

А.А. Белоус<sup>1</sup> ✉

А.А. Сермягин<sup>1</sup>

Н.П. Елаткин<sup>2</sup>

Н.А. Зиновьева<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, г. о. Подольск, пос. Дубровицы, Московская обл., Россия

<sup>2</sup> ООО «Мираторг-Генетика», Москва, Россия

✉ belousa663@gmail.com

Поступила в редакцию:  
31.01.2024

Одобрена после рецензирования:  
15.05.2024

Принята к публикации:  
30.05.2024

Research article

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-383-6-68-76

Anna A. Belous<sup>1</sup> ✉

Alexander A. Sermyagin<sup>1</sup>

Nikolay P. Elatkin<sup>2</sup>

Natalia A. Zinovieva<sup>1</sup>

<sup>1</sup> L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy village Podolsk, Moscow Region, Russia

<sup>2</sup> LLC "Miratorg-Genetika", Moscow, Russia

✉ belousa663@gmail.com

Received by the editorial office:  
31.01.2024

Accepted in revised:  
15.05.2024

Accepted for publication:  
30.05.2024

Идентификация генов, ассоциированных с цветовыми характеристиками мясной и жировой ткани скота абердин-ангусской породы

РЕЗЮМЕ

В настоящее время полногеномные ассоциативные исследования и выявление генов-кандидатов по хозяйственно полезным признакам у сельскохозяйственных животных являются актуальными, научно обоснованными и практико-ориентированными, а также выполняют одну из задач Стратегии научно-технического развития Российской Федерации.

В данной статье приведены результаты GWAS по цветовым спектральным значениям мяса и жировой ткани крупного рогатого скота абердин-ангусской породы, известной своими мясными характеристиками высокого сорта. Генотипирование животных осуществлялось на чипах высокой плотности BovineHD Genotyping BeadChip, содержащих ~53 тыс. SNP. После контроля качества их осталось 39 928. По результатам анализа и структурной аннотации были выявлены 25 и 26 генов-кандидатов по цвету мяса и жира соответственно. По функциональной аннотации гены были разделены на 6 групп: функции нервной системы, развитие органов, сосудов, суставов, метаболические процессы и биосинтез, клеточные процессы, мышцы, ткани и кости, репродуктивные свойства и эмбриональное развитие. Полученные гены проверили через базу данных Animal QTL, в результате которого подтверждение нашли 13 генов, из них внутри 3 локализованы SNP, в связи с чем гены *LRP2*, *SCIN* и *ANTXR1* имеют преимущества для дальнейшего их применения в молекулярной диагностике крупного рогатого скота не только мясного, но и молочного направления продуктивности.

**Ключевые слова:** GWAS, цветовые характеристики мяса и жира, структурная аннотация генов, функциональная аннотация генов, QTL-база, крупный рогатый скот мясного направления продуктивности

**Для цитирования:** Белоус А.А., Сермягин А.А., Елаткин Н.П., Зиновьева Н.А. Идентификация генов, ассоциированных с цветовыми характеристиками мясной и жировой ткани скота абердин-ангусской породы. *Аграрная наука*. 2024; 383(6): 68–76.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-383-6-68-76>

© Белоус А.А., Сермягин А.А., Елаткин Н.П., Зиновьева Н.А.

Identification of genes associated with color characteristics of meat and fat tissue of aberdeen-angus cattle

ABSTRACT

Currently, full genome association studies and identification of candidate genes for economically useful traits in farm animals are topical, scientifically sound and practice-oriented, and fulfill one of the objectives of the Strategy for Scientific and Technical Development of the Russian Federation. This article presents the results of GWAS on color spectral values of meat and fat tissue of Aberdeen-Angus cattle, known for its meat characteristics of high grade. The animals were genotyped on high-density BovineHD Genotyping BeadChip chips containing ~53,000 SNPs. After quality control, 39,928 remained. By analysis and structural annotation, 25 and 26 candidate genes for meat and fat color were identified, respectively. According to functional annotation, the genes were categorized into 6 groups: nervous system functions, organ development, vascular, joints, metabolic processes and biosynthesis, cellular processes, muscle, tissue and bone, reproduction and embryonic development. The obtained genes were checked through the Animal QTL database, as a result of which 13 genes were confirmed, of which 3 were localized SNPs, in connection with which the *LRP2*, *SCIN* and *ANTXR1* genes have advantages for their further application in the molecular diagnostics of cattle not only meat, but also dairy productivity.

**Key words:** GWAS, meat and fat color characteristics, structural annotation of genes, functional annotation of genes, QTL base, beef cattle

**For citation:** Belous A.A., Sermyagin A.A., Elatkin N.P., Zinovieva N.A. Identification of genes associated with color characteristics of meat and fat tissue of aberdeen-angus cattle. *Agrarian science*. 2024; 383(6): 68–76 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-383-6-68-76>

© Belous A.A., Sermyagin A.A., Elatkin N.P., Zinovieva N.A.

## Введение/Introduction

Визуальные стимулы оказывают значительное влияние на мнение потребителей мясной продукции, поскольку именно от первого восприятия может зависеть покупка или отказ от конкретного продукта. Часто первым впечатлением о продукте является его визуальная ассоциация, и они часто отвергаются или выбираются не по вкусу или запаху, а по внешнему виду, в связи с чем цвет является одним из наиболее важных показателей качества и оказывает непосредственное влияние на восприятие продукта потребителем. Помимо геометрических показателей (форма, изменчивость однородности, масса), цвет является ключевой оптической характеристикой [1]. Ramanathan с соавт. (2022 г.) подсчитали, что примерно 2,55% говядины выбраковывается из-за обесцвечивания, и это приводит к экономическим потерям в 3,73 млрд долларов ежегодно только для мясной промышленности США. Данные цифры иллюстрируют масштабы экономического ущерба во всем мире [2].

Аналогичным образом розовый цвет копченого мяса является признаком правильно проведенного процесса копчения, а изменение цвета вызывает у потребителей недоверие к качеству и безопасности таких продуктов. С другой стороны, можно ожидать определенных изменений цвета, например свежего мяса, которое при нагревании меняет цвет с красного на коричневый или серый. Такое изменение связано с правильно проведенным процессом приготовления, то есть полное изменение цвета поверхности мясного фарша является показателем того, что частицы мяса были достаточно приготовлены. Для определения цветовых аспектов проводятся их измерения с помощью спектрометра, который определяет различные фракции миоглобина в определенных углублениях светового спектра, или колориметра, который количественно определяет цвет мяса путем среднего расчета точек модели Lab [3, 4]. В настоящее время была разработана и внедрена CVS (система компьютерного зрения) как более точный метод определения цвета [5, 6]. Она имеет преимущества из-за меньшего отклонения света через матрицу мяса и более широкой области обзора образца [4, 6]. Сообщается, что на интенсивность цвета свежего мяса влияет взаимодействие множества внутренних и внешних факторов во время преобразования мышц в мясо [7].

Внутренние факторы — характеристики, в основном определяемые генотипом животных, которые достаточно трудно изменить. Напротив, внешние факторы — обстоятельства, связанные с обращением человека с животными во время кормления, транспортировки, уоя и охлаждения, которые можно более гибко регулировать в ходе технологического процесса и улучшить до более высокого уровня.

В России результаты по измерению и прогнозированию цветовых характеристик мяса проводились на товарных гибридах свиней [8], филе осетровых рыб [9] и говядины [10]. Генетическая архитектура цветовой шкалы представлена на курах F2 ресурсной модельной популяции [11].

**Цель исследования** — определение генов-кандидатов, взаимосвязанных с цветовыми характеристиками мяса и жира у крупного рогатого скота абердин-ангусской породы, на основании полногеномного анализа ассоциаций.

## Материалы и методы исследования / Materials and methods

Послеубойные характеристики животных оценивались на базе мясоперерабатывающего завода ООО «Брянская мясная компания» (Брянская обл., Россия) в 2022 году ( $n = 180$ ) по следующим показателям: вес туши, мраморность, площадь мышечного глазка (рибая), толщина жира над 12-м ребром.

