

## ГЕНОМНЫЕ АССОЦИИИ ПОКАЗАТЕЛЕЙ МЯСНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ ПЕТУШКОВ (*Gallus gallus*) НА ОСНОВЕ ДАННЫХ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ\*

А.Н. ВЕТОХ<sup>✉</sup>, Н.А. ВОЛКОВА, П.В. ЛАРИОНОВА, А.С. АБДЕЛЬМАНОВА,  
Л.А. ВОЛКОВА, Н.А. ЗИНОВЬЕВА

Поиск и идентификация генетических маркеров, связанных с формированием перспективных фенотипов и оценкой продуктивного потенциала служит основой маркерной и геномной селекции сельскохозяйственной птицы, в том числе направленной на создание и совершенствование высокопродуктивных мясных пород и кроссов кур (*Gallus gallus*). В настоящем исследовании впервые идентифицированы новые достоверно значимые SNP (single nucleotide polymorphisms) и гены-кандидаты, ассоциированные с продуктивными качествами мясных кур. Детектированные SNPs могут быть в дальнейшем исследованы в качестве генетических маркеров для использования в селекции на улучшение мясной продуктивности у кур мясных пород и кроссов. Цель работы — поиск однонуклеотидных полиморфизмов и идентификация генов-кандидатов, ассоциированных с интенсивностью роста, убойным выходом и весовыми параметрами тушки и ее отдельных частей у кур. Работа была выполнена в 2023-2025 годах на базе ФГБНУ Федеральный исследовательский центр — ВИЖ им. академика Л.К. Эрифта. Объектом исследований служили петушки F<sub>2</sub> ресурсной популяции кур (*G. gallus*), которая была создана посредством скрещивания двух контрастных по интенсивности роста пород: мясной породы корниш белый (материнская форма), характеризующейся высокой скоростью роста и используемой для получения высокопродуктивных мясных кроссов, и русской белой породы яичного направления продуктивности (отцовская форма) с умеренной скоростью роста. Цыплат поколения F<sub>2</sub> выращивали в несколько этапов по типу содержания (брудерное и напольное). Для проведения полногеномного ассоциативного исследования из общей популяции F<sub>2</sub> были отобраны 40 петушков с высокими ( $n = 20$ ) и низкими ( $n = 20$ ) показателями живой массы в возрасте 63 сут. Эти особи были охарактеризованы по показателям роста и мясной продуктивности: живой массе, среднесуточному приросту живой массы, убойному выходу, массе тушки, массе грудки, бедра, голени, крыльев. Для выделения ДНК и последующего поиска SNP и генов, ассоциированных с показателями роста, отбирали пульпу пера. Геномную ДНК экстрагировали с помощью набора ДНК-Экстра-2 (ООО «Синтол», Россия). Выполняли полногеномное генотипирование кур ресурсной популяции. GWAS-анализ проводили с использованием программного обеспечения PLINK 1.9 (<https://www.cog-genomics.org/plink/>) для поиска достоверно значимых ассоциаций SNP с изученными показателями роста и мясной продуктивности. С помощью ресурса <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/> провели аннотацию генов, в которых были локализованы обнаруженные SNP. Анализ выявил 59 значимых SNP и 12 генов, локализованных в позициях этих SNP, в том числе 51 SNP и 10 генов, ассоциированных с живой массой и ее среднесуточным приростом, и 13 SNP и 4 гена, связанных с весовыми параметрами тушки и ее отдельных частей у петушков исследованной популяции. Выявленные SNP и гены были локализованы на 5 из 28 учтенных хромосом: GGA2 (1 SNP, 1 ген), GGA4 (55 SNP, 8 генов), GGA6 (2 SNP, 2 гена), GGA9 (19 SNP, 1 ген), GGA23 (2 SNP). При этом было установлено 12 SNP (rs16451696, rs734169095, rs734922454, rs739717793, rs733453394, rs317394303, rs733563521, rs312391845, rs314257889, rs318214875, rs312310372, rs318006749), общих для группы изученных признаков, и 5 генов (*ATRN*, *CTN2*, *DAF9*, *GFRA4*, *DLG1*), в области которых локализовались от 2 до 7 выявленных SNP. Максимальное число значимых ассоциаций изученных признаков ( $n = 5$ ) было установлено для SNP rs318006749, локализованного в гене *DLG1*. Анализ аллельных вариантов гена *DLG1* в указанном локусе выявил связь генотипа *CC* с высокой живой массой, среднесуточным приростом живой массы, массой тушки, грудки, бедра, голени и крыльев у петушков исследованной популяции ( $p < 0,001$ ). Эти результаты могут быть востребованы в маркерной и геномной селекции кур мясных пород и кроссов, направленной на повышение скорости роста и улучшение показателей мясной продуктивности.

Ключевые слова: *Gallus gallus*, GWAS, SNP, гены-кандидаты, мясная продуктивность.

Современное промышленное птицеводство предъявляет высокие требования к качеству и однородности производимой продукции. Ключевым фактором успеха в этой сфере служит эффективное управление селекцион-

\* Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ, тема № FGGN-2023-0002.

ными процессами при получении кур с высокими показателями мясной продуктивности, роста и качества мяса. Все это зависит от ряда генетически обусловленных факторов (1-3).

Коммерческие гибридные бройлерные куры характеризуются быстрым ростом, высоким процентом грудных мышц по сравнению с чистыми породами, а также высокой конверсией корма (4, 5). Живая масса — ключевой селекционный признак, оказывающий непосредственное влияние на экономическую эффективность (6). Возраст достижения убойной массы у бройлеров в зависимости от кросса варьирует от 35 до 63 сут (7, 8). К этому периоду замедляется активное формирование мышечной ткани и окончательно устанавливаются пропорции разных частей тушки (грудка, крыло, бедро и голень). Такие компоненты тушки имеют неодинаковую коммерческую ценность и по-разному востребованы на рынке. Это делает крайне важной задачу точного контроля и оптимизации процесса селекции на уровне генетических маркеров, ассоциированных с увеличенной массой целевых частей тушки (9).

