

<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2023.24.5.839-848>

УДК 636.082

Поиск генетических маркеров для селекционно-племенной работы, направленной на повышение массы поросят при рождении© 2023. Е. А. Романец , Т. С. Романец, О. Л. Третьякова, Л. В. Гетманцева
ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», п. Персиановский, Российская Федерация

При интенсивном повышении признаков плодовитости свиноматок возникла проблема снижения массы поросят при рождении. В связи с этим, особую актуальность и научную значимость приобретает поиск генетических вариантов, связанных с массой поросят при рождении. Целью работы – на основе данных полногеномного генотипирования, используя метод *Fst*, идентифицировать генетические варианты, связанные с массой поросенка при рождении и протестировать их для выбора оптимальных генетических маркеров для селекционно-племенной работы, способствующей повышению воспроизводительной продуктивности свиней. Исследования проводили в 2020-2022 гг. на свиньях породы крупная белая ($n = 239$), разводимых в ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Тюменской области. Генотипирование проводили с использованием GeneSeek® GGP Porcine HD Genomic Profiler v1 (Illumina Inc, США). Фильтрацию геномных данных провели в соответствии со следующими параметрами --geno 0.1, --mind 0.1, --maf 0.05, --hwe 1e-7, --indep-pairwise 50 5 0.8. Для идентификации геномных областей, связанных с массой поросят при рождении, использовали статистику *Fst*, путем сравнения генетических вариантов у свиней между двумя группами с высокими и низкими показателями. Значимыми вариантами считали те, у которых значения *Fst* превышали уровень квантиля 0,999. Для оценки значимости эффектов генотипов вариантов на массу поросят при рождении и количество поросят при рождении использовали критерий Стьюдента. Результаты показали, что между массой поросят при рождении и количеством поросят при рождении существует умеренная отрицательная связь ($-0,351$). Выявлено 17 SNP, связанных с массой поросят при рождении, 9 из которых локализованы в генах *KIF13A*, *STK24*, *FDFT1*, *ADGRD1*, *STX2*, *TMEM132D*, *ENSSSCG00000054866*, *ENSSSCG00000058459*, а также SNPs *rs81450496*, *rs80887103* в межгенных областях, были определены как перспективные генетические маркеры для повышения массы поросят при рождении. Полученные результаты могут быть использованы для создания отечественных селекционных технологий, способствующих повышению эффективности свиноводства.

Ключевые слова: свиньи, масса одного поросенка при рождении, SNP, *Fst*, геномные области, ген**Благодарности:** работа выполнена без финансового обеспечения в рамках инициативной тематики.

Авторы выражают благодарность за помощь в проведении исследования генеральному директору ЗАО «Племзавод-Юбилейный» Сергею Николаевичу Мамонтову и зоотехнику-селекционеру Надежде Сергеевне Крючковой.

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.**Для цитирования:** Романец Е. А., Романец Т. С., Третьякова О. Л., Гетманцева Л. В. Поиск генетических маркеров для селекционно-племенной работы, направленной на повышение массы поросят при рождении. Аграрная наука Северо-Востока. 2023;24(5):839-848. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2023.24.5.839-848>

Поступила: 17.05.2023

Принята к публикации: 10.10.2023

Опубликована онлайн: 30.10.2023

Search for genetic markers for selection and breeding aimed at increasing birth weight of piglets

© 2023. Elena A. Romanets , Timofey S. Romanets, Olga L. Tretyakova, Lyubov V. Getmantseva

Don State Agrarian University, Persianovsky, Russian Federation

With the intensive increase in the fertility traits of sows, the problem of decreasing the weight of piglets at birth has arisen. In this connection, the search for genetic variants associated with the birth weight of piglets is of particular relevance and scientific significance. The aim of the work was to identify genetic variants associated with piglet weight at birth and test them to select optimal genetic markers for selection and breeding work to improve reproductive performance of pigs on the basis of full genomic genotyping data using the *Fst* method. The studies were conducted in 2020-2022 on Large White pigs ($n=239$) bred at CJSC Plemzavod-Yubileiny in the Tyumen Region. Genotyping was performed using GeneSeek® GGP Porcine HD Genomic Profiler v1 (Illumina Inc., USA). Genomic data were filtered according to the following parameters --geno 0.1, --mind 0.1, --maf 0.05, --hwe 1e-7, --indep-pairwise 50 5 0.8. To identify genomic regions associated with piglet birth weight, there was used *Fst* statistics comparing genetic variants in pigs between two groups with high and low indices. Those in which the *Fst* values exceeded the quantile level of 0.999 were considered significant variants. Student's test was used to evaluate the significance of the effects of variant genotypes on the birth weight and number of piglets at birth. The results showed that

there was a moderate negative relationship (-0.351) between piglet birth weight and number of piglets at birth. 17 SNPs associated with birth weight of piglets were identified, 9 of which were located in the KIF13A, STK24, FDFT1, ADGRD1, STX2, TMEM132D, ENSSSCG00000054866, ENSSSCG00000058459 genes, as well as SNPs rs81450496, rs80887103 in intergenic regions have been identified as promising genetic markers for increase in birth weight of piglets. The results obtained can be used to create domestic breeding technologies that improve the efficiency of pig breeding.

Keywords: pigs, weight per piglet at birth, SNP, Fst, genomic regions, gene

Acknowledgements: the work was carried out without financial support within the framework of the initiative theme.

The authors thank Sergei Nikolaevich Mamontov, General Director of CJSC Plemzavod-Yubileiny, and Nadezhda Sergeevna Kryuchkova, zootechnician-breeder, for their assistance in conducting the study.

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

Conflict of interest: the authors declare no conflict of interest.

