

УДК 616:018:636.32.38

Научная статья



Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-391-02-95-100

А.А. Решетникова¹ ✉А.А. Белоус¹П.И. Отраднов¹Е.А. Требунских²А.Ф. Контэ¹В.В. Волкова¹Н.А. Зиновьева¹

¹Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Подольск, Московская обл., Россия

²ООО «Селекционно-гибридный центр “Топ Ген”», с. Верхняя Хава, Воронежская обл., Россия

✉ reshnikova.aa@yandex.ru

Поступила в редакцию: 15.10.2024

Одобрена после рецензирования: 15.01.2025

Принята к публикации: 30.01.2025

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

Research article



Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-391-02-95-100

Anastasia A. Reshetnikova¹ ✉Anna A. Belous¹Petr I. Otradnov¹Elena A. Trebunskih²Alexander F. Conte¹Valeria V. Volkova¹Natalia A. Zinovieva¹

¹L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Podolsk, Moscow Region, Russia

²LLC Breeding and Hybrid Center “Top Gene”, Verkhnyaya Khava village, Voronezh region, Russia

✉ reshnikova.aa@yandex.ru

Received by the editorial office: 15.10.2024

Accepted in revised: 15.01.2025

Accepted for publication: 30.01.2025

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

Определение экспрессии генов TNFAIP3, CDS1 и MTAP в популяции свиней породы крупная белая

РЕЗЮМЕ

В современной молекулярной биологии и генетике изучение экспрессии генов играет ключевую роль в понимании механизмов развития и функционирования живых организмов. В свиноводстве, где селекция и генетика являются важными инструментами для улучшения продуктивности и устойчивости животных, анализ экспрессии генов может предоставить ценный материал для селекционных программ. Статья, посвященная определению экспрессии генов TNFAIP3, CDS1 и MTAP в популяции свиней породы крупная белая, представляет собой глубокое исследование в области молекулярной генетики и селекции животных. Вышеперечисленные гены были выбраны в связи с их предполагаемой ролью в регуляции иммунного ответа, метаболизма и развития организма. В результате анализа, проведенного при помощи ПЦР в реальном времени, были показаны различия в экспрессии генов CDS1 (ЦДФ-диацилглицеринсинтазы) в тканях легких и почек по сравнению с экспрессией в тканях сердца. Кроме того, было выявлено, что уровень экспрессии гена MTAP (метилтиоаденозинфосфорилазы) отличается в тканях легкого и селезенки по сравнению с другими исследованными органами. Результаты исследования могут иметь значительные последствия для селекционных программ в свиноводстве, поскольку они предоставляют информацию о генетических факторах, влияющих на продуктивность, устойчивость и качество мяса свиней. Кроме того, статья может быть интересна для широкого круга специалистов в области молекулярной генетики, селекции животных и ветеринарной медицины, поскольку она демонстрирует применение современных методов молекулярной биологии для решения актуальных задач в животноводстве.

Ключевые слова: экспрессия, гены, крупная белая, свиньи, TNFAIP3, CDS1, MTAP

Для цитирования: Решетникова А.А. и др. Определение экспрессии генов TNFAIP3, CDS1 и MTAP в популяции свиней породы крупная белая. *Аграрная наука*. 2025; 391(02): 95–100.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-95-100>

Determination of TNFAIP3, CDS1 and MTAP gene expression in a population of large white pigs

ABSTRACT

In modern molecular biology and genetics, the study of gene expression plays a key role in understanding the mechanisms of development and functioning of living organisms. In pig farming, where breeding and genetics are important tools for improving animal productivity and resilience, gene expression analysis can provide valuable material for breeding programs. The article devoted to determining the expression of TNFAIP3, CDS1 and MTAP genes in a population of large white pigs is an in-depth study in the field of molecular genetics and animal breeding. The above-mentioned genes were selected in connection with their supposed role in regulating the immune response, metabolism and development of the body. As a result of real-time PCR analysis, differences in the expression of CDS1 (CDP-diacylglycerine synthase) genes in lung and kidney tissues were shown compared with expression in heart tissues. In addition, it was found that the expression level of the MTAR (methylthioadenosine phosphorylase) gene differs in lung and spleen tissues compared to other studied organs. The results of the study may have significant implications for pig breeding programs, as they provide information on genetic factors affecting the productivity, sustainability and quality of pig meat. In addition, the article may be of interest to a wide range of specialists in the field of molecular genetics, animal breeding and veterinary medicine, as it demonstrates the application of modern methods of molecular biology to solve urgent problems in animal husbandry.