В ряде исследований описана высокая наследуемость признаков роста у цыплят-бройлеров в раннем возрасте, а также выявлена корреляция между живой массой и характеристиками тушки (10, 11). На генетическом уровне на качественные показатели куриных тушек влияет множество генов на аутосомах и половых хромосомах, что делает этот признак по-настоящему сложным. Сотни локусов количественных признаков (quantitative trait locus, QTL), связанных с линейными и весовыми параметрами тушки и ее составных частей и органов, уже картированы (8, 12-14).

Полногеномное секвенирование — уникальный инструмент для изучения механизмов, оказывающих влияние на развитие живых организмов. Эта технология позволяет не только идентифицировать конкретные гены и участки генома, отвечающие за целевые признаки, к которым относятся весовые характеристики различных частей тушки сельскохозяйственной птицы, но и обнаруживать взаимосвязи и закономерности проявления таких фенотипов на молекулярном уровне. В том числе она дает возможность идентифицировать породоспецифичные генетические варианты, что свидетельствует о высокой значимости подобного подхода (15, 16).

Таким образом, применение молекулярно-генетических инструментов для повышения точности прогнозирования продуктивных качеств птицы и для оптимизации производственных стратегий актуально и востребовано. На основании идентификации генов, ассоциированных с весовыми показателями тушки кур и ее частей, могут быть составлены рекомендации для практических селекционных программ и предложены эффективные решения для повышения экономической отдачи в птицеводстве.

В настоящем исследовании впервые идентифицированы новые достоверно значимые SNP и гены-кандидаты, ассоциированные с мясными качествами кроссбредных петушков. Детектированные SNP могут быть в дальнейшем исследованы в качестве генетических маркеров в селекции на улучшение мясной продуктивности у кур мясных пород и кроссов.

Цель работы — поиск однонуклеотидных полиморфизмов и идентификация генов-кандидатов, ассоциированных с интенсивностью роста, убойным выходом и весовыми параметрами тушки и ее частей у кур.

*Методика.* Работа была выполнена в 2023-2025 годах на базе ФГБНУ Федеральный исследовательский центр — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста. Объектом исследований служила F<sub>2</sub> ресурсная популяция кур (*Gallus gallus*), которая была создана посредством скрещивания двух контрастных

по интенсивности роста пород: мясной породы корниш белый (материнская форма), характеризующейся высокой скоростью роста и используемой для получения высокопродуктивных мясных кроссов, и русской белой породы яичного направления продуктивности (отцовская форма), отличающейся умеренной скоростью роста.

Цыплят поколения F<sub>2</sub> выращивали в несколько этапов по типу содержания (брудерное и напольное). Период выращивания в брудерах составлял 21 сут при контролируемом температурном режиме, который постепенно снижался с 35 °С в первые часы после выхода кондиционного молодняка из яйца до 23 °С к моменту перевода на напольное содержание. Напольное содержание было организовано с соблюдением правил и стандартов зоогигиены: регулярная смена подстилки для исключения повышенной влажности и загазованности помещения, хорошая приточная вентиляция, отсутствие сквозняков, стандартный световой режим. Обеспечивался круглосуточный доступ к полнорационному комбикорму с энергетической ценностью 2600–3000 ккал/кг, сбалансированному по основным питательным веществам и соответствовавшему возрастным физиологическим потребностям птицы. Вода подавалась в неограниченном объеме из автопоилок.

Для полногеномного ассоциативного исследования из общей популяции F<sub>2</sub> были отобраны 40 петушков с высокой ( $n = 20$ ) и низкой ( $n = 20$ ) живой массой в возрасте 63 сут. Птицу подвергали 12-часовой голодной выдержке с сохранением свободного доступа к воде. После проведения предубойного контроля птицу взвешивали с точностью до 1 г. Убой проводили наружным способом (обескровливание птицы при перерезании сонной артерии на 15–20 мм ниже ушного отверстия). После полного обескровливания с соблюдением температурного режима обработки проводили механизированный ощип для получения готовой тушки. Тушки разделяли по схеме: отделение крыльев в плечелоктевом суставе, отделение ножек по тазобедренному суставу, разделение ножек на бедро и голень по коленному суставу. Составные части тушки взвешивали на лабораторных весах Ohaus Scout SPX8200 («ОНАУС Corporation», США). Для повышения точности измерения массу бедра, голени и крыла рассчитывали как средние значения для пары одноименных частей тела.

Для выделения ДНК и последующего поиска SNP и генов, ассоциированных с показателями роста, от птиц ресурсной популяции отбирали биоматериал — пулюпу пера. Экстракцию геномной ДНК проводили с использованием набора ДНК-Экстран-2 (ООО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом производителя. Для полногеномного секвенирования использовали образцы ДНК, прошедшие контроль качества. Качество и чистоту ДНК оценивали на спектрофотометре NanoDrop 8000 («Thermo Fisher Scientific, Inc.», США). Концентрацию ДНК определяли на флуориметре Qubit 3.0 («Thermo Fisher Scientific, Inc.», США).

При полногеномном генотипировании особей из ресурсной популяции первичные данные полногеномного секвенирования получали на платформе NovaSeq 6000 («Illumina, Inc.», США). Результаты были подвергнуты контролю качества с использованием программы FastQC v0.12.1 (<https://github.com/s-andrews/FastQC>). Адаптеры и низкокачественные прочтения отфильтровывали с помощью программы FASTP v0.23.4 (<https://github.com/OpenGene/fastp>). Короткие прочтения выравнивали относительно референсного генома курицы *Gallus gallus* (сборка bGalGal1.mat.broiler.GRCg7b) в Ensembl, release 109 ([https://www.ensembl.org/Gallus\\_gallus/Info/Index?db=core](https://www.ensembl.org/Gallus_gallus/Info/Index?db=core)) с применением алгоритма BWA-MEM2 v2.2.1 (<https://github.com/bwa-mem2/bwa-mem2>) (17). Последующая обработка выравненных данных вклю-

чала сортировку, индексацию и маркировку ПЦР-дубликатов с помощью утилит SAMtools v1.17 (<https://github.com/samtools/samtools>) (18). Варьирующие позиции SNP были определены с использованием пакета BCFtools v1.17 (<https://github.com/samtools/bcftools>) (19). Для обеспечения высокого качества последующего анализа к полученному VCF-файлу применили многоступенчатый фильтр, использовав BCFtools и VCFtools, в результате были отбракованы варианты с частотой минорного аллеля (MAF) < 0,05 и отфильтрованы варианты, значительно отклоняющиеся от равновесия Харди-Вайнберга ( $p < 1 \times 10^{-6}$ ). Анализ ассоциаций между отфильтрованными SNP и фенотипическими показателями (живая масса, масса частей тушки) проводился с использованием логистической регрессии в программном пакете PLINK 1.9 (<https://www.cog-genomics.org/plink/>) (20). В качестве ковариаты использовался показатель главных компонент (PCA) для учета возможной скрытой популяционной стратификации.

