

УДК: 636.4.033/636.02/637.661

DOI: 10.52419/issn2072-2419.2024.3.329

АМИНОКИСЛОТНЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ КРОВИ ТРЕХПОРОДНЫХ ГИБРИДОВ СВИНЕЙ В МОДЕЛИ ЛИНЕЙНОГО УРАВНЕНИЯ

Конгэ А.Ф. – канд. с.-х. наук, ст. науч. сотр. отд. популяционной генетики и генетических основ разведения животных (ORCID 0000-0003-4877-0883); **Недашковский И.С.** – канд. биол. наук, науч. сотр. отд. популяционной генетики и генетических основ разведения животных (ORCID 0000-0003-0487-4576); **Воронина О.А.** – канд. биол. наук, ст. науч. сотр. гр. аналитической биохимии (ORCID 0000-0002-6774-4288); **Колесник Н.С.** – мл. науч. сотр. лаб. фундаментальных основ питания с-х животных и рыб (ORCID 0000-0002-4267-5300); **Савина А.А.** – науч. сотр. гр. аналитической биохимии (ORCID 0000-0003-0257-1643); **Зайцев С.Ю.*** – д-р биол. наук, проф., вед. науч. сотр. гр. аналитической биохимии (ORCID 0000-0003-1533-8680).

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр животноводства - ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»

*s.y.zaitsev@mail.ru

Ключевые слова: трехпородные гибриды свиней, аминокислотные показатели крови, модель смешанного уравнения, дисперсионная модель, генетические и фенотипические корреляции

Key words: three-breed pig hybrids, amino acid blood parameters, mixed equation model, dispersion model, genetic and phenotypic correlations

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 20-16-00032-П, <https://rscf.ru/project/20-16-00032/>

Поступила: 12.05.2024

Принята к публикации: 20.09.2024

Опубликована онлайн: 01.10.2024



РЕФЕРАТ

Аминокислотные показатели дают важные и актуальные данные для объективной оценки физиолого-биохимического статуса организма и закономерностей формирования хозяйственно-полезных признаков животных. Цель данной работы - моделирование фенотипических и генетических закономерностей изменчивости основных аминокислотных показателей крови гибридов свиней в рамках модели смешанного уравнения. Получены и исследованы основные 19 аминокислотных показателей сыворотки крови от 58 голов трехпородных гибридов (Крупная Белая×Ландрас×Дюрок): содержание (г/100 мл) аспарагиновой кислоты и ее амида (ASP+ ASN) составляло 0,64; глутаминовой кислоты и ее амида (GLU+GLN) – 1,04; аланина (ALA) – 0,46; глицина (GLY) – 0,28; треонина (THR) – 0,34, серина (SER) – 0,39; цистеина (CYS) – 0,21; метионина (MET) – 0,07; валина (VAL) – 0,52; изолейцина (ILE) – 0,28; лейцина (LEU) – 0,83; тирозина (TYR) – 0,46; фенилаланина (PHE – 0,50); гистидина (HIS) – 0,31; лизина (LYS)

– 0,69; аргинина (ARG) – 0,51; пролина (PRO) – 0,41. Для вычисления значений корреляций, коварианс и вариант признаков применяли модели с использованием программ REMLF90. Показано, что все аминокислоты обладают умеренными и сильными как фенотипическими, так и генетическими корреляциями ($r > 0,5$). Все аминокислоты обладают достаточно плотной связью с основными биохимическими показателями. Из вышеизложенного может сделать заключение о том, что уравнение смешанной модели позволяет получить глубокое представление о характере изменчивости основных аминокислотных показателей крови, связанных в общую лабильную биохимическую систему.

ВВЕДЕНИЕ / INTRODUCTION

Производство и потребление мяса является важным показателем развития любой страны, что отражено в большом числе публикаций, из которых только несколько сборников РОССТАТА [1, 2], российских монографий [3-5] и статей [6-10] будут рассмотрены в этом кратком введении. По данным РОССТАТА [1, 2] и ряда других работ [3-10] все последнее время Россия находилась в десятке лидеров по производству мяса в мире, а в последние годы Россия находилась на 4-м месте. Россия достигла к 2020-22 гг. производства мяса всех видов на уровне 11,2-11,7 млн. тонн, что составляет 3,3-3,8% мирового производства мяса в зависимости от методик подсчета [1-6]. Тенденция к росту мирового производства мяса в последние годы подтверждают недавние данные РОССТАТА и ФАО. Хотя многие европейские страны в 2021 и 2022 годах не достигли значений, полученных до времени COVID-19, но мировое производство мяса немного увеличивается благодаря выраженному увеличению в России, ряде регионов Азии, Северной и Южной Америки. Например, рост объемов производства свинины в России составляет около 38,8% за последние 6 лет [1, 2].

