

DOI: 10.37925/0039-713X-2022-3-23-27

УДК 575.1, 636.02, 636.4.033

# Генетическая характеристика конверсии корма и кормового поведения у свиней породы ландрас



А.А. БЕЛОУС, научный сотрудник, e-mail: belousa663@gmail.com, А.Ф. КОНТЕ, кандидат с.-х. наук, научный сотрудник, e-mail: alexandrconte@ya.ru, П.И. ОТРАДНОВ, мл. научный сотрудник, e-mail: deriteronard@gmail.com, А.Н. РОДИОНОВ, научный сотрудник, e-mail: rodian@yandex.ru, Н.А. ЗИНОВЬЕВА, доктор биол. наук, профессор, академик РАН, e-mail: n\_zinovieva@mail.ru, ФГБНУ ФИЦ ВИЖ имени Л.К. Эрнста

Реализация и улучшение генетического потенциала чистопородных хряков – актуальная задача в области свиноводства. Для ее осуществления необходимо включать новые параметры по отбору особей для воспроизводства стада и совершенствования разработанных программ геномной оценки. Цель работы – анализ генетических и паратипических корреляций показателей кормового поведения и полногеномное ассоциативное исследование конверсии корма по результатам мониторинга племенной ценности свиней породы ландрас.

**Ключевые слова:** генетика, конверсия корма, полногеномное ассоциативное исследование, генетические корреляции, паратипические корреляции, свиньи породы ландрас.

## Genetic characteristic of feed conversion and feeding performance in Landrace pigs

A.A. BELOUS, researcher, e-mail: belousa663@gmail.com, A.F. KONTE, candidate of agricultural sciences, researcher, e-mail: alexandrconte@ya.ru, P.I. OTRADNOV, junior researcher, e-mail: deriteronard@gmail.com, A.N. RODIONOV, researcher, e-mail: rodian@yandex.ru, N.A. ZINOVIEVA, doctor of biological sciences, professor, academician of the RAS, e-mail: n\_zinovieva@mail.ru, Federal Research Center for Animal Husbandry named after academy member L.K. Ernst

Purebred boars' genetic potential realization and improvement currently is a very important aim in pigs breeding. In order to accomplish such an objective it is important to consider new selection criteria, and to improve pigs' genomic selection programs, which are already developed. The main objective of our study was to analyze genetic and phenotypic correlation relationships of feeding performance traits and to conduct a full-genome associative research of feed conversion based on Landrace pigs breeding values.

**Key words:** genetics, feed conversion, GWAS, genetic correlations, paratypic correlations, Landrace pigs.

## ■ Введение

Генетический отбор сельскохозяйственных животных зависит не только от повышения эффективности кормления, но и от признаков кормового поведения [1]. Проведенные ранее зарубежными учеными исследования доказали, что знание кормового поведения свиней является ключом к определению его влияния на продуктивность животных.

Подробная информация о поведении свиней при кормлении также полезна при создании и реализации программ точного кормления. Повышение рентабельности конверсии корма (FCR) является основной целью, поскольку корма

составляют высокую долю в общей стоимости производства [2]. Отбор для улучшения FCR – это ключевой фактор снижения воздействия свиноводства на окружающую среду [3]. Конверсия корма также может быть определена как мера эффективности животного в преобразовании корма в живой вес [4] и обычно выражается как коэффициент конверсии корма (отношение потребленного корма к приросту живой массы) [5]. Таким образом, признаки скорости роста, обуславливающие прирост массы на разных стадиях развития, тесно связаны с FCR и оказывают прямое влияние на эффективность [6].

Помимо конверсии корма зарубежными исследователями были изучены и другие показатели, в частности остаточное потребление корма, которое можно описать как разницу между фактическим потреблением корма животным и его прогнозируемыми потребностями в кормах для поддержания роста [3].