Гены-кандидаты определяли в границах экзонов/интроннов или на расстоянии 250 Mbp от значимых SNP через средство просмотра геномных данных (Genome Data Viewer) в базе данных NCBI *Gallus gallus* (chicken) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/>). Функциональные аннотации генов выполняли с привлечением базы данных GeneCards (<http://www.genecards.org/>) и программы DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/>), а также базы Chicken QTL database (<http://www.animalgenome.org>).

Результаты определения показателей роста и мясной продуктивности анализировали методами вариационной статистики с применением пакета анализа данных Microsoft Office 365, который позволил рассчитать максимальные (max), минимальные (min) и средние ( $M$ ) значения, стандартные ошибки средних ( $\pm$ SEM) и коэффициент изменчивости ( $C_v$ , %) признака, а также провести  $t$ -тест для оценки статистически значимых различий между группами.

**Результаты.** В исследованной ресурсной популяции отмечалась высокая вариабельность оцениваемых показателей роста и мясной продуктивности петушков (табл. 1).

**1. Показатели роста и мясной продуктивности петушков (*Gallus gallus*) F<sub>2</sub> ресурсной популяции в возрасте 63 сут ( $n = 40$ , ФГБНУ Федеральный исследовательский центр — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 2023-2025 годы)**

Показатель	min	max	$M \pm SEM$	$C_v$ , %
Живая масса, г	1460	2680	2040 $\pm$ 50,1	15,9
Среднесуточный прирост живой массы, г	23,2	46,1	34,2 $\pm$ 0,84	16,0
Масса тушки, г	1005	2015	1479 $\pm$ 40,4	17,3
Убойный выход, %	62,3	78,6	72,4 $\pm$ 0,51	4,2
Масса грудки, г	271	633	429 $\pm$ 14,3	20,8
Масса бедра, г	67	163	116 $\pm$ 3,3	18,1
Масса голени, г	73	129	95 $\pm$ 2,2	14,7
Масса крыльев, г	61	119	84 $\pm$ 2,0	15,2

Самый высокий коэффициент вариации был установлен для массы бедра и грудки — соответственно 18,1 и 20,8 %. По признакам, характеризующим рост птицы, в частности по живой массе и среднесуточному приросту живой массы, коэффициент вариации составил 15,9 и 16,0 %.

Полученные экспериментальные данные по показателям роста и мясной продуктивности петушков из F<sub>2</sub> модельной ресурсной популяции были использованы при полногеномных исследованиях по поиску достоверно значимых однонуклеотидных полиморфизмов и идентификации генов-кандидатов, ассоциативных с изученными признаками.

**2. Распределение на хромосомах значимых SNP, ассоциированных с мясной продуктивностью петушков (*Gallus gallus*) F2 ресурсной популяции (ФГБНУ Федеральный исследовательский центр — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 2023–2025 годы)**

Признак	Число SNP	Хромосома
Живая масса	9	GGA2 (1), GGA4 (8)
Среднесуточный прирост живой массы	51	GGA4 (45), GGA9 (6)
Масса тушки	9	GGA9 (7), GGA23 (2)
Масса грудки	6	GGA6 (2), GGA9 (4)
Масса бедра	1	GGA4 (1)
Масса голени	2	GGA4 (1), GGA9 (1)
Масса крыльев	1	GGA9 (1)

Проведенный GWAS-анализ выявил 59 достоверно значимых SNP, ассоциированных с показателями роста, в частности с живой массой и среднесуточным приростом — соответственно 9 и 51 SNP (табл. 2). Эти SNP были локализованы на трех хромосомах — GGA2, GGA4 и GGA9. Максимальное число SNP было установлено на GGA4 — 53 SNP.

Полногеномные исследования весовых параметров тушки выявили 13 достоверно значимых SNP, ассоциированных с массой тушки и ее отдельных частей — грудки, бедра, голени и крыльев (см. табл. 1). Идентифицированные SNP находились на четырех хромосомах — GGA4, GGA6, GGA9, GGA23. Наибольшее число ассоциированных SNP было установлено по массе тушки и грудки — соответственно 9 и 6 SNP.

По убойному выходу мы не выявили SNP на уровне установленного порога достоверности.

Из 59 установленных SNP достоверно значимые ассоциации с несколькими изученными признаками имели 12 SNP. В частности, было выявлено 9 SNP, ассоциированных с двумя признаками (живая масса, среднесуточный прирост живой массы; масса тушки, среднесуточный прирост живой массы; масса тушки, масса грудки), 1 SNP — с тремя признаками (среднесуточный прирост живой массы, масса тушки, грудки), 1 SNP — с четырьмя признаками (среднесуточный прирост живой массы, живая масса, масса бедра, голени) и 1 SNP — с 5 признаками (среднесуточный прирост живой массы, масса тушки, грудки, голени, крыльев) (табл. 3). Эти SNPs были локализованы на хромосомах GGA4 (7 SNP) и GGA9 (5 SNP).