Известно, что в современном производстве как мясной продукции в целом, так и свиноводческой – в частности, особое внимание уделяется межпородному скрещиванию и гибридизации [11]. Например, гибриды свиней характеризуются более высоким уровнем продуктивности, что обусловлено лучшим жизненным тонусом по сравнению с чистопородными животными. Использование межпородного скрещивания позволяет повысить продуктивные качества свиней и способ-

ствует увеличению уровня белкового обмена веществ, содержания общего белка и альбумина в сыворотке крови двух- и трехпородного молодняка свиней [12-17]. Изучение аминокислотных показателей, а также, в целом, биохимические и молекулярно-генетические исследования крови животных, всегда занимали видное место среди методов объективной оценки обменных процессов в организме и закономерностей формирования полезных признаков [15-18].

Построение математических моделей биологических систем стало возможным благодаря исключительно интенсивной аналитической работе экспериментаторов: морфологов, биохимиков, физиологов, специалистов по молекулярной биологии и других [13-20]. В результате этой работы кристаллизованы различные модели и схемы, в рамках которых упорядоченно исследованы различные весьма сложные параметры [14-16]. Например, методы геномного прогнозирования в животноводстве, активно используют линейную смешанную модель ($y = X\beta + Za + \epsilon$) [17-21]. Данная модель представляет собой вектор фенотипов, где X - матрица встречаемости, связывающая фиксированные эффекты с индивидуумами, а Z - матрица генотипов. Параметрами, оцененными на основе модели, являются β - вектор негенетических фиксированных эффектов; α - вектор маркерных эффектов; ϵ - вектор остаточных значений или ошибок. Маркерные эффекты (вектор α) указывают случайные коэффициенты частичной регрессии для каждого из этих эффектов [14]. В подобной работе чаще всего используются семейство программ BLUPF90 с использованием REMLF90; методологии, с ограниченным максимальным правдоподобием – прогнозирование

REML / BLUP в сочетании с последовательным анализом [15-17]. Основным методом исследования и использования сложных моделей биологических систем является вычислительный компьютерный эксперимент, который требует применения адекватных методов вычислений для соответствующих математических систем, алгоритмов вычислений, технологий разработки и реализации компьютерных программ, хранения и обработки результатов компьютерного моделирования [18-20]. Эти требования подразумевают разработку общих и специальных теорий, методов, алгоритмов и технологий компьютерного моделирования в рамках различных направлений математической биологии [21].

Целью данной работы являлось моделирование фенотипических и генетических закономерностей изменчивости основных аминокислотных показателей крови гибридов свиней в рамках модели смешанного уравнения.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ / MATERIALS AND METHODS

Были получены и исследованы основные аминокислотные показатели сыворотки крови от 58 голов трехпородных гибридов (Крупная Белая × Ландрас × Дюрок). Определение концентрации аминокислот (АК) в сыворотке крови осуществлялось методом ионообменной хроматографии с постколоночной дериватизацией проб нингидрином. Для этого в отделе физиологии и биохимии с/х животных ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста имеется система высокоэффективной жидкостной хроматографии (ВЭЖХ) LC-20 Prominence (Shimadzu, Япония), оснащенная реакционным модулем для пост-колоночной дериватизации нингидрином APM-1000 (Sevko&Co, Россия) и колонка с ионообменной смолой (Sevko&Co, Россия). Подготовка проб для анализа осуществлялась в соответствии с ГОСТ 32195-2013. Для подготовки проб к анализу использовали кислый гидролиз в 6 Н HCl для разложения белков на отдельные аминокислоты с добавлением норлейцина в качестве внутреннего стан-

дарта. Гидролиз выполняли в фторопластовых стаканах с завинчивающейся крышкой (СЕМ, США), в термостате при 110 °С в течение 24 часов. Методом ВЭЖХ общее содержание таких аминокислот, как ASP+ ASN, GLU+GLN, GLY, ALA, VAL, ILE, LEU, SER, THR, ARG, LYS, HIS, TYR, PHE (определяли при 570 нм), и PRO (определяли при 440 нм) оценивается. Так как метионин (MET) и цистеин (CYS) разрушаются в условиях гидролиза, то их необходимо предварительно перевести в стабильную форму путём окисления до цистеиновой кислоты и метионин сульфона, соответственно, и затем количественно оценивали при 570 нм. В свою очередь, тирозин (TYR) разрушается при окислении с последующим гидролизом, поэтому определяется в гидролизатах неокисленных проб. На основе полученных результатов была создана база данных, изучаемых АК-показателей.

