

УДК 636.3:576:591.8

Научная статья



DOI: 10.32634/0869-8155-2024-386-9-71-76

Е.А. Требунских¹А.А. Белоус² ✉П.И. Отраднов²А.Ф. Контэ²А.А. Решетникова²В.В. Волкова²Н.А. Зиновьева²

¹ООО Селекционно-гибридный центр «Топ Ген», пос. Вишневка, Воронежская обл., Россия

²Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, г. о. Подольск, Московская обл., Россия

✉ belousa663@gmail.com

Поступила в редакцию: 19.03.2024

Одобрена после рецензирования: 12.08.2024

Принята к публикации: 28.08.2024

© Требунских Е.А., Белоус А.А., Отраднов П.И., Контэ А.Ф., Решетникова А.А., Волкова В.В., Зиновьева Н.А.

Research article



DOI: 10.32634/0869-8155-2024-386-9-71-76

Elena A. Trebunskih¹Anna A. Belous² ✉Petr I. Otradnov²Alexander F. Conte²Anastasia A. Reshetnikova²Valeria V. Volkova²Natalia A. Zinovieva²

¹LLC Breeding and Hybrid Center «Top Gene», Verkhnyaya Khava, Voronezh region, Russia

²L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, Russia

✉ belousa663@gmail.com

Received by the editorial office: 19.03.2024

Accepted in revised: 12.08.2024

Accepted for publication: 28.08.2024

© Trebunskih E.A., Belous A.A., Otradnov P.I., Conte A.F., Reshetnikova A.A., Volkova V.V., Zinovieva N.A.

Генетическая архитектура мясных показателей свиноматок крупной белой породы

РЕЗЮМЕ

В настоящее время полногеномный анализ ассоциаций является современным и достоверным методом анализа геномной информации о животных, а также определения взаимосвязи «генотип — фенотип». Данное исследование направлено на использование метода GWAS для выявления значимых SNP, находящихся внутри или сцепленных с генами по мясным показателям свиней крупной белой породы — толщине шпика над 6–7-м и 10–12-м позвонками, глубине «мышечного глазка». Проведенный GWA-анализ показал наличие 60 генов, из которых 17 имеют связь с биологическим функционалом, аннотация которых проведена в программе DAVID. Были обнаружены три гена, имеющие кодификацию в базе Pig QTL. Гены были разделены на 10 групп на основании генной онтологии (GO). Из всех генов наибольший интерес представляет ген *AUTS2*, расположенный на 3-й хромосоме и прогнозирующий количество желтых тел у свиноматок. Результаты данной научной работы будут способствовать разработке системы генетической оценки и улучшению мясных качеств свиней.

Ключевые слова: GWAS, мясные показатели, структурная аннотация генов, функциональная аннотация генов, QTL база, свиноматки крупной белой породы

Для цитирования: Требунских Е.А., Белоус А.А., Отраднов П.И., Контэ А.Ф., Решетникова А.А., Волкова В.В., Зиновьева Н.А. Генетическая архитектура мясных показателей свиноматок крупной белой породы. *Аграрная наука*. 2024; 386(9): 71–76. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-386-9-71-76>

Genetic architecture of meat traits in Large White sows

ABSTRACT

Currently, genome-wide association analysis is a modern and reliable method for analyzing genomic information about animals, as well as determining the “genotype — phenotype” relationship. This study aims to use the GWAS method to identify significant SNPs located within or linked to genes for meat traits in Large White pigs — backfat thickness over the 6–7th and 10–12th vertebrae, and loin muscle depth. The conducted GWA analysis revealed 60 genes, of which 17 are associated with biological functionality, annotated using the DAVID program. Three genes were found to have codification in the Pig QTL database. The genes were divided into 10 groups based on gene ontology (GO). Of all the genes, the *AUTS2* gene, located on chromosome 3 and predicting the number of corpora lutea in sows, is of greatest interest. The results of this scientific work will contribute to the development of a genetic evaluation system and improvement of meat qualities in pigs.

Key words: GWAS, meat characteristics, structural annotation of genes, functional annotation of genes, QTL database, large white sows

For citation: Trebunskih E.A., Belous A.A., Otradnov P.I., Conte A.F., Reshetnikova A.A., Volkova V.V., Zinovieva N.A. Genetic architecture of meat traits in Large White sows. *Agrarian science*. 2024; 386(9): 71–76 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-386-9-71-76>

Введение/Introduction

Порода свиней крупная белая занимает видное место в свиноводстве благодаря своим благоприятным качествам, таким как эффективная конверсия корма, быстрый рост, высокая убойная ценность, значительная доля постного мяса. Эти характеристики сделали его предпочтительным выбором для разведения и производства мяса. Селективное разведение с течением времени привело к значительному улучшению генетических характеристик, особенно с точки зрения быстрого роста и повышения худобы. Следовательно, свинья крупной белой породы за последние десятилетия завоевала значительную долю рынка в свиноводческой отрасли [1].