For citation: Romanets E. A., Romanets T. S., Tretyakova O. L., Getmantseva L. V. Search for genetic markers for selection and breeding aimed at increasing birth weight of piglets. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2023;24(5):839-848. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2023.24.5.839-848>

Received: 17.05.2023

Accepted for publication: 10.10.2023

Published online: 30.10.2023

Воспроизводительные качества свиноматок являются сложной комбинацией биологических признаков, которые слабо наследуются. Основными показателями продуктивности свиноматок являются: плодовитость, определяемая количеством поросят при рождении и многоплодием; масса поросят, измеряемая как общая масса гнезда и масса одного поросенка при рождении. При интенсивном повышении признаков плодовитости свиноматок возникла проблема снижения массы поросят при рождении, которая является важным показателем, влияющим на экономическую эффективность свиноводства, так как низкая масса поросят снижает их жизнеспособность и приводит к более высокой смертности в период от рождения до отъёма [1, 2]. Низкая масса поросят при рождении также обусловлена задержкой их внутриутробного развития, которая может вызывать дисфункцию органов и тканей, необходимых для нормальной пищеварительной функции и метаболизма, что в дальнейшем возможно негативно повлияет на их продуктивные показатели. В связи с этим, для повышения эффективности свиноводства необходимо стремиться к увеличению массы поросят при рождении [3, 4, 5].

Условия содержания и кормления влияют на показатель «масса поросят при рождении» и другие признаки продуктивности свиней. Современное оборудование и регулирование кормовых рационов позволяют создавать оптимальные условия для роста и развития животных. Совершенствование геномных и информационных технологий может улучшить селекционную работу [6].

Анализируя информацию, представленную в российских и международных источниках, можно отметить важность исследования признаков плодовитости свиноматок

(количество поросят при рождении и многоплодие) [7, 8, 9, 10]. Тем не менее в последнее время, наряду с плодовитостью свиноматок, все более остро поднимаются вопросы о массе поросят при рождении [11, 12, 13, 14]. С одной стороны, считают, что повышение количества поросят при рождении напрямую связано со снижением массы поросят. С другой, все больше появляется данных, что снижение массы поросят при рождении не зависит напрямую от их количества, а в большей степени связано с физиологическими особенностями свиноматки (например, емкостью матки, возможностями обеспечить энергетические затраты на полноценное развитие потомства в эмбриональный период и т.д.) [15, 16, 17].

Таким образом, предполагают, что существуют отдельные генетические механизмы, регулирующие массу гнезда и не пересекающиеся с формированием признаков плодовитости.

В связи тем, что на сегодняшний день актуальной задачей является не допустить снижения массы поросят при рождении при высокой плодовитости свиноматок, необходимо проводить исследования, направленные на поиск генетических вариантов и оценку их влияния на признаки плодовитости свиней.

Цель работы – на основе данных полногеномного генотипирования, используя метод Fst, идентифицировать генетические варианты, связанные с массой поросенка при рождении, и протестировать их для выбора оптимальных генетических маркеров в селекционно-племенной работе, способствующей повышению воспроизводительной продуктивности свиней.

Научная новизна – на основе племенного поголовья свиней одного из хозяйств РФ проведены полногеномные исследования с использованием чипов GeneSeek® GGP Porcine HD Genomic Profiler v1 (Illumina Inc, США) и

установлены SNP, определяющие генетическую архитектуру массы поросят при рождении и при этом напрямую не затрагивающие плодовитость свиноматок.

Полученные результаты могут быть использованы для создания отечественных селекционных технологий, способствующих повышению эффективности свиноводства.

Материал и методы. Исследования проводили на свиньях породы крупная белая, разводимых в одном из племенных хозяйств Тюменской области. Для определения генетических вариантов оказывающих положительное влияние на массу поросят и не проявляющих влияния на их количество, учитывали показатели по 3-м опоросам: количество поросят при рождении (TNB_3) (гол.) и массу одного поросенка при рождении (LWBr_3) (кг). Обработку данных проводили в программе R studio, при фильтрации данных были удалены выбросы больше 3-х сигм. Фильтрацию данных генотипирования проводили с помощью программы Plink 1.9, для расчета Fst использовали функцию `plink_fst` (Purcell S, et al. 2007. PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. American Journal of Human Genetics, 81. <http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink/>). Для оценки нормального распределения данных использовали функцию QQ-plot. После фильтрации получили выборку из 239 свиноматок. По признаку «масса одного поросенка при рождении» их разделили на три группы: низкие, средние и высокие (по квантилям 0-0,1; 0,1-0,9; 0,9-1). На основе этого сформировали 2 группы по 24 поросенка в каждой: первая – с низкими показателями массы поросят при рождении (0,7-1,0 кг); вторая – с высокими показателями массы поросят (1,4-1,6 кг). На основе этого сформировали по 2 группы животных с высокими и низкими показателями.

Генотипирование проводили с использованием GeneSeek® GGP Porcine HD Genomic Profiler v1 (Illumina Inc, США). Массив GGP Porcine содержит около 80 тыс. SNP, специально выбранных для оптимального расстояния между хромосомами и высокими значениями частоты минорных аллелей для использования в большинстве коммерческих племенных линий. Этот массив средней плотности предлагает мощность и разрешение для широкого спектра применений в свиноводстве и геномике, включая изучение ассоциации маркер-признак, оценку чистых линий, идентификацию многолинейных эталонных популяций, а также исследовательские приложения для

полногеномного анализа. Фильтрацию геномных данных провели в соответствии со следующими параметрами --geno 0.1, --mind 0.1, --maf 0.05, --hwe 1e-7, --indep-pairwise 50 5 0.8. Для идентификации геномных областей, связанных с массой поросят при рождении, использовали статистику Fst, путем сравнения генетических вариантов у свиней I и II групп. Значимыми вариантами считали те, у которых значения Fst превышали уровень квантиля 0,999. Далее генетические варианты идентифицировали и перевели в геномные позиции Sus scrofa 11.1 по базе Ensembl genome browser 109 (<https://www.ensembl.org/index.html>). Для оценки значимости эффектов генетических вариантов на массу поросят при рождении и количество поросят при рождении использовали критерий Стьюдента. Коэффициенты корреляции определяли по критерию Пирсона, для оценки уровня достоверности использовали корреляционный тест.

Результаты и их обсуждение. Анализ корреляционных связей в свиноводстве позволяет определить степень взаимосвязи между различными параметрами продуктивности и получить информацию о том, как изменения в одном параметре могут повлиять на другой. Эта информация позволяет оптимизировать селекционно-племенную работу со стадом. Визуализация результатов анализа связи количества поросят при рождении (TNB_3) и массы поросенка при рождении (LWBr_3) представлена на коррелограмме (рис. 1).