Для анализа полученной базы данных авторы применили модель смешанного уравнения (1) с использованием процедуры REMLF90 и в ходе расчета получили значений вариантов и корреляций для АК-показателей. Для вычисления значений генетических вариантов и коварианс признаков применяли метод ограниченного максимального правдоподобия [22]. В качестве фиксированного (комплексного) фактора была выбрана комбинация трех параметров «fattening period × final live weight × gain» («FFG») или «период откорма × конечная живая масса × прирост». Этот подход существенно отличается от традиционных исследований, в которых в качестве фиксированного фактора применяют комплекс трех параметров «Heard – Years – Season» («HYS»), что означает «Стадо – год – сезон» [22]. Для определения силы влияния фиксированного фактора «FFG» использован дисперсионный анализ на основе уравнений (1 и 2):

$$Y_{ink} = \mu + [FFG]_i + O_k + G_k + [Sire]_n + e_{ink}, \quad (1)$$

где: Y_{ink} – оцениваемый показатель k-ого хрячка; μ – популяционная констан-

та; FFG_i – фиксированный эффект *i*-го «период откорма × конечная живая масса × прирост»; Sire_n – рандомизированный эффект *n*-го производителя (*n*=1, ..., 3 гол.); e_{ink} – эффект неучтенных факторов.

Обозначим через x_{ik} , значение *k* - й величины в *i* - й группе. Уравнение модели однофакторного дисперсионного анализа можно представить в виде:

$$x_{ik} = a + m_i + \varepsilon_{ik}, \quad (2)$$

где: *a* - генеральное среднее всех результатов наблюдений, т.е. $M(X)$, m_i - эффект влияния на *X*, вызванный *i*-м уровнем фактора *A*, иначе, отклонение математического ожидания a_i результативного признака при *i*-м уровне фактора от общего математического ожидания *a*,

т.е. $m_i = a_i - a$; ε_{ik} - случайный остаток, отражающий влияние на величину x_{ik} всех других неконтролируемых факторов.

В этой работе использовалось семейство программ BLUPF90 [15,16] с использованием REMLF90; методологии, с ограниченным максимальным правдоподобием – прогнозирование REML / BLUP в сочетании с последовательным путевым анализом [17].

РЕЗУЛЬТАТЫ / RESULTS

Во-первых, авторами были проанализированы полученные показатели аминокислотного состава сыворотки крови гибридов свиней статистическими методами [21] и полученные основные данные представлены ниже в таблице 1.

Таблица 1 – Статистические результаты анализа основных аминокислотных показателей крови гибридов свиней

Показатели	X	±x	σ	Cv	Kurt	Min.	Max.
ASP+ASN	0.64	0.007	0.05	7.97	0.30	0.51	0.75
THR	0.34	0.005	0.04	11.79	-0.47	0.26	0.42
SER	0.39	0.011	0.08	21.54	0.19	0.23	0.61
GLU+GLN	1.04	0.013	0.10	9.41	-0.16	0.80	1.24
GLY	0.28	0.004	0.03	11.47	-0.44	0.21	0.34
ALA	0.46	0.005	0.04	8.81	-0.60	0.36	0.52
CYS	0.21	0.003	0.03	12.47	4.60	0.16	0.32
VAL	0.52	0.007	0.05	10.61	-0.57	0.41	0.62
MET	0.07	0.003	0.02	32.35	2.03	0.04	0.14
ILE	0.28	0.003	0.03	9.43	0.07	0.22	0.33
LEU	0.83	0.009	0.07	8.22	-0.10	0.67	0.95
TYR	0.46	0.006	0.05	9.96	-0.61	0.38	0.56
PHE	0.50	0.005	0.04	8.32	-0.49	0.42	0.59
HIS	0.31	0.004	0.03	9.60	-0.31	0.24	0.36
LYS	0.69	0.007	0.06	8.25	0.12	0.55	0.80
ARG	0.51	0.007	0.05	10.35	1.70	0.39	0.67
PRO	0.41	0.008	0.06	15.07	-0.34	0.31	0.57

Примечания: *X* – среднее значение; ±*x* – ошибка среднего значения; σ – стандартное отклонение; *Cv* – коэффициент вариации; *Kurt* (*kurtosis*) – коэффициент эксцесса; *Min.* – минимальное значение; *Max.* – максимальное значение. Здесь и далее: ASP+ASN – аспарагиновая кислота и ее амид, THR – треонин, SER – серин, GLU+GLN – глутаминовая кислота и ее амид, GLY – глицин, ALA – аланин, CYS – цистеин, VAL – валин, MET – метионин, ILE – изолейцин, LEU – лейцин, TYR – тирозин, PHE – фенилаланин, HIS – гистидин, LYS – лизин, ARG – аргинин, PRO – пролин.

Все проанализированные аминокислотные показатели крови исследуемых образцов обладали значениями в пределах физиологически допустимых норм для указанных гибридов свиней (таблица 1). При этом относительное содержание (% от всех 19 АК) аспарагиновой кислоты и ее амида (ASP+ASN), которые определялись совместно, составляло 8,06%; глутаминовой кислоты и ее амида (GLU+GLN) – 13,10%; аланина (ALA) – 5,79%; глицина (GLY) – 3,53%; треонина (THR) – 4,28%; серина (SER) – 4,91%; цистеина (CYS) – 2,64%; метионина (MET) – 0,88%; валина (VAL) – 6,55%; изолейцина (ILE) – 3,53%; лейцина (LEU) – 10,45%; тирозина (TYR) – 5,79%; фенилаланина (PHE) – 6,30%; гистидина (HIS) – 3,90%; лизина (LYS) – 8,69%; аргинина (ARG) – 6,42%; пролина (PRO) – 5,16%. Таким образом, относительное содержание указанных аминокислот изменяется в разы: от 13,10% для GLU+GLN до 2,64%-3,53% для CYS, GLY и ILE, соответственно (таблица 1).