Key words: expression, genes, large white, pigs, TNFAIP3, CDS1, MTAP

For citation: Reshetnikova A.A. et al. Determination of TNFAIP3, CDS1 and MTAP gene expression in a population of large white pigs. *Agrarian science*. 2025; 391(02): 95–100 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-95-100>

Введение/Introduction

В современной биологии и генетике изучение экспрессии генов играет ключевую роль в понимании механизмов развития и функционирования живых организмов. Экспрессия генов — это процесс, в ходе которого информация, закодированная в ДНК, преобразуется в функциональные продукты, такие как белки, которые выполняют различные функции в клетке.

Изучение экспрессии генов у различных видов животных, включая свиней, позволяет не только глубже понять биологические процессы, но и применять полученные знания в различных областях науки и практики (например, таких, как селекция, ветеринария и биотехнологии) [1].

Свиньи (*Sus scrofa*), как один из наиболее распространенных видов сельскохозяйственных животных, привлекают особое внимание исследователей в связи с их значением для пищевой промышленности и сельского хозяйства в целом [2]. Понимание механизмов экспрессии генов у свиней может способствовать улучшению их продуктивности, устойчивости к болезням и адаптации к различным условиям содержания.

В данном контексте особый интерес представляет изучение экспрессии генов, связанных с иммунной системой и метаболизмом. TNFAIP3, CDS1 и MTAP — это гены, которые играют важную роль в регуляции иммунного ответа, метаболизме и транспорте питательных веществ. TNFAIP3 (Tumor Necrosis Factor Alpha-Induced Protein 3) участвует в регуляции воспалительных процессов и иммунного ответа, CDS1 (CDP-Diacylglycerol Synthase 1) отвечает за синтез фосфатидилхолина, важного компонента клеточных мембран, а MTAP (Microsomal Triglyceride Transfer Protein) участвует в транспорте триглицеридов и других липидов [3, 4].

Изучение экспрессии этих генов у свиней может предоставить ценную информацию о механизмах, лежащих в основе их иммунной системы и метаболизма, а также о факторах, влияющих на эти процессы, что в свою очередь может способствовать разработке новых подходов к селекции свиней, направленных на улучшение их продуктивности, устойчивости к болезням и адаптации к различным условиям содержания.

Крупная белая порода свиней — одна из наиболее распространенных и популярных в мировом свиноводстве. Она была выведена в Великобритании в XIX веке и с тех пор широко распространилась по всему миру благодаря своим высоким продуктивным качествам и адаптивности к различным условиям содержания.

Одной из ключевых особенностей крупной белой породы является ее высокая плодовитость. Свиноматки этой породы отличаются хорошей репродуктивной способностью, что позволяет получать большое количество здорового потомства. Это делает их особенно ценными для свиноводческих хозяйств, поскольку позволяет увеличить производство мяса и снизить затраты на его

получение. Кроме того, крупная белая порода обладает высокой скоростью роста и хорошей конверсией корма. Это означает, что животные этой породы способны быстро набирать вес, используя при этом минимальное количество корма. Это качество особенно важно в современном свиноводстве, где экономия ресурсов и снижение затрат играют ключевую роль [5].

Генетические исследования показали, что экспрессия генов, отвечающих за рост и развитие, у крупной белой породы свиней значительно выше, чем у многих других пород. Это объясняет их способность к быстрому росту и высокой продуктивности. Кроме того, исследования выявили, что гены, связанные с репродуктивной функцией, имеют высокую экспрессию у крупной белой породы, что подтверждает их высокую плодовитость [6].

Таким образом, исследование экспрессии генов TNFAIP3, CDS1 и MTAP у свиней породы крупная белая представляет собой важный шаг в понимании биологии данного вида и может иметь значительные последствия для сельскохозяйственной промышленности и ветеринарной медицины.

