

УДК 636.52/.58.082.2

ДНК-ТЕХНОЛОГИИ В СЕЛЕКЦИИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ПТИЦ**Л.Г. Коршунова, Е.И. Куликов, А.К. Кравченко, А.С. Комарчев, Р.В. Карапетян***Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства РАН, Сергиев Посад, Россия*

В настоящее время одной из основных задач, стоящих перед отечественным птицеводством, для обеспечения продовольственной безопасности является повышение эффективности производства, которая напрямую зависит от улучшения племенных и продуктивных характеристик птицы отечественных пород и кроссов.

С этой целью активно проводятся исследования в области разработки методов селекции с использованием ДНК-технологий. В мировой практике активно ведется селекция с помощью SNP (single nucleotide polymorphism) – однонуклеотидного полиморфизма, который обуславливает различия между отдельными животными, популяциями и породами (1). Многие регионы по всему геному показали значительные различия в частоте аллелей между линиями птиц. Различия по частоте аллелей свидетельствуют об интенсивности селекции. Направленный отбор оказывает влияние на гетерозиготность популяции. Понимание генетических механизмов, приводящих к фенотипической дифференциации, требует идентификации областей в геноме, которые находились под давлением отбора. Большинство методов геномного анализа, разработанных для оценки аллельного разнообразия, основаны на расчете частот определенных аллелей, а также на неравновесии по сцеплению. Считается, что разработка технологии геномной оценки на современном уровне наиболее значительное из последних достижений в животноводстве. Современные методы находят применение при углубленном изучении отечественного генофонда домашних кур, SNP-сканирование позволяет оценить генетическое сходство особей и популяционную структуру пород. В текущий момент ведется активное обсуждение практического использования SNPs как дополнительного критерия при оценке воспроизводительных характеристик и прогноза яичной продуктивности на ранних этапах полового созревания промышленных пород кур (2,3).

Методом ПЦР-РВ ДНК кур исходных линий отечественного яичного кросса «СП 789» исследовали однонуклеотидный полиморфизм rs312312510 (замена А на G) в гене рецептора фолликулостимулирующего гормона (FSGR), приводящего к аминокислотной замене (лизина на аргинин) в рецепторе.

Показатели яичной продуктивности кур с генотипом AA были выше показателей кур с генотипом GG. Это подтверждает предположение о снижении яйценоскости у генотипа GG. Следовательно, для оптимизации селекционных процессов и улучшения продуктивных показателей кур кросса СП 789, целесообразно вести селекцию по полиморфизму rs312312510 в гене рецептора фолликулостимулирующего гормона. Рекомендуется выбраковывать петухов с генотипом GG и, по возможности, с генотипом AG, так как аллель G проявила себя как «ухудшатель» яичной продуктивности.

Литература

1. Коршунова Л.Г., Карапетян Р.В., Комарчев А.С., Куликов Е.И. Ассоциации однонуклеотидных замен в генах-кандидатах с хозяйственно полезными признаками у кур (*Gallus gallus domesticus* L.) (обзор). *Сельскохозяйственная биология*, 2023, 58(2): 205–222 (doi:10.15389/agrobiology.2023.2.205rus).
2. Куликов Е.И., Карапетян Р.В., Коршунова Л.Г., Комарчев А.С., Мартынова В.Н., Кравченко А.К. Влияние однонуклеотидной замены rs317093289 в гене рецептора фолликулостимулирующего гормона на продуктивность исходной линии породы плимутрок бройлерного кросса "Смена 9". *Птицеводство*, 2022, (11): 4–8 (doi:10.33845/0033–3239–2022–71–11–4–8).
3. Куликов Е.И., Карапетян Р.В., Коршунова Л.Г., Комарчев А.С., Малахеева Л.И., Мартынова В.Н., Кравченко А.К., Попов В.А., Дмитренко Д.М. Анализ полиморфизма rs315726646 в гене рецептора фолликулостимулирующего гормона у кур исходных линий мясного и яичного кроссов отечественной селекции. *Птицеводство*, 2023, (5): 8–13 (doi:10.33845/0033–3239–2023–72–5–8–13).