Напротив, показатели АК, определяющие параметры изменчивости и стабильности распределения данных значений выборки, включая стандартные отклонения (σ), не имеют существенных отклонений. Касаясь коэффициента вариации или относительного стандартного отклонения, то среди аминокислотных показателей (таблица 1) наибольшей долей изменчивости характеризовались: MET > SER > PRO > CYS > THR > GLY > VAL > ARG > TYR > HIS > ILE > GLU+GLN > ALA > PHE > LYS > LEU > ASP+ASN. Относительно же пика распределения случайных величин показателей и коэффициента эксцесса (kurtosis) то практически все данные имели незначительны отклонения, за исключением показателей CYS и MET. Это связано с исключительно малым содержанием MET и небольшим – CYS, в крови исследуемых гибридов свиней, порядка 0,88% и 2,64% от суммы всех АК, соответственно (таблица 1).

Для лучшего понимания влияния изученных факторов на аминокислотный

состав белков крови, авторы представили эти данные графически. На рисунке 1 приведены средние значения аминокислотного состава белков крови, разделенные по уровням влияния соответствующих факторов.

Как следует из данных, приведенных на рисунке 1, большинство измеренных аминокислотных показателей находятся в приблизительно равномерном распределении, варьируясь от примерно 0,2 до 0,6, т.е. подвержены достоверному влиянию указанных выше факторов. Некоторые из аминокислотных показателей (GLU+GLN, LEU, ASP+ASN) достигают более высоких значений, находящихся в диапазоне от ~0,6 до 1,1. Это позволяет наглядно оценить разнообразие влияния данных факторов на аминокислотный профиль белков крови (рис. 1).

Наиболее ценным подходом при обработке АК-параметров крови гибриды свиней явилось использование фиксированного фактора «FFG» как комбинации трех параметров «fattening period × final live weight × gain» или «период откорма × конечная живая масса × прирост». Поскольку объектом наших исследований выбраны гибриды свиней, то, проверив большое число комбинаций параметров, авторы посчитали, что наилучшим фиксированным фактором является именно «FFG». Этот подход существенно отличается от традиционных исследований по ряду видов сельскохозяйственных животных, в которых (при использовании линейных уравнений и зачастую BLUP) в качестве фиксированного фактора применяют комплекс трех параметров «Heard – Years – Season» («HYS»), что означает «Стадо – год – сезон». Использование фиксированного фактора «HYS» особенно результативно относительно молекулярно-генетических исследований крупного рогатого скота [17, 20]. Преимуществом нашего подхода, т.е. того, что параметры «период откорма», «конечная живая масса» и «прирост» объединены и включены в модель как один комбинированный фактор «FFG», является учет влияния не только каждого из этих парамет-

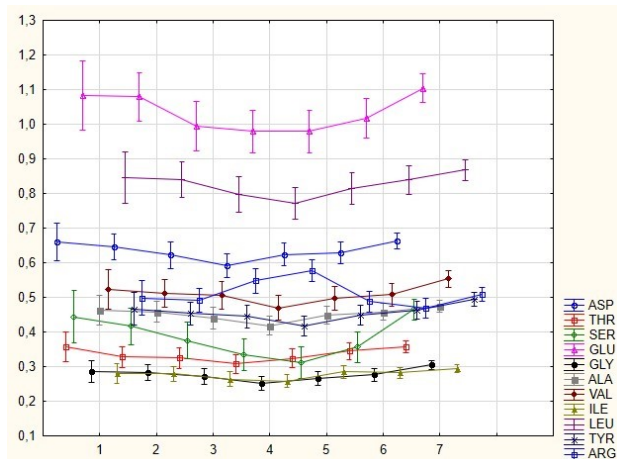


Рисунок 1 – Декомпозиция средних значений аминокислотного состава белков крови в зависимости от фактора влияния.

