64
RFI, г/сут.	-174,19	244,97	331,97	-215,62

Примечание: расшифровка дана в разделе «Материал и методы»

Нами был проведен расчет генетических оценок (EBV) по изучаемым показателям. Учитывая, что основными показателями, определяющим эффективность промышленного производства свинины, является конверсия корма, среднесуточный прирост и прогнозируемое остаточное потребление корма, исследуемые нами хрячки были ранжированы на основании значений EBV по признакам FCR, ADG и RFI. Были выбраны 15 лучших (с наименьшими значениями EBV) и 15 худших животных (с наибольшими значениями EBV) по признаку FCR (табл. 3).

Таблица 3 - Оценки племенной ценности в зависимости от изучаемых экономических показателей

DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1.3

№п/п	FCR*	ADG	RFI	TPD	ADFI	TPV	FR	FPV
Лучшие животные								
1	-0,21	21,20	-237,86	-1,92	-145,00	-0,49	-1,12	-19,37
2	-0,20	35,87	49,39	-3,98	-92,73	-0,81	0,63	-16,97
3	-0,18	54,94	-206,09	-2,48	-28,33	-0,74	0,79	-12,15
4	-0,16	6,12	-353,80	-5,38	-130,76	-0,24	0,63	5,64
5	-0,16	31,26	-271,51	-4,96	-72,18	-0,57	1,54	-0,22
6	-0,16	-214,13	3,70	1,05	-652,78	0,74	-10,54	-38,94
7	-0,16	45,49	153,73	-6,06	-44,03	-1,09	2,53	-14,55
8	-0,16	-11,79	-94,94	-4,56	-167,24	-0,54	-0,50	-17,08
9	-0,15	19,39	-119,47	-2,67	-96,93	0,10	0,03	10,79
10	-0,15	91,58	165,13	-2,18	73,24	-1,65	2,26	-41,49
11	-0,15	39,52	-165,71	-5,94	-44,28	0,24	2,41	33,89
12	-0,15	12,19	-142,23	-1,24	-111,79	-1,68	-1,08	-63,95
13	-0,15	-16,95	168,67	2,26	-179,74	-0,80	-3,85	-56,01
14	-0,15	21,82	689,30	0,03	-91,18	-1,38	-1,35	-58,50
15	-0,14	52,51	-187,87	-6,03	-4,60	-0,57	3,13	11,62

№п/п	FCR*	ADG	RFI	TPD	ADFI	TPV	FR	FPV
Худшие животные								
1	0,28	-13,49	70,69	-2,53	216,20	0,84	4,76	59,98
2	0,23	-14,87	-201,50	2,41	180,27	1,62	1,60	65,83
3	0,22	-23,95	-205,70	0,84	139,01	1,16	1,99	48,99
4	0,22	-35,76	-219,64	-0,57	108,73	0,59	2,10	31,53
5	0,22	-42,11	199,12	0,36	94,91	1,12	1,38	44,70
6	0,21	-67,94	0,86	3,53	12,56	0,00	-1,42	-25,27
7	0,21	-52,69	-206,89	3,82	52,94	0,63	-0,95	2,05
8	0,20	-44,90	50,94	6,36	56,53	0,27	-1,96	-22,13
9	0,20	-9,38	-160,52	6,63	152,57	0,98	-0,95	15,84
10	0,19	-49,39	-234,75	4,02	48,20	0,30	-1,12	-9,87
11	0,19	-27,33	189,69	2,07	99,35	0,09	0,61	-3,49
12	0,17	-39,14	438,46	5,13	47,62	0,46	-1,63	-12,66
13	0,17	-28,07	204,48	4,19	84,03	1,57	-0,85	43,06
14	0,16	130,42	260,68	2,36	464,01	0,74	5,80	62,88
15	0,16	109,96	-237,28	0,17	412,91	0,69	6,25	65,28

Примечание: расшифровка показателей представлена в разделе «Материал и методы исследования»

Как показал анализ данных, представленных в таблице 3, группы «лучших» и «худших» хрячков по показателю конверсии корма заметно различались по племенной ценности, рассчитанной для показателей кормового поведения. Хрячки, обладающие лучшей конверсией корма, имели отрицательные генетические оценки по показателям времени нахождения на кормовой станции, количества посещений кормовой станции в сутки и продолжительности одного посещения по сравнению с хрячками, характеризовавшимися худшей конверсией корма, которые, напротив, имели положительные оценки племенной ценности по вышеназванным показателям. С другой стороны, хрячки с лучшей конверсией корма характеризовались положительными оценками племенной ценности по показателям количества потребленного корма за одно посещение и скорости поедания корма по сравнению с хрячками, обладавшими худшей конверсией, которые проявляли отрицательные значения EBV по данным показателям. Стоит отметить, что мы не наблюдали существенных различий в генетических оценках по показателю среднесуточного потребления корма между изучаемыми группами хрячков: как в группе «лучших», так и «худших» хрячков по показателю конверсии корма были выявлены отрицательные генетические оценки для показателя среднесуточного потребления корма, при этом более высокими значениями данного показателя характеризовались хрячки, обладающие более низкой конверсией корма.