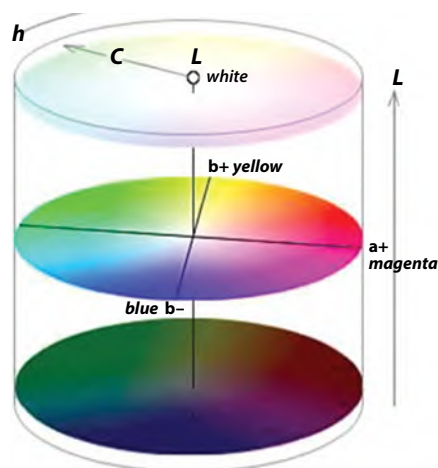
Для измерения цветовых характеристик мяса использовался спектрофотометр CM-700d<sup>1</sup> (Konica Minolta, Япония) по модели CIELAB. При помощи прибора были определены цветовые характеристики в пяти точках «мышечного глазка» (рис. 1).

Ранее проведенные исследования по фактическим данным спектра и его взаимосвязи с мясной продуктивностью бычков представлены в статье А.А. Сермягина с соавт. [12].

В качестве материала для молекулярно-генетических исследований использовали пробу крови, которую брали из яремной вены быка. Для этого брали кровопускательную иглу и стерильную пробирку, куда набирали биоматериал по стенке. Сосуд следует расположить к нижней трети шеи животного. Голова фиксируется, что тоже является стрессом. Чтобы вызвать быстрое наполнение вены, уменьшить ее подвижность, кровеносный сосуд можно сдавить резиновым жгутом в середине шеи. Выделение геномной ДНК проводили с помощью наборов для выделения серии фирмы-производителя (ЗАО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом. Концентрацию двухцепочечной ДНК определяли с помощью флуориметра Qubit 2.0 (Invitrogen/Life Technologies, США). Для определения качества выделяемого продукта измеряли соотношение OD260/OD280 (спектрофотометр NanoDrop8000, ThermoFisher Scientific, США). Для анализа использовали ДНК с OD260/OD280 = 1,6–1,8, качество оценивали посредством гель-электрофореза в 1%-ном агарозном геле. Полногеномное генотипирование проводили с использованием высокоплотных ДНК-чипов BovineHD Genotyping BeadChip (платформа GeneSeek Genomic Profiler, Neogene, США), содержащих 53 218 SNP.

**Рис. 1.** Цветовая аббревиатура, полученная со спектрофотометра, работающего по платформе CIELAB: L\* — устанавливает координаты света (100) и тени (0); a\* — спектр от зеленого (-128) до пурпурного (127); b\* — спектр от голубого (-128) до желтого (127)

**Fig. 1.** The color abbreviation obtained from a spectrophotometer operating on the CIELAB platform: L\* — sets the coordinates of light (100) and shadow (0); a\* — spectrum from green (-128) to magenta (127); b\* — spectrum from blue (-128) to yellow (127)



<sup>1</sup> Приказом Федерального агентства по техническому регулированию и метрологии от 16 октября 2018 г. № 2175 спектрофотометр Konica Minolta (модель CM-700d) внесен в Госреестр средств измерений с регистрационным № 72739-18.

Тестовый анализ полногеномных ассоциаций осуществляли с помощью программы Plink 1.90 с учетом популяционной стратификации. Контроль качества и фильтрацию данных генотипирования для каждого SNP и каждого образца выполняли с использованием программного пакета PLINK 1.9<sup>2</sup>, применяя следующие фильтры: call-rate по всем исследуемым SNP для индивидуального образца не ниже 90%; call-rate для каждого из исследованных SNP по всем генотипированным образцам не ниже 90%; частота встречаемости минорных аллелей (MAF)  $\geq 0,05$ ; отклонение генотипов по SNP от распределения по Харди — Вайнбергу в совокупности протестированных образцов.

Для подтверждения достоверного влияния SNP и определения значимых регионов в геноме свиней использовали тест для проверки нулевых гипотез по Бонферрони при пороговом значении  $p < 1,25 \times 10^{-6}$ , 0,05/39 928. Суггестивный уровень представляет собой порог, при котором при нулевой гипотезе ожидается один ложноположительный результат на одно сканирование генома.

Для поиска генов-кандидатов, локализованных в области идентифицированных SNP, использовали геномный ресурс ARS-UCD2.0<sup>3</sup>.

Функциональные аннотации и выявление обогащения генов выполняли с привлечением базы данных DAVID<sup>4</sup> и Animal QTL<sup>5</sup>.

Экспериментальные процедуры, использованные в настоящем исследовании, не противоречат Европейской конвенции по защите позвоночных животных<sup>6</sup>.

## Результаты и обсуждение / Results and discussion

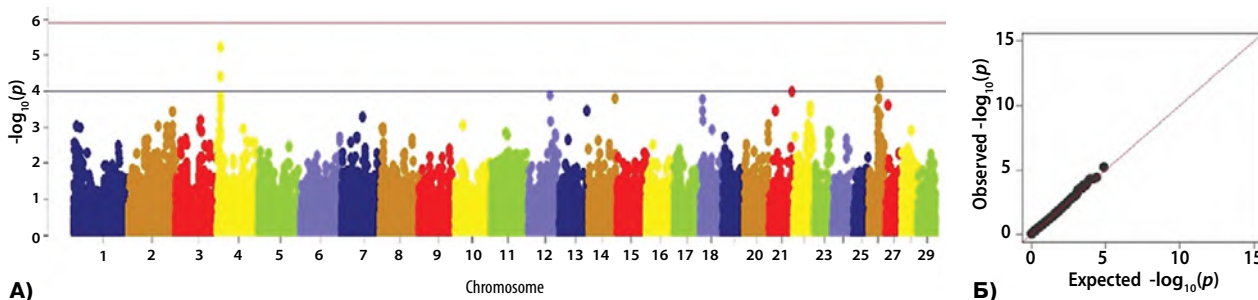
В проведенном исследовании был проведен контроль качества однонуклеотидных полиморфизмов в программе PLINK 1.9 (фильтры представлены в разделе «Материал и методы исследования»), после которого количество SNP составило 39 928.

Результаты GWAS-анализа по оттенку мяса от темного к светлому (L\*, рис. 2) показали значимые результаты на хромосомах 2–4, 7, 10, 12, 18, 20, 22 и 26, где достоверность ( $p$ ) варьировалась от  $9,85 \times 10^{-4}$  (Нармар42518-BTA-34464 SNP) до  $5,99 \times 10^{-6}$  (BTA-109138-no-rs SNP).

По зелено-пурпурному оттенку (a\*, рис. 3) мяса установлены 37 SNP на 16 хромосомах из 29, и  $p$  варьировалось от  $9,01 \times 10^{-4}$  (BTV-00566241) до  $8,45 \times 10^{-5}$  (Нармар50771-BTA-74233).

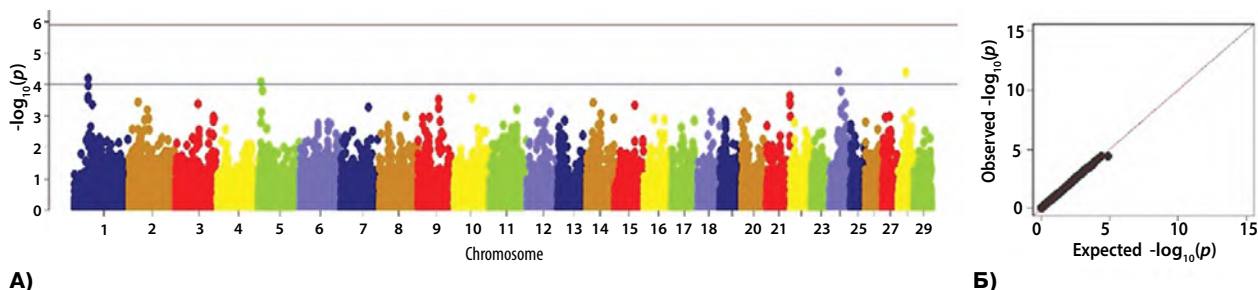
**Рис. 2:** А — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам скота абердин-ангусской породы в связи с уровнем достоверности ( $-\log_{10}(p)$ ) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия,  $p < 0,001$ ) и критерию Бонферрони (красная линия,  $p < 1,25 \times 10^{-6}$ ) для показателя цветового оттенка мяса L\*; Б — квантиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормального распределения для значений достоверности

**Fig. 2:** А — distribution of single nucleotide mutations on chromosomes of Aberdeen-Angus cattle in relation to the level of confidence ( $-\log_{10}(p)$ ) by probabilistic suggestive value (blue line,  $p < 0.001$ ) and Bonferroni criterion (red line,  $p < 1.25 \times 10^{-6}$ ) for the meat color index L\*; Б — quartile of probability distribution of expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values