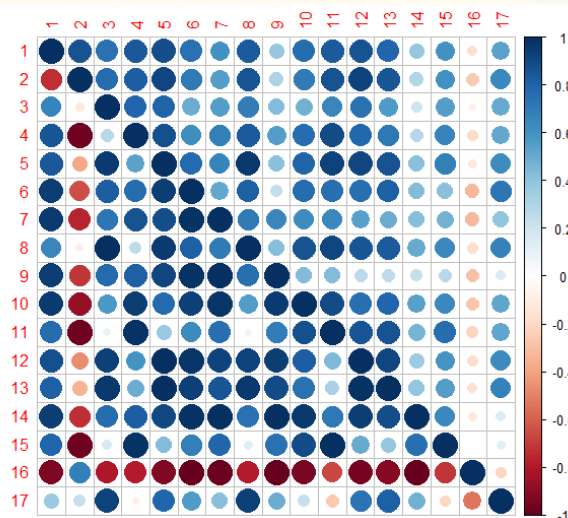


Рисунок 2 – Коррелограмма связей (генотипических и фенотипических как верхняя и нижняя части, соответственно) между аминокислотными показателями (1 – аспарагиновая кислота, 2 – треонин, 3 – серин, 4 – глутаминовая кислота, 5 – глицин, 6 – аланин, 7 – цистеин, 8 – валин, 9 – метионин, 10 – изолейцин, 11 – лейцин, 12 – тирозин, 13 – фенилаланин, 14 – гистидин, 15 – лизин, 16 – аргинин, 17 – пролин) крови гибридов свиней.

ров (как соответствующих ключевых факторов в животноводстве [12]) по отдельности, но и всевозможных взаимодействий между ними.

Впервые авторы применили дисперсионный анализ для определения правильности модели и подходов к расчету на основе уравнения, приведенного в разделе «Материалы и методы». Главным достоинством предложенных подходов является определение степени («тесноты») взаимосвязи между фактором «период откорма × конечная живая масса × прирост» и аминокислотными показателями крови гибридов свиней. Например, это позволяет дополнительно определить коэффициент детерминации или силу

влияния фактора как элемента воздействия. Показано, что между фактором «FFG» и рядом аминокислотных показателей состава белков крови имеется положительная достоверная связь согласно критерию Фишера (F) и в соответствии с процедурой дисперсионного анализа. Это наглядно показано на рис. 2, где аминокислотные показатели проявляют яркие закономерности генетических и фенотипических корреляций (верхняя и нижняя части коррелограммы на рис. 2, соответственно).

Важно, что высокими значениями коэффициентов генетических корреляций ($r = 0,51-0,99$) обладают большинство аминокислот (14 из 19), за исключением та-

ких аминокислотных показателей как CYS, MET, ARG, HIS, и LYS (рис. 2). С точки зрения структурно-функциональных свойств и биохимии обменных процессов, понятны слабые зависимости (относительно низкие значения) только для серо-содержащих и катионных аминокислот. Практически те же пять аминокислот (рис. 2) обладают невысокими коэффициентами и в случае фенотипических корреляций.

Очень важно, что высокая степень детерминации согласно рассчитанным коэффициентам (R1 и R2) указывает на высокую степень влияния фактора «FFG» для таких аминокислотных показателей как SER (0,70 и 0,46) > ARG (0,65 и 0,42) > GLY (0,59 и 0,35) > TYR (0,56 и 0,32) > GLU+GLN (0,55 и 0,30) > VAL (0,52 и 0,27) > ASP+ ASN (0,49 и 0,24) > LEU (0,49 и 0,24) > ALA (0,47 и 0,22) = ILE (0,47 и 0,22) > THR (0,46 и 0,21). С другой стороны, выявлена относительно низкая степень влияния фактора «FFG» для таких аминокислотных показателей как PHE (0,44 и 0,20) > CYS (0,43 и 0,19) = MET (0,43 и 0,19) > LYS (0,42 и 0,18) > HIS (0,41 и 0,17) > PRO (0,40 и 0,16).

Указанные выше результаты подтверждаются значениями «F»-критерия, который оценивает статистическую значимость различия средних в группах, и «р», который оценивает вероятность ошибочного результата. Например, значения указанных критериев («F» - высокие и «р» - низкие) для таких аминокислотных показателей как SER (7,98 и 0,000004), ARG (6,12 и 0,000070), GLY (4,56 и 0,000900), TYR (3,96 и 0,002523), GLU+GLN (3,63 и 0,004501), которые занимали и первые строки по рассчитанным коэффициентам (R1 и R2). В следующей группе АК-параметров значения этих критериев («F» и «р») занимают среднее положение: для таких аминокислотных показателей как VAL (3,20 и 0,009865), ASP+ ASN (2,62 и 0,027121), LEU (2,66 и 0,025543), ILE (2,43 и 0,038654), ALA (2,36 и 0,043457), THR (2,29 и 0,049106), PHE (2,09 и 0,070643), которые занимали средние строки по рассчитанным коэффициентам

(R1 и R2). На нижних строчках стоят такие аминокислотные показатели как MET (2,01 и 0,081637), CYS (1,96 и 0,088356), LYS (1,81 и 0,115016), HIS (1,75 и 0,128579), PRO (1,63 и 0,158549).