Путем использования корреляционного анализа было установлено, что между массой поросят при рождении и количеством поросят при рождении существует умеренная отрицательная связь (-0,351). Таким образом мы предполагаем, что эти два признака не напрямую связаны между собой, что указывает на наличие генетических факторов, влияющих на массу поросенка при рождении.

Для выявления генетических факторов, влияющих на массу поросят при рождении у свиней крупной белой породы, использовали статистику Fst, с помощью которой сравнивали генетические варианты у свиней I и II групп. Значимыми вариантами считали те, у которых значения Fst превышали уровень квантиля 0,999. Результаты исследований показали наличие 17 SNPs, связанных с этим признаком. Эти варианты были локализованы на 4, 6, 7, 11-14 хромосомах, причем в 7 хромосоме было обнаружено 4 SNP, а в 14 – 8 SNP вариантов (рис. 2)

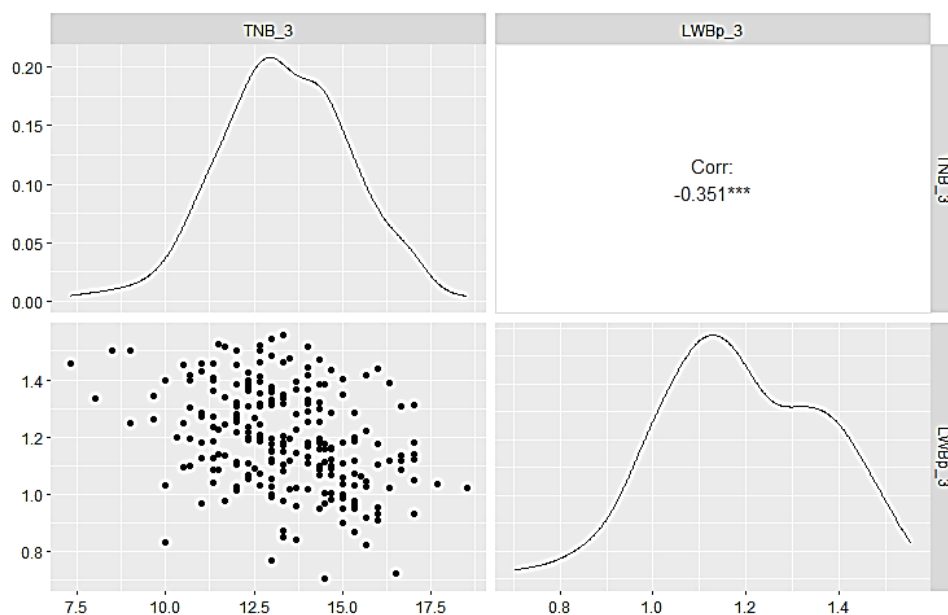


Рис. 1. Коррелограмма для признаков продуктивности свиноматок /

Fig. 1. Correlogram for sow performance traits

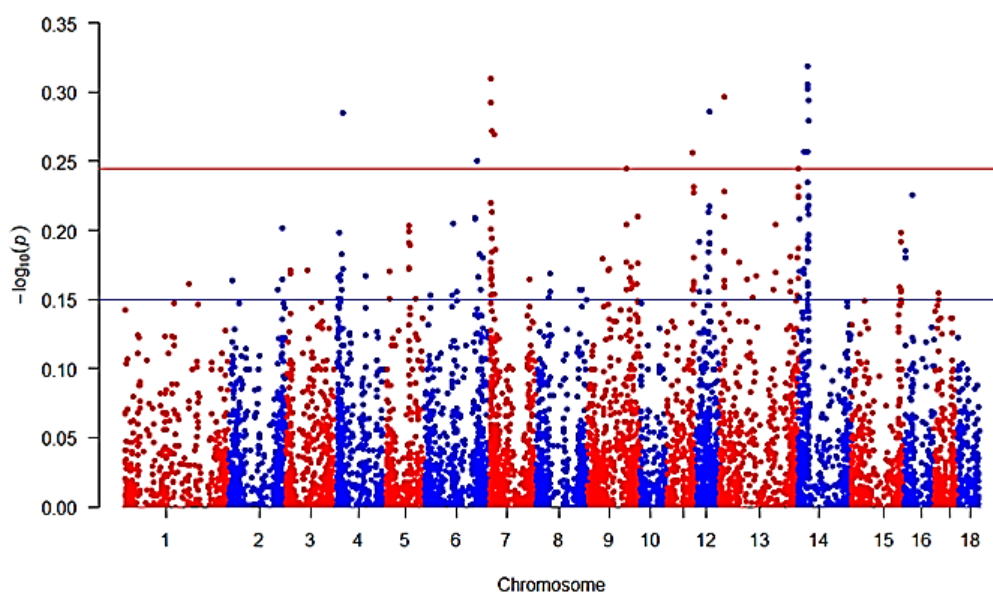


Рис. 2. Манхетенский сюжет для Fst между двумя группами свиноматок по массе поросенка при рождении /

Fig. 2. Manhattan plot for Fst between two groups of sows by piglet weight at birth

Среди выявленных SNPs были представлены различные варианты нуклеотидных замен, такие как: 1 SNP – вариант экзона некодирующего транскрипта; 1 SNP – вариант последовательности, расположенный на 3' – конце гена, 7 SNP – межгенные варианты и 6 SNP – нуклеотидные замены в интронах. Подробности приведены в таблице 1. Область генома с сильными выбросами содержала 8 генов: *KIF13A*, *STK24*, *FDFT1*, *ADGRD1*, *STX2*, *TMEM132D*, *ENSSSCG00000054866*, *ENSSSCG00000058459*.

Для определения влияния генетических вариантов с высоким Fst на фенотипы воспроизводительной продуктивности эти варианты были протестированы на всех животных ($n = 239$). В таблице 2 представлены результаты средних значений и стандартного отклонения фенотипов воспроизводительной продуктивности свиноматок различных генотипов по значимым генетическим вариантам.