Генетическая архитектура признаков конверсии корма и кормового поведения обычно сложна и, как правило, контролируется несколькими генами. С развитием рентабельной технологии генотипирования для картирования генов-кандидатов сложных признаков стали широко использовать полногеномные ассо-

циативные исследования (GWAS). Проведенные исследования на свиньях выявили ряд локусов количественных признаков (QTLs), также влияющих на эффективность корма (PigQTLdb, <http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/index>).

Однако большинство из них были идентифицированы с использованием подхода картирования связей, приводящего к широким геномным областям QTL. Такие данные о связях ограничены только внутрисемейным отбором [7]. Подход GWAS может предложить потенциал для повышения точности и корректировки идентификации локаций QTL на популяционном уровне, следовательно, и для улучшения геномной оценки [8].

На сегодняшний день лишь в нескольких исследованиях использовался подход GWAS для идентификации QTLs для признаков FCR у свиней. Sahana et al. обнаружили ряд значимых QTL для FCR на 4-й, 7-й, 8-й и 14-й хромосомах (SSC) у свиней породы дюрок [9]. В другом исследовании был идентифицирован только один QTL для FCR на 4-й SSC у хряков породы дюрок [10]. При применении подхода GWAS целью исследования было выявление геномных областей, связанных с эффективностью корма коммерческой линии свиней максгро. Однако полногеномных ассоциативных исследований на свиньях все еще недостаточно для утверждения обнаруженных генов-кандидатов. И мало что известно о структуре регуляции потребления и возможных факторах, влияющих на мотивацию кормления у данного вида.

**Цель исследования** – изучение взаимосвязи между признаками кормового поведения и генетической архитектуры конверсии корма у хряков породы ландрас, проходивших тестовый откорм на автоматических кормовых станциях.

## Материалы и методы исследования

Исследования проводились на хряках породы ландрас (n=155), тестовый откорм которых осуществлялся с использованием автоматических кормовых станций MLP-RAP (Schauer Agrotech AG, Австрия) в ООО СГЦ «Топ Ген». Автоматическая раздача корма была рассчитана на животных весом от 25 кг до 140 кг в период контрольного выращивания, рацион

являлся однотипным для всей изучаемой популяции хряков и разделялся по периоду роста:

**первый период** (с 1-го до 21-го дня) – СК-52: сухое вещество – 80%, обменная энергия – 13,14%, сырой протеин – 16,70%, сырой жир – 4,38%, сырая клетчатка – 4,39%, лизин – 1,11%, метионин+цистеин – 0,67%, кальций – 0,55%, фосфор – 0,52%;

**второй период** (с 22-го до 35-го дня) – СК-6: сухое вещество – 80%, обменная энергия – 13,02%, сырой протеин – 14,59%, сырой жир – 3,57%, сырая клетчатка – 4,12%, лизин – 0,95%, метионин+цистеин – 0,58%, кальций – 0,55%, фосфор – 0,48%;

**третий период** (с 36-го дня до конца откорма) – СК-7: сухое вещество – 80%, обменная энергия – 12,61%, сырой протеин – 13,10%, сырой жир – 2,17%, сырая клетчатка – 4,49%, лизин – 0,83%, метионин+цистеин – 0,51%, кальций – 0,51%, фосфор – 0,49%.

За весь период нахождения на кормовых станциях проводился учет индивидуальных характеристик:

- среднесуточное потребление корма (ADFI, кг);
- время нахождения на кормовой станции в сутки (TPD, мин.);
- число посещений кормовой станции в сутки (NVD, ед.);
- количество потребленного корма за посещение (FPV, г);
- продолжительность одного посещения (TPV, мин.);
- скорость потребления корма (FR, г/мин./сут.);
- конверсия корма (FCR, кг/кг).