Считается, что генетическая корреляция между признаками может более точно отражать наблюдаемую (фенотипическую) между двумя признаками, но генетические корреляции также могут быть противоположными наблюдаемым фенотипическим корреляциям. Это можно проследить в нашем исследовании на примере аминокислоты треонин, когда фенотипические и генетические связи характеризуются достаточно высокими значениями связи (0.5...0.8), но с противоположными знаками (рис. 2). Таким образом, можно предположить, что эта одна из важных аминокислот, играющих важную роль в развитии и работе кишечника и барьерной функции имеет более генетически обусловленную связь с остальными аминокислотами. Связь аргинина с остальными аминокислотами имеет и фенотипическую и генетическую обусловленность. Для более полной характеристики и поиска закономерностей, а также балансировки аминокислот в рационе следует в дальнейшем использовать данные не только по 58 головам животных, а по более большому массиву с вовлечением в модель показателей продуктивности, что позволило бы получить более репрезентативные результаты. Нами продолжаются исследования по уточнению, какие именно молекулярные механизмы лежат в основе влияния фактора «FFG» на аминокислоты. В целом, результаты исследования указывают на то, что генетические факторы играют важную роль в регуляции аминокислотного состава крови. Это, прежде всего, связано с тем, что некоторые аминокислоты могут быть предшественниками синтеза других аминокислот и/или участвовать в образовании белков. В этом случае изменения в уровне одной аминокислоты могут привести к изменениям в уровнях других аминокислот через общие метаболические пути.

ВЫВОДЫ / CONCLUSION

Уравнение смешанной модели позволяет исследователям получить более глубокое представление о характере изменчивости в связи с закономерностями генетических и фенотипических корреляций. Точность таких параметров как дисперсия, и корреляция выше при использовании данного подхода, т.к. фенотипическая корреляция является только двумерной моделью отражения связи между признаками. Решение уравнения смешанной модели позволило нам получить значения генетических корреляций, используемых в биометрической генетике для выяснения генетических причин статистической связи между признаками. Высокие генетические корреляции позволяют предположить, что в основе фенотипических корреляций может лежать общий генетический контроль обоих признаков. Полученные результаты и их анализ позволяют в будущем разработать более эффективные методы коррекции нарушений аминокислотного обмена и профилактики заболеваний, связанных с дисбалансом содержания аминокислот.

AMINO ACID BLOOD PARAMETERS OF THREE-BREED HYBRID PIGS IN THE LINEAR EQUATION MODEL

Konte A.F. – Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher Department of Population Genetics and Genetic Foundations of Animal Breeding (ORCID 0000-0003-4877-0883); **Nedashkovsky I.S.** – Candidate of Biological Sciences, Researcher Department of Population Genetics and Genetic Foundations of Animal Breeding (ORCID 0000-0003-0487-4576); **Voronina O.A.** – Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher analytical biochemistry groups (ORCID 0000-0002-6774-4288); **Kolesnik N.S.** – Junior Researcher, laboratories of the fundamental principles of nutrition of farm animals and fish (ORCID 0000-0002-4267-5300); **Savina A.A.** – Researcher, analytical biochemistry groups (ORCID 0000-0003-0257-1643); **Zaytsev S.Yu.*** – Doctor of Biological Sciences, Leading Re-

searcher, analytical biochemistry groups (ORCID 0000-0003-1533-8680).

Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst

*s.y.zaitsev@mail.ru

Financing: The research was carried out with the support of the Russian Science Foundation, grant No. 20-16-00032-P, <https://rscf.ru/project/20-16-00032/>