Возраст достижения живой массы в 100 кг (AGE100) является умеренно наследуемым признаком (коэффициент наследуемости варьирует в пределах от 0,3 до 0,5) и служит генетическим индикатором для оценки скорости роста [2]. Толщина шпика при массе 100 кг (BF100) является ключевым показателем для оценки содержания постного мяса у свиней [3], поскольку существует сильная отрицательная генетическая корреляция между толщиной шпика и содержанием постного мяса [4]. Признаки AGE100 и BF100 имеют важное экономическое значение для свиней крупной белой породы, следовательно, более глубокое понимание генетической архитектуры, лежащей в основе скорости роста и особенностей отложения жира, может способствовать прогрессу в разведении свиней и генетическом улучшении.

Полногеномный ассоциативный анализ (GWAS) — это комплексный подход, который исследует генетические вариации, в частности однонуклеотидные полиморфизмы (SNP), по всему геному для выявления вариантов, потенциально связанных с конкретными признаками. В животноводстве GWAS служит ценным инструментом для определения экономически важных признаков,

таких как рост, туша [5–7], воспроизводство [8, 9], иммунитет [10, 11] и качество мяса [12, 13], среди других изученных генов-кандидатов. Хотя GWAS обычно используется для идентификации генетических маркеров, связанных со сложными признаками у домашнего скота, он имеет некоторые ограничения, такие как низкая воспроизводимость [14] и высокая частота ложноположительных результатов [15].

Цель исследования — использовать метод GWAS для выявления генов, ассоциированных с мясными качествами свиноматок крупной белой породы, включая следующие признаки: толщину шпика над 6–7-м ребром, толщину шпика над 10–12-м грудными позвонками и глубину «мышечного глазка».

Результаты данной работы будут способствовать разработке тест-систем по полученным генам для улучшения отбора свиней по мясным качествам.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Материалом исследования являлись данные первичного учета с программы Herdsman (S&S Programming, США)¹ мясных признаков свиноматок крупной белой породы 2021–2022 гг. рождения в количестве 500 голов, находящихся в ООО СГЦ «Топ Ген».

Исследования проводились в 2023–2024 гг.

В статье встречаются сокращения: BF1 — толщина шпика над 6–7-м ребром; BF2 — толщина шпика над 10–12-м грудным позвонком; D — глубина «мышечного глазка».

Описательные статистические параметры выборки представлены в таблице 1.

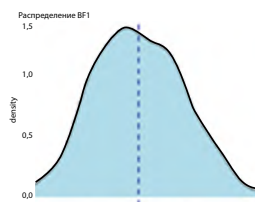
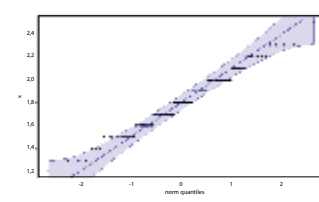
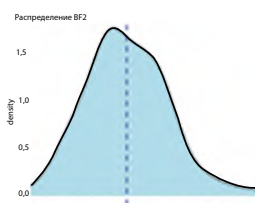
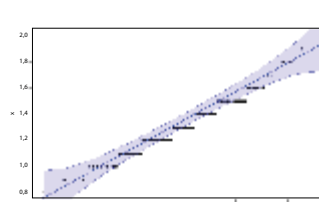
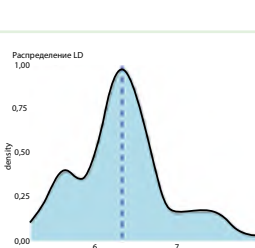
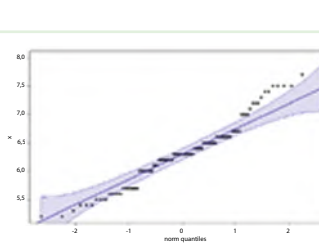
Наблюдаемые параметры вариации демонстрируют, что наименьшим фенотипическим разнообразием характеризовалась глубина мышечного глазка ($C_v = 8,74\%$),

признаки толщины шпика варьировали примерно на одном уровне ($C_v = 14,03–16,57\%$). Картины распределения свидетельствуют о том, что частоты встречаемости значений исследованных признаков в основном соответствовали доверительному интервалу нормального распределения.

Работа была выполнена в лаборатории генетических технологий в агро- и аквахозяйстве Федерального центра Всероссийского института животноводства им. академика Л.К. Эрнста с использованием оборудования Центра коллективного пользования научным оборудованием «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

В исследованиях были использованы образцы

Таблица 1. Описательная характеристика исследованных признаков в выборке
Table 1. Descriptive characteristics of the traits studied in the sample

Признак	Параметр			Картина распределения	Картина соответствия распределения нормальному
	M ± m	Min–Max	C_v , %		
BF1, мм	1,80 ± 0,02	1,20–2,50	14,03		
BF2, мм	1,31 ± 0,02	0,80–2,00	16,57		
LD, мм	6,31 ± 0,05	5,20–8,00	8,74		

¹ <http://www.herdsman.com/>

(фрагмент уха свиноматки, $n = 500$) из коллекции ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Выделение ДНК проводили с помощью наборов для выделения геномной ДНК серии «ДНК-Экстрем» (ЗАО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом фирмы-производителя.

