DOI: 10.37925/0039-713X-2024-5-32-34 УДК 575.1, 636.03, 636.4

Ассоциация полиморфизма генов TNFAIP3 и CDS1 с толщиной шпика у свиней

О.С. РОМАНЕНКОВА, кандидат биолог. наук, научный сотрудник, e-mail: y7tteaip@mail.ru, В.В. ВОЛКОВА, кандидат биолог. наук, ст. научный сотрудник, e-mail: moonlit elf@mail.ru, А.А. БЕЛОУС, кандидат биолог. наук, ст. научный сотрудник, e-mail: abelous.vij@ya.ru, A.A. РЕШЕТНИКОВА, мл. научный сотрудник, e-mail: reshetnikova.aa@yandex.ru, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста

Толщина шпика является важной характеристикой, влияющей на качество мяса. Молекулярно-генетические исследования позволили выявить ряд генов, ассоциированных с показателями толщины шпика, содержания внутримышечного жира, скороспелостью, длиной туловища и среднесуточным приростом. Полногеномные ассоциативные исследования (GWAS) показали, что гены TNFα-индуцированного белка З (TNFAIP3) и CDP-диацилглицеролсинтазы 1 (CDS1) ассоциированы с толщиной шпика на спине. Проведено исследование двух полиморфизмов TNFAIP3 (rs81351586, A/G) и CDS1 (rs331818788, C/A). Экспериментальная выборка включала 195 свиноматок породы крупная белая и 161 – породы ландрас. Определение полиморфизмов осуществлялось методом ПЦР-РВ. Были установлены частоты встречаемости аллелей и генотипов. В ходе исследования выявлена достоверная разница между показателями толщины шпика на холке и толщины шпика над шестым-седьмым грудными позвонками у свиноматок с разными генотипами по гену CDS1 у свиней породы ландрас. По гену TNFAIP3 достоверных различий между особями

с разными генотипами выявлено не было.

Ключевые слова: свиньи, ген, TNFAIP3, CDS1, продуктивность, толщина шпика.

Association of TNFAIP3 and CDS1 genes polymorphism with back fat thickness in pigs

O.S. ROMANENKOVA, candidate of biological sciences, researcher, e-mail: y7tteaip@mail.ru, V.V. VOLKOVA, candidate of biological sciences, senior researcher, e-mail: moonlit elf@mail.ru, A.A. BELOUS, candidate of biological sciences, senior researcher, e-mail: abelous.vij@ya.ru, A.A. RESHETNIKOVA, junior researcher, e-mail: reshetnikova.aa@yandex.ru, Federal Research Center for Animal Husbandry named after academy member L.K. Ernst

The back fat thickness is an important characteristic that affects the quality of meat. Molecular genetic studies have made it possible to identify a number of genes associated with indicators of back fat thickness, intramuscular fat content, precocity, body length and average daily gain. Genome-wide association studies (GWAS) have shown that TNFα-induced protein 3 (TNFAIP3) and CDP-diacylglycerol synthase 1 (CDS1) genes are associated with back fat thickness. We conducted the study of two polymorphisms TNFAIP3 (rs81351586, A/G) and CDS1 (rs331818788, C/A).

The experimental sample included 195 Large White sows and 161 Landrace sows. Determination of polymorphisms was carried out through RT-PCR. The frequencies of occurrence of alleles and genotypes were established. The study revealed a significant difference between the backfat thickness at the withers and the backfat thickness above the 6-7 thoracic vertebrae for the CDS1 gene in Landrace pigs. There were no significant differences in the TNFAIP3 gene between individuals with different genotypes.

Key words: pigs, gene, TNFAIP3, CDS1, productivity, fat thickness.

Введение

В настоящее время первоочередной задачей в области свиноводства как в нашей стране, так и за рубежом является увеличение мясной продуктивности животных за счет сокращения жира [8]. Важной характеристикой состава туши при производстве свинины считается толщина шпика.

Она имеет высокую наследственность, ее можно измерить на живом животном с помощью ультразвука. Толщина шпика также является хорошим косвенным показателем общего качества свиноматок. содержания жира в организме [13]. шечного жира в значительной степе-

приятные органолептические свойства готовых продуктов [10]. Кроме того, показатель толщины шпика оказывает влияние на материнские

В исследовании, проведенном От концентрации в мясе внутримы- В.А. Стрельцовым с соавт., было установлено, что свиноматки со слишком ни зависит его пищевая ценность и тонким и слишком толстым шпиком

(меньше 20 мм и больше 38 мм) характеризовались пониженным многоплодием, а также более низкими показателями крупноплодности, молочности и выхода поросят к отъему [9]. При этом 25% таких свиноматок не дали потомства из-за преждевременного выбытия.