Расчет генетических и паратипических корреляций проведен с использованием программы BLUPF90 по равенству смешанной модели [12, 13]:

$$y = \mu + YM + DFSM + Party (Batch) + Period + Sex + b_1 BW_{start} + animal + e, \quad (1)$$

где:  $\mu$  – популяционная константа; YM – год x месяц рождения животного, фиксированный эффект; DFSM – дата постановки x кормовая станция x недели, фиксированный эффект постановки животного на кормовую станцию; Party (Batch) – партия оценки на кормовой станции групп животных, фиксированный эффект; Period – продолжительность оценки животного, фиксированный эффект; Sex – пол животного, фиксированный эффект;  $b_1 BW_{start}$  – живая масса при постановке, регрессионный эффект; animal – эффект животного, рандомизированный; e – остаточная дисперсия модели.

Коэффициент наследуемости рассчитывали на основе отношения аддитивной генетической дисперсии к общей фенотипической изменчивости признака согласно вариационным компонентам анализа [1, 13]:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}, \quad (2)$$

где  $\sigma_a^2$  – дисперсия между группами потомков;  $\sigma_e^2$  – дисперсия внутри группы потомков, или остаточная дисперсия.

Полногеномное генотипирование было произведено с использованием ДНК-чипа Porcine GGP HD (платформа GeneSeek Genomic Profiler, Neogene, США), содержащим приблизительно 70 тыс. SNP (single nucleotide polymorphism – однонуклеотидный полиморфизм). Контроль качества и фильтрацию данных генотипирования для каждого SNP и каждого образца выполняли с применением программного пакета PLINK 1.9 (<http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/>).

Для выявления ассоциаций SNP-маркеров с изучаемыми признаками проводили регрессионный анализ, реализованный в PLINK 1.90 (assoc – adjust – qt-means). Для подтверждения достоверного влияния SNP и определения значимых регионов в геноме свиней использовали тест для проверки нулевых гипотез по Бонферрони.

Данные визуализировали в пакете qqman с помощью языка программирования R.

Для поиска генов-кандидатов, локализованных в области идентифицированных SNP, был использован геномный ресурс Sscrofa10.2 ([https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF\\_000003025.5/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000003025.5/)). Функциональные аннотации генов выполнены с привлечением базы данных GeneCards (<http://www.genecards.org/>) и программы DAVID (<https://david.ncicrf.gov/>).

## Результаты исследований

Для понимания выравниваемости средних значений проведены расчеты популяционных параметров хряков породы ландрас. Период откорма на автоматической кормовой станции длился 69 дней, прирост достиг 66 кг при среднесуточном приросте 958 г и среднесуточном потреблении корма 2,48 кг. Конверсия корма составила 2,14 кг/кг. По данным бонитировки за 2019 год, этот показатель по породе ландрас –

2,60 кг/кг (Ежегодник по племенной работе в свиноводстве, 2021). Кормовое поведение в нашем исследовании характеризуется временем нахождения на кормовой станции 57 минут при продолжительности приема пищи 5,3 минуты и количеством посещений фидлота 12 единиц. Скорость потребления корма была 43,5 г в минуту и особь за посещение кормовой станции поела 222,5 г.

Многочисленные исследования зарубежных авторов позволили выявить корреляционные плеяды между показателями кормового поведения свиней. Следует отметить наличие достаточно больших расхождений в результатах исследований, что прежде всего можно отнести на счет генетических особенностей пород, популяций, условий содержания и кормления.

В наших исследованиях определялись коэффициенты фенотипических и генетических взаимосвязей для признаков кормового поведения и конверсии корма хряков породы ландрас.

Анализ полученных данных по паратипическим взаимосвязям выявил ряд сильных корреляций между скоростью потребления корма и временем нахождения на кормовой станции в сутки –  $r=0,70$ , генетическая корреляция при этом составила  $rg=0,64$ . Количество потребленного корма за одно посещение отрицательно взаимосвязано с числом посещений кормовой станции –  $r=-0,83$  и положительно – с продолжительностью одного посещения –  $r=0,71$  (рис. 1). Конверсия корма имеет отрицательную паратипическую корреляцию с показателем времени нахождения на кормовой станции и продолжительностью одного посещения –  $r=-0,73$  и  $r=-0,76$  соответственно.