Концентрацию двухцепочечной ДНК определяли с помощью флуориметра Qubit 2.0 (Invitrogen/Life Technologies, США).

Для определения качества ДНК измеряли соотношение OD260/OD280 (спектрофотометр NanoDrop8000, ThermoFisher Scientific, США). Для анализа использовали ДНК с OD260/OD280 = 1,6–1,8.

Кроме того, качество ДНК оценивали посредством гель-электрофореза в 1%-ном агарозном геле. Полногеномное генотипирование проводили с использованием высокоплотных ДНК-чипов PorcineHD Genotyping BeadChip (платформа GeneSeek Genomic Profiler, Neogene, США), содержащим 66 763 SNP.

Анализ полногеномных ассоциаций осуществлялся с помощью программного обеспечения Plink 1.90 (Shaun Purcell, Broad Institute of Harvard & MIT, США) с учётом популяционной стратификации. Контроль качества и фильтрацию данных генотипирования для каждого SNP и каждого образца выполняли, применяя фильтры: Call-rate — по всем исследуемым SNP для индивидуального образца не ниже 90% (-mind 0,10); Call-rate — для каждого из исследованных SNP по всем генотипированным образцам не ниже 90% (-geno 0,10); частота встречаемости минорных аллелей (MAF) $\geq 0,05$; отклонение генотипов по SNP от распределения по Харди — Вайнбергу в совокупности протестированных образцов $\leq 0,001$ (-hwe 1e-3).

Для поиска генов-кандидатов, локализованных в области идентифицированных SNP, использовали геномный ресурс Sscrofa11.1² базы данных NCBI.

Функциональные аннотации и выявление анализа обогащения генов выполняли с привлечением базы данных DAVID³ и базы данных Animal QTL⁴.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Крупная белая порода свиней является одной из старейших пород (Англия, XIX в.), основные ценности которой — многоплодие (как известно, от одной свиноматки можно получить от 14 поросят), молочность, выражающаяся в скорости роста подсосного молодняка.

По значениям мясности данная порода имеет следующие характеристики: убойный выход — 82%, выход мяса — 63%. Толщина шпика над 6–7-м грудным позвонком в среднем по породе достигает 18,8 мм, площадь «мышечного глазка» — 26,3 см². Мясо свиней характеризуется как «мраморное» — сочное, нежное, с тонкими прослойками жира.

Для отбора животных в раннем возрасте по мясным качествам необходимо

иметь представление о генах, отвечающих за данные признаки [4], в связи с чем метод GWA-анализа, представленный в статье, является наилучшим на сегодняшний день в вопросе обнаружения генов, прогнозируемо взаимосвязанных с количественными параметрами, а именно признаками мясной продуктивности у свиноматок крупной белой породы.

Для визуализации плотности SNP по хромосомам в среде разработки RStudio был использован пакет GWAS rMVP языка R (рис. 1).

Выявление обусловленности проявления признака аллельным вариантом гена-кандидата необходимо для создания систем улучшения селекционного отбора по геномной селекции у чистопородных особей. После фильтрации данных осталось 51 454 SNP.

Полногеномный анализ по признаку «толщина шпика над 6–7-м ребром (BF1)» показал наличие 37 однонуклеотидных полиморфизмов, ассоциация которых с изменчивостью признака соответствовала высокому порогу достоверности, расположенных на 10 из 18 хромосом: 1-й, 3-й, 7-й, 8-й, 10-й, 11-й, 13–15-й и 17-й (рис. 2).

Наиболее достоверный уровень ассоциации был выявлен для SNP WU_10.2_1_16021339 при $p = 5,36 \times 10^{-6}$.

Рис. 1. График плотности SNP по мясным признакам свиноматок крупной белой породы. Автор рисунка А.А. Белоус

Fig. 1. Graph of SNP density by meat characteristics of large white breed sows. The author of the drawing is A.A. Belous