**Рис. 3:** А — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам скота абердин-ангусской породы в связи с уровнем достоверности ( $-\log_{10}(p)$ ) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия,  $p < 0,001$ ) и критерию Бонферрони (красная линия,  $p < 1,25 \times 10^{-6}$ ) для показателя цветового оттенка мяса a\*; Б — квантиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормального распределения для значений достоверности

**Fig. 3:** А — distribution of single nucleotide mutations on chromosomes of Aberdeen-Angus cattle in relation to the level of confidence ( $-\log_{10}(p)$ ) by probabilistic suggestion (blue line,  $p < 0.001$ ) and Bonferroni criterion (red line,  $p < 1.25 \times 10^{-6}$ ) for meat color hue index a\*; Б — quartile of probability distribution of expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values



<sup>2</sup> Whole genome association analysis toolset. PLINK 1.9. — URL: <https://zzz.bwh.harvard.edu/plink/>

<sup>3</sup> National Library of Medicine. ARS-UCD2.0. — URL: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCF\\_002263795.3/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCF_002263795.3/)

<sup>4</sup> DAVID Bioinformatics Resources. — URL: <https://david.ncifcrf.gov/>

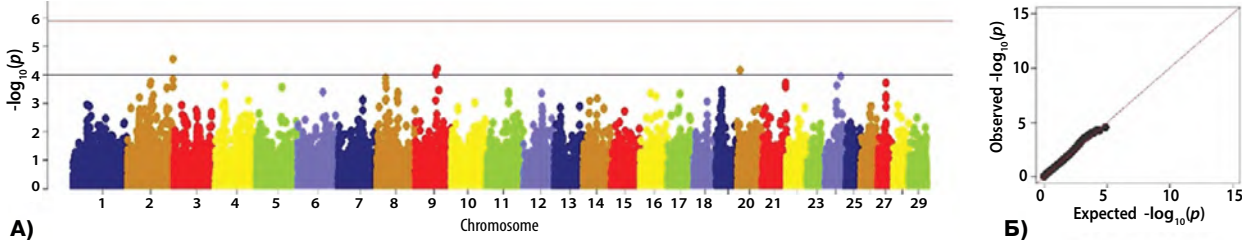
<sup>5</sup> Animal QTLdb. — URL: <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>

<sup>6</sup> Эксперименты проведены с соблюдением требований, изложенных в Директиве Европейского парламента и Совета Европейского союза 2010/63/ЕС от 22 сентября 2010 года о защите животных, использующихся для научных целей, и принципов обращения с животными согласно статье 4 ФЗ РФ № 498-ФЗ (Федеральный закон от 27.12.2018 № 498-ФЗ (ред. от 24.07.2023) «Об ответственном обращении с животными и о внесении изменений в отдельные законодательные акты Российской Федерации».



**Рис. 4: А** — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам скота абердин-ангусской породы в связи с уровнем достоверности ( $-\log_{10}(p)$ ) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия,  $p < 0,001$ ) и критерию Бонферрони (красная линия,  $p < 1,25 \times 10^{-6}$ ) для показателя цветового оттенка мяса  $b^*$ ; **Б** — квантиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормального распределения для значений достоверности

**Fig. 4: А** — distribution of single nucleotide mutations on chromosomes of Aberdeen-Angus cattle in relation to the level of confidence ( $-\log_{10}(p)$ ) by probabilistic suggestive value (blue line,  $p < 0.001$ ) and Bonferroni criterion (red line,  $p < 1.25 \times 10^{-6}$ ) for meat color hue index  $b^*$ ; **Б** — quartile of probability distribution of expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values



По желто-голубому оттенку ( $b^*$ , рис. 4) выявлено 66 SNP на 19 хромосомах из 29. Достоверность имеет диапазон от  $9,98 \times 10^{-4}$  (ARS-BFGL-NGS-97889) до  $9,35 \times 10^{-5}$  (BTB-00396331 и BTB-00396414).

По всем признакам цветовых характеристик мяса и жира выявлены 233 SNP, из которых 147 — по мясу, 86 — по жиру. Из данного количества однонуклеотидных полиморфизмов обнаружены 164 гена, где 102 — по мясу, 62 — по жиру, внутри которых находится SNP или сцепленных с ним ( $\pm 0,2$  Мб).

Структурная аннотация SNP (табл. 1) показала наличие 25 генов, ассоциированных с цветовыми характеристиками мяса абердин-ангусской породы крупного рогатого скота. Из них в 2 генах локализованы выявленные SNP — белок 2, родственный рецептору LRP (*LRP2*), и каннабиноидный рецептор 2 (*CNR2*) на 2-й хромосоме. Ген *LRP2* аннотирован у млекопитающих, в частности у человека. Так, в исследованиях Yuan Zhou и др. он выявлен с помощью полногеномного ассоциативного исследования и ассоциирован с риском рецидива рассеянного склероза [13]. Один из полиморфизмов гена *CNR2* влияет на массу тела и резистентность к инсулину у людей, склонных к ожирению и имеющих сахарный диабет [14]. Для подчеркивания важности взаимосвязи данных генов со спектральными значениями мяса обратимся к направлению нутригеномики.

Исследования нутригеномики были проведены на людях и мышах для изучения молекулярной основы таких заболеваний, как ожирение, сердечно-сосудистые заболевания и рак, чтобы понять их через взаимодействие между генами, отвечающих за питание [15]. Обычно модели грызунов используются в научных исследованиях для изучения влияния признаков на функцию генома [16]. Хотя подобные методы на сельскохозяйственных животных всё еще находятся в состоянии развития, исследования в области нутригеномики совершенствуются, особенно в мясной промышленности, поскольку мясные продукты напрямую влияют на здоровье человека. Нутригеномные исследования помогли лучше понять клеточные пути, которые таким образом влияют на профиль жирных кислот и мраморность мяса. Данная информация может принести пользу животноводческой отрасли, стимулируя ее производить вещества или химические соединения, которые могут модулировать экспрессию генов, что приводит к улучшению качества мяса [17].

Цвет подкожной жировой ткани зависит от возраста, пола и породы крупного рогатого скота. Наиболее важным внешним фактором является состав рациона, и его влияние зависит от продолжительности кормления. У крупного рогатого скота, кормом которого является зеленая масса, обычно жир туши более желтый, чем у животных, которые получают концентраты, что вызвано

**Таблица 1. Структурная аннотация значимых SNP по цветовым характеристикам мяса**

**Table 1. Structural annotation of significant SNPs for meat color characteristics**

№ хр.	Ген*	Протяженность	SNP	признак
2	<b>LRP2</b>	<b>26854365...27031117</b>	ARS-BFGL-NGS-39504	$a^*$
	ABCB11	27112431...27212722	ARS-BFGL-NGS-39504	$a^*$
	GRHL3	128563980...128599988	ARS-BFGL-NGS-45691	$L^*$
	<b>CNR2</b>	<b>129001537...129039179</b>	ARS-BFGL-NGS-91346	$L^*$
	MYOM3	128788356...128840347	ARS-BFGL-NGS-91346	$L^*$
	HMGCL	129091585...129109718	ARS-BFGL-NGS-91346	$L^*$
4	TWIST1	27817880...27819874	ARS-BFGL-NGS-65240	$b^*$
	CALD1	98449568...98681120	BTB-71813-no-rs	$b^*$
5	RBFOX2	73895772...74189001	BTB-00230297	$b^*$
10	ABHD4	22200345...22212614	Hapmap47763-BTA-87494	$L^*$
11	SDC1	78629631...78653584	ARS-BFGL-NGS-53147	$a^*$
17	FGF2	34801330...34860849	Hapmap51444-BTA-40815	$b^*$
	BBS12	34936424...34948933	Hapmap51444-BTA-40815	$b^*$
18	IL21	35063113...35070244	Hapmap51444-BTA-40815	$b^*$
	HSD17B2	8586361...8679831	ARS-BFGL-NGS-34817	$L^*$
19	MLYCD	10240307...10253200	ARS-BFGL-NGS-3671	$L^*$
21	ADAP2	18013982...18039921	ARS-BFGL-NGS-112779	$b^*$
22	CRIP2	69743955...69748969	ARS-BFGL-NGS-33371	$a^*$
	TLR9	48676670...48680933	ARS-BFGL-NGS-102498	$L^*$
24	ALAS1	48689689...48703919	ARS-BFGL-NGS-102498	$L^*$
	ACY1	48948307...48953175	ARS-BFGL-NGS-102498	$L^*$
26	GREB1L	34674856...34918909	Hapmap47666-BTA-57955	$a^*$
	IER3IP1	46854674...46871859	ARS-BFGL-NGS-101036	$a^*$
26	RBM20	31202078...31399463	ARS-BFGL-NGS-38183	$L^*$
	TCF7L2	33466304...33668681	ARS-BFGL-NGS-14	$L^*$

Примечание: жирным шрифтом выделены гены, внутри которых локализованы выявленные SNP.