На основе оценок эффектов были выявлены 10 SNP, показавших значительные раз-

личия по показателю «масса гнезда при рождении» у свиноматок с генотипами AA и BB. Из них 5 SNP – (rs81450496 (14_26835204), rs81261040 (14_24379011) - STX2, rs344327731 (14_24126896) - ADGRD1, rs80887103 (14_23611137), rs324422009 (11_67605281) -

STK24) были статистически значимы при $p < 0,001$. Кроме того, все значимые варианты с высоким Fst для массы гнезда при рождении (кроме rs80910377 (7_3905792)) не показали влияния на количество поросят при рождении.

Таблица 1 – Идентифицированные SNP у свиней крупной белой породы /

Table 1 – Identified SNPs in Large White Pigs

Хромосома / Chromosomes	Позиция / Position	FST	Вариант / Variant	Последовательность / Subsequence	Ген / Gene
4	16718090	0,285046	rs333630634	Intron variant	ENSSSCG00000054866
6	138522893	0,250555	rs81392150	Intergenic variant	-
7	3905792	0,292179	rs80910377	Intergenic variant	-
7	5296010	0,310044	rs343833434	Non coding transcript exon variant	ENSSSCG00000058459
7	5874224	0,272036	rs342839983	Intergenic variant	-
7	13497808	0,269663	rs324429940	Downstream gene variant	KIF13A
11	67605281	0,256122	rs324422009	Intron variant	STK24
12	34013247	0,286138	rs81434193	Intergenic variant	-
13	12208616	0,296955	rs323140387	Intergenic variant	-
14	14984025	0,256858	rs81223838	Intron variant	FDFT1
14	23611137	0,302067	rs80887103	Intergenic variant	-
14	24126896	0,30538	rs344327731	Intron variant	ADGRD1
14	24379011	0,318727	rs81261040	3 prime utr variant	STX2
14	25819210	0,304084	rs81450422	Intron variant	TMEM132D
14	25847319	0,257132	rs80818212	Intron variant	TMEM132D
14	26773435	0,279566	Не представлен в базе		
14	26835204	0,294241	rs81450496	Intergenic variant	-

Из результатов исследования можно сделать вывод, что для увеличения массы гнезда при рождении у свиней наиболее эффективными генетическими маркерами могут являться rs81450496, rs81261040 (STX2), rs344327731 (ADGRD1), rs80887103, rs324422009 (STK24). Свиноматки с генотипом rs81450496_BB имели поросят с более высокой массой при рождении на 0,12 кг ($p < 0,001$), чем свиноматки с генотипом rs81450496_AA (рис. 3А). Количество поросят при рождении у свиноматок генотипа rs81450496_BB составило 13 гол., у свиноматок с генотипом AA – 13,5 гол. (рис. 3В), однако достоверных различий по количеству поросят при рождении, связанных с генотипами rs81450496, не определено.

Вариант rs81261040 локализован в гене STX2. Свиноматки с генотипом STX2_AA имели поросят с массой при рождении значительно больше, чем свиноматки с другими

генотипами: различия между генотипами STX2_AA и STX2_BB составили 0,13 кг ($p < 0,001$), между генотипами STX2_AA и STX2_AB – 0,07 кг ($p < 0,01$) (рис. 4А). Количество поросят при рождении у свиноматок генотипа STX2_AA составило 13,6 гол. (рис. 4В).

Ген STX2 – Шига-токсин-продуцирующая кишечная палочка (STEC) вызывает дефекты проксимальных канальцев почек. Однако факторы, изменяемые токсином Шига (Stx) в проксимальных канальцах, еще не изучены, F. Obata с соавторами определили рецептор Stx Gb3 в почках мыши и человека и подтвердили экспрессию рецептора в проксимальных канальцах. Stx2 изменяет экспрессию генов в проксимальных канальцах мыши и человека посредством известных действий и недавно исследованного нарушения циркадного ритма, что может привести к дисфункции проксимальных канальцев [18].

Таблица 2 – Эффекты генотипов значимых генетических вариантов по Fst на признаки продуктивности свиноматок /

Table 2 – Effects of genotypes of significant genetic variants for Fst on the performance traits of sows

Признак / Trait	Mean±SD			AA-BB
	AA	AB	BB	
rs81450496 (14 26835204)				
LWBp 3	1,15±0,16	1,19±0,18	1,27±0,18	-0,12 ***
TNB 3	13,53±1,87	13,41±1,82	12,95±1,95	0,58 n/a
rs81450422 (14 25819210) - TMEM132D				
LWBp 3	1,27±0,16	1,23±0,18	1,14±0,16	0,13**
TNB 3	13,89±1,78	13,27±2,01	13,38±1,76	0,51 n/a
rs81261040 (14 24379011) - STX2				
LWBp 3	1,27±0,18	1,20±0,18	1,14±0,16	0,13 ***
TNB 3	13,57±1,93	13,19±1,89	13,50±1,81	0,07 n/a
rs344327731 (14 24126896) - ADGRD1				
LWBp 3	1,15±0,16	1,21±0,18	1,28±0,15	-0,13 ***
TNB 3	13,53±1,78	13,16±1,89	13,52±2,11	0,01 n/a
rs80887103 (14 23611137)				
LWBp 3	1,27±0,18	1,22±0,18	1,14±0,16	0,13***
TNB 3	13,69±1,70	13,26±1,95	13,40±1,83	0,29 n/a
rs81223838 (14 14984025) - FDFT1				
LWBp 3	1,26±0,22	1,20±0,15	1,15±0,17	0,11 **
TNB 3	13,20±1,52	13,39±1,75	13,42±2,12	-0,22 n/a
rs324422009 (11 67605281) - STK24				
LWBp 3	1,23±0,17	1,16±0,17	1,09±0,17	0,14 ***
TNB 3	13,31±1,94	13,43±1,85	13,45±1,58	0,14 n/a
rs342839983 (7 5874224)				
LWBp 3	1,15±0,17	1,20±0,18	1,26±0,18	-0,11 **
TNB 3	13,40±1,89	13,32±1,84	13,44±1,95	-0,04 n/a
rs343833434 (7 5296010) - ENSSCG00000058459				
LWBp 3	1,16±0,17	1,22±0,17	1,28±0,17	-0,12 **
TNB 3	13,32±1,94	13,50±1,71	13,25±1,97	0,07 n/a
rs81392150 (6 138522893)				
LWBp 3	1,14±0,19	1,21±0,17	1,22±0,16	-0,08 *
TNB 3	13,52±2,00	13,39±1,80	12,99±1,78	0,53 n/a
rs333630634 (4 16718090) - ENSSCG00000054866				
LWBp 3	1,17±0,17	1,21±0,18	1,23±0,15	-0,06 n/a
TNB 3	13,54±1,81	13,28±1,93	12,70±1,84	-0,84 n/a
rs80910377 (7 3905792)				
LWBp 3	1,30±0,19	1,22±0,17	1,17±0,17	0,13 n/a
TNB 3	11,85±1,92	13,27±1,85	13,51±1,84	1,66 *
rs324429940 (7 13497808) - KIF13A				
LWBp 3	1,16±0,17	1,19±0,18	1,22±0,17	-0,06 n/a
TNB 3	13,72±1,78	13,39±1,74	13,10±2,03	0,62 n/a
rs81434193 (12 34013247)				
LWBp 3	1,21±0,18	1,20±0,17	1,16±0,18	0,05 n/a
TNB 3	13,27±2,18	13,15±1,89	13,72±1,63	0,45 n/a
rs323140387 (13 12208616)				
LWBp 3	1,26±0,17	1,25±0,17	1,16±0,17	0,10 n/a
TNB 3	14,00±2,02	12,95±1,89	13,49±1,83	0,51 n/a
rs80818212 (14 25847319) - TMEM132D				
LWBp 3	1,23±0,16	1,25±0,17	1,15±0,17	0,08 n/a
TNB 3	13,53±1,22	13,29±2,11	13,40±1,77	0,13 n/a