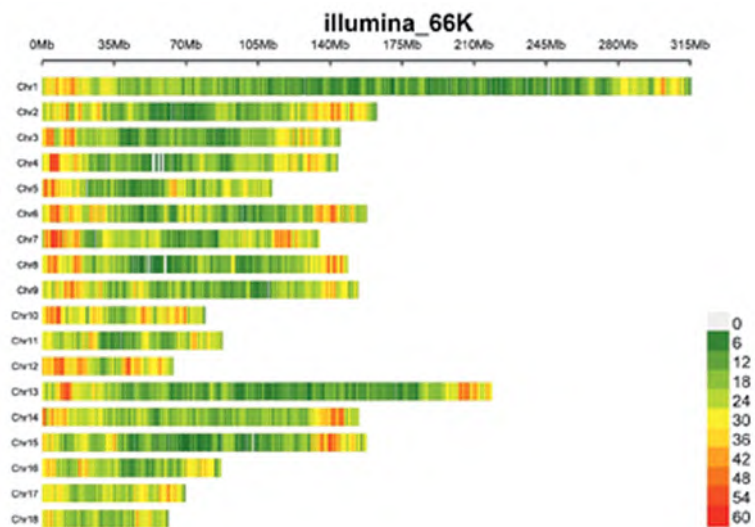
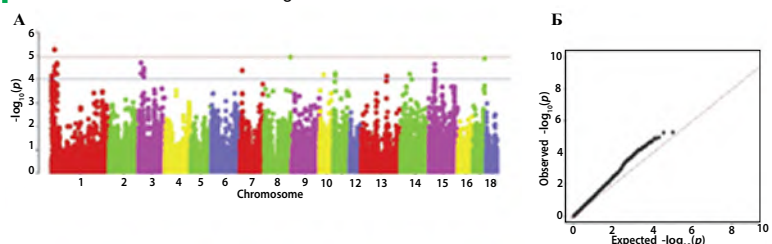


Рис. 2: А — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам свиней крупной белой породы в связи с уровнем достоверности ($-\log_{10}(p)$) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия, $p < 0,001$) и критерию Бонферрони (красная линия, $p < 9,72 \times 10^{-5}$) для показателя «толщина шпика над 6–7-м ребром»; Б — квантиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормального распределения для значений достоверности. Автор рисунка А.А. Белоус

Fig. 2: А — the distribution of single-nucleotide mutations on the chromosomes of large white pigs in connection with the confidence level ($-\log_{10}(p)$) according to the probabilistic suggestive value (blue line, $p < 0.001$) and the Bonferroni criterion (red line, $p < 9.72 \times 10^{-5}$) for the indicator “fat thickness over the 6–7th rib”; B — the quartile of the probability distribution of expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values. The author of the drawing is A.A. Belous



² https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCF_000003025.6/

³ <https://david.ncicrf.gov/summary.jsp>

⁴ <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>

По признаку толщина шпика над 10–12-м грудным позвонком (BF2) обнаружены 34 SNP на 1-й, 3-й, 7-й, 8-й, 10-й, 11-й, 14-й, 15-й и 17-й хромосомах (рис. 3).

Наибольшее значение по достоверности было определено у SNP WU_10.2_3_13474115, расположенного на 3-й хромосоме при $p = 1,80 \times 10^{-6}$.

Рис. 3: А — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам свиней крупной белой породы в связи с уровнем достоверности ($-\log_{10}(p)$) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия, $p < 0,001$) и критерию Бонферрони (красная линия, $p < 9,72 \times 10^{-5}$) для показателя «толщина шпика над 10–12-м грудным позвонком»; Б — квартиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормального распределения для значений достоверности. Автор рисунка А.А. Белоус

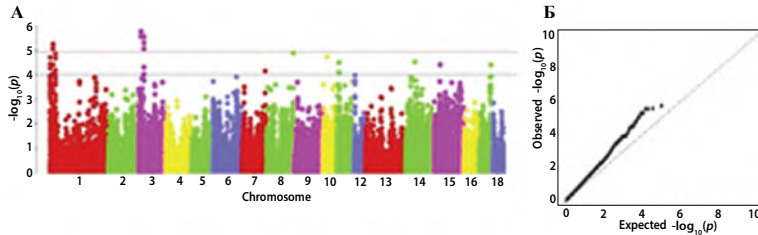
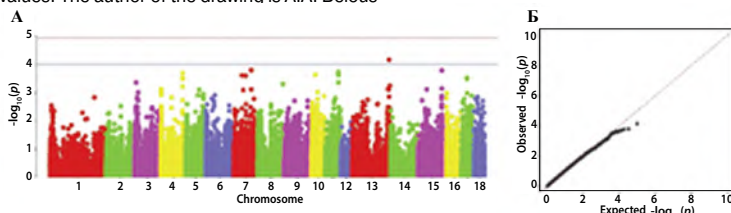


Рис. 4: А — распределение однонуклеотидных мутаций по хромосомам свиней крупной белой породы в связи с уровнем достоверности ($-\log_{10}(p)$) по вероятностному суггестивному значению (синяя линия, $p < 0,001$) и критерию Бонферрони (красная линия, $p < 9,72 \times 10^{-5}$) для показателя «глубина «мышечного глазка»»; Б — квартиль вероятностного распределения ожидаемого и наблюдаемого отклонений от нормального распределения для значений достоверности. Автор рисунка А.А. Белоус