Толшина шпика является важным статистическим показателем и включается в программы по разведению свиней. Исследование с помощью методов молекулярной генетики ДНК-маркеров, ассоциированных с хозяйственно полезными признаками, позволило проводить селекцию с учетом данных о генотипах отдельных особей и закреплять желательные сочетания в стаде на генетическом уровне [16]. В отечественных и зарубежных публикациях имеется большое количество данных о генах. связанных с различными продуктивными показателями у свиней.

Так, хорошо известными генами, связанными с показателями мясной продуктивности и содержания внутримышечного жира, являются гены *MC4R, IGF2, H-FABP, ESR* [7, 11]. Благодаря селекционной работе, проводимой с учетом аллельных вариантов данных генов, в отдельных хозяйствах отмечается преобладание животных с предпочтительными генотипами генов *IGF2* и *H-FABP* [1, 2].

Одним из весомых генов-кандидатов для определения откормочных и мясных качеств является ген рецептора лептина (*LEPR*). Для свиней породы дюрок анализ продуктивности по откормочным и мясным показателям выявил, что наилучший результат взаимосвязи со скороспелостью, толщиной шпика, длиной туловища и среднесуточным приростом имели животные с генотипом AB. Такие животные имели низкий показатель толщины шпика и скороспелости и больший показатель длины туловища и среднесуточного прироста [6].

Исследования полиморфизма гена стеароил-КоА-десатуразы (SCD), который играет важную роль в биосинтезе липидов, регулировании экспрессии генов, участвующих в липогенезе, выявили в нем несколько мутаций, связанных с содержанием внутримышечного жира, – гаплотип С-Т-А, включающий три SNP (g.2108C>T, g.2228T>C, g.2281A>G) [12]. Исследование О.В. Костюниной с соавт. однонуклеотидного полиморфизма g.2228 T>C в области гена SCD показало наличие ассоциации генотипа с содержанием внутримышечного жира и толщины шпика у хряков породы дюрок [3].

Ген FASN кодирует синтазу жирных кислот, которая катализирует биосинтез насыщенных жирных кислот (SFA), главным образом пальмитиновой кислоты из ацетил-КоА и малонил-КоА. Ассоциативные исследования выявили в этом гене четыре полиморфизма (c.2908G>A, c.2335C>T, c.42_43insCCCCA и c.264A>G), связанные с показателем толщины жира на спине [14].

Толщина шпика – сложный признак, который контролируется большим количеством генов, в том числе связанных с регуляцией путей метаболизма жирных кислот, адипогенезом, регулированием потребления корма и энергетического гомеостаза, а также внешними факторами, такими как физиологическое состояние животного, кормление и условия содержания [15, 17, 18]. Полногеномные ассоциативные исследования показали, что гены TNFα-индуцированного белка З (TNFAIP3) и CDP-диацилглицеролсинтазы 1 (CDS1) могут быть одними из потенциальных генов, ассоциированных с показателем толщины шпика у свиней.

Целью работы являлось исследование полиморфизма генов *TNFAIP3* и CDS1 и их связи с показателями толщины шпика у свиней.

Материалы и методы исследования

Работа была выполнена в отделе популяционной генетики и генетических основ разведения животных ФГБНУ ФИЦ ВИЖ имени Л.К. Эрнста с помощью оборудования Центра коллективного пользования научным оборудованием «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ имени Л.К. Эрнста. В исследованиях были использованы образцы (фрагмент уха) из коллекции ФГБНУ ФИЦ ВИЖ имени Л.К. Эрнста.

Нами было проведено исследование выборки свиней по двум локусам генов *TNFAIP3* (rs81351586, A/G) и *CDS1* (rs331818788, C/A). В выборку входили свиноматки породы крупная белая (195 голов) и ландрас (161 голова). Определение полиморфизмов осуществлялось методом ПЦР в реальном времени с помощью разработанных ранее тест-систем на ДНК-амплификаторе QuantStudio 5 (Thermo Fisher Scientific, США) [5].

Частоту встречаемости генотипов определяли по формуле согласно Е.К. Меркурьевой (1977) [4]:

$p = \frac{n}{N}$:,

где p – частота определения генотипа, n – количество особей, имеющих определенный генотип, N – число особей.

Частоту отдельных аллелей определяли по формулам максимальногоправдоподобия:

$$p(A) = \frac{2\mathrm{nAA} + \mathrm{nAB}}{2n}, q(B) = \frac{2\mathrm{nBB} + \mathrm{nAB}}{2n},$$

где p – частота аллеля A, q – частота аллеля B, n – общее число аллелей.

