

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ХИМИЧЕСКОГО СОСТАВА МЯСА ТОВАРНЫХ ГИБРИДОВ СВИНОВОДСТВА

**А.А. Решетникова**

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный  
исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»,  
г.о. Подольск, поселок Дубровицы, Россия, reshetnikova.aa@yandex.ru

**Аннотация.** В настоящее время, выявление генетической компоненты у количественных и хозяйственно-полезных признаков, для дальнейшего улучшения молекулярной и селекционной работы, является актуальной задачей в животноводстве. В связи с чем, разработка и улучшение методов полногеномного анализа, для обнаружения ассоциативного ряда однонуклеотидных полиморфизмов, помогает нам решить поставленные цели. В данном исследовании проведен GWAS для полученных EBV по химическому составу мяса товарных гибридов и выявлены полногеномные SNP для дальнейшего анализа генов и генотипов и сравнения с родительскими наследственными составляющими.

**Ключевые слова:** генетика, полногеномное ассоциативное исследование, SNP, химический состав мяса, товарные гибриды (F2), свиньи.

**Введение.** В России, как и во всем мире, растет потребительский спрос на более здоровое и качественное мясо. При этом чистопородные свиньи зачастую не всегда отвечают необходимым качествам по необходимым показателям, в связи с чем селекционеры используют различные методы повышения качества мяса свиней [1, 2]. Спросом пользуется спрос на трёхпородное скрещивание (ландрас х крупная белая х дюрок) для получения гибридов второго поколения. Для оценки полученных товарных гибридов кроме всего прочего необходимо проведение генетического анализа химического состава мяса [3].

В связи с вышесказанной актуальностью целью работы является определение генетических ассоциаций для химического состава мяса товарных гибридов.

**Материалы и методы.** Исследование проводилось на борах товарных гибридов (n=250), полученных трехпородным скрещиванием (ландрас х крупная белая х дюрок). Тестовый откорм осуществлялся с использованием автоматических кормовых станций MLP-RAP (Schauer Agrotronic AG, Австрия) в ООО СГЦ «Топ Ген» (Россия, Воронежская обл., п. Верхняя Хава). Начальная живая масса животных составляла 30-35 кг, конечная живая масса – 100-120 кг, что соответствует техническим нормам кормовых станций.

Расчет оценки племенной ценности (EBV) проведен с использованием программы BLUPF90 согласно следующей модели:

$$Y_{ijk} = \mu + M_i + b_1 O_k + b_2 G_k + Animal_j + e_{ijk} \quad (1)$$

где:  $Y_{ijk}$  – оцениваемый показатель  $k$ -ого хрячка;  $\mu$  – популяционная константа;  $M_i$  – фиксированный эффект  $i$ -го «месяц»;  $O_k$  – возраст постановки на откорм  $k$ -ого животного;  $G_k$  – группа  $k$ -ого хрячка;  $Animal_j$  – рандомизированный эффект  $j$ -го животного при нормальном распределении с дисперсией  $A\sigma_a^2$  ( $A$  – аддитивная матрица родства);  $e_{ijk}$  – эффект неучтенных факторов.

Полногеномное генотипирование было произведено с использованием ДНК-чипа Porcine GGP HD (платформа GeneSeek Genomic Profiler, «Neogene», США), содержащим ~70 тыс. SNP. Контроль качества и фильтрацию данных генотипирования для каждого SNP и каждого образца выполняли с использованием программного пакета PLINK 1.9.

Для выявления ассоциаций SNP маркеров с изучаемыми признаками проводили регрессионный анализ, реализованный в PLINK 1.9.

**Результаты.** В ходе нашей работы было проведено полногеномное ассоциативное исследование для химического состава мяса (рисунок 1). Для этого были взяты следующие показатели: содержание минеральных примесей в мясе («зола»), процент жира («жир»), площадь мышечного глазка, содержание влаги в мясе («влага»), кислотность мяса через 16-48 часов после убоя («pH24»).