Для составления и расчетов селекционных индексов используются коэффициенты генетической корреляции, которые в настоящее время находят все большее применение в практике селекционно-племенной работы среди различных видов животных. Зарубежными авторами выявлены высокие и значимые генетические взаимосвязи кормового поведения у свиней различных пород и направления продуктивности [8, 10, 11, 13–15].

В приведенных исследованиях обнаружены значимые корреляции между скоростью потребления корма

и временем нахождения на кормовой станции ( $rg=-0,64$ ). Количество потребленного корма за одно посещение отрицательно коррелирует с числом посещений кормовой станции, но положительно – с продолжительностью одного посещения –  $rg=-0,84$  и  $rg=0,72$  соответственно. Конверсия корма как показатель экономической эффективности производства интересен не только с точки зрения внешних взаимосвязей, но и с генетической характеристики.

Данный признак имеет весомые генетические взаимосвязи с показателями кормового поведения – количеством посещений кормовой станции ( $rg=-0,62$ ), продолжительностью одного посещения ( $rg=0,62$ ) и скоростью потребления корма ( $rg=-0,64$ ). Результаты позволяют проводить генетический анализ исследуемых признаков с использованием новых методов – GBLUP, ssGBLUP, GWAS для получения достоверных оценок и генов-кандидатов.

Изучение генетической составляющей популяции напрямую зависит от наследственной обусловленности фенотипического разнообразия, то есть от изменчивости признака. В связи с этим анализ коэффициента наследуемости является обязательным планом для вне-

дрения новых признаков в селекционную работу. Умеренные коэффициенты наследуемости выявлены у времени нахождения на кормовой станции ( $h^2=0,24$ ), среднесуточного потребления корма ( $h^2=0,35$ ), числа посещений кормовой станции ( $h^2=0,32$ ), длительности приема пищи за посещение ( $h^2=0,27$ ), скорости потребления корма ( $h^2=0,13$ ) и показателя количества съеденного корма за посещение автоматической кормовой станции ( $h^2=0,30$ ).

Анализ полученных коэффициентов наследуемости у технологических факторов, таких как NVD, TPV, FR, FPV, подтверждает, что они связаны со строением ЖКТ и вероятными генетическими аномалиями или мутациями, от которых зависит чувство насыщения и усвоение организмом питательных веществ, поступающих при однотипном сбалансированном рационе.

После фильтрации данных осталось достоверных 51 395 SNP, которые были взяты для последующего анализа.

В данном исследовании по показателю конверсии корма у хряков породы ландрас идентифицировано 18 генов, отвечающих за локомоторное и поисковое поведение (*LRRTM1*), сперматогенез (*TNP2*, *CELF3*, *PRM2*,