содержанием каротиноидов в зеленом корме. Хотя во многих странах к желтому тушному жиру относятся негативно, данные свидетельствуют о том, что он связан с более здоровым профилем жирных кислот и содержанием антиоксидантов в говядине.

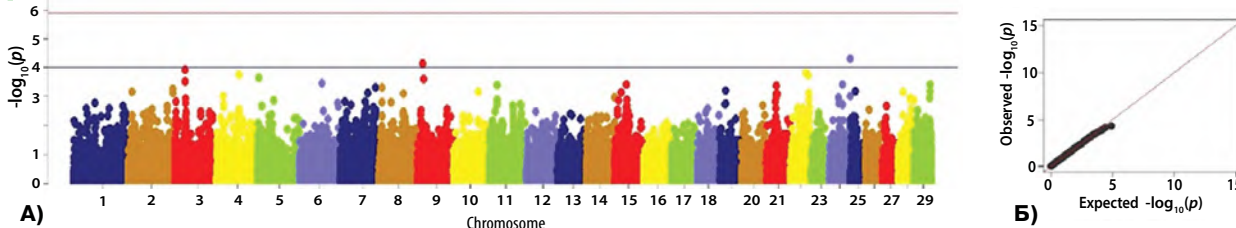
Проведенный полногеномный анализ по жиру спектра  $L^*$  (рис. 5) выявил 35 значимых SNP на хромосомах 2–11, 15, 19, 21, 22, 24, 25, 28 и 29. Наибольшее значение достоверности у SNP BTB-01576481, расположенного на 9-й хромосоме ( $p = 7,47 \times 10^{-5}$ ), наименьшее — у BTA-72397-no-rs и BTB-00168676, находящихся на 4-й хромосоме ( $p = 9.98 \times 10^{-4}$ ).

GWA-анализ по оттенку жира  $a^*$  (рис. 6) обнаружил 28 SNP на 15 хромосомах из 29 идентифицированных. SNP BTA-106005-no-rs на 22-й хромосоме имеет наибольшую достоверность ( $p = 6,52 \times 10^{-5}$ ), а SNP BTB-01786632 и ARS-BFGL-NGS-117317 — наименьшую при  $p = 9,70 \times 10^{-4}$ .

Полногеномный анализ цветового оттенка жира  $b^*$  (рис. 7) выявил 23 SNP на хромосомах 1, 2, 4, 6, 8–11,

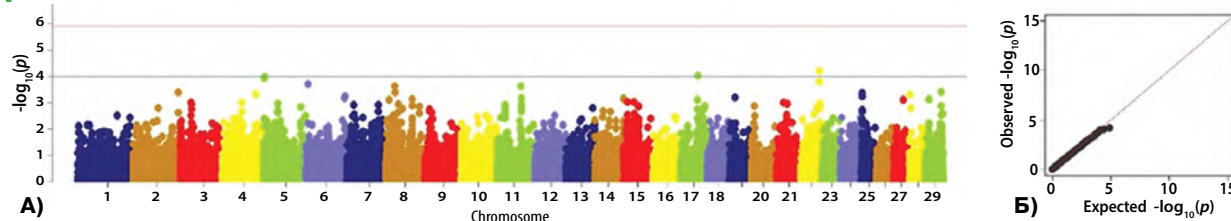
**Рис. 5: А** — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам скота абердин-ангусской породы в связи с уровнем достоверности ( $-\log_{10}(p)$ ) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия,  $p < 0,001$ ) и критерию Бонферрони (красная линия,  $p < 1,25 \times 10^{-6}$ ) для показателя цветового оттенка жира  $L^*$ ; **Б** — квантиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормально-го распределения для значений достоверности

**Fig. 5: А** — distribution of single nucleotide mutations on chromosomes of Aberdeen-Angus cattle in relation to the confidence level ( $-\log_{10}(p)$ ) according to the probability suggestion (blue line,  $p < 0.001$ ) and Bonferroni criterion (red line,  $p < 1.25 \times 10^{-6}$ ) for the fat color index  $L^*$ ; **Б** — quartile of the probability distribution of expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values



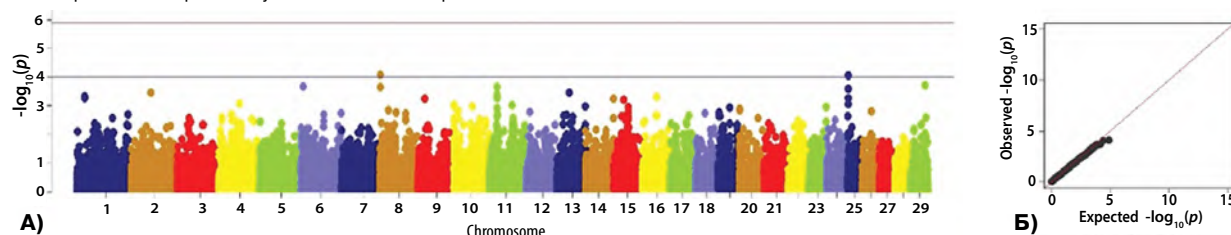
**Рис. 6: А** — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам скота абердин-ангусской породы в связи с уровнем достоверности ( $-\log_{10}(p)$ ) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия,  $p < 0,001$ ) и критерию Бонферрони (красная линия,  $p < 1,25 \times 10^{-6}$ ) для показателя цветового оттенка жира  $a^*$ ; **Б** — квантиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормально-го распределения для значений достоверности

**Fig. 6: А** — distribution of single nucleotide mutations on chromosomes of Aberdeen-Angus cattle in relation to the level of confidence ( $-\log_{10}(p)$ ) by probabilistic suggestive value (blue line,  $p < 0.001$ ) and Bonferroni criterion (red line,  $p < 1.25 \times 10^{-6}$ ) for the indicator of fat color shade  $a^*$ ; **Б** — quartile of probability distribution of expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values



**Рис. 7: А** — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам скота абердин-ангусской породы в связи с уровнем достоверности ( $-\log_{10}(p)$ ) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия,  $p < 0,001$ ) и критерию Бонферрони (красная линия,  $p < 1,25 \times 10^{-6}$ ) для показателя цветового оттенка жира  $b^*$ ; **Б** — квантиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормально-го распределения для значений достоверности

**Fig. 7: А** — distribution of single nucleotide mutations on chromosomes of Aberdeen-Angus cattle in relation to the confidence level ( $-\log_{10}(p)$ ) according to the probability summation (blue line,  $p < 0.001$ ) and Bonferroni criterion (red line,  $p < 1.25 \times 10^{-6}$ ) for the indicator of fat color shade  $b^*$ ; **Б** — quartile of the probability distribution of the expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values



13–16, 25 и 29. Наибольшее значение достоверности имеет SNP ВТВ-01757448 на 8-й хромосоме ( $p = 8,95 \times 10^{-5}$ ), наименьшее — SNP Нармар48671-BTA-17038, расположенный на 11-й хромосоме ( $p = 9.98 \times 10^{-4}$ ).

Структурная аннотация значимых SNP (табл. 2), ассоциированных с показателем цвета жировой ткани, показала наличие 26 генов, из них внутри 2 находятся однонуклеотидные полиморфизмы ген *SCIN*, расположенный на 4-й хромосоме, и ген *ANTXR1* — на 11-й. В полногеномных ассоциативных исследованиях Slim Ben-Jetaa и др., проведенных на популяции маремманского скота, идентифицированный ген *SCIN* участвует в нескольких биологических процессах (BP), связанных с актином — важным фактором сократительных свойств мышц, таких как укупоривание нитей (GO:0051693), их разрыв (GO:0051014), полимеризация или деполимеризация (GO:0008154) и реорганизация цитоскелета (GO:0031532) [18]. Актин является строительным блоком тонких нитей скелетных мышц и вместе с миозином может влиять на качество мяса после убоя [19].

Ген *ANTXR1* (рецептор 1 сибиреязвенного токсина) участвует во множестве, казалось бы, несвязанных между собой действий, включая реакцию хозяина на инфекцию *Bacillus anthracis*, регуляция отложения коллагена в тканях и работу в качестве рецептора сенекавируса А (SVA), также известный как вирус долины Сенека (SVV).