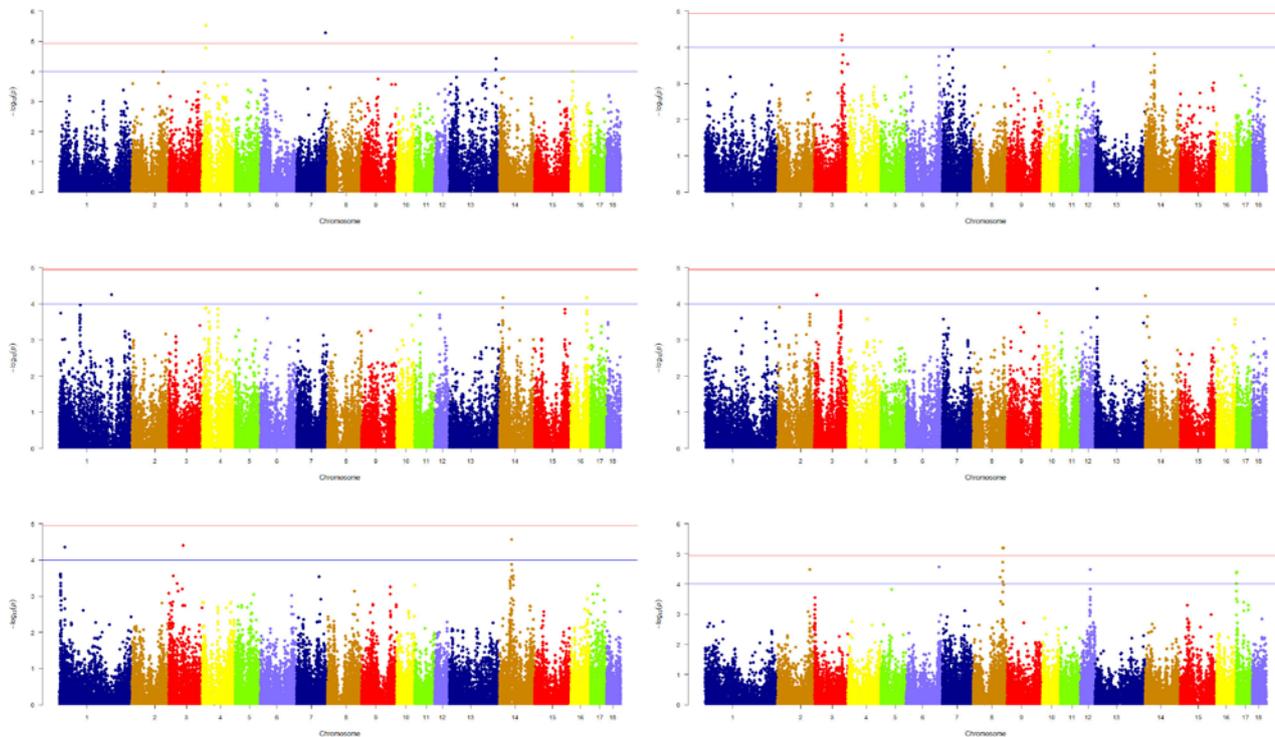


Рисунок 1. Полногеномное ассоциативное исследование химического состава мяса товарных гибридов второго поколения свиней.

Из ~70 тыс. SNP после контроля качества через PLINK 1.90 было отобрано 43 687 SNP, из которых были выделены SNP с достоверностью  $p < 10^{-5}$ .

По признаку «зола» выявлены 8 SNP ( $p < 9,91 \cdot 10^{-5}$ ), которые расположены на SSA4 (2 SNP), на SSA7 (1 SNP), на SSA13 (2 SNP) и на SSA16 (3 SNP). Из которых 4 SNP являются высоко достоверными ( $p < 7,47 \cdot 10^{-6}$ ).

По признаку «жир» выявлены 4 SNP ( $p < 6,94 \cdot 10^{-5}$ ), которые расположены на SSA1 (1 SNP), на SSA11 (1 SNP), на SSA14 (1 SNP) и на SSA16 (1 SNP).

По признаку «площадь мышечного глазка» выявлены 3 SNP ( $p < 4,5 \cdot 10^{-5}$ ), которые расположены на SSA1 (1 SNP), на SSA3 (1 SNP) и на SSA14 (1 SNP).

По признаку «влага» выявлены 3 SNP ( $p < 9,01 \cdot 10^{-5}$ ), которые расположены на SSA3 (2 SNP) и на SSA12 (1 SNP).

По признаку «pH24» выявлены 3 SNP ( $p < 6,1 \cdot 10^{-5}$ ), которые расположены на SSA3 (1 SNP), на SSA13 (1 SNP) и на SSA14 (1 SNP).

По признаку «белок» выявлены 14 SNP ( $p < 9,73 \cdot 10^{-6}$ ), которые расположены на SSA2 (1 SNP), на SSA6 (1 SNP), на SSA8 (7 SNP), на SSA12 (2 SNP) и на SSA17 (3 SNP). Из которых 2 SNP являются высоко достоверными ( $p < 6,44 \cdot 10^{-6}$ ).

**Вывод.** Таким образом, настоящее исследование продемонстрировало ряд достоверных SNP ( $p < 0,00005$ ), связанных с химическим и кислотным составом мяса товарных гибридов. Достоверность полученных результатов подтверждается ранее проведенными исследованиями [1, 3, 4] на свиньях разных пород и тем, что полногеномный анализ проводился на полученных оценках племенной ценности. Точность анализа подтверждается зарубежными исследованиями [3, 4, 5]. Дальнейшее изучение будет направлено на обнаружение наследственных компонентов, передающихся товарных

гибридам от исходных пород (референтной группы) и на сравнительный анализ геномов для рассмотрения полученных однообразных генов-кандидатов или хромосомных областей, что поможет сделать геномную оценку свиней более качественной и достоверной.

#### **Библиографический список**

1. Guo Y, Huang Y, Hou L, Ma J, Chen C, Ai H, Huang L, Ren J. Genome-wide detection of genetic markers associated with growth and fatness in four pig populations using four approaches // *Genet Sel Evol.* 2017. 14;49(1):21. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0295-4>.
2. Белоус А.А., Контэ А.Ф., Отрадных П.И., Родионов А.Н., Зиновьева Н.А. Генетическая характеристика конверсии корма и кормового поведения у свиней породы ландрас // *Свиноводство.* 2022. №3. С.23-27. <https://doi.org/10.37925/0039-713X-2022-3-23-27>.
3. Subramaniyan SA, Kang DR, Belal SA, Cho ES, Jung JH, Jung YC, Choi YI, Shim KS. Meat Quality and Physicochemical Trait Assessments of Berkshire and Commercial 3-way Crossbred Pigs // *Korean J Food Sci Anim Resour.* 2016. 36(5):641-649. <https://doi.org/10.5851/kosfa.2016.36.5.641>.
4. Vega R, Penalba FF, Capitan SS, Garcia BR. First and Second Parity Performance of Landrace x Large White Crossbreds in Backcrossing and Four Breed Crossbreeding // *Philippine Journal of Vet Med and Animal Science.* 2005. 31. 125-130.
5. Kušec, G.; Komlenić, M.; Gvozdanović, K.; Sili, V.; Krvavica, M.; Radišić, Ž.; Kušec, I.D. Carcass Composition and Physicochemical Characteristics of Meat from Pork Chains Based on Native and Hybrid Pigs // *Processes.* 2022. 10, 370. <https://doi.org/10.3390/pr10020370>.