**3. Достоверно значимые SNP ( $p < 1,06 \times 10^{-6}$ ), общие для группы изученных признаков мясной продуктивности у петушков (*Gallus gallus*) F2 ресурсной популяции (ФГБНУ Федеральный исследовательский центр — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 2023–2025 годы)**

GGA	SNP	Позиция, bp	Признаки	
			n	описание
4	rs16451696	87348994	2	Среднесуточный прирост живой массы, живая масса
4	rs734169095	88976074	2	Среднесуточный прирост живой массы, живая масса
4	rs734922454	88677082	2	Среднесуточный прирост живой массы, живая масса
4	rs739717793	88972788	2	Среднесуточный прирост живой массы, живая масса
4	rs733453394	88679510	2	Среднесуточный прирост живой массы, живая масса
4	rs317394303	88965450	2	Среднесуточный прирост живой массы, живая масса
4	rs733563521	85780615	4	Среднесуточный прирост живой массы, живая масса, масса бедра, голени
9	rs312391845	12174339	2	Масса тушки, грудки
9	rs314257889	5452287	2	Среднесуточный прирост живой массы, масса тушки
9	rs318214875	5451531	2	Среднесуточный прирост живой массы, масса тушки
9	rs312310372	11753787	3	Среднесуточный прирост живой массы, масса тушки, грудки
9	rs318006749	12179448	5	Среднесуточный прирост живой массы, масса тушки, грудки, голени, крыльев

Примечание. GGA — хромосома.

Установленные значимые SNP (см. табл. 2) были использованы для аннотирования генов-кандидатов, связанных с показателями роста и мясной

продуктивности петушков F<sub>2</sub> ресурсной популяции. В области выявленных SNP было идентифицировано 82 гена, в том числе в позициях этих SNP — 12 генов (*SCIN*, *CTBP1*, *SMYD1*, *SLC4A11*, *EIF2AK3*, *CTN2*, *ATRN*, *DAF9*, *GFRA4*, *KCNMA1*, *TLL2*, *DLG1*) (табл. 4). При этом в пяти генах было локализовано от 2 до 7 SNP, ассоциированных с изученными признаками, — *ATRN* (attractin, 2 SNP, среднесуточный прирост живой массы), *CTN2* (catenin alpha 2, 2 SNP, среднесуточный прирост живой массы), *DAF9* (dynein axonemal assembly factor 9, 7 SNP, среднесуточный прирост живой массы, живая масса), *GFRA4* (GDNF family receptor alpha 4, 4 SNP, среднесуточный прирост живой массы, живая масса), *DLG1* (discs large MAGUK scaffold protein 1, 2 SNP, среднесуточный прирост живой массы, масса тушки, грудки, голени, крыльев).

**4. Гены-кандидаты (в позициях SNP), ассоциированные с показателями роста и мясной продуктивности у петушков (*Gallus gallus*) F<sub>2</sub> ресурсной популяции (ФГБНУ Федеральный исследовательский центр — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 2023-2025 годы)**

GGA	Ген	SNP			Признак	p	
		n	ID	позиция, bp			
2	<i>SCIN</i>	1	2:26658475	26658475	Живая масса	3,47×10 <sup>-7</sup>	
4	<i>CTBP1</i>	1	rs80649074	84070019	Среднесуточный прирост живой массы	4,82×10 <sup>-7</sup>	
	<i>SMYD1</i>	1	rs735243020	85603360	Среднесуточный прирост живой массы	9,18×10 <sup>-7</sup>	
	<i>SLC4A11</i>	1	rs312317566	88551946	Среднесуточный прирост живой массы	1,89×10 <sup>-7</sup>	
	<i>EIF2AK3</i>	1	rs733563521	85780615	Среднесуточный прирост живой массы	7,59×10 <sup>-9</sup>	
	<i>CTN2</i>	2	rs316139042	87348516	Живая масса	4,10×10 <sup>-7</sup>	
				rs16451696	87348994	Масса голени	8,27×10 <sup>-7</sup>
	<i>ATRN</i>	2	rs313974162	88875249	Масса бедра	6,76×10 <sup>-7</sup>	
				rs314828307	88885759	Среднесуточный прирост живой массы	1,13×10 <sup>-7</sup>
	<i>DAF9</i>	7	rs313362065	88673842	Среднесуточный прирост живой массы	1,95×10 <sup>-7</sup>	
				rs734922454	88677082	Живая масса	4,05×10 <sup>-7</sup>
				rs80572832	88677511	Среднесуточный прирост живой массы	5,61×10 <sup>-7</sup>
				rs738343785	88677779	Среднесуточный прирост живой массы	1,49×10 <sup>-7</sup>
				rs315233203	88677786	Среднесуточный прирост живой массы	5,51×10 <sup>-7</sup>
				rs733453394	88679510	Среднесуточный прирост живой массы	2,79×10 <sup>-7</sup>
				rs317958742	88706433	Живая масса	4,91×10 <sup>-7</sup>
	<i>GFRA4</i>	5	rs737215201	88917045	Среднесуточный прирост живой массы	2,24×10 <sup>-7</sup>	
				rs317394303	88965450	Среднесуточный прирост живой массы	2,82×10 <sup>-7</sup>
				rs312654358	88970973	Живая масса	4,65×10 <sup>-7</sup>
				rs739717793	88972788	Среднесуточный прирост живой массы	6,10×10 <sup>-7</sup>
				rs734169095	88976074	Среднесуточный прирост живой массы	8,74×10 <sup>-7</sup>
					Живая масса	1,78×10 <sup>-7</sup>	
					Среднесуточный прирост живой массы	8,72×10 <sup>-7</sup>	
					Живая масса	4,27×10 <sup>-7</sup>	
					Среднесуточный прирост живой массы	4,27×10 <sup>-7</sup>	
					Живая масса	5,59×10 <sup>-7</sup>	
					Среднесуточный прирост живой массы	4,27×10 <sup>-7</sup>	
					Живая масса	5,59×10 <sup>-7</sup>	