Fig. 4: A — the distribution of single nucleotide mutations on the chromosomes of large white pigs in connection with the level of confidence ($-\log_{10}(p)$) according to the probabilistic suggestive value (blue line, $p < 0,001$) and the Bonferroni criterion (red line, $p < 9,72 \times 10^{-5}$) for the indicator «depth of the «muscular eye»»; B — the quartile of the probabilistic distributions of expected and observed deviations from the normal distribution for confidence values. The author of the drawing is A.A. Belous



По показателю глубина «мышечного глазка» (LD) выявлены 37 SNP на 3–5-й, 7-й, 8-й, 10-й, 11-й, 13-й, 15-й и 17-й хромосомах, наибольшее по достоверности SNP MARC0058120 на 13-й хромосоме, $p = 7,00 \times 10^{-5}$ (рис. 4).

По трем изучаемым признакам всего были выявлены 27 SNP на 8 хромосомах из 18 (табл. 2).

Структурная аннотация обнаруженных SNP установила наличие 62 генов, локализованных внутри генов или сцепленных с ними (рис. 5). Однонуклеотидные

Рис. 5: Матрица соответствия однонуклеотидных полиморфизмов, локализованных внутри или в непосредственной близости от протеин-кодирующих генов, ассоциированных с мясными показателями свиноматок породы крупная белая

Fig. 5: Correspondence matrix for single nucleotide polymorphisms localized within or in close proximity to protein-coding genes, associated with meat traits of Large White sows

№хр.	№SNP	Число генов	Признаки		
			BF1	BF2	LD
1	1,2	10			
1	3,4,5,6	7			
1	7,8,9	4			
1	10,11	1			
1	12,13,14,15,16	2			
1		17	0		
1		18	10		
3		19	2		
3	20,21,22	2			
3	23,24	9			
3		25	4		
3	26,27	11			

Примечание: № хр. — номер хромосомы козы; № SNP — порядковый номер SNP; число генов — указано число генов, локализованных внутри или в непосредственной близости от протеин-кодирующих генов; признаки: BF1 — толщина шпика над 6–7-м ребром; BF2 — толщина шпика над 10–12-м грудным позвонком; LD — глубина «мышечного глазка». Закрашены цветом ячейки пересечения блока SNP и признака, по отношению к которому выявлена достоверная взаимосвязь.

Таблица 2. Выявленные SNP, общие для мясных признаков свиноматок крупной белой породы

Table 2. Identified SNPs common for meat traits of Large White sows

№/п	Хр,*	SNP	Позиция	P	Признак***	№/п	Хр,*	SNP	Позиция	P	Признак***
1		ALGA0001896	29 466 154	1,42E-05**	BF2	16	3	WU_10.2_3_13474115	13 274 115	1,80E-06	BF2
				2,07E-05	BF1					5,76E-05	BF1
2		ASGA0000304	1 840 352	1,99E-05	BF2	17	8	WU_10.2_8_143464575	143 264 575	1,32E-05	BF2
				7,55E-05	BF1					1,17E-05	BF1
3		ASGA0001176	15 979 177	3,95E-05	BF2	18	10	WU_10.2_10_23632408	23 432 408	0,000514	LD
				2,83E-05	BF1					1,85E-05	BF2
4		ASGA0001753	29 628 387	2,12E-05	BF2	19		WU_10.2_11_8343734	8 143 734	6,43E-05	BF1
				2,51E-05	BF1					0,00024	LD
5	1	ASGA0001755	29 434 941	6,69E-05	BF2	20		WU_10.2_11_9777414	9 577 414	8,09E-05	BF2
				5,99E-05	BF1		11			5,66E-05	BF1
6		MARC0028827	1 873 619	3,66E-05	BF2	21		WU_10.2_11_9905596	9 705 596	3,22E-05	BF2
				6,80E-05	BF1					7,06E-05	BF1
7		MARC0057601	15 935 015	8,88E-06	BF2	22		WU_10.2_11_9980511	9 780 511	3,22E-05	BF2
				5,57E-06	BF1					7,06E-05	BF1
8		WU_10.2_1_16021339	15 821 339	5,83E-06	BF2	23		ALGA0077404	49 379 147	3,22E-05	BF2
				5,36E-06	BF1		14			7,06E-05	BF1
9		WU_10.2_1_16236146	16 036 146	9,31E-05	BF2	24		MARC0048650	49 285 578	3,08E-05	BF2
				4,33E-05	BF1					6,16E-05	BF1
10		ALGA0106252	28 824 181	2,89E-06	BF2	25	15	ALGA0084558	31 543 477	3,08E-05	BF2
				3,33E-05	BF1					6,16E-05	BF1
11		ALGA0106253	28 824 154	2,89E-06	BF2	26		ALGA0096042	61 628 505	3,90E-05	BF2
				3,33E-05	BF1		17			4,47E-05	BF1
12		ALGA0106525	28 981 112	5,13E-06	BF2	27		WU_10.2_17_61811415	61 611 415	3,92E-05	BF2
				4,83E-05	BF1					1,29E-05	BF1
13	3	DIAS0000012	28 828 350	5,13E-06	BF2						
				4,83E-05	BF1						
14		DIAS0003364	28 861 897	8,79E-06	BF2						
				7,91E-05	BF1						
15		H3GA0008811	13 255 566	2,79E-06	BF2						
				2,03E-05	BF1						