**Таблица 2. Структурная аннотация значимых SNP по цветовым характеристикам жира**

**Table 2. Structural annotation of significant SNPs on fat color characteristics**

№ хр.	Ген*	Протяженность	SNP	признак
4	<i>SCIN</i>	20624490...20702627	BTA-72397-no-rs	$L^*$
	<i>ARL4A</i>	20764648...20766198	BTA-72397-no-rs	$L^*$
	<i>BMPEP</i>	62664281...62917010	ARS-BFGL-NGS-86043	$b^*$
8	<i>ELP3</i>	10592046...10734681	Hapmap59136-ss46526301	$a^*$
	<i>EBF2</i>	73140595...73360337	BTB-00352963	$L^*$
	<i>RMI1</i>	77229773...77249516	ARS-BFGL-NGS-79809	$a^*$
11	<i>ANTXR1</i>	67359835...67618045	Hapmap48671-BTA-17038	$b^*$
	<i>BMP10</i>	67212386...67219103	Hapmap48671-BTA-17038	$b^*$
	<i>COPRS</i>	18255752...18260611	ARS-BFGL-NGS-19462	$L^*$
19	<i>CHRNA4</i>	30996280...31015137	UA-IFASA-8902	$L^*$
	<i>CHRNA3</i>	30977362...30991920	ARS-BFGL-NGS-24797	$L^*$
	<i>CHRNA5</i>	30945440...30973322	UA-IFASA-8902	$L^*$
21	<i>NRG4</i>	31219219...31337391	UA-IFASA-8902	$L^*$
	<i>CYP1A1</i>	33949148...33955228	ARS-BFGL-NGS-24846	$L^*$
	<i>CYP1A2</i>	33923109...33930076	ARS-BFGL-NGS-24846	$L^*$
24	<i>UBL7</i>	34210027...34223394	ARS-BFGL-NGS-24846	$L^*$
	<i>SEMA7A</i>	34234871...34258815	ARS-BFGL-NGS-24846	$L^*$
	<i>BCL2</i>	61396513...61589028	ARS-BFGL-BAC-36464	$L^*$
25	<i>AMDHD2</i>	2018233...2024929	ARS-BFGL-NGS-91926	$b^*$
	<i>NTN3</i>	1975804...1978415	Hapmap24932-BTC-015659	$b^*$
	<i>PDPK1</i>	2028629...2101813	ARS-BFGL-NGS-116067	$b^*$
29	<i>PRSS21</i>	2240109...2249064	ARS-BFGL-NGS-116067	$b^*$
	<i>THOC6</i>	2441340...2444370	ARS-BFGL-NGS-91926	$a^*$
	<i>TM7SF2</i>	43317941...43322617	ARS-BFGL-NGS-80659	$b^*$
29	<i>DPF2</i>	43538837...43551500	ARS-BFGL-NGS-80659	$b^*$
	<i>DHCR7</i>	48285095...48304736	ARS-BFGL-NGS-110729	$L^*$

*Примечание:* жирным шрифтом выделены гены, внутри которых локализованы выявленные SNP.

Более того, активация гена *ANTXR1* в опухолях делает SVA удобным терапевтическим методом для целенаправленного уничтожения раковых клеток. В исследовании Paula R. Chen и др. биологическую значимость гена *ANTXR1* как рецептора SVA оценивали путем заражения свиней, у которых была делеция и (или) вставка нуклеотидов в первом экзоне. Нокаутные по гену *ANTXR1* (KO) свиньи демонстрировали признаки, соответствующие редкому заболеванию человека — синдрому ГАПО (синдром множественных врожденных аномалий соединительной ткани). Фибробласты свиней дикого типа (WT) поддерживали репликацию SVA, тогда как фибробласты свиней KO устойчивы к инфекции [20].

В совокупности все функционально полученные гены (табл. 3) в программе DAVID можно разделить на следующие группы:

1. Функции нервной системы — развитие ЦНС (гены *GRHL3*, *SCIN*, *ELP3*, *THOC6*), развитие и процесс нервной системы (гены *RBFOX2*, *CHRNA3*, *CHRNA5*, *NRG4*, *SEMA7A*, *DPF2*).

2. Развитие органов, сосудов, суставов — развитие аорты (ген *LRP2*), развитие кровеносных сосудов, развитие зачатков мочеточника (ген *BMPER*), развитие кровеносных сосудов (ген *ANTXR1*), развитие почек и сердца (гены *BMP10*, *ADAP2*, *GREB1L*, *RBM20*), развитие легких, органов животных (гены *FGF2*, *CYP1A2*), развитие мышечных органов (ген *COPRS*), мозга (ген *IER3IP1*), кровеносных сосудов (ген *TCF7L2*).

3. Метаболические процессы и биосинтез — метаболический процесс жирных кислот, желчных кислот, транспорт желчных кислот, регуляция бета-окисления жирных кислот, гомеостаз холестерина (ген *ABCB11*), регуляция метаболического процесса (ген *CNR2*), катаболический процесс лейцина, процесс их обмена, процесс биосинтеза кетоновых тел (ген *HMGCL*), положительная регуляция бета-окисления жирных кислот (ген *TWIST1*), гомеостаз глюкозы (ген *RMI1*), процесс катаболизма липидов, липидный гомеостаз (ген *ABHD4*), процесс биосинтеза жирных кислот (ген *MLYCD*), метаболический процесс длинноцепочечных жирных кислот (*CYP1A1*), процесс биосинтеза гемоглобина (ген *ALAS1*), метаболический процесс углеводов (ген *AMDHD2*) и процесс биосинтеза холестерина (гены *TM7SF2*, *DHCR7*).

4. Клеточные процессы, мышцы, ткани и кости — дифференцировка бурых жировых клеток (гены *ARL4A*, *EBF2*), регуляция минерализации костей (ген *TWIST1*), развитие жировой ткани (ген *EBF2*), развитие поперечно-полосатых мышечных клеток (ген *SDC1*), положительная регуляция пролиферации клеток сердечной мышцы, дифференцировка эпителиальных клеток молочной железы (ген *FGF2*), сокращение гладких мышц (ген *CHRNA4*), связывание ионов металлов (ген *CRIP2*), развитие эритроцитов (ген *ALAS1*), клеточный процесс метаболизма аминокислот (ген *ACY1*), сокращение мышц (ген *NTN3*).

5. Иммуитет — иммунный ответ (ген *IL21*), врожденный иммунный ответ (гены *UBL7*, *TLR9*).

6. Репродуктивные свойства и эмбриональное развитие — репродуктивный процесс (ген *ABHD4*), внутриутробное эмбриональное развитие, развитие плаценты (ген *HSD17B2*), сперматогенез (ген *PRSS21*).

Один не вошел ни в одну из групп — ген *BBS12*, отвечающий за кормовое поведение животных. По исследованиям T. Chang и др., данный ген связан с выходом мяса, массой передней голяшки у китайского симментальского мясного скота [21].

Таблица 3. Функциональная аннотация генов-кандидатов по цветовым характеристикам мяса и жира в программе DAVID  
Table 3. Functional annotation of candidate genes for meat and fat color characteristics in the DAVID program