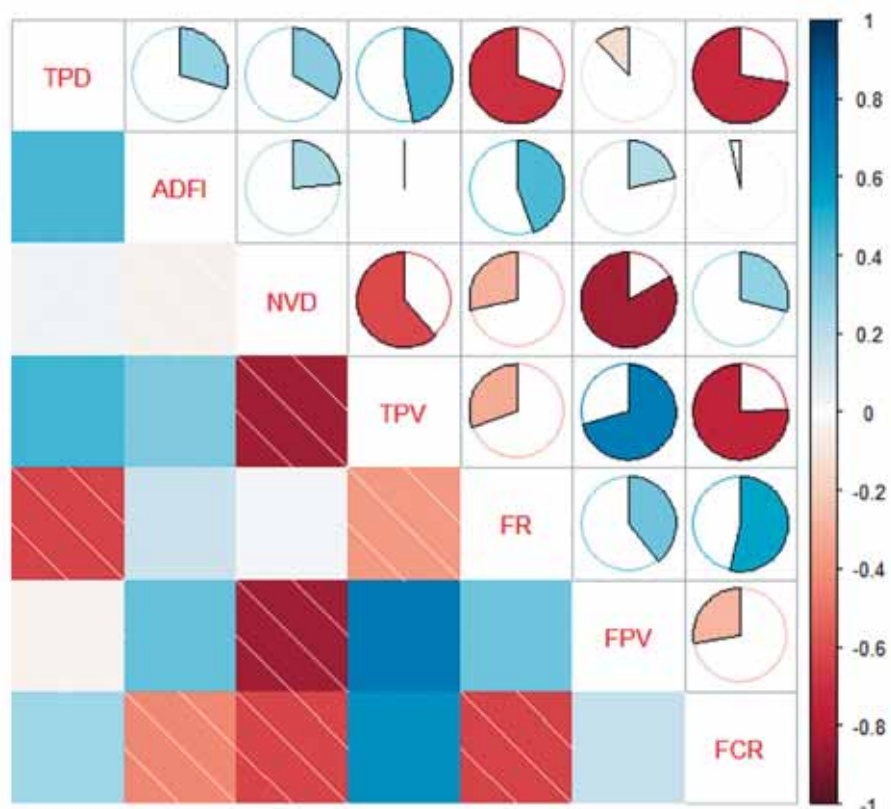


Рис. 1. Тепловая карта генетических и паратипических взаимосвязей между изучаемыми признаками кормового поведения и конверсией корма хряков породы ландрас  
Примечание: над диагональю – паратипические корреляции, под диагональю – генетические корреляции, по диагонали – коэффициенты наследуемости.

*SPATA6*), развитие сперматид (*PRM1* и *PRM2*), миозиновый комплекс (*CGN*), моделирование костей, регуляцию процесса становления организма, морфогенез перегородки предсердия (*NOTCH2*), кишечное всасывание (*F11R*), фибриноген (*ITLN2*), иммунный ответ (*CD244* и *LCP2*), транспорт токсинов (*MER1B*), дифференцировку клеток скелетных мышц (*BCL9L*), регуляцию роста (*TKT*), иммунный ответ на бактерии и за врожденный иммунный ответ (*DEFB116*) (рис. 2).

Ген *ID1* также отвечает за развитие сердца и легочной сосудистой сети, процесс метаболизма коллагена, регуляцию ангиогенеза, морфогенез легких, ген *PTPRZ1* – за аксоногенез (процесс, происходящий при формировании мозга, в ходе которого незрелые нейроны формируют отростки-аксоны), дрессировку или память.

## ■ Заключение

Размер выборки – ключевой фактор для эффективности GWAS. Одним из недостатков данного исследования является то, что для выявления генетических вариантов, которые связаны с признаками, относящимися к FCR, было задействовано только 155 свиней породы ландрас. По сравнению с другими признаками, связанными с конверсией корма и кормовым поведением, обычно затруднены и нелегко получить большой объем выборки. Например, Ding et al. (2017) использовали сопоставимую по размеру популяцию из 338 хряков породы дюрок для определения кормового поведения и эффективности использования корма с помощью GWAS. Ramayo-Caldas et al. (2019) интегрировали GWAS и экспрессию генов для обнаружения предполагаемых

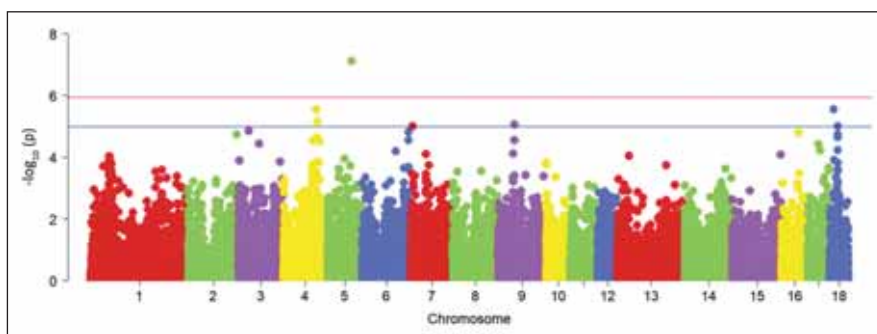


Рис. 2. Полногеномное ассоциативное исследование конверсии корма по оценкам племенной ценности (EBV) хряков породы ландрас

регуляторов и предикторов кормовой эффективности на примере 350 свиней породы дюрок.