ABSTRACT

Amino acid parameters provide important and relevant data for objective assessment of physiological and biochemical status of organism and patterns of formation of economically useful traits of animals. The objective of this work is to model phenotypic and genetic patterns of variability of main amino acid parameters of blood of pig hybrids within the framework of mixed equation model. Main 19 amino acid parameters of blood serum of 58 heads of three-breed hybrids (Large White × Landrace × Duroc) were obtained and studied: content (g/100 ml) of aspartic acid and its amide (ASP+ASN) was 0.64; glutamic acid and its amide (GLU+GLN) – 1.04; alanine (ALA) – 0.46; glycine (GLY) – 0.28; threonine (THR) – 0.34; serine (SER) – 0.39; cysteine (CYS) – 0.21; methionine (MET) – 0.07; valine (VAL) – 0.52; isoleucine (ILE) – 0.28; leucine (LEU) – 0.83; tyrosine (TYR) – 0.46; phenylalanine (PHE – 0.50); histidine (HIS) – 0.31; lysine (LYS) – 0.69; arginine (ARG) – 0.51; proline (PRO) – 0.41. To calculate the correlation values, covariance and variance of features, models using the REM-LF90 programs were fulfilled. It was shown that all amino acids have moderate and strong both phenotypic and genetic correlations ($r > 0.5$). All amino acids have a fairly close connection with the main biochemical indices. From the above, we can conclude that the equation of the mixed model allows us to obtain a deep understanding of the nature of the variability of the main amino acid indices of the blood, connected in a complex labile biochemical system.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Россия и страны мира. 2022: Статистический сборник, Росстат. М.: Федеральная служба государственной статистики; 2022. 400 с.
2. Российский статистический ежегодник. 2023: Статистический сборник, Росстат. М.: Федеральная служба государственной статистики; 2023. 701 с.
3. Данкверт С.А. Холманов А.М., Осадчая О.Ю. Скотоводство стран мира. М.: ВИЖ им. Л.К. Эрнста; 2007. 608 с.
4. Данкверт С.А., Холманов А.М., Осадчая О.Ю. Производство мяса в мире. М.: Экономика; 2016. 495 с.
5. Чинаров А.В. Мясное животноводство России: проблемы и перспективы. Дубровицы: ВИЖ им. Л.К. Эрнста; 2017. 160 с.
6. Чинаров В.И. Научное обеспечение реализации Стратегии развития мясного животноводства в Российской Федерации. Экономика сельскохозяйственных и перерабатывающих предприятий. 2023; 3:2-9.
7. Трухачев В.И. Лещева М.Г., Юлдашбаев Ю.А. Мясной рынок России: анализ состояния и перспективы развития. Достижения науки и техники АПК. 2012; 11:3-9.
8. Шамина О.В. Роль мясного скотоводства в формировании мясного баланса России. Российский журнал менеджмента. 2023; 2:184-190.
9. Зимняков В.М. Состояние и перспективы развития производства мяса. Нива Поволжья. 2015;3(36):128-132.
10. Дусаева Е.М., Куванов Ж.Н. Статистическое исследование мирового рынка говядины. Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2013;3(41):166-170.
11. Перевойко Ж.А., Косилов В.И. Воспроизводительная способность свиноматок крупной белой породы и ее двухтрёхпородных помесей. Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2014;6(50):161-163.
12. Зиновьева Н., Сермягин А., Костюнина О. Новая стратегия генетического совершенствования свиней. Животноводство России. 2019;S2:15-17. DOI: 10.25701/ZZR.2019.78.97.011
13. Rakhimberdiev K., Ishnazarov A., Adilchaev R., Nazarbaev O., Utemuratov R., & Boldireva S. Prospects of Digitalization of the Animal Husbandry Process in the Context of the Digital Economy: Economic-Mathematical Modeling of the Problem of Feed Ration and Programming in Python. In Proceedings of the 7th International Conference on Future Networks and Distributed Systems; 2023. 511-516. <https://doi.org/10.1145/3644713.3644789>
14. Lim K.S., Cheng J., Putz A., Don, Q., Bai X., Beiki H., Dekkers, J. C. Quantitative analysis of the blood transcriptome of young healthy pigs and its relationship with subsequent disease resilience. BMC genomics. 2021;22:1-18.
15. Park B., Choi T.J., Park M.N., Oh S.H. Estimation of environmental effects and genetic parameters of carcass traits on Chikso (Korean brindle cattle). Asian-Australasian journal of animal sciences. 2020;33(4):525. doi:10.5713/ajas.19.0136
16. Мельникова Е.Е., Никитин С.А., Кабанов А.В., Сермягин А.А., Харитонов С.Н., & Зиновьева Н.А. Использование селекционных индексов в разных системах разведения свиней материнских пород. Российская сельскохозяйственная наука. 2020;(4):46. DOI:10.31857/S2500262720040110
17. Olivoto T., Nardino M., Carvalho I.R., Follmann D.N., Ferrari M., Szareski V.J., de Pelegrin A.J., de Souza V.Q. REML/BLUP and sequential path analysis in estimating genotypic values and interrelationships among simple maize grain yield-related traits. Genet. Mol. Res. 2017;16(1). doi: 10.4238/gmr16019525
18. Зайцев С.Ю., Боголюбова Н.В., Молянова Г.В. Биохимический анализ крови ряда пород свиней и их гибридов. М.: Сельскохозяйственные технологии; 2022. 256 с.
19. Fatkullin R.R., Ermolova E.M., Kosilov V.I., Matrosova Y.V., Chulichkova S.A. Biochemical status of animal organism under conditions of technogenic agroecosystem. Advances in Engineering Research. 2018;182-186.

20. Соловьёва О.Э., Васильева А.Д., Кацнельсон Л.Б., Курсанов А.Г., Сульман Т.Б., Мархасин В.С. Математическое моделирование живых систем. Екатеринбург: Урал. ун-та, 2013. 328с.

21. Контэ А.Ф., Воронина О.А., Колесник Н.С., Савина А.А., Зайцев С.Ю. Изменчивость показателей аминокислотного состава сыворотки крови трехпородных гибридов свиней на основе модели линейного уравнения. Свиноводство. 2023;6:48-52.