Результаты и обсуждение

Были установлены частоты встречаемости аллелей и генотипов генов *TNFAIP3* и CDS1 в выборке свиней крупной белой породы (табл. 1) и породы ландрас (табл. 2).

На основании полученных данных был произведен анализ признаков продуктивности, а именно толщины шпика на холке и толщины шпика над шестым-седьмым грудными

Ген	Частота генотипов			Частота аллелей		
TNFAIP3	AA	AG	GG	A	G	
	0,67	0,29	0,04	0,82	0,18	
CDS1	AA	AC	CC	A	С	
	0,06	0,44	0,50	0,28	0,72	

Таблица 1. Частоты встречаемости	аллелей и генотипов генов
ТNFAIP3 и CDS1 в выборке свиней	породы крупная белая

Таблица 2. Частоты встречаемости аллелей и генотипо	В
генов TNFAIP3 и CDS1 в выборке свиней породы ландр	ac

Ген	Частота генотипов			Частота аллелей		
TNFAIP3	AA	AG	GG	А	G	
	0,32	0,47	0,21	0,55	0,45	
CDS1	AA	AC	CC	A	С	
	0,15	0,51	0,34	0,41	0,59	

по гену TNFAIP3 (табл. 3) и CDS1 (табл. 4). Достоверность полученных результатов исследований подтверждалась табличными данными критерия по Стьюденту.

В зависимости от генотипа по гену CDS1 можно отметить, что у свиней породы ландрас с генотипом холке и над шестым-седьмым грудными позвонками были достоверно выше, чем у животных с другими генотипами. У свиней породы крупная белая отмечалась аналогичная, хотя и недостоверная тенденция. При сравнении показателей продуктивности не было выявлено достоверных различий между животными с разными генотипами TNFAIP3.

Заключение

Качество мяса является комплексным признаком, для которого невозможно выделить один или несколько специфичных факторов. Селекционная работа по данному

позвонками, с учетом генотипов Таблица З. Показатели продуктивности свиней в зависимости от генотипов по гену TNFAIP

	Ландрас			Крупная белая			
Показатель, мм	AA	AG	GG	AA	AG	GG	
Толщина шпика на холке	12,6	12,6	12,1	12,7	12,9	12,8	
	±0,38	±0,3	±0,41	±0,22	±0,36	±0,59	
Толщина шпика над 6–7-м	11,5	11,3	11	11,3	11,5	10,9	
грудными позвонками	±0,36	±0,25	±0,41	±0,2	±0,32	±0,7	

АА показатели толщины шпика на Таблица 4. Показатели продуктивности свиней в зависимости от генотипов по гену CDS1

	Ландрас			Крупная белая			
Показатель, мм	AA	AC	CC	AA	AC	CC	
Толщина шпика на холке	14	12,4	12	13,5	12,8	12,6	
	±0,53**	±0,27	±0,35	±0,78	±0,27	±0,27	
Толщина шпика над 6–7-м	12,3	11,3	10,9	12,3	11,3	11,2	
грудными позвонками	±0,46*	±0,26	±0,3	±0,66	±0,25	±0,24	

[∗] – P≤0,95, ^{∗∗} – P≤0,99.

измерение возможно только после убоя либо с использованием дорогостоящего оборудования.

В связи с этим для создания и поддержания высокой продуктивности животных в стаде имеет смысл производить отбор с помощью данных

показателю затрудняется тем, что его об уже известных ДНК-маркерах, а также поиск новых потенциально значимых ассоциаций. Таким образом, в результате проведенной работы необходимо отметить достоверное влияние изученного полиморфизма гена CDS1 на признак толщины шпика на спине.

Материалы подготовлены в рамках выполнения работы по проекту РНФ №21-76-10038 «Изучение генетической структуры и идентификация генов, участвующих в процессах регуляции фенотипического проявления мясных, откормочных, воспроизводительных качеств закрытой популяции свиней материнских пород»

1. Василюк О.Я., Гридюшко И.Ф., Орловская Е.В., Шейко И.П. Генетические профили свиней белорусской крупной белой породы в племенных предприятиях Республики Беларусь. Зоотехническая наука Беларуси, 2023. Т. 58. №1. С. 39-49.

2. Кастулина М.В., Новиков П.А., Охрименко В.С. Зависимость мясных качеств свиней от полиморфизма гена ESR. Мировая наука, 2021. №12(57). С. 104-106.