Выявленные гены-кандидаты в ходе опытов имеют подтвержденные функции. Так, участие генов *PRM1*, *PRM2*, *TNP2* в репродуктивной способности свиней подтверждено исследованиями Chao Wang et al., проведенными на китайских свиньях [15]. Ген *SPATA6* необходим для нормальной сборки соединительного элемента сперматозоида и плотного соединения головки с хвостом [16].

В исследовании H. Kim et al. ген *ITLN2* отвечает за врожденный иммунитет у свиней [17]. Однако он имеет важный параналог *ITLN1*, который может играть роль в системе защиты, распознавая клеточную стенку бактерий, а *ITLN2* – в системе защиты благодаря сходству последовательности [18]. Исследования Xiao Yu Huang et al. на кроссбредных поросятах доказывают, что ген *LCP2* отвечает за иммунный ответ [19].

Ген *MER1B* является мембрано-связанной металлопротеазой, которая участвует в расщеплении цитокинов и белков внеклеточного матрикса и таким образом играет роль в регуляции воспаления и ремоделирования тканей [20–22]. Предыдущее исследование также показало, что у нокаутных мышей *MER1B* уменьшился размер

помета по сравнению с пометами дикого типа [23, 24]. В исследовании K. Xing на мышах было обнаружено, что ген *ID1* отвечает за липидный обмен [25]. Ген *PTPRZ1* был выявлен в исследованиях Do Ngoc Duy et al. в качестве гена-кандидата для кормового поведения у свиней породы дюрок [26].

Таким образом, настоящее исследование продемонстрировало ряд хромосомных областей, ощутимо связанных с эффективностью конверсии корма опытной выборки свиней. Валидация предполагаемых генов-кандидатов из GWAS-картирования вблизи значимых SNPs подтвердила ряд генов, существенно связанных с показателем конверсии корма. Данное исследование по FCR предполагает, что генетическая предрасположенность анализируемых признаков обусловлена в первую очередь липогенезом, обонятельной рецепцией, а также иммунологическим статусом. В дальнейшем планируется провести анализ SNP на другой популяции коммерческих свиней относительно их влияния на эффективность конверсии корма.

Исследования проведены при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, регистрационный номер темы Государственного задания 0445-2021-0016

## Литература

1. Rayer H. Exploring the genetics of feed efficiency and feeding behaviour traits in a pig line highly selected for performance characteristics/H. Rayer, M. Shirali, P. Siriluck, E. Murani, P.F. Valey, J. Jensen, K. Wimmers. *Mol. Genet. Genom.*, 2017. 292:1001–1011. DOI: 10.1007/s00438-017-1325-1.
2. Patience J.F. A review of feed efficiency in swine: Biology and application/J.F. Patience, M.C. Rossoni-Serao, N.A. Gutierrez. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 2015. P. 6. DOI: 10.1186/s40104-015-0031-2.
3. Saintilan R. Genetics of residual feed intake in growing pigs: Relationships with production traits, and nitrogen and phosphorus excretion traits/R. Saintilan, I. Merour, L. Brosard, T. Tribout, J.Y. Dourmad, P. Sellier et. al. *Journal of Animal Science*, 2013. 91:2542–2554. DOI: 10.2527/jas.2012-5687.
4. Wilkinson J.M. Re-defining efficiency of feed use by livestock/J.M. Wilkinson. *Animal*, 2011. 5:1014–1022. DOI: 10.1017/S175173111100005X.
5. P.S.N. de Oliveira Identification of genomic regions associated with feed efficiency in Nelore cattle/P.S.N. de Oliveira, A.S.M. Cesar et. al. *BMC Genetics*, 2014. P. 15. DOI: 10.1186/s12863-014-0100-0.
6. Do D.N. Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds/D.N. Do, A.B. Strathe, J. Jensen, T. Mark, H.N. Kadarmideen. *Journal of Animal Science*, 2013. 91:4069–4079. DOI: 10.2527/jas.2012-6197.