Цель работы — изучение экспрессии генов ферментов CDS1 (ЦДФ-диацилглицеринсинтазы), MTAP (метилтиоаденозинфосфорилазы) и TNFAIP3 (фактора некроза опухоли, альфа-индуцированного белка 3) в тканях сердца, легкого, селезенки, почек и яичников у свиней.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Работа была выполнена в лаборатории генетических технологий в агро- и аквахозяйстве Федерального исследовательского центра Всероссийского института животноводства им. Л.К. Эрнста с использованием оборудования Центра коллективного пользования научным оборудованием «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста в 2024 году.

Анализ уровня относительной экспрессии генов, связанных с антиоксидантной системой и системой иммунитета, проводили при помощи ПЦР в реальном времени на амплификаторе DT-lite («ДНК-Технология», Россия). Для этого были отобраны по 20 образцов тканей сердца, легкого, селезенки, почек и яичников у свиней крупной белой породы в возрасте 145–150 дней. Убой животных (по достижении 100 кг живого веса) проводился в ООО СГЦ «Топ Ген» (Воронежская обл., с. Верхняя Хава) в специально оборудованном цехе. Экспериментальные процедуры, использованные в исследовании, не противоречат Европейской конвенции по защите позвоночных животных (г. Страсбург, 18 марта 1986 г., ETS № 123).

Образцы были помещены в раствор IntactRNA («Евроген», Россия) и хранились при температуре -20 °C.

Поставленную задачу по исследованию проб реализовывали в компании ООО «БИОТРОФ+»,

в лаборатории молекулярно-генетических исследований, включающих применение комплекса методик на основе молекулярно-генетических подходов, позволяющих определить экспрессию генов сельскохозяйственных животных.

Тотальную РНК из образцов выделяли с помощью набора Aurum Total RNA (BioRad, США) согласно инструкции производителя. Гомогенизация образцов тканей осуществлялась на гомогенизаторе Precellys Evolution (Bertin technologies, Франция). При помощи набора iScript RT Supermix (BioRad, США) осуществляли реакцию обратной транскрипции для получения кДНК на матрице РНК. Реакцию амплификации с праймерами генов проводили при помощи набора SsoAdvanced Universal SYBR Green Supermix (BioRad, США) согласно протоколу производителя. Для этого использовались специфичные праймеры для каждого гена: TNFAIP3-F (5'-GAGTACAGAGAAAATAAACATTTTCGTC-3') и TNFAIP3-R (5'-TTCAACACCCGTGCTTCCGAG-3') для гена TNFAIP3; CDS1-F (5'-TATGCTGATGCTTCTTGTCTAGG-3') и CDS1-R (5'-CTGAGTGTCTAAACCAAGGTAG-3') для гена CDS1; MTPAP-F (5'-TTTGTGTGCAGAAAGTGTAGATG-3') и MTPAP-R (5'-GATAGCGGAGTTTGGTGTCTC-3') для гена MTPAP.

Расчет относительной экспрессии был произведен при помощи метода $2^{-\Delta\Delta Ct}$ [7]. В качестве референсного гена был выбран ген белка b-Actin свиньи (производитель ООО «Бигль», Россия). Ген бета-актина является геном домашнего хозяйства в эукариотических клетках, поэтому он всегда хорошо экспрессируется во всех клетках и был выбран в качестве референсного.

Обработка данных осуществлялась в программе Microsoft Excel 2010 по методу Ливака [7]. Исследования были проведены в трехкратной повторности ($p > 0,05$).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В результате данной работы была проведена в группах оценка относительной экспрессии генов CDS1, MTPAP и TNFAIP3 в тканях сердца, легкого, селезенки, почек и яичников у свиней (табл. 1) с использованием современных методов молекулярной биологии, что обеспечило высокую точность и надежность полученных результатов (95%). В качестве контрольной группы были взяты образцы ткани сердца, так как расчет экспрессии необходимо проводить относительно какой-либо группы, которая будет принята за контрольную. За контрольную группу по экспрессии в данном исследовании было взято сердце, но перерасчет можно проводить по любому органу [7].

Более подробно полученная относительная экспрессия по каждому гену отражена на рисунках 1–3.

Экспрессия гена CDS1 (ЦДФ-диацилглицеринсинтазы) существенно отличалась в разных тканях организма. Наиболее высокий уровень экспрессии данного гена был обнаружен в тканях почек,

что существенно отличается от уровня экспрессии в тканях сердца и других типах тканей. Сравнительный анализ показал, что в почках уровень экспрессии гена CDS1 был в 24 раза выше по сравнению с экспрессией данного гена в тканях сердца. Это указывает на важную роль ЦДФ-диацилглицеринсинтазы в функционировании почек, возможно, связанную с процессами метаболизма и транспорта липидов [8].