3. Костюнина О.В., Требунских Е.А., Форнара М.С., Карпушкина Т.В. Исследование ассоциаций полиморфизма гена SCD с содержанием внутримышечного жира у свиней пород дюрок и крупная белая. Аграрный вестник Урала, 2019. №11(190). C. 35-43. DOI: 10.32417/article _5dcd861e642874.17620748.

4. Меркурьева Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве//Учебное пособие для факультета повышения квалификации. М.: Колос, 1977. 240 с.

5. 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. Т. 368. №3. C. 58-61. DOI: 10.32634/0869-8155-2023-368-3-58-61.

6. Святогорова А.Е., Третьякова О.Л., Гетманцева Л.В., Святогоров Н.А., Чекрышева В.В., Клименко А.И. Молекулярногенетические исследования влияния гена LEPR на откормочные и мясные показатели продуктивности свиней породы дюрок. Вестник КрасГАУ, 2023. №5. C. 172-178. DOI: 10.36718/1819-4036-2023-5-172-178.

Литература

7. Семенов В.В., Чижова Л.Н., Сердюков Е.И. Полиморфизм генов RYR-1, ESR, H-FABP и его использование в селекции свиней. Ветеринарная патология, 2013. №1(43). C. 71-73.

8. Соколов Н.В., Карманов Д.А. Современные метолы селекции при формировании маточного стада свиней мясного типа. Свиноводство, 2012. №3. С. 17-19.

9. Стрельцов В.А., Рябичева А.Е., Пинчук В.Ф., Стрельцова З.С. Качество свинины в зависимости от толщины шпика. Вестник Казанского государственного аграрного университета, 2013. Т. 8. №3(29). C. 144-147. DOI: 10.12737/1384.

10. Яковлева О.С. Качество свинины и факторы, ее определяющие//Молодежная наука: инновации и технологии. Великий Новгород: Сборник материалов региональной научно-практической конференции. 2022. C. 328-333. DOI: 10.34680/978-5-89896-808-3/2022.young.57.

11. Bekenev V.A., Deeva V.S., Bolshakova I.V., Aitnazarov R.B., Khoroshilova T.S., Frolova Y.V. Genetic features of pigs of different breeds Siberia. Journal of Bioinformatics and Genomics, 2021. №2(16). URL: https://iournal-biogen.org/archive/2-16-2021-august/genetic-features-of-pigsof-different-breeds-siberia (дата обращения: 11.02.2024). DOI: 1018454/ jbg.2021.2.16.1.

12. Estany J., Ros-Freixedes R., Tor M., Pena R.N. A functional variant in the Stearoyl-CoA Desaturase gene promoter enhances fatty acid desaturation in pork. PLoS ONE, 2014. Vol. 9. 1:e86177. DOI: 10.1371/ iournal.pone.0086177.

13. Gozalo-Marcilla, M., Buntjer, J., Johnsson, M. et al. Genetic architecture and major genes for backfat thickness in pig lines of diverse genetic backgrounds. Genetics Selection Evolution, 2021. Vol. 53(76). DOI: 10.1186/s12711-021-00671-w.

14. Grzes M., Sadkowski S., Rzewuska K., Szydlowski M., Switonski M. Pig fatness in relation to FASN and INSIG2 genes polymorphism and their transcript level. Molecular Biology Reports, 2016. 43(5):9-381. DOI: 10.1007/s11033-016-3969-z. PMID: 26965892; PMCID: PMC4831998.

15. Malgwi I.H., Halas V., Grünvald P., Schiavon S., Jócsák I. Genes related to fat metabolism in pigs and intramuscular fat content of pork: A focus on nutrigenetics and nutrigenomics. Animals (Basel), 2022. Vol. 12. 2:150. DOI: 10.3390/ani12020150. PMID: 35049772; PMCID: PMC8772548.

16. Pena R.N., Ros-Freixedes R., Tor M., Estany J. Genetic marker discovery in complex traits: A field example on fat content and composition in pigs. International Journal of Molecular Sciences, 2016. Vol. 17. 12:2100. https://doi.org/10.3390/ijms17122100.

17. Won S., Jung J., Park E., Kim H. Identification of genes related to intramuscular fat content of pigs using genome-wide association study. Asian Australasian Journal of Animal Sciences, 2018. Vol. 31. P. 157-162. DOI: 10.5713/ajas.17.0218.

18. Zappaterra M., Deserti M., Mazza R., Braglia S., Zambonelli P., Davoli R. A gene and protein expression study on four porcine genes related to intramuscular fat deposition. Meat Science, 2016. Vol. 121. P. 27-32. DOI: 10.1016/i.meatsci.2016.05.007. ö