6	<i>KCNMA1</i>	1	rs317758299	14334044	Масса грудки	$7,57 \times 10^{-7}$
	<i>TLL2</i>	1	rs318207529	17373836	Масса грудки	$5,09 \times 10^{-7}$
9	<i>DLG1</i>	2	rs312391845	12174339	Масса грудки	$3,23 \times 10^{-7}$
					Масса тушки	$7,69 \times 10^{-8}$
		rs318006749	12179448	Среднесуточный прирост живой массы	$3,47 \times 10^{-7}$	
				Масса грудки	$6,31 \times 10^{-7}$	
				Масса тушки	$2,29 \times 10^{-8}$	
			Масса голени	$8,73 \times 10^{-7}$		
			Масса крыльев	$5,23 \times 10^{-7}$		

Функциональная аннотация выявленных в настоящем исследовании генов-кандидатов, ассоциированных с признаками роста и мясной продуктивности, показала, что эти гены можно разделить на несколько категорий: гены *SCIN*, *SMYD1*, *GFRA4* связаны с метаболизмом, формированием и развитием мышечной ткани, дифференцировкой миоцитов, регуляцией роста; гены *ATRN*, *KCNMA1*, *TLL2*, *DLG1* имеют отношение к функциям и развитию нервной системы — играют важную роль в активности нейронов и передаче сигналов, оказывают влияние на пищевое поведение; гены *CTBP1*, *SLC4A11*, *EIF2AK3*, *CTN2*, *DAF9* кодируют белки, участвующие в межклеточном транспорте.

Проанализировав базы данных количественных признаков и открытые источники литературы, мы не нашли сведений, подтверждающих прямое влияние 12 генов, установленных в нашей работе (см. табл. 4), на показатели роста и мясной продуктивности кур. Вместе с тем в работах, выполненных на других видах сельскохозяйственных животных, были описаны достоверно значимые ассоциации ряда установленных в нашем исследовании генов-кандидатов с ростом и продуктивными признаками. В частности, определены достоверно значимые ассоциации гена *SCIN* с высокой оценкой овец карачаевской породы (суперэлита) по комплексу признаков, включая живую массу и размеры тела (21). К. Xing с соавт. (22) в исследовании на свиньях установили влияние гена *SMYD* на размер тела и высказали предположение, что этот ген участвует в регуляции отложения внутримышечного жира и развитии мышечных волокон. J.V. Cole с соавт. (23) выявили связь гена *SMYD1* с признаками, характеризующими рост, развитие, продуктивные качества крупного рогатого скота голштинской породы: глубиной тела, формой и расположением задних конечностей, шириной и глубиной грудной клетки, высотой в холке, общим количеством молочного жира и белка в молоке.

Также в ряде работ выявлена связь некоторых установленных нами генов с признаками, косвенно связанными с ростом и мясной продуктивностью животных. Так, показана связь гена *TLL2* с площадью мышечного глазка длиннейшей мышцы спины у крупного рогатого скота (24). Установлено влияние гена *KCNMA1* на цвет мяса у свиней, в частности спектр b\* длиннейшей мышцы спины (25), а также на устойчивость к заболеваниям у крупного рогатого скота (26) и овец (27). Показана связь гена *DLG1* с адаптацией к окружающей среде, врожденным и аддитивным иммунитетом у коз (28). Выявлены значимые ассоциации гена *EIF2AK3* с возрастом полового созревания у крупного рогатого скота (29).

Инфекционные заболевания и технологические стрессы негативно влияют на рост и развитие птицы и животных, а также на показатели мясной продуктивности. Высокая устойчивость к заболеваниям и адаптация к условиям окружающей среды способствуют нормальному росту и развитию животных при выращивании.

В работе Z. Yang с соавт. (30) установлена связь гена *GFRA4* с высотой гребня у петушков. Развитие гребня связывают с достижением половой зрелости (31) и ростом сельскохозяйственной птицы (32). К. Qi с соавт. (32) на основании результатов сравнительного анализа двух групп кур с большим и маленьким гребнем показали, что куры с большим гребнем имели более развитый скелет, большую окружность голени, глубину и ширину груди, высокое содержание гормона роста.

При выборе генетических маркеров для использования в селекции птицы определяющее значение имеет их связь с несколькими селекционно значимыми признаками. Мы установили достоверно значимые ассоциации однонуклеотидных полиморфизмов в гене *DLG1* с пятью исследованными признаками мясной продуктивности петушков из ресурсной популяции: среднесуточный прирост живой массы, массой тушки, грудки, голени и крыльев. С учетом этого были изучены аллельные варианты гена *DLG1* в локусах rs312391845 (9:12174339) и rs318006749 (9:12179448), детерминирующие степень фенотипического проявления изученных признаков (табл. 5).

**5. Показатели роста и мясной продуктивности у петушков (*Gallus gallus*) F<sub>2</sub> ресурсной популяции в возрасте 63 сут в зависимости от генотипа по локусам гена *DLG1* (M±SEM, ФГБНУ Федеральный исследовательский центр — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 2023–2025 годы)**

Показатель	Генотип					
	rs312391845 (9:12174339)			rs318006749 (9:12179448)		
	CC	CT	TT	CC	CT	TT
Число	8	15	15	5	17	17
Живая масса, г	2486±62,3 ab, ac***	2076±73,1 ab***, bc*	1838±53,4 ac***, bc*	2605±38,4 ab, ac***	2140±69,2 ab***, bc*	18365±47,2 ac***, bc*
Среднесуточный прирост живой массы, г	41,3±1,34 ab**, ac***	34,9±1,31 ab**, bc*	30,7±0,87 ac***, bc*	44,0±1,22 ab**, ac***	35,9±1,13 ab**, bc*	30,6±0,81 ac***, bc*
Масса тушки, г	1844±58,3 ab**, ac***	1525±58,3 ab**, bc*	1299±29,2 ac***, bc**	1963±32,0 ab**, ac***	1573±53,3 ab, bc**	1300±25,9 ac***, bc**
Убойный выход, %	74,2±0,90 ac*	73,4±0,61 bc*	70,9±0,94 ac, bc*	75,4±0,52 ac*	73,5±0,52 bc*	71,0±0,94 ac, bc*
Масса грудки, г	548±23,4 ab**, ac***	443±19,2 ab, bc**	366±13,4 ac***, bc**	576±29,1 ab**, ac***	459±19,3 ab, bc**	370±17,4 ac***, bc**
Масса бедра, г	143±5,1 ab**, ac***	118±5,2 ab**, bc*	105±3,3 ac***, bc*	150±7,3 ab**, ac***	122±5,4 ab**, bc*	105±3,4 ac***, bc*
Масса голени, г	114±3,9 ab**, ac***	96±3,2 ab**, bc*	86±2,1 ac***, bc*	120±5,2 ab**, ac***	99±3,2 ab**, bc*	86±2,1 ac***, bc*

Примечание. a — генотип CC, b — генотип CT, c — генотип TT.  
\*, \*\*, \*\*\* Соответственно p < 0,05, p < 0,01, p < 0,001.