Анализ оценок племенной ценности показал значительную вариабельность для основных трех показателей, в связи с чем, дальнейшее исследование направлено на «вычленение» генетической составляющей признаков и поиск генов-кандидатов, ассоциированных с конверсией корма, среднесуточным приростом и прогнозируемым остаточным потреблением корма.

Полногеномное ассоциативное исследование проводили по оценкам племенной ценности показателей среднесуточного прироста, конверсии корма и прогнозируемого остаточного потребления корма, анализируя 100 лучших и 100 худших свиней, так называемых, контрастных животных (рис. 1).

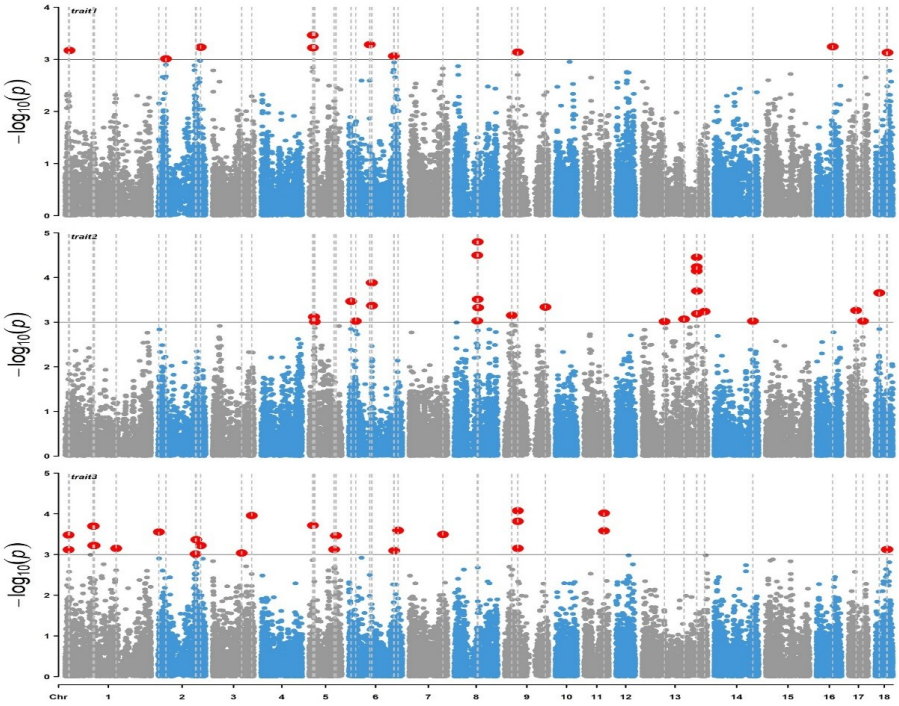

Рисунок 1 - Распределение однонуклеотидных мутаций (А) по хромосомам свиней породы дюрок в связи с уровнем достоверности (-log10 (p) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия, p<0,001) и критерию Бонферрони (красная линия, $p<1,23\times10^{-4}$) для показателей

DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1.4

Примечание: trait 1 – конверсии корма; trait 2 – прогнозируемого остаточного потребления корма и trait 3 – среднесуточного прироста

Всего было выявлено 23 SNP по всем представленным признакам, из которых 7 обнаружено у конверсии корма, 6 – у среднесуточного прироста и 10 – у прогнозируемого остаточного потребления корма, расположенных на 2, 6, 7, 8, 9, 10, 13 и 17 хромосомах. По показателю RFI наибольшая достоверность выявлена у WU_10.2_17_60711306 и ASGA0077744 SNP – P = 2.20 x 10^{-5} на 17 хромосоме. По конверсии корма – SNP H3GA0052936, при P = 1.47 x 10^{-6} на 10 хромосоме. И по среднесуточному приросту наибольшая достоверность обнаружена у SNP ALGA0115532, при P = 2.59 x 10^{-5}.