В легких наблюдалась почти в 4 раза повышенная экспрессия гена CDS1 по сравнению с сердцем. Это может быть связано с необходимостью поддержания эффективного обмена веществ и энергии в легочной ткани, учитывая ее высокую метаболическую активность [9].

В отличие от почек и легких, в тканях селезенки уровень экспрессии гена CDS1 был снижен на 30% по сравнению с тканями сердца. Это может указывать на специфические особенности метаболических процессов в селезенке, которые не требуют такой высокой активности ЦДФ-диацилглицеринсинтазы.

Интересно, что в яичниках уровень экспрессии гена CDS1 не отличался от экспрессии в тканях сердца. Это может быть связано с тем, что оба органа имеют схожие требования к метаболической активности, хотя и выполняют разные функции в организме.

В целом данные исследования показывают, что экспрессия гена CDS1 сильно варьируется в зависимости от типа ткани и органа, что отражает

Таблица 1. Относительная экспрессия генов в тканях различных органов свиней

Table 1. Relative gene expression in tissues of various pig organs

Органы	CDS1	MTPAP	TNFAIP3
Сердце	1	1	1
Легкие	$3,88 \pm 1,027$	$0,20 \pm 0,075$	$1,25 \pm 0,124$
Селезенка	$0,72 \pm 0,090$	$0,12 \pm 0,053$	$1,03 \pm 0,060$
Почки	$24,15 \pm 5,635$	$0,76 \pm 0,592$	$1,35 \pm 0,354$
Яичники	$1,13 \pm 0,437$	$1,06 \pm 0,282$	$1,08 \pm 0,205$

Рис. 1. Относительная экспрессия гена CDS1 в тканях различных органов свиней ($p > 0,05$)

Fig. 1. The relative expression of the CTR1 gene in the tissues of various organs of pigs ($p > 0.05$)

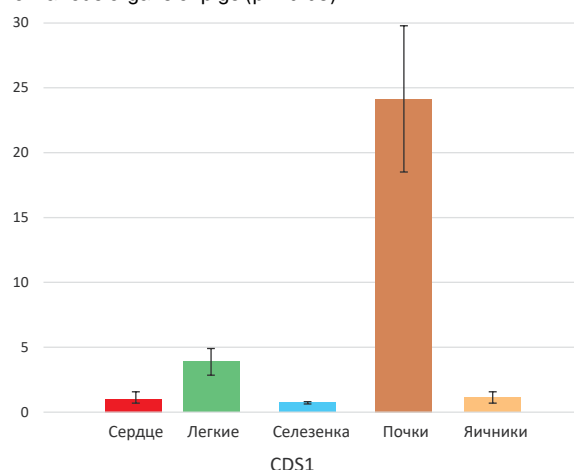


Рис. 2. Относительная экспрессия гена MTAP в тканях различных органов свиней ($p > 0,05$)

Fig. 2. The relative expression of the MTAP gene in the tissues of various organs of pigs ($p > 0.05$)

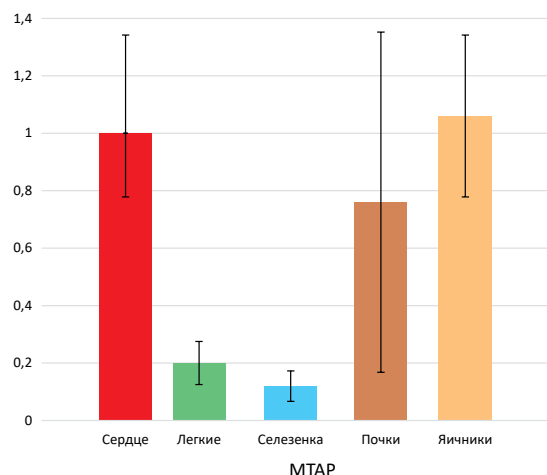
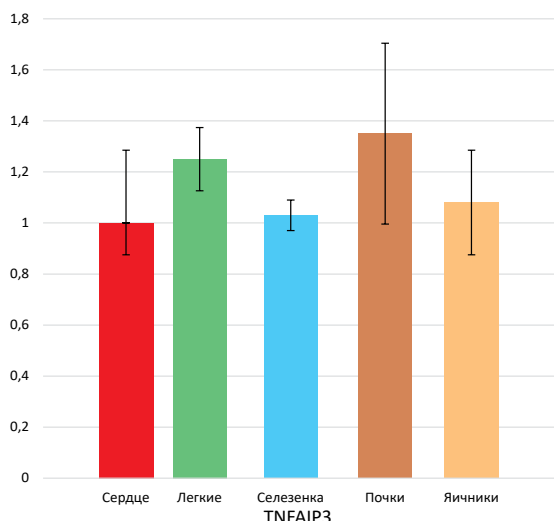