Ген	Функциональная аннотация
<i>LRP2</i>	развитие аорты
<i>ABCB11</i>	метаболический процесс жирных кислот, метаболический процесс желчных кислот, транспорт желчных кислот, регуляция бета-окисления жирных кислот, гомеостаз холестерина
<i>GRHL3</i>	развитие центральной нервной системы, развитие эпидермиса
<i>CNR2</i>	регуляция метаболического процесса
<i>MYOM3</i>	сокращение мышц
<i>HMGCL</i>	катаболический процесс лейцина, процесс обмена липидов, митохондриальная организация, процесс биосинтеза кетоновых тел
<i>SCIN</i>	развитие центральной нервной системы
<i>ARL4A</i>	дифференцировка бурых жировых клеток
<i>TWIST1</i>	регуляция минерализации костей, положительная регуляция бета-окисления жирных кислот
<i>BMPER</i>	развитие кровеносных сосудов, развитие зачатков мочеточника
<i>CALD1</i>	мышечное сокращение
<i>RBFOX2</i>	развитие нервной системы
<i>ELP3</i>	развитие центральной нервной системы
<i>EBF2</i>	дифференцировка бурых жировых клеток, развитие жировой ткани
<i>RMI1</i>	рост многоклеточного организма, гомеостаз глюкозы
<i>ABHD4</i>	процесс катаболизма липидов, липидный гомеостаз
<i>ANTXR1</i>	развитие кровеносных сосудов, репродуктивный процесс
<i>BMP10</i>	развитие почек, развитие сердца
<i>SDC1</i>	развитие поперечно-полосатых мышечных клеток
<i>FGF2</i>	морфогенез органов животных, развитие легких, развитие органов животных, положительная регуляция пролиферации клеток сердечной мышцы, дифференцировка эпителиальных клеток молочной железы
<i>BBS12</i>	кормовое поведение
<i>IL21</i>	иммунный ответ
<i>HSD17B2</i>	внутриутробное эмбриональное развитие, развитие плаценты
<i>MLYCD</i>	процесс биосинтеза жирных кислот
<i>ADAP2</i>	развитие сердца
<i>COPRS</i>	развитие мышечных органов
<i>CHRNA4</i>	сокращение гладких мышц, регуляция сокращения гладких мышц
<i>CHRNA3</i>	развитие нервной системы
<i>CHRNA5</i>	процесс нервной системы
<i>NRG4</i>	развитие нервной системы
<i>CYP1A1</i>	метаболический процесс длинноцепочечных жирных кислот
<i>CYP1A2</i>	развитие легких
<i>UBL7</i>	врожденный иммунный ответ
<i>SEMA7A</i>	развитие нервной системы
<i>CRIP2</i>	связывание ионов металлов
<i>TLR9</i>	врожденный иммунный ответ
<i>ALAS1</i>	процесс биосинтеза гемоглобина, развитие эритроцитов, реакция на желчную кислоту
<i>ACY1</i>	клеточный процесс метаболизма аминокислот
<i>GREB1L</i>	развитие почек, развитие сердечного желудочка
<i>IER3IP1</i>	развитие мозга
<i>BCL2</i>	процесс почечной системы
<i>AMDHD2</i>	метаболический процесс углеводов
<i>NTN3</i>	сокращение мышц
<i>PDPK1</i>	развитие клеток поджелудочной железы типа В
<i>PRSS21</i>	сперматогенез
<i>THOC6</i>	развитие центральной нервной системы
<i>RBM20</i>	развитие сердца
<i>TCF7L2</i>	развитие кровеносных сосудов
<i>TM7SF2</i>	процесс биосинтеза холестерина
<i>DPF2</i>	развитие нервной системы
<i>DHCR7</i>	процесс биосинтеза холестерина

Примечание: жирным шрифтом выделены гены, внутри которых локализованы выявленные SNP.



Интенсивное развитие молекулярно-генетических методов в последние четверть века открывает новые возможности в ускорении прогресса в селекции животных от определения отдельных генов, контролирующих единичные физиологические процессы, до локусов количественных признаков (QTL) — регионов в геноме, ответственных за наследование признаков, и однонуклеотидных замен или точечных мутаций (SNP), маркирующих комплекс продуктивных качеств животного [22], в связи с чем был проведен анализ выявленных генов по базе QTL крупного рогатого скота и свиней, после которого остались только 13 генов, ранее встречающихся в научных исследованиях (табл. 4). Так, ген *LRP2*, выявленный при GWA-анализе на телках голштинской породы, ассоциирован с числом осеменений до стельности [23] и экстерьерным признаком — бороздой вымени [24]. Ген *SCIN* (TNC) в популяции товарных гибридов второго поколения взаимосвязан с цветом мяса [25]. Интерес представляет ген *ANTXR1*, который ассоциирован с выходом (процентом) молочного жира в популяции молочного скота датской голштинской и джерсейской породы [26]. Остальные гены хоть и ассоциированы с цветовыми характеристиками мяса и жира крупного рогатого скота абердин-ангусской породы и имеют научное доказательство с другими признаками у животных, но не имеют конкретной точки замены SNP (внутри гена не найдена), в связи с чем для их практического применения необходимы дополнительные исследования.

### Выводы/Conclusions

Проведение генетического анализа цветовых характеристик мяса и жира говядины для выявления маркерной основы и точечной замены нуклеотида является интересной и практико-обоснованной задачей. В данном исследовании были взяты фактические данные, полученные при измерении спектров мяса и жира опытной популяции крупного рогатого скота абердин-ангусской породы. Полногеномное ассоциативное исследование и аннотация полученных SNP и сцепленных с ними регионов ( $\pm 0,2$  Мб) выявили наличие 25 генов по цветовым спектрам мяса и 26 — по жировой ткани. Из них 3 гена

Таблица 4. Функциональная аннотация генов-кандидатов по базе Animal QTL

Table 4. Functional annotation of candidate genes by Animal QTL database

№ хр.	Ген	Показатели количественных признаков согласно генной аннотации
2	<i>LRP2</i>	Фертильность (QTL:212457) Борозда вымени (QTL:28162)
	<i>GRHL3</i>	Пупочная грыжа (QTL:284953)
4	<i>SCIN</i>	Цвет мяса (QTL:17767)
10	<i>ABHD4</i>	Шпик на 10-м ребре (QTL:257711)
11	<i>ANTXR1</i>	Процент молочного жира (QTL:35040)
	<i>SDC1</i>	Длина корпуса (QTL:12996; QTL: 12995) Масса тела (QTL:12994)
17	<i>FGF2</i>	Соотношение кальция и фосфора (QTL:161345)
21	<i>CHRNA3</i>	Содержание гадолеиновой кислоты (QTL:193505)
	<i>NRG4</i>	Дни достижения 100 кг (QTL:262678; QTL: 262682)
	<i>CYP1A2</i>	Возраст полового созревания (QTL:220870)
24	<i>BCL2</i>	Цвет мяса (QTL:240048) Индекс массы тела (QTL:239853)
25	<i>NTN3</i>	Восприимчивость к вирусу лейкоза крупного рогатого скота (QTL:135886)
26	<i>TCF7L2</i>	Выход молочного жира (QTL:10199) Процент молочного белка (QTL:10196) Выход молочного белка (QTL:10197) Удой молока (QTL:10198) Индекс чистой прибыли (QTL:10200)

Примечание: жирным шрифтом выделены гены, внутри которых локализованы выявленные SNP.

представляют особый интерес в дальнейшем использовании — гены *LRP2*, *SCIN* и *ANTXR1*, так как в них находятся выявленные SNP, и они ассоциированы со значимыми показателями, а именно с фертильностью, цветом мяса и выходом молочного жира. В дальнейшем по данным генам необходимо провести оценку влияния их генотипов на хозяйственно полезные признаки и смоделировать тест-системы и (или) мультиплексные панели, а также провести массовый скрининг на разных популяциях крупного рогатого скота мясного и молочного направлений продуктивности.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

### ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследования проведены при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (регистрационный № FGGN-2022-0011 темы государственного задания).

### FUNDING

The research was carried out with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (registration No. FGGN-2022-0011 topics of the state assignment).

### БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Ramanathan R., Suman S.P., Faustman C. Biomolecular Interactions Governing Fresh Meat Color in Post-mortem Skeletal Muscle: A Review. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2020; 68(46): 12779–12787. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.9b08098>
2. Ramanathan R. et al. Economic Loss, Amount of Beef Discarded, Natural Resources Wastage, and Environmental Impact Due to Beef Discoloration. *Meat and Muscle Biology*. 2022; 6(1): 13218. <https://doi.org/10.22175/mmb.13218>
3. Hernández B., Sáenz C., Diñeiro J.M., Alberdi Odriozola C. CIELAB color paths during meat shelf life. *Meat Science*. 2019; 157: 107889. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2019.107889>
4. Girolami A., Napolitano F., Faraone D., Braghieri A. Measurement of meat color using a computer vision system. *Meat Science*. 2013; 93(1): 111–118. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.08.010>
5. Tomasevic I. et al. Evaluation of poultry meat colour using computer vision system and colourimeter: Is there a difference? *British Food Journal*. 2019; 121(5): 1078–1087. <https://doi.org/10.1108/BFJ-06-2018-0376>