Примечания: Mean – среднее значение; SD – стандартное отклонение; LWBp_3 – масса поросенка при рождении (кг); TNB_3 – кол-во поросят при рождении (гол.); *** – p < 0,001, *Mean * – p < 0,01, * – p < 0,05, n/a – p > 0,05 /

Notes: Mean – mean value; SD – standard deviation; LWBp_3 – piglet weight at birth (kg); TNB_3 – number of piglets at birth (head); *** – p < 0.001, ** – p < 0.01, * – p < 0.05, n/a – p > 0.05

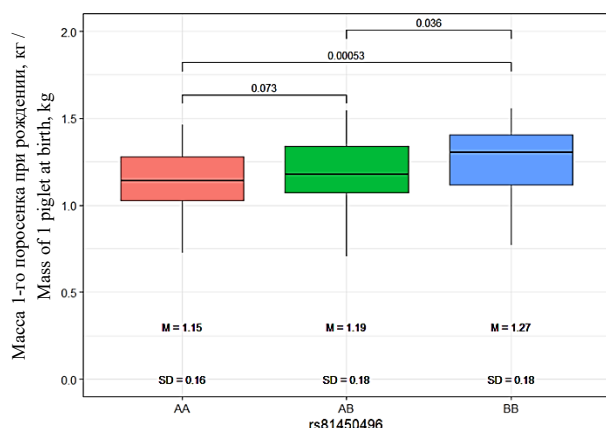


Рис. 3А. Масса поросят при рождении при различных генотипах rs81450496 /

Fig. 3A. Weight of piglets at birth in different rs81450496 genotypes

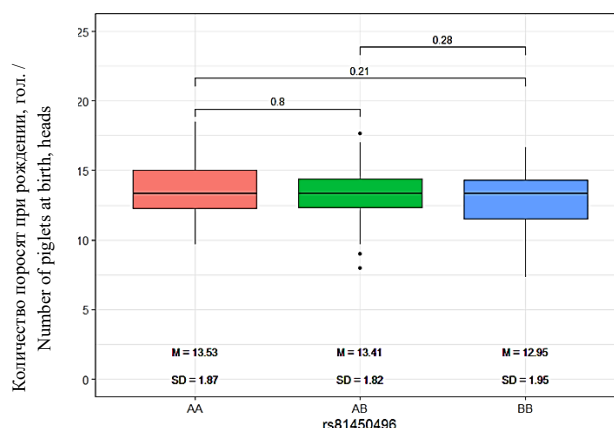


Рис. 3В. Количество поросят при различных генотипах rs81450496 /

Fig. 3B. Number of piglets in different rs81450496 genotypes

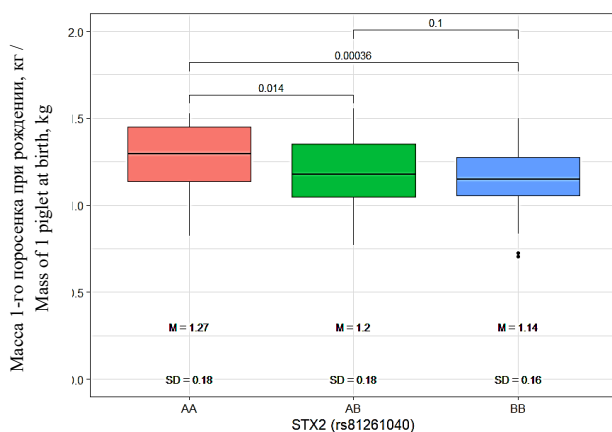


Рис. 4А. Масса поросят при рождении при различных генотипах гена STX2 /

Fig. 4A. Birth weight of piglets with different STX2 genotypes

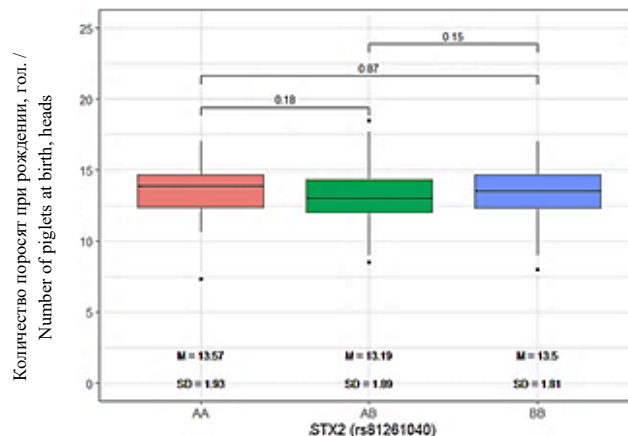


Рис. 4В. Количество поросят при различных генотипах гена STX2 /

Fig. 4B. Number of piglets with different STX2 genotypes

Также было выявлено, что вариант rs344327731, расположенный в гене *ADGRD1*, оказывает влияние на массу поросят при рождении. Свиноматки с генотипом *ADGRD1_BB* имели поросят с массой на 0,13 кг ($p < 0,001$) больше, чем свиноматки с генотипом *ADGRD1_AA*. Достоверные различия также определены между генотипами *ADGRD1_AB* и *ADGRD1_AA* (0,06 кг, ($p < 0,05$)) (рис. 5А). Количество поросят при рождении у свиноматок генотипа *ADGRD1_BB* составило 13,5 голов (рис. 5В).