Были установлены статистически значимые корреляции генотипа *CC* со всеми изученными нами показателями роста и мясной продуктивности. Петушки с генотипом *CC* превосходили своих сверстников с генотипом *TT* по живой массе, среднесуточному приросту живой массы, массе тушки, грудки, бедра и голени соответственно на 26, 26, 30, 33, 27 и 24 % (p < 0,001).

Таким образом, идентифицированы однонуклеотидные полиморфизмы и гены-кандидаты, ассоциированные с показателями роста и мясной продуктивности петушков. Выявлены 12 SNP, достоверно значимых для группы изученных в настоящем исследовании признаков (живая масса, среднесуточный прирост живой массы, убойный выход, масса тушки, масса грудки, бедра, голени, крыльев), а также 5 генов, в области локализации которых идентифицировано от двух до семи выявленных SNP. Установлен один SNP (rs318006749) на хромосоме *GGA9* в области гена *DLG1*, имеющий достоверно значимые ассоциации с пятью признаками — среднесуточным приростом живой массы, массой тушки, грудки, голени, крыльев. Показано, что генотип *CC* по указанному локусу гена *DLG1* связан с высокими

показателями мясной продуктивности у кур исследованной популяции. Практическое значение полученных экспериментальных данных для мясного птицеводства заключается в возможности их использования в маркерной и геномной селекции кур мясных пород и кроссов на повышение скорости роста и улучшение показателей мясной продуктивности.

ФГБНУ Федеральный исследовательский центр  
животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,  
142132 Россия, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, 60,  
e-mail: anatezuya@mail.ru ✉, natavolkova@inbox.ru, volpolina@mail.ru, ab-  
delmanova@vij.ru, ludavolkova@inbox.ru, zinovieva@mail.ru

Поступила в редакцию  
28 августа 2025 года  
Принята к публикации  
13 октября 2025 года

*Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*, 2025, V. 60, № 6, pp. 1044-1054

## GENOME-WIDE ASSOCIATIONS OF MEAT PRODUCTIVITY TRAITS IN COCKERELS BASED ON WHOLE GENOME SEQUENCING DATA

A.N. Vetokh<sup>✉</sup>, N.A. Volkova, P.V. Larionova, A.S. Abdelmanova, L.A. Volkova,  
N.A. Zinovieva

Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 60, pos. Dubrovitsy, Podolsk District, Moscow Province, 142132 Russia, e-mail anatezuya@mail.ru (✉ corresponding author), natavolkova@inbox.ru, volpolina@mail.ru, abdelmanova@vij.ru, ludavolkova@inbox.ru, zinovieva@mail.ru

ORCID:

Vetokh A.N. [orcid.org/0000-0002-2865-5960](https://orcid.org/0000-0002-2865-5960)

Abdelmanova A.S. [orcid.org/0000-0003-4752-0727](https://orcid.org/0000-0003-4752-0727)

Volkova N.A. [orcid.org/0000-0001-7191-3550](https://orcid.org/0000-0001-7191-3550)

Volkova L.A. [orcid.org/0000-0002-9407-3686](https://orcid.org/0000-0002-9407-3686)

Larionova P.V. [orcid.org/0000-0001-5047-1888](https://orcid.org/0000-0001-5047-1888)

Zinovieva N.A. [orcid.org/0000-0003-4017-6863](https://orcid.org/0000-0003-4017-6863)

The authors declare no conflict of interests

Acknowledgements:

Supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within theme № FGGN-2023-0002

Final revision received August 28, 2025

doi: 10.15389/agrobiol.2025.6.1044eng

Accepted October 13, 2025

### Abstract

The search and identification of genetic markers associated with formation of promising phenotypes and the assessment of productive potential form the basis for marker-assisted and genomic selection in poultry breeding. This includes efforts aimed at creating and improving high-yielding meat breeds and crosses of chickens. In this study the first identification of novel significant SNPs and candidate genes linked to productivity traits in meat-type cockerels. The detected SNPs can be further investigated as genetic markers to enhance meat productivity in meat-type chicken breeds and crosses through breeding. The aim of this study was to identify single nucleotide polymorphisms (SNPs), and candidate genes associated with growth intensity, slaughter yield, and the weight parameters of the carcass and its individual parts in cockerels. The research was carried out in 2023-2025 at the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry. The study subjects were F<sub>2</sub> generation cockerels from a resource chicken population (*Gallus gallus*), created by crossing two breeds contrasting in growth intensity: the White Cornish meat breed, characterized by a high growth rate and used to produce high-performance meat crosses, and the Russian White breed of egg-laying direction (paternal line), distinguished by a moderate growth rate. The F<sub>2</sub> generation chicks were reared in several stages under different housing systems: brooding and floor rearing. For the genome-wide association study (GWAS), 40 cockerels with high ( $n = 20$ ) and low ( $n = 20$ ) live body weight at 63 days of age were selected from the general F<sub>2</sub> population. These individuals were characterized by growth and meat productivity indicators: live body weight, average daily gain, slaughter yield, carcass weight, and weights of breast, thigh, drumstick, and wings. For DNA extraction and subsequent identification of SNPs and genes associated with growth traits, feather pulp samples were collected. Genomic DNA was extracted using the DNA-Extran-2 kit (LLC "Syntol", Moscow, Russia). Genotyping of the resource population chickens was performed using whole-genome sequencing. A GWAS was performed using PLINK 1.9 software (<https://www.cog-genomics.org/plink/>) to identify statistically significant associations between SNPs and the studied growth and meat productivity traits. Gene annotation for the identified SNPs was conducted using the resource <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/>. The analysis revealed 59 significant SNPs, and 12 genes located at these SNP positions, including 51 SNPs and 10 genes associated with live body weight and average daily gain, and 13 SNPs and 4 genes linked to weight parameters of the carcass and its parts in the studied cockerel population. The identified SNPs and genes were localized to 5 out of the 28 assessed chromosomes: GGA2 (1 SNP, 1 gene), GGA4 (55 SNPs, 8 genes), GGA6 (2 SNPs, 2 genes), GGA9 (19 SNPs, 1 gene), and GGA23 (2 SNPs).