Примечание: * хр. — номер хромосомы, на которой расположен SNP; SNP — однонуклеотидный полиморфизм; P — достоверность SNP; ** экспоненциальная форма записи десятичной дроби с большим числом знаков после запятой; буква E означает «умножить на 10 в степени»; *** расшифровка признаков приведена в разделе «Материалы и методы исследований».

полиморфизмы установлены в 10 потенциальных генах-кандидатах: гены *LRP11*, *PCMT1*, *PPIL4*, *SGK1* на 1-й хромосоме, ген *MRTFB* на 3-й хромосоме, ген *IGFN1* на 10-й хромосоме, гены *GUCD1*, *ADORA2A* на 14-й хромосоме, ген *SCTR* на 15-й и ген *GATA5* на 17-й хромосоме.

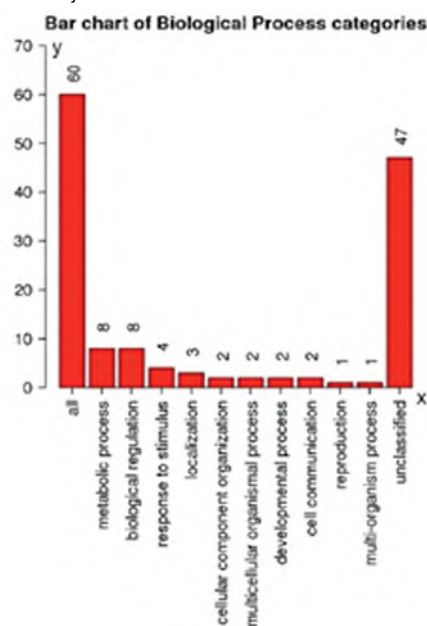
В ходе функциональной аннотации из 60 значимых генов, обнаруженных в ходе исследования, были выявлены 17, играющих роль в биологической регуляции функций организма (рис. 6, табл. 3).

Таким образом, были выявлены следующие группы генов по биологическим функциям (GOTERM_BP):

1. Метаболический процесс (GO:0008152).
2. Биологическая регуляция (GO:0065007).
3. Реакция на раздражитель (GO:0050896).
4. Локализация (GO:0051179) — любой процесс, при котором клетка, вещество или клеточный объект, такой как белковый комплекс или органелла, транспортируется, привязывается или иным образом поддерживается в определенном месте.
5. Организация клеточных компонентов (GO:0016043).
6. Процесс многоклеточного организма (GO:0032501).
7. Процесс развития (GO:0032502).
8. Связь клеток (GO:0007154).
9. Процесс репродукции (GO:0000003).
10. Мультиорганический процесс (GO:0051704).

Рис. 6. Описание биологических функций генов, выявленных в исследовании

Fig. 6. Description of biological functions of the genes identified in the study



Примечание: ось y — количество генов; x — названия биологических функций; all — всего задано генов; unclassified — количество генов, которым не была присвоена биологическая функция.

Таблица 3. Функциональная аннотация выявленных генов-кандидатов

Table 3. Functional annotation of identified candidate genes

Ген	SNP	Функциональная биологическая аннотация по DAVID
<i>CCR6</i>	ASGA0000304	хемотаксис, иммунный ответ
<i>RNASET2</i>		врожденный иммунный ответ
<i>LRP11</i>	MARC0028827	реакция на жару, реакция на холод, реакция на недостаток воды, реакция на механический раздражитель, реакция многоклеточного организма на стресс, реакция на иммобилизационный стресс, реакция на голодание
<i>SLC2A12</i>	ASGA0001755	транспорт углеводов, трансмембранный транспорт глюкозы
<i>TCF21</i>	ALGA0001896	развитие альвеол легких, развитие селезенки
<i>MRTFB</i>	ALGA0106253	позитивная регуляция развития поперечно-полосатой мышечной ткани
<i>CACNA1S</i>	WU_10.2_10_23632408	транспорт ионов кальция, мышечное сокращение
<i>TNNT2</i>	WU_10.2_10_23632408	сокращение мышц, регуляция мышечного сокращения, регуляция сердечного сокращения, ответ на ион кальция, морфогенез ткани сердечной мышцы желудочков, сокращение сердечной мышцы
<i>TNNI1</i>		сокращение скелетных мышц, мышечное сокращение, переход между быстрыми и медленными волокнами, морфогенез ткани сердечной мышцы желудочков, сокращение сердечной мышцы
<i>FRY</i>	WU_10.2_11_8343734	клеточный морфогенез
<i>ADORA2A</i>	MARC0048650	пищевое поведение
<i>UPB1</i>		метаболический процесс соединений азота
<i>BCR</i>	ALGA0077404	процесс почечной системы, развитие мозга
<i>SCTR</i>	ALGA0084558	развитие мозга
<i>GATA5</i>	WU_10.2_17_61811415	развитие сердечной мышечной ткани, дифференцировка эпителиальных клеток кишечника
<i>OSBPL2</i>		транспорт липидов, организация плазматической мембраны, внутриклеточный транспорт холестерина
<i>MTG2</i>	ALGA0096042	регуляция процессов дыхательной системы