Литературный анализ показал, что, ген *ADGRD1*, также известный как *GPR133*, кодирует белок, который является членом семейства G-протеин-связанных рецепторов, кото-

рые играют важную роль в передаче сигналов внутри клеток и участвуют во множестве биологических процессов.

Существует ограниченное количество исследований, связанных с геном *ADGRD1*. В своей работе Mansego M. L. с соавторами [19] ген *ADGRD1* ассоциировали с массой тела у людей, что согласуется с результатами более раннего исследования Chan, Y. F. с соавторами [20], связавшего SNPs в этом гене с массой тела у мышей. Также ученый E. Bianchi с соавторами в своих исследованиях, опубликованных в 2021 году, сообщают, что ген *ADGRD1* играет важную роль в транспортировке эмбрионов, так как он регулирует поток овидуктальной жидкости, контролируя транзит эмбриона [21].

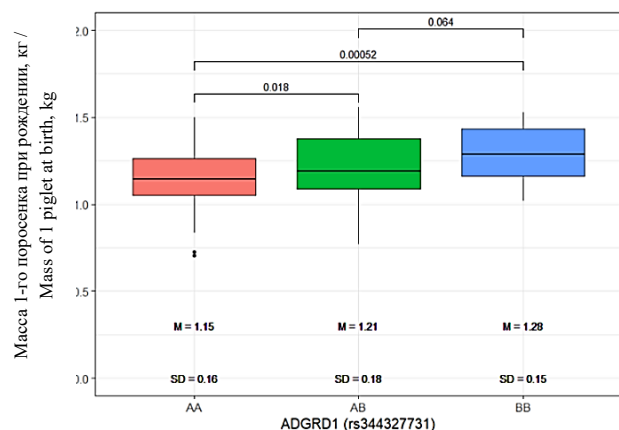


Рис. 5А. Масса поросят при рождении при различных генотипах гена ADGRD1 /
Fig. 5A. Birth weight of piglets with different ADGRD1 genotypes

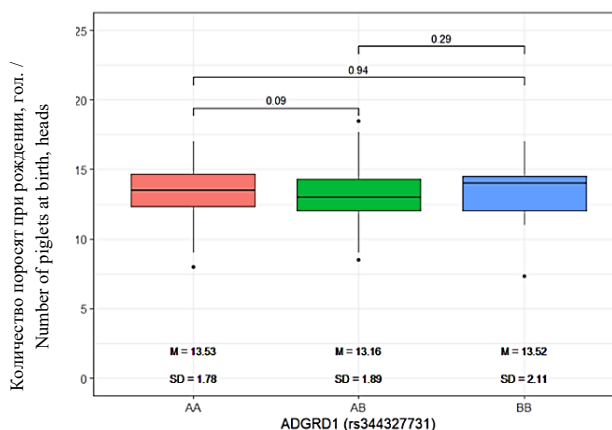


Рис. 5В. Количество поросят при различных генотипах гена ADGRD1 /
Fig. 5B. Number of piglets with different ADGRD1 genotypes

Эффект генотипа rs80887103_AA на массу поросят выявили в варианте rs80887103, при этом эффект аллеля А также проявился и в генотипе rs80887103_AB. Различия по массе поросят между генотипами rs80887103_AA и rs80887103_BB составили 0,13 кг ($p < 0,001$),

а между rs80887103_AB и rs80887103_BB – 0,08 кг ($p < 0,001$) (рис. 6А). У свиноматок количество поросят при рождении с генотипами rs80887103_AA и rs80887103_AB получено 13,7 и 13,3 соответственно (рис. 6В).

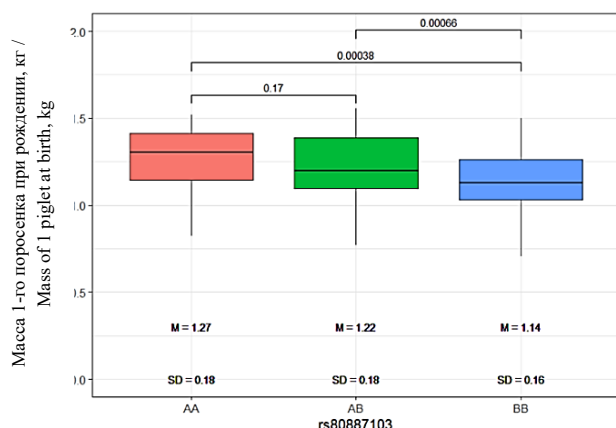


Рис. 6А. Масса поросят при рождении при различных генотипах rs80887103 /
Fig. 6A. Weight of piglets at birth in different rs80887103 genotypes

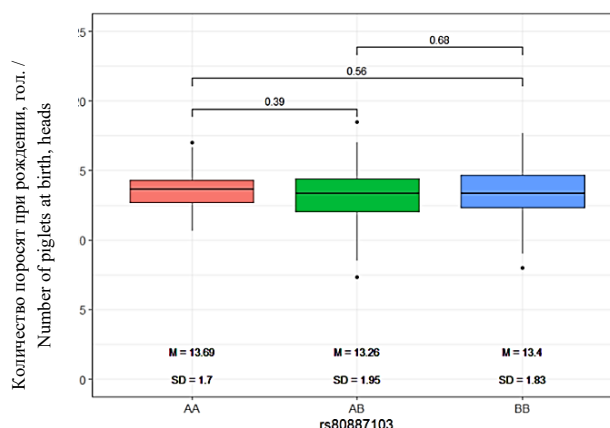


Рис. 6В. Количество поросят при различных генотипах rs80887103 /
Fig. 6B. Number of piglets in different rs80887103 genotypes

Установлен вариант rs324422009 в гене STK24. Свиноматки генотипа STK24_AA достоверно превосходили животных с другими генотипами по массе поросят при рождении. Свиноматки генотипа STK24_AA имели поросят с массой на 0,23 кг ($p < 0,001$) больше, чем свиноматки с генотипом STK24_BB, и на 0,07 кг ($p < 0,01$) больше, чем свиноматки с генотипом STK24_AB (рис. 7А). Количество поросят при рождении у свиноматок генотипа STK24_AA составило 13,3 гол. (рис. 7В).