Furthermore, 12 SNPs (rs16451696, rs734169095, rs734922454, rs739717793, rs733453394, rs317394303, rs733563521, rs312391845, rs314257889, rs318214875, rs312310372, rs318006749) were common to the group of studied traits, and 5 genes (*ATRN*, *CTN2*, *DAF9*, *GFRA4*, *DLG1*) were identified in the regions containing from 2 to 7 of the significant SNPs. The maximum number of significant associations with the studied traits ( $n = 5$ ) was found for SNP rs318006749, located in the *DLG1* gene. Analysis of allelic variants of the *DLG1* gene at this locus revealed a significant association ( $p < 0.001$ ) of the *CC* genotype with high live body weight, average daily gain, and weights of carcass, breast, thigh, drumstick, and wings in the studied cockerel population. These results can be valuable for marker-assisted and genomic selection programs in meat-type chicken breeds and crosses, aimed at enhancing growth rate and improving meat productivity traits.

Keywords: *Gallus gallus*, GWAS, SNP, candidate genes, meat productivity traits.

## REFERENCES

- Mir N.A., Rafiq A., Kumar F., Singh V., Shukla V. Determinants of broiler chicken meat quality and factors affecting them: a review. *Journal of Food Science and Technology*, 2017, 54: 2997-3009 (doi: 10.1007/s13197-017-2789-z).
- Marchewka J., Sztandarski P., Solka M., Louton H., Rath K., Vogt L., Rauch E., Ruijter D., de Jong I.C., Horbańczuk J.O. Linking key husbandry factors to the intrinsic quality of broiler meat. *Poultry Science*, 2023, 102(2): 102384 (doi: 10.1016/j.psj.2022.102384).
- Deng S., Liu R., Li C., Xu X., Zhou G. Meat quality and flavor compounds of soft-boiled chickens: effect of Chinese yellow feathered chicken breed and slaughter age. *Poultry Science*, 2022, 101(12): 102168 (doi: 10.1016/j.psj.2022.102168).
- Dalle Zotte A., Gleeson E., Franco D., Cullere M., Lorenzo J.M. Proximate composition, amino acid profile, and oxidative stability of slow growing indigenous chickens compared with commercial broiler chickens. *Foods*, 2020, 9(5): 546 (doi: 10.3390/foods9050546).
- Fu W., Lee W.R., Abasht B. Detection of genomic signatures of recent selection in commercial broiler chickens. *BMC Genetics*, 2016, 17: 122 (doi: 10.1186/s12863-016-0430-1).
- Wang J., Liu J., Lei Q., Liu Z., Han H., Zhang S., Qi C., Liu W., Li D., Li F., Cao D., Zhou Y. Elucidation of the genetic determination of body weight and size in Chinese local chicken breeds by large scale genomic analyses. *BMC Genomics*, 2024, 25: 296 (doi: 10.1186/s12864-024-10185-6).
- Egorova A.V., Efimov D.N., Emanuylova Zh.V., Komarov A.A. *Pitsevodstvo*, 2023, 9: 6-12 (doi: 10.33845/0033-3239-2023-72-9-6-12) (in Russ.).
- Dadousis C., Somavilla A., Ilska J. J., Johnsson M., Batista L., Mellanby R. J., Headon D., Gottardo P., Whalen A., Wilson D., Dunn I. C., Gorjanc G., Kranis A., Hickey J.M. A genome wide association analysis for body weight at 35 days measured on 137 343 broiler chickens. *Genetics Selection Evolution*, 2021, 53: 70 (doi: 10.1186/s12711-021-00659-4).
- Lyu S., Arends D., Nassar M. K., Weigend A., Weigend S., Wang E., Brockmann G.A. High density genotyping reveals candidate genomic regions for chicken body size in breeds of Asian origin. *Poultry Science*, 2023, 102(1): 102303 (doi: 10.1016/j.psj.2022.102303).
- Dou D., Shen L., Zhou J., Cao Z., Luan P., Li Y., Xiao F., Guo H., Li H., Zhang H. Genome wide association studies for growth traits in broilers. *BMC Genomic Data*, 2022, 23: 1 (doi: 10.1186/s12863-021-01017-7).
- Chu T.T., Madsen P., Norberg E., Wang L., Marois D., Henshall J., Jensen J. Genetic analysis on body weight at different ages in broiler chicken raised in commercial environment. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2020, 137(2): 245-259 (doi: 10.1111/jbg.12448).
- Vetokh A.N., Dzhaigayev A.Yu., Belous A.A., Volkova N.A., Zinovieva N.A. Genome-wide association studies of chicken (*Gallus gallus* L.) breast meat color characteristics. *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*, 2023, 58(6): 1068-1078 (doi: 10.15389/agrobiology.2023.6.1068rus).
- Volkova N.A., Kotova T.O., Vetokh A.N., Larionova P.V., Volkova L.A., Romanov M.N., Zinovieva N.A. Genome-wide association study of testes development indicators in roosters (*Gallus gallus* L.). *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*, 2024, 59(4): 649-657 (doi: 10.15389/agrobiology.2024.4.649rus).
- Zhong C., Li X., Guan D., Zhang B., Wang X., Qu L., Zhou H., Fang L., Sun C., Yang N. Age-dependent genetic architectures of chicken body weight explored by multidimensional GWAS and molQTL analyses. *Journal of Genetics and Genomics*, 2024, 51(12): 1423-1434 (doi: 10.1016/j.jgg.2024.09.003).
- Xu D., Zhu W., Wu Y., Wei S., Shu G., Tian Y., Du X., Tang J., Feng Y., Wu G., Han X., Zhao X. Whole genome sequencing revealed genetic diversity, structure and patterns of selection in Guizhou indigenous chickens. *BMC Genomics*, 2023, 24: 570 (doi: 10.1186/s12864-023-09621-w).
- Jeong H., Kim K., Caetano-Anollés K., Kim H., Kim B.K., Yi J.K., Ha J.J., Cho S., Oh D.Y. Whole genome sequencing of Gyeongbuk Araucana, a newly developed blue egg laying chicken