### REFERENCES

1. Ramanathan R., Suman S.P., Faustman C. Biomolecular Interactions Governing Fresh Meat Color in Post-mortem Skeletal Muscle: A Review. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2020; 68(46): 12779–12787. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.9b08098>
2. Ramanathan R. et al. Economic Loss, Amount of Beef Discarded, Natural Resources Wastage, and Environmental Impact Due to Beef Discoloration. *Meat and Muscle Biology*. 2022; 6(1): 13218. <https://doi.org/10.22175/mmb.13218>
3. Hernández B., Sáenz C., Diñeiro J.M., Alberdi Odriozola C. CIELAB color paths during meat shelf life. *Meat Science*. 2019; 157: 107889. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2019.107889>
4. Girolami A., Napolitano F., Faraone D., Braghieri A. Measurement of meat color using a computer vision system. *Meat Science*. 2013; 93(1): 111–118. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.08.010>
5. Tomasevic I. et al. Evaluation of poultry meat colour using computer vision system and colourimeter: Is there a difference? *British Food Journal*. 2019; 121(5): 1078–1087. <https://doi.org/10.1108/BFJ-06-2018-0376>

6. Trinderup C.H., Kim Y.H.B. Fresh meat color evaluation using a structured light imaging system. *Food Research International*. 2015; 71: 100–107. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2015.02.013>
7. Gagaoua M., Picard B., Monteils V. Associations among animal, carcass, muscle characteristics, and fresh meat color traits in Charolais cattle. *Meat Science*. 2018; 140: 145–156. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.03.004>
8. Белоус А.А., Сермягин А.А., Зиновьева Н.А. Цветовая характеристика мяса товарных гибридов: первые результаты. *Труды Кубанского государственного аграрного университета*. 2020; 86: 140–145. <https://doi.org/10.21515/1999-1703-86-140-145>
9. Отраднов П.И., Бардуков Н.В., Никипелов В.И., Никипелова А.К., Белоус А.А., Зиновьева Н.В. Применение морфометрических признаков для прогнозирования цветных характеристик мяса сибирского осетра ленокской популяции, разводимого в условиях установки замкнутого водоснабжения. *Международный научно-исследовательский журнал*. 2023; 11. <https://doi.org/10.23670/IRJ.2023.137.63>
10. Лисицын А.Б., Козырев И.В. Исследование цветных характеристик мышечной и жировой ткани и мраморности говядины. *Теория и практика переработки мяса*. 2016; 1(4): 51–56. <https://doi.org/10.21323/2414-438X-2016-1-4-51-56>
11. Ветох А.Н., Джагаев А.Ю., Белоус А.А., Волкова Н.А., Зиновьева Н.А. Полногеномные ассоциативные исследования качества мяса по показателям цвета грудки у кур (*Gallus gallus* L.). *Сельскохозяйственная биология*. 2023; 58(6): 1068–1078. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2023.6.1068rus>
12. Сермягин А.А., Боголюбова Н.В., Белоус А.А., Петрякова Г.К., Елаткин Н.П., Зиновьева Н.А. Показатели мясной продуктивности, эффективности использования корма и химического состава мяса бычков абердин-ангусской породы. *Аграрная наука*. 2023; 12: 67–73. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-377-12-67-73>
13. Zhou Y. *et al.* Genetic variation in the gene *LRP2* increases relapse risk in multiple sclerosis. *Journal of Neurology, Neurosurgery and Psychiatry*. 2017; 88(10): 864–868. <https://doi.org/10.1136/jnnp-2017-315971>
14. de Luis D.A., Izaola O., Primo D., de la Fuente B., Aller R. El polimorfismo rs3123554 en el gen receptor canabinoide tipo 2 (*CNR2*) se relaciona con el peso corporal y la resistencia a la insulina en obesos. *Endocrinología, Diabetes y Nutrición*. 2017; 64(8): 440–445. <https://doi.org/10.1016/j.endinu.2017.06.001>
15. Ahluwalia M.K. Nutrigenetics and nutrigenomics — A personalized approach to nutrition. *Advances in Genetics*. 2021; 108: 277–340. <https://doi.org/10.1016/bs.adgen.2021.08.005>
16. Chmurzynska A., Młodzik M.A., Radziejewska A., Szwengiel A., Malinowska A.M., Nowacka-Woszuik J. Caloric restriction can affect one-carbon metabolism during pregnancy in the rat: A transgenerational model. *Biochimie*. 2018; 152: 181–187. <https://doi.org/10.1016/j.biochi.2018.07.007>
17. Aiken C.E., Ozanne S.E. Transgenerational developmental programming. *Human Reproduction Update*. 2014; 20(1): 63–75. <https://doi.org/10.1093/humupd/dmt043>
18. Ben-Jemaa S. *et al.* Genome-Wide Analysis Reveals Selection Signatures Involved in Meat Traits and Local Adaptation in Semi-Feral Maremma Cattle. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 675569. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.675569>
19. Lonergan E.H., Zhang W., Lonergan S.M. Biochemistry of postmortem muscle — Lessons on mechanisms of meat tenderization. *Meat Science*. 2010; 86(1): 184–195. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.05.004>
20. Chen P.R. *et al.* Disruption of anthrax toxin receptor 1 in pigs leads to a rare disease phenotype and protection from senecavirus A infection. *Scientific Reports*. 2022; 12: 5009. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-09123-x>
21. Chang T. *et al.* A rapid and efficient linear mixed model approach using the score test and its application to GWAS. *Livestock Science*. 2019; 220: 37–45. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.12.012>
22. Белоус А.А., Сермягин А.А., Зиновьева Н.А. Система оценки мясного скота по показателям эффективности использования корма и энергии роста на основе применения цифровых и геномных технологий (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2022; 57(6): 1055–1070. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2022.6.1055rus>
23. Galliou J.M. *et al.* Identification of Loci and Pathways Associated with Heifer Conception Rate in U.S. Holsteins. *Genes*. 2020; 11(7): 767. <https://doi.org/10.3390/genes11070767>
24. Wu X. *et al.* Genome wide association studies for body conformation traits in the Chinese Holstein cattle population. *BMC Genomics*. 2013; 14: 897. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-897>
25. Kayan A. *et al.* Polymorphism and expression of the porcine Tenascin C gene associated with meat and carcass quality. *Meat Science*. 2011; 89(1): 76–83. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2011.04.001>
26. Buitenhuis B., Janss L.L.G., Poulsen N.A., Larsen L.B., Larsen M.K., Sørensen P. Genome-wide association and biological pathway analysis for milk-fat composition in Danish Holstein and Danish Jersey cattle. *BMC Genomics*. 2014; 15: 1112. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-1112>
6. Trinderup C.H., Kim Y.H.B. Fresh meat color evaluation using a structured light imaging system. *Food Research International*. 2015; 71: 100–107. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2015.02.013>
7. Gagaoua M., Picard B., Monteils V. Associations among animal, carcass, muscle characteristics, and fresh meat color traits in Charolais cattle. *Meat Science*. 2018; 140: 145–156. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.03.004>
8. Belous A.A., Sermyagin A.A., Zinovieva N.A. Color characteristics of commercial hybrids' meat: the first results. *Proceedings of the Kuban State Agrarian University*. 2020; 86: 140–145 (in Russian). <https://doi.org/10.21515/1999-1703-86-140-145>
9. Otradnov P.I., Bardukov N.V., Nikipelov V.I., Nikipelova A.K., Belous A.A., Zinovieva N.A. Application of morphometric traits to predict colour characteristics of meat of Siberian sturgeon of the Lena population, bred under conditions of a closed water supply system. *International Research Journal*. 2023; 11 (in Russian). <https://doi.org/10.23670/IRJ.2023.137.63>
10. Lisitsyn A.B., Kozhyrev I.V. Researching of meat and fat colour and marbling in beef. *Theory and practice of meat processing*. 2016; 1(4): 51–56. <https://doi.org/10.21323/2414-438X-2016-1-4-51-56>
11. Vetokh A.N., Dzhaev A.Yu., Belous A.A., Volkova N.A., Zinovieva N.A. Genome-wide association studies of chicken (*Gallus gallus* L.) breast meat color characteristics. *Agricultural Biology*. 2023; 58(6): 1068–1078. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2023.6.1068eng>
12. Sermyagin A.A., Bogolyubova N.V., Belous A.A., Petryakova G.K., Yelatkin N.P., Zinovieva N.A. Meat production, feed efficiency and chemical composition traits of meat for Aberdeen Angus steers bulls. *Agrarian science*. 2023; 12: 67–73 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-377-12-67-73>
13. Zhou Y. *et al.* Genetic variation in the gene *LRP2* increases relapse risk in multiple sclerosis. *Journal of Neurology, Neurosurgery and Psychiatry*. 2017; 88(10): 864–868. <https://doi.org/10.1136/jnnp-2017-315971>
14. de Luis D.A., Izaola O., Primo D., de la Fuente B., Aller R. Polymorphism rs3123554 in the cannabinoid receptor gene type 2 (*CNR2*) reveals effects on body weight and insulin resistance in obese subjects. *Endocrinología, Diabetes y Nutrición*. 2017; 64(8): 440–445. <https://doi.org/10.1016/j.endien.2017.06.002>
15. Ahluwalia M.K. Nutrigenetics and nutrigenomics — A personalized approach to nutrition. *Advances in Genetics*. 2021; 108: 277–340. <https://doi.org/10.1016/bs.adgen.2021.08.005>
16. Chmurzynska A., Młodzik M.A., Radziejewska A., Szwengiel A., Malinowska A.M., Nowacka-Woszuik J. Caloric restriction can affect one-carbon metabolism during pregnancy in the rat: A transgenerational model. *Biochimie*. 2018; 152: 181–187. <https://doi.org/10.1016/j.biochi.2018.07.007>
17. Aiken C.E., Ozanne S.E. Transgenerational developmental programming. *Human Reproduction Update*. 2014; 20(1): 63–75. <https://doi.org/10.1093/humupd/dmt043>
18. Ben-Jemaa S. *et al.* Genome-Wide Analysis Reveals Selection Signatures Involved in Meat Traits and Local Adaptation in Semi-Feral Maremma Cattle. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 675569. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.675569>
19. Lonergan E.H., Zhang W., Lonergan S.M. Biochemistry of postmortem muscle — Lessons on mechanisms of meat tenderization. *Meat Science*. 2010; 86(1): 184–195. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.05.004>
20. Chen P.R. *et al.* Disruption of anthrax toxin receptor 1 in pigs leads to a rare disease phenotype and protection from senecavirus A infection. *Scientific Reports*. 2022; 12: 5009. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-09123-x>
21. Chang T. *et al.* A rapid and efficient linear mixed model approach using the score test and its application to GWAS. *Livestock Science*. 2019; 220: 37–45. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.12.012>
22. Belous A.A., Sermyagin A.A., Zinovieva N.A. Beef cattle evaluation by feeding efficiency and growth energy indicators based on bioinformatic and genomic technologies (review). *Agricultural Biology*. 2022; 57(6): 1055–1070. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2022.6.1055eng>
23. Galliou J.M. *et al.* Identification of Loci and Pathways Associated with Heifer Conception Rate in U.S. Holsteins. *Genes*. 2020; 11(7): 767. <https://doi.org/10.3390/genes11070767>
24. Wu X. *et al.* Genome wide association studies for body conformation traits in the Chinese Holstein cattle population. *BMC Genomics*. 2013; 14: 897. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-897>
25. Kayan A. *et al.* Polymorphism and expression of the porcine Tenascin C gene associated with meat and carcass quality. *Meat Science*. 2011; 89(1): 76–83. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2011.04.001>
26. Buitenhuis B., Janss L.L.G., Poulsen N.A., Larsen L.B., Larsen M.K., Sørensen P. Genome-wide association and biological pathway analysis for milk-fat composition in Danish Holstein and Danish Jersey cattle. *BMC Genomics*. 2014; 15: 1112. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-1112>