Ген STK24 – серин/треонин-протеинкиназа 24 принадлежит к подсемейству киназ III зародышевого центра (GCK-III) и экспрессируется в нормальных тканях и тканях рака желудка [22]. Этот ген также известен, как STE20-подобная протеинкиназа млекопитающих 3 (MST-3). В исследованиях Hsu H.P. с соавторами роль STK24 была заключена в контроле миграции раковых клеток и регуляции дегрануляции нейтрофилов [23].

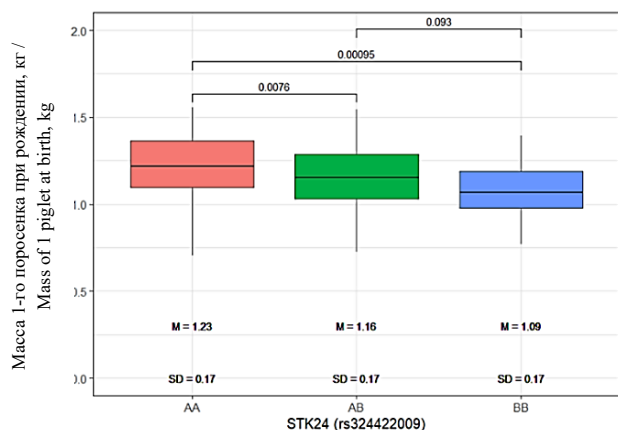


Рис. 7А. Масса поросят при рождении при различных генотипах гена STK24 /
Fig. 7A. Birth weight of piglets with different STK24 genotypes

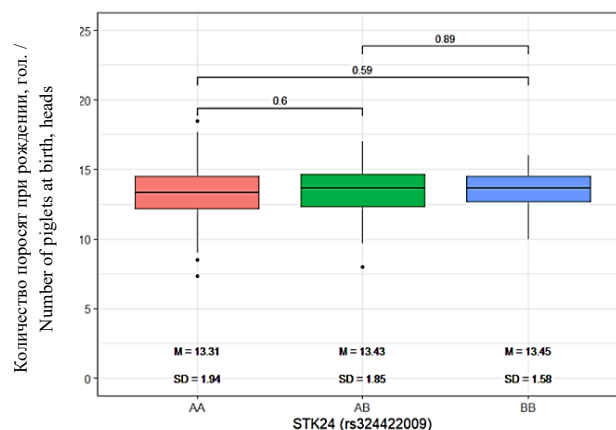


Рис. 7Б. Количество поросят при различных генотипах гена STK24 /
Fig. 7B. Number of piglets with different genotypes of the STK24 gene

Заключение. Использование метода Fst позволило выявить 17 SNP, связанных с массой поросят при рождении, 9 из которых локализованы в генах *KIF13A*, *STK24*, *FDFT1*, *ADGRD1*, *STX2*, *TMEM132D*, *ENSSSCG00000054866*, *ENSSSCG00000058459*.

SNPs в генах *STK24*, *ADGRD1*, *STX2*, и SNPs rs81450496, rs80887103, локализованные

в межгенной области, были определены как перспективные генетические маркеры, которые следует рассматривать для дальнейшего изучения и впоследствии использовать в селекционно-племенной работе для повышения массы поросят при рождении.

References

1. Declerck I., Dewulf J., Sarrazin S., Maes D. Long-term effects of colostrum intake in piglet mortality and performance. *Journal of Animal Science*. 2016;94(4):1633-1643. DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9564>
2. Rutherford K., Baxter E., D'eath R., Turner S., Arnott G., Roehe R., Ask B., Sandøe P., Moustsen V. A., Thorup F., Edwards S. A., Berg P., Lawrence A. B. The welfare implications of large litter size in the domestic pig I: biological factors. *Animal Welfare*. 2013;22(2):199-218. DOI: <https://doi.org/10.7120/09627286.22.2.199>
3. Tan C., Huang Z., Xiong W., Ye H., Deng J., Yin Y. A review of the amino acid metabolism in placental function response to fetal loss and low birth weight in pigs. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2022;13(1):28. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40104-022-00676-5>
4. Ayuso M., Irwin R., Walsh C., Van Cruchten S., Van Ginneken C. Low birth weight female piglets show altered intestinal development, gene expression, and epigenetic changes at key developmental loci. *The FASEB Journal*. 2021;35(4):e21522. DOI: <https://doi.org/10.1096/fj.202002587R>
5. Liu Z. X., Wei H. K., Zhou Y. F., Peng J. Multi-level mixed models for evaluating factors affecting the mortality and weaning weight of piglets in large-scale commercial farms in central China. *Animal Science Journal*. 2018;89(5):760-769. DOI: <https://doi.org/10.1111/asj.12963>
6. Суховольский О. К. Значение биотехнологии в современном животноводстве. *Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета*. 2019;(54):102-107. DOI: <https://doi.org/10.24411/2078-1318-2019-11102> EDN: OBWFEN
7. Sukhovolskiy O. K. The importance of biotechnology in modern animal husbandry. *Izvestiya Sankt-Peterburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta = Izvestiya Saint-Petersburg State Agrarian University*. 2019;(54):102-107. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.24411/2078-1318-2019-11102>
8. Wang X., Liu X., Deng D., Yu M., Li X. Genetic determinants of pig birth weight variability. *BMC Genetic*. 2016;17(1):41-48. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12863-015-0309-6>
9. Ajayi B., Akinokun J. Evaluation of some litter traits and heritability estimates of Nigerian Indigenous pigs. *International Journal of Applied Agriculture and Apiculture Research*. 2013;9(1-2):113-119. URL: <https://www.ajol.info/index.php/ijaaar/article/view/96936>
10. Putz A., Tiezzi F., Maltecca C., Gray K. A., Knauer M. Variance component estimates for alternative litter size traits in swine. *Journal of Animal Science*. 2015;93(11):5153-5163. DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9416>
11. Banville M., Riquet J., Bahun D., Sourdoux M., Canario L. Genetic parameters for litter size, piglet growth and sow's early growth and body composition in the Chinese-European line Tai Zumu. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2015;132(4):328-337. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbg.12122>
12. Bekenev V. A. Ways to improve the gene pool of pigs of the Russian Federation. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018;22(8):912-921. DOI: <https://doi.org/10.18699/VJ18.433>