REFERENCES

1. Russia and the countries of the world. 2022: Statistical collection, Rosstat. M.: Federal'naya sluzhba gosudarstvennoj statistiki; 2022. 400 p. (In Russ.).
2. Russian Statistical Yearbook 2023. Statistical collection, Rosstat. M.: Federal'naya sluzhba gosudarstvennoj statistiki; 2023. 701 p. (In Russ.).
3. Dankvert S.A., Holmanov A.M., Osadchaya O.Yu. Cattle breeding of the countries of the world. M., 2007. 608 p. (In Russ.).
4. Dankvert S.A., Holmanov A.M., Osadchaya O.Yu. Meat production in the world. M. Ekonomika. 2016. 495 p. (In Russ.).
5. Chinarov A.V. Meat animal husbandry in Russia: problems and prospects. Dubrovicy: VIZh im. L.K. Ernsta. 2017. 160 p. (In Russ.).
6. Chinarov V.I. Scientific support for the implementation of the Strategy for the development of meat farming in the Russian Federation. Ekonomika sel'skokhozyaystvennykh i pererabatyvayushchikh predpriyatij / Economics of agricultural and processing enterprises. 2023;3:2-9. (In Russ.).
7. Truhachev V.I., Leshcheva M.G., Yuldashbaev Yu.A. Russian meat market: analysis of the state and prospects of development. Dostizheniya nauki i tekhniki APK / Achievements of Science and Technology of AIC. 2012;11:3-9. (In Russ.).
8. Shamina O.V. The role of beef cattle breeding in the formation of the meat balance in Russia. Rossijskij zhurnal menedzhmenta / Russian Journal of Management. 2023;2:184-190. (In Russ.).
9. Zimnyakov V.M. The state and prospects of meat production development. Niva Povolzh'ya / Niva Povolzhya 2015;3(36):128-132. (In Russ.).
10. Dusaeva E.M., Kuvanov Zh.N. Statistical study of the global beef market. Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta / Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2013;3(41):166-170. (In Russ.).
11. Perevojko Zh.A., Kosilov V.I. Reproductive ability of sows of a large white breed and its two- and three-breed hybrids. Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta / Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2014;6(50):161-163. (In Russ.).
12. Zinov'eva N., Sermyagin A., Kostyunina O. A new strategy for genetic improvement of pigs. Zhivotnovodstvo Rossii / Animal husbandry in Russia. 2019;S2:15-17. (In Russ.).
13. Rakhimberdiev K., Ishnazarov A., Adilchaev R., Nazarbaev O., Utemuratov R., Boldireva S. Prospects of Digitalization of the Animal Husbandry Process in the Context of the Digital Economy: Economic-Mathematical Modeling of the Problem of Feed Ration and Programming in Python. In Proceedings of the 7th International Conference on Future Networks and Distributed Systems; 2023. 511-516. <https://doi.org/10.1145/3644713.3644789>
14. Lim K.S., Cheng J., Putz A., Don, Q., Bai X., Beiki H., Dekkers, J. C. Quantitative analysis of the blood transcriptome of young healthy pigs and its relationship with subsequent disease resilience. BMC genomics. 2021;22:1-18.
15. Park B., Choi T.J., Park M.N., Oh, S.H. Estimation of environmental effects and genetic parameters of carcass traits on Chikso (Korean brindle cattle). Asian-Australasian journal of animal sciences. 2020;33(4):525. doi: 10.5713/ajas.19.0136
16. Melnikova E.E., Nikitin S.A., Kabanov A.V., Sermyagin A.A., Kharitonov S.N., & Zinov'eva N.A. (2020). The use of breeding indices in different breeding systems for pigs of maternal breeds. Rossijskaya sel'skokhozyajstvennaya nauka / Russian agricultural Science. 2020;(4):46. DOI:10.31857/

S2500262720040110

17. Olivoto T., Nardino M., Carvalho I.R., Follmann D.N., Ferrari M., Szareski V.J., de Pelegrin A.J., de Souza V.Q. REML/BLUP and sequential path analysis in estimating genotypic values and interrelationships among simple maize grain yield-related traits. *Genet Mol Res.* 2017;16(1). doi: 10.4238/gmr16019525

18. Zaitsev S.Yu., Bogolyubova N.V. Molyanova G.V. Biochemical blood analysis of a number of pig breeds and their hybrids. M.: Sel'skohozyajstvennye tekhnologii; 2022. — 256 s. (In Russ.)

19. Fatkullin R.R., Ermolova E.M., Kosilov V.I., Matrosova Y.V., Chulichkova S.A.

Biochemical status of animal organism under conditions of technogenic agroecosystem. *Advances in Engineering Research.* 2018;182-186.

20. Solovyova O.E., Vasilyeva A.D., Katsnelson L.B., Kursanov A.G., Sulman T.B., Markhasin V.S. Mathematical modeling of living systems. Yekaterinburg: Ural Univ.; 2013. 328s.

21. Konte A.F., Voronina O.A., Kolesnik N.S., Savina A.A., Zaitsev S.Yu. Variability of indicators of amino acid composition of blood serum of three-breed pig hybrids based on a linear equation model. *Svinovodstvo / Pig farming.* 2023;6:48-52.