Рис. 3. Относительная экспрессия гена TNFAIP3 в тканях различных органов свиней ($p > 0,05$)

Fig. 3. The relative expression of the TNFAIP3 gene in the tissues of various organs of pigs ($p > 0.05$)



специфические метаболические потребности каждого из них. Эти результаты могут быть важными для понимания механизмов регуляции метаболизма в различных органах и тканях, а также для разработки новых подходов к лечению заболеваний, связанных с нарушениями метаболических процессов.

Экспрессия гена MTAP (метилтиоаденозинфосфорилазы) была снижена в тканях легкого и селезенки. В тканях легкого экспрессия метилтиоаденозинфосфорилазы была значительно ниже, чем в тканях сердца. В то же время в тканях селезенки уровень экспрессии данного гена был еще более низким — в 8 раз меньше, чем в сердечной ткани.

Важно отметить, что уровень экспрессии в тканях почек и яичников не показал значимых различий по сравнению с экспрессией в тканях сердца. Это может указывать на специфическую роль метилтиоаденозинфосфорилазы в этих органах, которая отличается от ее функций в легких и селезенке [10, 11].

Дальнейшие исследования могут помочь в понимании механизмов, лежащих в основе этих различий, и их потенциального влияния на здоровье и развитие заболеваний.

Уровень транскрипции гена TNFAIP3, который кодирует фактор некроза опухоли, альфа-индуцированный белок 3, не показал значимых различий между всеми исследованными тканями свиней. Это означает, что экспрессия данного гена остается стабильной и не зависит от типа ткани, что может быть важным фактором при изучении биологических процессов и патологических состояний у свиней.

Важно отметить, что TNFAIP3 играет ключевую роль в регуляции воспалительных реакций и иммунного ответа, поэтому его стабильная экспрессия может свидетельствовать о поддержании гомеостаза в организме животного [12, 13].

Дальнейшие исследования могут быть направлены на изучение взаимодействия TNFAIP3 с другими генами и белками, а также на анализ его роли в развитии различных заболеваний у свиней.

Выводы/Conclusion

Исследование было направлено на выявление потенциальных различий в экспрессии генов TNFAIP3, CDS1 и MTAP в различных органах и тканях, что может иметь важное значение для понимания их функциональных особенностей и возможных патологических процессов.

В результате анализа, проведенного при помощи ПЦР в реальном времени, были показаны различия в экспрессии генов CDS1 (ЦДФ-диацилглицеринсинтазы) в тканях легких и почек по сравнению с экспрессией в тканях сердца. Это может указывать на специфические функциональные особенности этих органов и их роль в метаболических процессах. Кроме того, было выявлено, что уровень экспрессии гена MTAP (метилтиоаденозинфосфорилазы) отличается в тканях легкого и селезенки по сравнению с другими исследованными органами, что может быть связано с различиями в метаболических процессах и функциональных особенностях этих органов.

Кроме того, уровень транскрипции гена TNFAIP3 (фактора некроза опухоли, альфа-индуцированного белка 3) не имел различий в транскрипции между всеми исследованными тканями свиней. Это может свидетельствовать о том, что данный ген играет универсальную роль в различных органах и тканях, не зависящую от специфических функциональных особенностей каждого органа.

В целом результаты данного исследования могут быть использованы для дальнейшего изучения функциональных особенностей различных органов и тканей у свиней, а также для понимания механизмов развития патологических процессов, что может иметь важное значение для ветеринарной медицины и сельскохозяйственной промышленности.