12. Bakoev S., Traspov A., Getmantseva L., Belous A., Karpushkina T., Kostyunina O., Usatov A., Tatarinova T. V. Detection of genomic regions associated malformations in newborn piglets: a machine-learning approach. *PeerJ*. 2021;9:e11580. DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.11580>
13. Bakoev S., Getmantseva L., Kostyunina O., Bakoev N., Prytkov Y., Usatov A., Tatarinova T. V. Genome-wide analysis of genetic diversity and artificial selection in Large White pigs in Russia. *PeerJ*. 2021;9:e11595. DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.11595>
14. Bakoev S., Getmantseva L., Bakoev F., Kolosova M., Gabova V., Kolosov A., Kostyunina O. Survey of SNPs Associated with Total Number Born and Total Number Born Alive in Pig. *Genes*. 2020;11(5):491. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes11050491>
15. Sell-Kubiak E. Selection for litter size and litter birthweight in Large White pigs: Maximum, mean and variability of reproduction traits. *Animal*. 2021;15(10):100352. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100352>
16. Distl O. Mechanisms of regulation of litter size in pigs on the genome level. *Reproduction in Domestic Animals*. 2007;42(S2):10-16. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2007.00887.x>
17. Zhang L., Wang L., Li Y., Li W., Yan H., Liu X., Zhao K., Wang L. A. substitution within erythropoietin receptor gene D1 domain associated with litter size in Beijing Black pig, *Sus scrofa*. *Animal science journal*. 2011;82(5):627-632. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2011.00901.x>
18. Obata F., Ozuru R., Tsuji T., Matsuba T., Fujii J. Stx2 Induces Differential Gene Expression and Disturbs Circadian Rhythm Genes in the Proximal Tubule. *Toxins*. 2022;14(2):69. DOI: <https://doi.org/10.3390/toxins14020069>
19. Manso M. L., Milagro F. I., Zulet M. Á., Moreno-Aliaga M. J., Martínez J. A. Differential DNA methylation in relation to age and health risks of obesity. *International journal of molecular sciences*. 2015;16(8):16816-16832. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms160816816>
20. Chan Y. F., Jones F. C., McConnell E., Bryk J., Bünger L., Tautz D. Parallel selection mapping using artificially selected mice reveals body weight control loci. *Current Biology*. 2012;22(9):794-800. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2012.03.011>
21. Bianchi E., Sun Y., Almansa-Ordóñez A., Woods M., Goulding D., Martínez-Martin N., Wright G. J. Control of oviductal fluid flow by the G-protein coupled receptor *Adgrd1* is essential for murine embryo transit. *Nature communications*. 2021;12(1):1251. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-021-21512-w>
22. Ling P., Lu T. J., Yuan C. J., Lai M. D. Biosignaling of mammalian Ste20-related kinases. *Cellular signalling*. 2008;20(7):1237-1247. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cellsig.2007.12.019>
23. Hsu H. P., Wang C. Y., Hsieh P. Y., Fang J. H., Chen Y. L. Knockdown of serine/threonine-protein kinase 24 promotes tumorigenesis and myeloid-derived suppressor cell expansion in an orthotopic immunocompetent gastric cancer animal model. *Journal of Cancer*. 2020;11(1):213-228. DOI: <https://doi.org/10.7150/jca.35821>

Сведения об авторах

✉ **Романец Елена Андреевна**, аспирант, ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», ул. Кривошлыкова, 24, п. Персиановский, Российская Федерация, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2824-9564>, e-mail: lena9258@mail.ru

Романец Тимофей Сергеевич, кандидат с.-х. наук, старший преподаватель кафедры разведения сельскохозяйственных животных, частной зоотехнии и зоогигиены имени академика П. Е. Ладана, ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», ул. Кривошлыкова, 24, п. Персиановский, Российская Федерация, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0690-4217>

Третьякова Ольга Леонидовна, доктор с.-х. наук, профессор кафедры разведения сельскохозяйственных животных, частной зоотехнии и зоогигиены имени академика П. Е. Ладана, ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», ул. Кривошлыкова, 24, п. Персиановский, Российская Федерация, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0295-89-39>

Гетманцева Любовь Владимировна, доктор биол. наук, ведущий научный сотрудник, ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», ул. Кривошлыкова, 24, п. Персиановский, Российская Федерация, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1868-3148>

Information about the authors

✉ **Elena A. Romanets**, graduate student, Don State Agrarian University, 24 Krivoshlykova St., Persianovskiy settlement, Russian Federation, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2824-9564>, e-mail: lena9258@mail.ru

Timofey S. Romanets, PhD in Agricultural Science, senior lecturer, the Department of Farm Animal Breeding, Private Zootechnics and Zoogygiene named after academician P.E. Ladan, Don State Agrarian University, 24 Krivoshlykova St., Persianovskiy settlement, Russian Federation, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0690-4217>

Olga L. Tretyakova, DSc in Agricultural Science, professor at the Department of Farm Animal Breeding, Private Zootechnics and Zoogygiene named after academician P.E. Ladan, Don State Agrarian University, 24 Krivoshlykova St., Persianovskiy settlement, Russian Federation, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0295-89-39>

Lyubov V. Getmantseva, DSc in Biological Science, leading researcher, Don State Agrarian University, 24 Krivoshlykova St., Persianovskiy settlement, Russian Federation, 346493, e-mail: dongau@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1868-3148>

✉ – Для контактов / Corresponding author