## ОБ АВТОРАХ

### Анна Александровна Белоус<sup>1</sup>

кандидат биологических наук, доцент  
belousa663@gmail.com  
<https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>

### Александр Александрович Сермягин<sup>1</sup>

кандидат сельскохозяйственных наук, заведующий отделом  
популяционной генетики и генетических основ разведения  
животных  
alex\_sermyagin85@mail.ru  
<https://orcid.org/0000-0002-1799-6014>

### Николай Павлович Елаткин<sup>2</sup>

кандидат биологических наук, генеральный директор  
n.elatkin@agrohold.ru

### Наталья Анатольевна Зиновьева<sup>1</sup>

доктор биологических наук, академик Российской академии наук,  
профессор, директор  
priemnaya-vij@mail.ru  
[orcid.org/0000-0003-4017-6863](https://orcid.org/0000-0003-4017-6863)

<sup>1</sup> Федеральный исследовательский центр животноводства —  
ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,  
пос. Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл., 142132,  
Россия

<sup>2</sup> ООО «Мираторг-Генетика»,  
ул. Нобеля, 5, эт. 2, пом. 7, раб. 3, территория инновационного  
центра Сколково, Москва, 121205, Россия

## ABOUT THE AUTHORS

### Anna Alexandrovna Belous<sup>1</sup>

Candidate of Biological Sciences, Docent  
belousa663@gmail.com  
<https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>

### Alexander Alexandrovich Sermyagin<sup>1</sup>

Candidate of Agricultural Sciences, Head  
of the Department of Population Genetics  
and Genetic Basis of Animal Breeding  
alex\_sermyagin85@mail.ru  
<https://orcid.org/0000-0002-1799-6014>

### Nikolay Pavlovich Elatkin<sup>2</sup>

Candidate of Biological Sciences, General Manager  
n.elatkin@agrohold.ru

### Nataliya Anatolyevna Zinovieva<sup>1</sup>

Doctor of Biological Sciences, Russian Academy of Sciences  
Academy Member, Professor, Director  
priemnaya-vij@mail.ru  
[orcid.org/0000-0003-4017-6863](https://orcid.org/0000-0003-4017-6863)

<sup>1</sup> L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,  
60 Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, 142132,  
Russia

<sup>2</sup> LLC "Miratorg-Genetika",  
5 Nobel Street, 2 floor, 7 room, 3 room, territory of the Skolkovo  
Innovation Center, Moscow, 121205, Russia

С 25 по 26 июня

# III Международный ветеринарный форум по свиноводству

## ОРГАНИЗАТОРЫ:



Национальный  
союз  
свиноводов



Международная  
промышленная  
академия

Форум пройдет на площадке Международной промышленной академии. К участию в мероприятии приглашаются ветеринарные и зооинженерные специалисты агропромышленных и свиноводческих комплексов, холдингов и компаний, комбикормовых предприятий, федеральных и региональных органов управления АПК, отечественных и зарубежных фирм-производителей и поставщиков ветеринарных препаратов, отраслевых СМИ, ученые НИИ и вузов (университетов).

## ВОПРОСЫ ДЛЯ ОБСУЖДЕНИЯ НА ФОРУМЕ:

- состояние и приоритетные направления развития отечественного свиноводства в России;
- влияние боевых действий на работу промышленных свиноводческих предприятий в приграничных районах, влияние на производство, переработку, поставки свинины на экспорт, в том числе в Китай;
- ветеринарная безопасность в промышленном свиноводстве по наиболее экономически значимым вирусным болезням свиней, репродуктивно-респираторный синдром свиней; обеспечение промышленных свиноводческих предприятий вакцинами для свиней: объемы, ассортимент, ожидаемая эффективность доступных препаратов; планы компаний по обеспечению рынка РФ;
- ситуация с кормами в текущий период — проекты импортозамещения; специфика кормления в свиноводстве; микозы и основные кормовые микотоксикозы свиней; методы и приборы контроля качества, а также безопасности сырья и кормов;
- реализация высокого отечественного генетического потенциала свиней;
- управленческие решения и нормативно-правовое регулирование в рамках борьбы с основными болезнями свиней в современных реалиях; система ветеринарного надзора в РФ; обращение лекарственных средств для ветеринарного применения.

## СПРАВКИ И ЗАЯВКИ

### МПА:

Заведующая кафедрой отраслей животноводства  
и комбикормового производства профессор  
**Щербакова Ольга Евгеньевна**  
Тел/факс 8 (495) 959-71-06  
scherbakova@grainfood.ru

Доцент кафедры отраслей животноводства  
и комбикормового производства  
**Агеева Ксения Михайловна**  
Тел/факс 8 (499) 235-48-27  
a8905777955@yandex.ru

Декан  
**Карцева Ольга Павловна**  
Тел/факс 8 (499) 235-95-79  
dekanat@grainfood.ru

### НСС:

Главный эксперт по развитию отрасли  
**Аксанья Григорий Степанович**  
Тел. 8 (495) 690-53-17,  
моб. 8 (929) 901-89-49  
next@nssrf.ru

В рамках форума пройдут выставка отечественных и зарубежных фирм-производителей и поставщиков оборудования для свиноводства и ветеринарных препаратов, отраслевой научно-производственной и нормативно-технической литературы, техническая экскурсия, деловые встречи и переговоры.

Проведение форума  
предусмотрено  
в комбинированном режиме —  
офлайн (личное участие)  
и онлайн (видеотрансляция).