- breed, reveals its origin and genetic characteristics. *Scientific Reports*, 2016, 6(1): 26484 (doi: 10.1038/srep26484).
17. Vasimuddin M., Misra S., Li H., Aluru S. Efficient architecture-aware acceleration of BWA-MEM for multicore systems. *IEEE International Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS)*. Rio de Janeiro, Brazil, 2019: 314-324 (doi: 10.1109/IPDPS.2019.00041).
  18. Li H., Handsaker B., Wysoker A., Fennell T., Ruan J., Homer N., Marth G., Abecasis G., Durbin R., 1000 Genome Project Data Processing Subgroup. The sequence alignment/map format and SAMtools. *Bioinformatics*, 2009, 25(16): 2078-2079 (doi: 10.1093/bioinformatics/btp352).
  19. Danecek P., Bonfield J.K., Liddle J., Marshall J., Ohan V., Pollard M.O., Whitwham A., Keane T., McCarthy S.A., Davies R.M., Li H. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *Giga-science*, 2021, 10(2): giab008 (doi: 10.1093/gigascience/giab008).
  20. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P.I., Daly M.J., Sham P.C. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*, 2007, 81(3): 559-575 (doi: 10.1086/519795).
  21. Krivoruchko A., Yatsyk O., Kanibolockaya A., Kulintsev V. Genome wide association study (GWAS) of high productivity classes in the Karachaevsky sheep breed. *Journal of Central European Agriculture*, 2021, 22(4): 669-677 (doi: 10.5513/JCEA01/22.4.3238).
  22. Xing K., Liu H., Zhang F., Liu Y., Shi Y., Ding X., Wang C. Identification of key genes affecting porcine fat deposition based on co-expression network analysis of weighted genes. *J. Animal Sci. Biotechnol.*, 2021, 12: 100 (doi: 10.1186/s40104-021-00616-9).
  23. Cole J.B., Wiggans G.R., Ma L., Sonstegard T.S., Lawlor T.J., Crooker B.A., Van Tassel C.P., Yang J., Wang S., Matukumalli L.K., Da Y. Genome-wide association analysis of thirty one production, health, reproduction and body conformation traits in contemporary U.S. Holstein cows. *BMC Genomics*, 2011, 12: 408 (doi: 10.1186/1471-2164-12-408).
  24. Li Y., Gao Y., Kim Y.-S., Iqbal A., Kim J.-J. A whole genome association study to detect additive and dominant single nucleotide polymorphisms for growth and carcass traits in Korean native cattle, Hanwoo. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2017, 30(1): 8-19 (doi: 10.5713/ajas.16.0170).
  25. Ma J., Yang J., Zhou L., Zhang Z., Ma H., Xie X., Zhang F., Xiong X., Cui L., Yang H., Liu X., Duan Y., Xiao S., Ai H., Ren J., Huang L. Genome-wide association study of meat quality traits in a White Duroc×Erhualian F2 intercross and Chinese Sutai pigs. *PLoS ONE*, 2013, 8(5): e64047 (doi: 10.1371/journal.pone.0064047).
  26. Neupane M., Kiser J.N., Neiberghs H.L. Gene set enrichment analysis of SNP data in dairy and beef cattle with bovine respiratory disease. *Anim. Genet.*, 2018, 49(6): 527-538 (doi: 10.1111/age.12718).
  27. McRae K.M., Rowe S.J., Baird H.J., Bixley M.J., Clarke S.M. Genome-wide association study of lung lesions and pleurisy in New Zealand lambs. *Journal of Animal Science*, 2018, 96(11): 4512-4520 (doi: 10.1093/jas/sky323).
  28. Zhan S., Luo J., Li R., Li G., Li L., Li D., Zhong T., Wang L., Guo J., Cao J., Zhang H., Li L. Whole-genome resequencing reveals genetic diversity and selection signatures of Tongjiang and five goat breeds. *Front. Vet. Sci.*, 2025, 12: 1559764 (doi: 10.3389/fvets.2025.1559764).
  29. Fortes M.R., Li Y., Collis E., Zhang Y., Hawken R.J. The IGF1 pathway genes and their association with age of puberty in cattle. *Anim Genet.*, 2013, 44(1): 91-95 (doi: 10.1111/j.1365-2052.2012.02367.x).
  30. Yang Z., Zou L., Sun T., Xu W., Zeng L., Jia Y., Jiang J., Deng J., Yang X. Genome-wide association study using whole-genome sequencing identifies a genomic region on chromosome 6 associated with comb traits in Nandan-Yao chicken. *Front. Genet.*, 2021, 12: 682501 (doi: 10.3389/fgene.2021.682501).
  31. Wright D., Rubin C., Schutz K., Kerje S., Kindmark A., Brandström H., Andersson L., Pizzari T., Jensen P. Onset of sexual maturity in female chickens is genetically linked to loci associated with fecundity and a sexual ornament. *Reproduction in Domestic Animals*, 2012, 47(s1): 31-36 (doi: 10.1111/j.1439-0531.2011.01963.x).
  32. Qi K., He J., Amevor F. K., Liu Z., Zhai C., Wang Y., Wu L., Shu G., Zhao X. Analysis of comb morphology in Sichuan Mountainous Black-bone chickens and its correlation with growth performance. *Poultry Science*, 2025, 104(7): 105168 (doi: 10.1016/j.psj.2025.105168).