Структурная аннотация показала наличие 55 генов, расположенных на 8 из 18 хромосом по трем изучаемым признакам. Наибольшее количество генов выявлено по прогнозируемому остаточному потреблению корма – 32 гена, по конверсии корма – 14 генов и по среднесуточному приросту – 9 генов.

Следующим этапом работы было функциональная аннотация генов по базе DAVID и Pig QTL Database. Для достоверности полученных результатов, отобраны гены, по которым присутствует биологическое описание в обоих базах (табл. 4).

Таблица 4 - Гены-кандидаты, имеющие аннотацию во всех базах

DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1.5

№п/п	Ген	SNP	DAVID	Pig QTL
1	*BEST1*	WU_10.2_2_9117254	трансэпителиальный транспорт хлоридов, обнаружение световых стимулов, участвующих в зрительном восприятии, регуляция транспорта ионов кальция	QTL:55850
2	*FADS2*		процесс обмена липидов, процесс биосинтеза	QTL:31547; QTL:31553; QTL:31559; QTL:31560;

№п/п	Ген	SNP	DAVID	Pig QTL
			ненасыщенных жирных кислот	QTL:31562; QTL:31560; QTL:31562; QTL:31546; QTL:31552; QTL:31558; QTL:31549; QTL:31555; QTL:31544; QTL:31550; QTL:31551; QTL:31556; QTL:31557; QTL:31548; QTL:31545
3	*CRB1*	ALGA0057745	ремоделирование кровеносных сосудов, поддержание фоторецепторных клеток	QTL:193514
4	*PLCB4*	ASGA0075659	катаболический и метаболический процесс липидов	QTL:28912

Так, ген Бестропин 1 **(**BEST1), ранее выявленный в исследованиях, проводимых Kogelman L. J. с соавт. [6], на помесных гибридах F2 (йоркшир х дюрок), оказывает влияние на отложение и количество белой жировой ткани в организме свиней. В контексте направления продуктивности породы дюрок, это предполагает необходимость определения аллельных замен, позволяющих снизить процентное содержание жира в тушах и увеличить выход постного мяса. Данный ген, согласно работам A. A. Johnson с соавт. [7], экспрессируется преимущественно в глазах и других частях центральной нервной системы и представляет собой интегральный мембранный белок, регулирующий функцию Ca^{2+} – Cl активируемых ионных каналов.

Ген FADS2 (Десатураза жирных кислот 2), является мембраносвязанным белком, основными функциями которого являются осуществление липидного обмена и превращение линолевой кислоты в гамма-линоленовую кислоту. Вместе с двумя другими ферментами ген FADS2 отвечает за биосинтез арахидоновой кислоты [8] и оказывает влияние на содержание в мясе ненасыщенных жирных кислот, толщину подкожного и внутримышечного жира [9].

В работах G. Catillo с соавт. (2020), было установлено, что ген *CRB1* связан с синтезом эйкозатриеновой кислоты, являющейся важной частью биосинтеза незаменимых полиненасыщенных жирных кислот и оказывающей влияние на технологические свойства мяса, в организме. Он также воздействует на восстановительные свойства организма, агрегацию тромбоцитов, ремоделирование кровеносных сосудов, поддержание функционального состояния фоторецепторных клеток глаза [10].

PLCB4 (Фосфолипаза С бета 4) имеет высокий уровень экспрессии во всех мышечных тканях организма, а также мозжечке. В ряде исследований установлена достоверная связь этого гена с показателем среднесуточного прироста (ADG) у свиней, что напрямую указывает на его высокое значение для практического применения в рамках отрасли, основным направлением которой является получение наибольшего количества продукции в кратчайшие сроки [11], [13]. Согласно базе данных DAVID, ген PLCB4 оказывает широкий спектр влияния на организм, в том числе на катаболические и метаболические процессы липидов, что является важным аспектом жизнедеятельности товарных свиней [12].

Все обнаруженные гены, так или иначе, тесно связаны с технологическим свойствами мяса и физиологическими функциями свиней, что при дальнейшей работе с ними может помочь с определением более предпочтительного генотипа животных для производства свинины. Это позволит получать продукты более высокого качества и уменьшить стрессовое воздействие светового фактора на них, за счет влияния некоторых генов на работу нервной системы.

Заключение

Использование метода GWAS на контрастных по оценкам племенной ценности выборках животных позволит эффективно прогнозировать значимо взаимосвязанные с изменчивостью хозяйственно-полезных признаков полиморфизмы у свиней породы дюрок. Это приобретает особую важность в контексте возможности разработки тест-систем для раннего выявления желательных генотипов у молодых животных до принципиальной возможности оценки их племенной ценности по собственной продуктивности.