Примечание: жирным шрифтом выделен ген, внутри которого локализован выявленный SNP-маркер.

В базе локусов количественных признаков свиней (Pig QTL) из 17 только по 3 генам были найдены кодификации по локусам количественных признаков. Так, ген предрасположенности к аутизму белок 2 (*AUTS2*) прогнозирует количество желтых тел в популяции помесных свиней (дюрок x мейшан), его номер в базе QTL 281338 [17].

В связи с тем что от количества желтых тел в организме свиноматок зависит репродуктивный период, взаимосвязь данного гена с толщиной шпика в исследовании имеет логическое обоснование и требует дополнительного научного анализа по выявлению корреляций. Ген *FRY* (QTL 264162) — по результатам полногеномного исследования на помесных свиньях (дюрок x ландрас x йокшир) обнаружили его взаимосвязь с массой легких [18]. Ген *CFAP221* (QTL:239989; QTL:239991) в исследованиях P. Wu [19] на китайских свиньях циньшю ассоциирован с цветом мяса.

Выводы/Conclusion

Поиск новых генетических маркеров, отвечающих за хозяйственно полезные, в частности мясные, параметры животных, для их дальнейшего практического применения является одним из аспектов геномной оценки животных.

В данном исследовании идентификация ассоциаций генов с изучаемыми признаками свиноматок крупной белой породы осуществлялась с помощью метода полногеномного ассоциативного исследования (GWAS). Из 60 достоверных генов, внутри которых расположены или сцеплены SNP, по биологическим функциям ассоциированы 17 генов по программе DAVID и 3 — по базе Pig QTL. Из всех генов наибольший интерес представляет *AUTS2*, расположенный на 3-й хромосоме и прогнозирующий количество желтых тел у свиноматок.

Дальнейшее применение выявленных генов будет направлено на расчет частоты влияния генотипа на остальные признаки, построения корреляционных плеяд и разработки тест-системы.

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

Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 21-76-10038.

FUNDING

This research was funded by Russian Science Foundation No. 21-76-10038.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК / REFERENCES