7. Sahana G. A genome-wide association scan in pig identifies novel regions associated with feed efficiency trait/G. Sahana, V. Kadlecova, H. Hornshoj, B. Nielsen, O.F. Christensen. *Journal of Animal Science*, 2013. 91:1041–1050. DOI: 10.2527/jas.2012-5643.

8. Luo W.Z. Genome-wide association analysis of meat quality traits in a porcine Large White x Minzhu intercross population/W.Z. Luo, D.X. Cheng, S.K. Chen, L.G. Wang, Li Y., Ma X.J. *International Journal of Biological Sciences*, 2012. 8:580–595. DOI: 10.7150/ijbs.3614.

9. Jiao S. Feed intake, average daily gain, feed efficiency, and real-time ultrasound traits in Duroc pigs: II. Genomewide association/S. Jiao, C. Maltecca, K.A. Gray, J.P. Cassady. *Journal of Animal Science*, 2014. 92:2846–2860. DOI: 10.2527/jas.2014-7337.

10. Hyun Y. Effect of group size and feeder type on growth performance and feeding patterns in finishing pigs/Y. Hyun, M. Ellis. *J. Anim. Sci.*, 2002. 80:568–574. DOI: 10.2527/2002.803568x.

11. Kallabis K.E. Effect of a high-fibre diet on the feeding behaviour of fattening pigs/K.E. Kallabis, O. Kaufmann. *Arch. Anim. Breed.*, 2012. 55:272–284. DOI: 10.5194/aab-55-272-2012.

12. Maselyne J. Quantifying animal feeding behaviour with a focus on pigs: Review/J. Maselyne, W. Saeys, A. Van Nuffel. *Physiol. Behav.*, 2015. 138:37–51. DOI: 10.1016/j.physbeh.2014.09.012.

13. Misztal I. BLUPF90 and related programs (BGF90). *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*/I. Misztal, S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, D.H. Lee. Montpellier: Communication, 2002. 28:21–22.

14. Shirali M. Genetic background of longitudinal feed efficiency and

feeding behaviour traits in Maxgro pigs/M. Shirali, P. Varley, J. Jensen. *Livestock Science*, 2017. P. 199. DOI: 10.1016/j.livsci.2017.03.017.

15. Wang C. Genome-wide analysis reveals artificial selection on coat colour and reproductive traits in Chinese domestic pigs/C. Wang, H. Wang, Y. Zhang, Z. Tang, K. Li, B. Liu. *Molecular ecology resources*, 2015. 15(2):414–424. DOI: 10.1111/1755-0998.12311.

16. Yuan S. Spata 6 is required for normal assembly of the sperm connecting piece and tight head-tail junction/S. Yuan, C.J. Stratton, J. Bao, H. Zheng, B.P. Bhetwal, R. Yanagimachi, W. Yan. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015. 112(5):430–439. DOI: 10.1073/pnas.1424648112.

17. Kim H. Exploring the genetic signature of body size in Yucatan miniature pig/H. Kim, K.D. Song, H.J. Kim, W. Park, J. Kim. *PLoS One*, 2015. 10(4):e0121732. DOI: 10.1371/journal.pone.0121732.

18. Tsuji S. Human intelectin is a novel soluble lectin that recognizes galactofuranose in carbohydrate chains of bacterial cell wall/S. Tsuji, J. Uehori, M. Matsumoto, Y. Suzuki, A. Matsuhisa, K. Toyoshima, T. Seya. *The Journal of Biological Chemistry*, 2001. 276(26):23456–23463. DOI:10.1074/jbc.M103162200.