В ходе исследования на 1417 головах хряков породы дюрок были получены следующие результаты:

1. На основе BLUP-оценок племенной ценности определена генетическая структура трёх экономически важных показателей, используемых в отрасли свиноводства: конверсии корма, среднесуточного прироста и остаточного потребления корма.

2. Выявлено и охарактеризовано 4 гена, значимо взаимосвязанных с технологическими свойствами свинины и физиологическими процессами в организме.

3. Определена целесообразность разработки тест-системы для гена *CRB1*, связанная с локализацией в его структуре выявленного в ходе данной работы SNP-маркера. Рекомендуется проводить анализ животных в совокупности с другими генами, связанных с мясной продуктивностью свиней: *IGF2, MC4R, PRKAG3, RYR1, HMGA1, SCD* и *POU1F1*.

Благодарности

Исследования выполнены в рамках Государственного задания Минобрнауки России № FGGN-2022-0007.

Acknowledgement

The research was carried out within the framework of the State Assignment of the Ministry of Education and Science of Russia No. FGGN-2022-0007.

Конфликт интересов

Не указан.

Conflict of Interest

None declared.

Рецензия

Воробьева Н.В., Нижегородский государственный агротехнологический университет, Нижний Новгород Российская Федерация
DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1.6

Review

Vorobeva N.V., Nizhny Novgorod State Agrotechnological University, Nizhny Novgorod Russian Federation
DOI: https://doi.org/10.60797/JAE.2024.48.1.6

Список литературы / References

1. Sharif-Islam M. The predicted benefits of genomic selection on pig breeding objectives / M. Sharif-Islam, J. H. J. van der Werf, B. J. Wood [et al.] // Journal of Animal Breeding and Genetics. — 2024. — P. 1–17. DOI: 10.1111/jbg.12873
2. Liu Y. Increased Accuracy of Genomic Prediction Using Preselected SNPs from GWAS with Imputed Whole-Genome Sequence Data in Pigs / Y. Liu, Y. Zhang [et al.] // Animals. — 2023. — № 13(24). DOI: 10.3390/ani13243871
3. Do D. N. Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds / D. N. Do, A. B. Strathe, J. Jensen [et al.] // Journal of Animal Science. — 2013. — Vol. 91. — № 9. DOI: doi.org/10.2527/jas.2012-6197
4. Reyer H. Exploring the genetics of feed efficiency and feeding behaviour traits in a pig line highly selected for performance characteristics / H. Reyer, M. Shirali, S. Ponsuksili [et al.] // Mol Genet Genomics. — 2017. — № 292. — P. 1001–1011. DOI: 10.1007/s00438-017-1325-1
5. Сермягин А. А. Показатели кормового поведения как новые селекционные признаки в разведении свиней / А. А. Сермягин, А. А. Белоус, Е. А. Требунских [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2020. — Т. 55. — № 6. — С. 1126–1138. DOI: 10.15389/agrobiology.2020.6.1126rus
6. Kogelman L. J. Systems genetics of obesity in an F2 pig model by genome-wide association, genetic network, and pathway analyses / L. J. Kogelman, S. D. Plant, M. Fredholm [et al.] // Front Genet. — 2014. — P. 214. DOI: 10.3389/fgene.2014.00214
7. Johnson A. A. Bestrophin 1 and retinal disease / A. A. Johnson, K. E. Guziewicz, K. E. Lee [et al.] // Prog Retin Eye Res. — 2017. — № 58. — P. 45–69.
8. Renaville B. Candidate gene marker associations with fatty acid profiles in heavy pigs / B. Renaville, A. Prandi, B. Fan [et al.] // Meat Science. — 2013. — Vol. 93. — Iss. 3. — P. 495–500.
9. Gol S. A polymorphism in the fatty acid desaturase-2 gene is associated with the arachidonic acid metabolism in pigs / S. Gol, R. N. Pena, M. F. Rothschild [et al.] // Sci Rep. — 2018. — № 8. — P. 14336. DOI: 10.1038/s41598-018-32710-w
10. Catillo G. Genome-wide association study identifies quantitative trait loci regions involved in muscle acidic profile in Large White heavy pigs / G. Catillo, M. Zappaterra, P. Zambonelli [et al.] // Animal. — 2020. — № 14(7). — P. 1342–1350.
11. Edea Z. Detecting selection signatures between Duroc and Duroc synthetic pig populations using high-density SNP chip / Z. Edea, J.-K. Hong, J.-H. Jung [et al.] // Anim Genet. — 2017. — № 48. — P. 473–477. DOI: 10.1111/age.12559
12. Fontanesi L. A genomewide association study for average daily gain in Italian Large White pigs / L. Fontanesi [et al.] // J Anim Sci. — 2014. — № 92(4). — P. 1385–94. DOI: 10.2527/jas.2013-7059
13. Zhao Y. A compendium and comparative epigenomics analysis of cis-regulatory elements in the pig genome / Y. Zhao, Y. Hou, Y. Xu [et al.] // Nat Commun. — 2021. — DOI: 10.1038/s41467-021-22448-x