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

The research was carried out with the financial support of the Russian Science Foundation, project No. 21-76-10038.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Freeman T.C. *et al.* A gene expression atlas of the domestic pig. *BMC Biology*. 2012; 10: 90. <https://doi.org/10.1186/1741-7007-10-90>
- Sharif-Islam M., van der Werf J.H.J., Wood B.J., Hermes S. The predicted benefits of genomic selection on pig breeding objectives. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2024; 141(6): 685–701. <https://doi.org/10.1111/jbg.12873>
- Романенкова О.С., Волкова В.В., Белоус А.А. Разработка тест-систем для анализа полиморфизма генов TNFAIP3 и CDS1, ассоциированных с толщиной шпика у свиней. *Аграрная наука*. 2023; (3): 58–61. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-368-3-58-61>
- Lu S. *et al.* Regulation of MTP expression in developing swine. *Journal of Lipid Research*. 2002; 43(8): 1303–1311. <https://doi.org/10.1194/jlr.M200035-JLR200>
- Головкова И.А., Татаркина Н.И. Хозяйственно полезные признаки свиней крупной белой породы разных генеалогических групп. *Вестник КрасГАУ*. 2021; (10): 121–127. <https://doi.org/10.36718/1819-4036-2021-10-121-127>
- Kwasiborski A., Rocha D., Terlouw C. Gene expression in Large White or Duroc-sired female and castrated male pigs and relationships with pork quality. *Animal Genetics*. 2009; 40(6): 852–862. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01925.x>
- Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta C_T}$ Method. *Methods*. 2001; 25(4): 402–408. <https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>
- Wu I-W. *et al.* Discovering a trans-omics biomarker signature that predisposes high risk diabetic patients to diabetic kidney disease. *npj Digital Medicine*. 2022; 5: 166. <https://doi.org/10.1038/s41746-022-00713-7>
- Gemmill R.M. *et al.* ZEB1-responsive genes in non-small cell lung cancer. *Cancer Letters*. 2011; 300(1): 66–78. <https://doi.org/10.1016/j.canlet.2010.09.007>
- Jing W., Zhu H., Liu W., Zhai X., Tian H., Yu J. MTAP-deficiency could predict better treatment response in advanced lung adenocarcinoma patients initially treated with pemetrexed-platinum chemotherapy and bevacizumab. *Scientific Reports*. 2020; 10: 843. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-57812-2>
- Li S., Zhang Y., Li H., Ding B. Detection of MTAP Protein and Gene Expression in Non-small Cell Lung Cancer. *Chinese Journal of Lung Cancer*. 2011; 14(2): 151–155 (на кит. яз.). <https://doi.org/10.3779/j.issn.1009-3419.2011.02.09>
- Chaudhari J., Liew C.-S., Riethoven J.-J.M., Sillman S., Vu H.L.X. Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus Infection Upregulates Negative Immune Regulators and T-Cell Exhaustion Markers. *Journal of Virology*. 2021; 95(21): 10.1128/jvi.01052-21. <https://doi.org/10.1128/JVI.01052-21>
- Yu M.-P., Xu X.-S., Zhou Q., Deutch N., Lu M.-P. Haploinsufficiency of A20 (HA20): updates on the genetics, phenotype, pathogenesis and treatment. *World Journal of Pediatrics*. 2020; 16(6): 575–584. <https://doi.org/10.1007/s12519-019-00288-6>