19. Huang X.Y. Novel insights reveal anti-microbial gene regulation of piglet intestine immune in response to *Clostridium perfringens* infection/X.Y. Huang, W.Y. Sun, Z.Q. Yan et al. *Sci. Rep.*, 1963 (2019). P. 9. DOI: 10.1038/s41598-018-37898-5.

20. Jefferson T. The substrate degradation of mepirin metalloproteases reveals an unexpected proteolytic link between mepirin  $\beta$  and ADAM10/T. Jefferson et al. *Cellular and Molecular*

*Life Sciences: CMLS*, 2013. 70(2):309–333. DOI: 10.1007/s00018-012-1106-2.

21. Herzog C. Role of mepirin metalloproteinases in cytokine processing and inflammation/C. Herzog, R.S. Haun, G.P. Kaushal. *Cytokine*, 2019. 114:18–25. DOI: 10.1016/j.cyto.2018.11.032.

22. Kronenberg D. Processing of procollagen III by mepirins: New players in extracellular matrix assembly?/D. Kronenberg et al. *J. Investig. Dermatol.*, 2010. 130:2727–2735. DOI: 10.1038/jid.2010.202.

23. Norman L.P. Targeted disruption of the mepirin beta gene in mice leads to underrepresentation of knockout mice and changes in renal gene expression profiles/L.P. Norman, W. Jiang, X. Han, T.L. Saunders, J.S. Bond. *Mol. Cell. Biol.*, 2003. 23:1221–1230. DOI: 10.1128/MCB.23.4.1221-1230.2003.

24. Wang F. Integrating LCM-based spatio-temporal transcriptomics uncovers conceptus and endometrial luminal epithelium communication that coordinates the conceptus attachment in pigs/F. Wang, S. Zhao, D. Deng, W. Wang, X. Xu, X. Liu, S. Zhao, M. Yu. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021. 22(3):1248. DOI: 10.3390/ijms22031248.

25. Xing K. Identification of genes for controlling swine adipose deposition by integrating transcriptome, whole-genome resequencing, and quantitative trait loci data/K. Xing, F. Zhu, L. Zhai et al. *Sci. Rep.*, 2016. 6:23219. DOI: 10.1038/srep23219.

26. Do D.N. Genome-wide association study reveals genetic architecture of eating behavior in pigs and its implications for human obesity by comparative mapping/D.N. Do, A.B. Strathe, T. Ostensen, J. Jensen, T. Mark et al. *PLoS One*, 2013. 8(8):e71509. DOI: 10.1371/journal.pone.0071509. ☺

## ЛЕНТА НОВОСТЕЙ



### Минсельхоз: АПК переориентировался на работу в новых условиях

Российский АПК смог построить работу в новых условиях и переориентироваться, паники в отрасли нет, сообщил ТАСС со ссылкой на заместителя министра сельского хозяйства Елену Фастову: «Сектор АПК очень быстро нашел замену и максимально сосредоточился не на том, чтобы приходить и говорить, как все плохо, а именно на просьбах о точечной поддержке».

По словам Фастовой, некоторые производители уже перешли с импортной техники на российские аналоги.

Замминистра добавила, что агросектор сможет привлечь дополнительно 60 млрд рублей льготных кредитов из-за снижения ключевой ставки ЦБ с 20% до 17% годовых.

### Россельхознадзор одобрил поставки кормовых добавок двух китайских производителей

На сайте Россельхознадзора опубликована информация о госрегистрации лизиносодержащей добавки и возобновлении импорта холин хлорида китайского производства.

Поставки лизиносодержащей добавки в корма стали возможны с 10 марта 2022 года, после того как Россельхознадзор выдал свидетельство о госрегистрации. На экспорт в Россию кормовая добавка с содержанием лизина будет поставляться с завода Jilin Meihua Amino Acid Co., Ltd.

Разрешение на ввоз холин хлорида, необходимого для производства кормов, выдано ведомством на основании гарантий Главного таможенного управления Китая. Возобновление поставок с предприятия Laoning Biochem Co., Ltd датируется 15 марта 2022 года. ☺