Список литературы на английском языке / References in English

1. Sharif-Islam M. The predicted benefits of genomic selection on pig breeding objectives / M. Sharif-Islam, J. H. J. van der Werf, B. J. Wood [et al.] // Journal of Animal Breeding and Genetics. — 2024. — P. 1–17. DOI: 10.1111/jbg.12873
2. Liu Y. Increased Accuracy of Genomic Prediction Using Preselected SNPs from GWAS with Imputed Whole-Genome Sequence Data in Pigs / Y. Liu, Y. Zhang [et al.] // Animals. — 2023. — № 13(24). DOI: 10.3390/ani13243871
3. Do D. N. Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds / D. N. Do, A. B. Strathe, J. Jensen [et al.] // Journal of Animal Science. — 2013. — Vol. 91. — № 9. DOI: doi.org/10.2527/jas.2012-6197

4. Reyer H. Exploring the genetics of feed efficiency and feeding behaviour traits in a pig line highly selected for performance characteristics / H. Reyer, M. Shirali, S. Ponsuksili [et al.] // Mol Genet Genomics. — 2017. — № 292. — P. 1001–1011. DOI: 10.1007/s00438-017-1325-1

5. Sermyagin A. A. Pokazateli kormovogo povedeniya kak novye selekcionnye priznaki v razvedenii svinej [Indicators of feeding behavior as new breeding characteristics in pig breeding] / A. A. Sermyagin, A. A. Belous, E. A. Trebunskih [et al.] // Sel'skohozyajstvennaya biologiya [Agricultural Biology]. — 2020. — Vol. 55. — № 6. — P. 1126–1138. DOI: 10.15389/agrobiology.2020.6.1126rus [in Russian]

6. Kogelman L. J. Systems genetics of obesity in an F2 pig model by genome-wide association, genetic network, and pathway analyses / L. J. Kogelman, S. D. Plant, M. Fredholm [et al.] // Front Genet. — 2014. — P. 214. DOI: 10.3389/fgene.2014.00214

7. Johnson A. A. Bestrophin 1 and retinal disease / A. A. Johnson, K. E. Guziewicz, K. E. Lee [et al.] // Prog Retin Eye Res. — 2017. — № 58. — P. 45–69.

8. Renaville B. Candidate gene marker associations with fatty acid profiles in heavy pigs / B. Renaville, A. Prandi, B. Fan [et al.] // Meat Science. — 2013. — Vol. 93. — Iss. 3. — P. 495–500.

9. Gol S. A polymorphism in the fatty acid desaturase-2 gene is associated with the arachidonic acid metabolism in pigs / S. Gol, R. N. Pena, M. F. Rothschild [et al.] // Sci Rep. — 2018. — № 8. — P. 14336. DOI: 10.1038/s41598-018-32710-w

10. Catillo G. Genome-wide association study identifies quantitative trait loci regions involved in muscle acidic profile in Large White heavy pigs / G. Catillo, M. Zappaterra, P. Zambonelli [et al.] // Animal. — 2020. — № 14(7). — P. 1342–1350.

11. Edea Z. Detecting selection signatures between Duroc and Duroc synthetic pig populations using high-density SNP chip / Z. Edea, J.-K. Hong, J.-H. Jung [et al.] // Anim Genet. — 2017. — № 48. — P. 473–477. DOI: 10.1111/age.12559

12. Fontanesi L. A genomewide association study for average daily gain in Italian Large White pigs / L. Fontanesi [et al.] // J Anim Sci. — 2014. — № 92(4). — P. 1385–94. DOI: 10.2527/jas.2013-7059

13. Zhao Y. A compendium and comparative epigenomics analysis of cis-regulatory elements in the pig genome / Y. Zhao, Y. Hou, Y. Xu [et al.] // Nat Commun. — 2021. — DOI: 10.1038/s41467-021-22448-x