ОБ АВТОРАХ

Анастасия Александровна Решетникова¹

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

Анна Александровна Белоус¹

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

Пётр Ильич Отрадный¹

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

REFERENCES

- Freeman T.C. *et al.* A gene expression atlas of the domestic pig. *BMC Biology*. 2012; 10: 90. <https://doi.org/10.1186/1741-7007-10-90>
- Sharif-Islam M., van der Werf J.H.J., Wood B.J., Hermes S. The predicted benefits of genomic selection on pig breeding objectives. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2024; 141(6): 685–701. <https://doi.org/10.1111/jbg.12873>
- Romanenkova O.S., Volkova V.V., Belous A.A. Development of test systems for the analysis of polymorphism of the TNFAIP3 and CDS1 genes associated with the fat thickness in pigs. *Agrarian science*. 2023; (3): 58–61 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-368-3-58-61>
- Lu S. *et al.* Regulation of MTP expression in developing swine. *Journal of Lipid Research*. 2002; 43(8): 1303–1311. <https://doi.org/10.1194/jlr.M200035-JLR200>
- Golovkova I.A., Tatarkina N.I. Large white pigs of different genealogical groups' economically useful features. *Bulletin of KrasGAU*. 2021; (10): 121–127 (in Russian). <https://doi.org/10.36718/1819-4036-2021-10-121-127>
- Kwasiborski A., Rocha D., Terlouw C. Gene expression in Large White or Duroc-sired female and castrated male pigs and relationships with pork quality. *Animal Genetics*. 2009; 40(6): 852–862. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01925.x>
- Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta C_T}$ Method. *Methods*. 2001; 25(4): 402–408. <https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>
- Wu I-W. *et al.* Discovering a trans-omics biomarker signature that predisposes high risk diabetic patients to diabetic kidney disease. *npj Digital Medicine*. 2022; 5: 166. <https://doi.org/10.1038/s41746-022-00713-7>
- Gemmill R.M. *et al.* ZEB1-responsive genes in non-small cell lung cancer. *Cancer Letters*. 2011; 300(1): 66–78. <https://doi.org/10.1016/j.canlet.2010.09.007>
- Jing W., Zhu H., Liu W., Zhai X., Tian H., Yu J. MTAP-deficiency could predict better treatment response in advanced lung adenocarcinoma patients initially treated with pemetrexed-platinum chemotherapy and bevacizumab. *Scientific Reports*. 2020; 10: 843. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-57812-2>
- Li S., Zhang Y., Li H., Ding B. Detection of MTAP Protein and Gene Expression in Non-small Cell Lung Cancer. *Chinese Journal of Lung Cancer*. 2011; 14(2): 151–155 (in Chinese). <https://doi.org/10.3779/j.issn.1009-3419.2011.02.09>
- Chaudhari J., Liew C.-S., Riethoven J.-J.M., Sillman S., Vu H.L.X. Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus Infection Upregulates Negative Immune Regulators and T-Cell Exhaustion Markers. *Journal of Virology*. 2021; 95(21): 10.1128/jvi.01052-21. <https://doi.org/10.1128/JVI.01052-21>
- Yu M.-P., Xu X.-S., Zhou Q., Deutch N., Lu M.-P. Haploinsufficiency of A20 (HA20): updates on the genetics, phenotype, pathogenesis and treatment. *World Journal of Pediatrics*. 2020; 16(6): 575–584. <https://doi.org/10.1007/s12519-019-00288-6>

ABOUT THE AUTHORS

Anastasia Alexandrovna Reshetnikova¹

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

Anna Alexandrovna Belous¹

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

Petr Ilich Otradnov¹

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

Елена Алексеевна Требунских²

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

Александр Фёдорович Контэ¹

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

Валерия Владимировна Волкова¹

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

Наталья Анатольевна Зиновьева¹

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

Elena Alekseevna Trebunskikh²

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

Alexander Fedorovich Conte¹

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

Valeria Vladimirovna Volkova¹

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

Natalia Anatolyevna Zinovieva¹

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

¹Федеральный исследовательский центр ивотноводства —
ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,
пос. Дубровицы, 60, Подольск, Московская обл., 142132,
Россия

²ООО «Селекционно-гибридный центр «Топ Ген»»,
ул. им. Калинина, 1, с. Верхняя Хава, Верхнехавский р-н,
Воронежская обл., 396110, Россия

¹L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,
60 Dubrovitsy, Podolsk, Moscow region, 142132, Russia

²LLC «Top Gen» Breeding and Hybrid Center,
1 Kalinin Str., Verkhnyaya Khava village, Verkhnekhava district,
Voronezh region, 396110, Russia



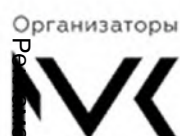
Международная выставка
сельскохозяйственной техники,
материалов и оборудования
для животноводства и растениеводства

29–31 октября 2025

г. Екатеринбург,
МВЦ «Екатеринбург-Экспо»



Забронируйте стенд
www.agroprom-ural.ru



Международная
Выставочная
Компания



**ЕКАТЕРИНБУРГ
ЭКСПО**
МЕЖДУНАРОДНЫЙ
ВЫСТАВОЧНЫЙ ЦЕНТР