- Zhang S. *et al.* Selective sweep analysis reveals extensive parallel selection traits between large white and Duroc pigs. *Evolutionary Applications*. 2020; 13(10): 2807–2820. <https://doi.org/10.1111/eva.13085>
- Johnson Z.B., Nugent R.A. Heritability of body length and measures of body density and their relationship to backfat thickness and loin muscle area in swine. *Journal of Animal Science*. 2003; 81(8): 1943–1949. <https://doi.org/10.2527/2003.8181943x>
- Davoli R. *et al.* Genetic parameters of backfat fatty acids and carcass traits in Large White pigs. *Animal*. 2019; 13(5): 924–932. <https://doi.org/10.1017/S1751731118002082>
- Bidanel J.P., Ducos A., Guéblez R., Labroue F. Genetic parameters of backfat thickness, age at 100 kg and ultimate pH in on-farm tested French Landrace and Large White pigs. *Livestock Production Science*. 1994; 40(3): 291–301. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(94\)90096-5](https://doi.org/10.1016/0301-6226(94)90096-5)
- Ruan D. *et al.* Weighted Single-Step GWAS Identified Candidate Genes Associated with Growth Traits in a Duroc Pig Population. *Genes*. 2021; 12(1): 117. <https://doi.org/10.3390/genes12010117>
- Jiang Y. *et al.* A genome-wide association study of growth and fatness traits in two pig populations with different genetic backgrounds. *Journal of Animal Science*. 2018; 96(3): 806–816. <https://doi.org/10.1093/jas/skx038>
- Zhang Y. *et al.* Genetic correlation of fatty acid composition with growth, carcass, fat deposition and meat quality traits based on GWAS data in six pig populations. *Meat Science*. 2019; 150: 47–55. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.12.008>
- Wang X. *et al.* GWAS of Reproductive Traits in Large White Pigs on Chip and Imputed Whole-Genome Sequencing Data. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022; 23(21): 13338. <https://doi.org/10.3390/ijms232113338>
- Wang Y. *et al.* Genome-Wide Association Study of Piglet Uniformity and Farrowing Interval. *Frontiers in Genetics*. 2017; 8: 194. <https://doi.org/10.3389/fgene.2017.00194>
- Okamura T. *et al.* A genome-wide scan for quantitative trait loci affecting respiratory disease and immune capacity in Landrace pigs. *Animal Genetics*. 2012; 43(6): 721–729. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02359.x>
- Uemoto Y. *et al.* Genome-wide association studies for production, respiratory disease, and immune-related traits in Landrace pigs. *Scientific Reports*. 2021; 11: 15823. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95339-2>
- Falker-Gieske C., Blaj I., Preuß S., Bennewitz J., Thaller G., Tetens J. GWAS for Meat and Carcass Traits Using Imputed Sequence Level Genotypes in Pooled F2-Designs in Pigs. *G3 Genes | Genomes | Genetics*. 2019; 9(9): 2823–2834. <https://doi.org/10.1534/g3.119.400452>
- Oyelami F.O. *et al.* Haplotype Block Analysis Reveals Candidate Genes and QTLs for Meat Quality and Disease Resistance in Chinese Jiangquhai Pig Breed. *Frontiers in Genetics*. 2020; 11: 752. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00752>
- Marigorta U.M., Rodriguez J.A., Gibson G., Navarro A. Replicability and Prediction: Lessons and Challenges from GWAS. *Trends in Genetics*. 2018; 34(7): 504–517. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2018.03.005>
- Colhoun H.M., McKeigue P.M., Smith G.D. Problems of reporting genetic associations with complex outcomes. *The Lancet*. 2003; 361(9360): 865–872. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(03\)12715-8](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(03)12715-8)
- Evangelou E., Maraganore D.M., Ioannidis J.P.A. Meta-Analysis in Genome-Wide Association Datasets: Strategies and Application in Parkinson Disease. *PLoS ONE*. 2007; 2(2): e196. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000196>
- Sato S., Hayashi T., Kobayashi E. Characterization of porcine *autism susceptibility candidate 2* as a candidate gene for the number of corpora lutea in pigs. *Animal Reproduction Science*. 2011; 126(3–4): 211–220. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2011.05.003>
- Li X. *et al.* Integrated Single-Trait and Multi-Trait GWASs Reveal the Genetic Architecture of Internal Organ Weight in Pigs. *Animals*. 2023; 13(5): 808. <https://doi.org/10.3390/ani13050808>
- Wu P. *et al.* Whole-genome sequencing association analysis reveals the genetic architecture of meat quality traits in Chinese Qingyu pigs. *Genome*. 2020; 63(10): 503–515. <https://doi.org/10.1139/gen-2019-0227>

ОБ АВТОРАХ

Елена Алексеевна Требунских¹

заместитель директора по племенному делу
terramio7@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5208-3376>

Анна Александровна Белоус²

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

Пётр Ильич Отрадных²

младший научный сотрудник
deriteronard@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-1153-5815>

Александр Фёдорович Контэ²

кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник
alexandrconte@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4877-0883>

Анастасия Александровна Решетникова²

младший научный сотрудник
reshetnikova.aa@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0002-4874-2615>

Валерия Владимировна Волкова²

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
moonlit-elf@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2080-0182>

Наталья Анатольевна Зиновьева²

директор, доктор биологических наук, академик Российской академии наук, профессор
priemnaya-vij@mail.ru
orcid.org/0000-0003-4017-6863

¹ООО Селекционно-гибридный центр «Топ Ген», ул. им. Калинина, 1, с. Верхняя Хава, Верхнехавский р-н, Воронежская обл., 396110, Россия

²Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл., 142132, Россия

ABOUT THE AUTHORS

Elena Alekseevna Trebunskikh¹

Deputy Director of Breeding
terramio7@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5208-3376>

Anna Alexandrovna Belous²

Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Head of the Laboratory
belousa663@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>

Piotr Ilyich Otradnov²

Junior Researcher
deriteronard@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-1153-5815>

Alexander Fedorovich Conte²

Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher
alexandrconte@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4877-0883>

Anastasia Alexandrovna Reshetnikova²

Junior Research Assistant
reshetnikova.aa@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0002-4874-2615>

Valeria Vladimirovna Volkova²

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher
moonlit-elf@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2080-0182>

Natalia Anatolyevna Zinovieva²

Director, Doctor of Biological Sciences, Academician of the Russian Academy of Sciences, Professor
priemnaya-vij@mail.ru
orcid.org/0000-0003-4017-6863

¹Top Gen Breeding and Hybrid Center LLC, 1 Kalinin Str., Verkhnyaya Khava village, Verkhnekhava district, Voronezh region, 396110, Russia

²L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 60 Dubrovitsy settlement, Podolsk city district, Moscow region, 142132, Russia