

---

Научная статья/Research Article

УДК 636.034

DOI: 10.36718/1819-4036-2022-9-132-137

Марина Владимировна Позовникова<sup>1</sup>, Татьяна Александровна Ларкина<sup>2</sup>,  
Григорий Карапетович Пегливанян<sup>3</sup>, Анатолий Борисович Вахрамеев<sup>4</sup>,  
Александра Владимировна Макарова<sup>5</sup>, Ольга Викторовна Митрофанова<sup>6</sup>✉

<sup>1,2,3,4,5,6</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

<sup>1</sup>pozovnikova@gmail.com

<sup>2</sup>tanya.larkina2015@yandex.ru

<sup>3</sup>peglivanian\_grig@mail.ru

<sup>4</sup>ab\_poultry@mail.ru

<sup>5</sup>admiralmak@mail.ru

<sup>6</sup>mo1969@mail.ru

### ИЗУЧЕНИЕ ЭКСТЕРЬЕРНЫХ ПАРАМЕТРОВ У КУР РУССКОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ В СВЯЗИ С ПОЛИМОРФНЫМИ ВАРИАНТАМИ В ГЕНЕ *LCORL*

*Цель исследования – изучение связи экстерьерных признаков и живой массы кур породы русская белая с однонуклеотидной заменой A503G в гене *LCORL*. Исследование проведено на курах породы русская белая (n = 101) ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур». Материалом послужила ДНК, выделенная из крови кур с использованием протеиназы K и фенола. Взвешивание и измерение проводили в возрасте 270 дней. Измерение экстерьерных параметров кур, учитывающих длину отдельных частей тела, проводили с помощью мерного циркуля. Параметры обхвата измерялись мерной лентой. Для анализа полиморфизма была проанализирована замена A503G в гене *LCORL*. По результатам ПЦР-анализа выявлены особи с различными генотипами по изученной замене. Встречаемость аллелей A и G по SNP A503G гена *LCORL* составила 0,673 и 0,327 соответственно. Сдвиг генетического равновесия по исследуемому SNP отсутствовал ( $\chi^2 = 0,010$ ). Сравнительная оценка взаимосвязи средних значений живой массы и экстерьерных показателей показала, что особи с генотипом GG превосходят носителей остальных генотипов по ряду показателей. Достоверные (при  $p \leq 0,0001$ ) различия отмечены по показателям живой массы, глубины груди, длине голени, длине корпуса, длине плюсны, длине корпуса с шеей, обхвату плюсны, ширине таза. Предполагается, что полиморфные варианты однонуклеотидной замены 503A/G гена *LCORL* можно рассматривать в качестве ДНК-маркера показателей экстерьера кур и использовать при отборе родительских пар в селекции с целью коррекции продуктивности местных популяций кур.*

**Ключевые слова:** куры, русская белая порода кур, полиморфизм ДНК, ПЦР-ПДРФ, экстерьер кур, однонуклеотидный полиморфизм, SNP

**Для цитирования:** Изучение экстерьерных параметров у кур русской белой породы в связи с полиморфными вариантами в гене *LCORL* / М.В. Позовникова [и др.] // Вестник КрасГАУ. 2022. № 9. С. 132–137. DOI: 10.36718/1819-4036-2022-9-132-137.

**Благодарности:** исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации по теме ГЗ 0445-2021-0010, номер НИОКТР 121052600352-3.

Marina Vladimirovna Pozovnikova<sup>1</sup>, Tatyana Aleksandrovna Larkina<sup>2</sup>,  
Grigory Karapetovich Peglivanyan<sup>3</sup>, Anatoly Borisovich Vakhrameev<sup>4</sup>,  
Alexandra Vladimirovna Makarova<sup>5</sup>, Olga Viktorovna Mitrofanova<sup>6</sup>✉

<sup>1,2,3,4,5,6</sup>All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals, Pushkin, St. Petersburg, Russia

<sup>1</sup>pozovnikova@gmail.com

<sup>2</sup>tanya.larkina2015@yandex.ru

<sup>3</sup>peglivanyan\_grig@mail.ru

<sup>4</sup>ab\_poultry@mail.ru

<sup>5</sup>admiralmak@mail.ru

<sup>6</sup>mo1969@mail.ru

## STUDYING EXTERIOR PARAMETERS IN RUSSIAN WHITE CHICKENS IN CONNECTION WITH POLYMORPHIC VARIANTS IN THE LCORL GENE

*The purpose of research is to study the relationship between exterior traits and body weight of Russian White chickens with single nucleotide substitution A503G in the LCORL gene. The study was conducted on Russian White chickens (n = 101) of the Central Collective Use Center "Genetic Collection of Rare and Endangered Breeds of Chickens". The material was DNA isolated from chicken blood using proteinase K and phenol. Weighing and measurement were carried out at the age of 270 days. Measurement of the exterior parameters of chickens, taking into account the length of individual parts of the body, was carried out using a measuring compass. The girth parameters were measured with a measuring tape. To analyze the polymorphism, the A503G substitution in the LCORL gene was analyzed. According to the results of PCR analysis, individuals with different genotypes according to the studied replacement were identified. The occurrence of alleles A and G for SNP A503G of the LCORL gene was 0.673 and 0.327, respectively. There was no shift in the genetic balance for the studied SNP ( $\chi^2 = 0.010$ ). A comparative assessment of the relationship between average values of live weight and exterior indicators showed that individuals with the GG genotype are superior to carriers of other genotypes in a number of indicators. Significant (at  $p \leq 0.0001$ ) differences were noted in terms of live weight, chest depth, leg length, body length, metatarsus length, body length with neck, metatarsal girth, and pelvic width. It is assumed that polymorphic variants of the 503A/G single nucleotide substitution of the LCORL gene can be considered as a DNA marker of chicken conformation and used in the selection of parental pairs in breeding in order to correct the productivity of local chicken populations.*

**Keywords:** chickens, Russian White breed of chickens, DNA polymorphism, PCR-RFLP, conformation of chickens, single nucleotide polymorphism, SNP

**For citation:** Studying exterior parameters in Russian White chickens in connection with polymorphic variants in the LCORL gene / M.V. Pozovnikova [et al.] // Bulliten KrasSAU. 2022;(9): 132–137. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2022-9-132-137.

**Acknowledgments:** the study has been carried out with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation on the topic GZ 0445-2021-0010, number NIOKTR 121052600352-3.

**Введение.** Основной стратегической задачей для современного птицеводства является получение отечественных высокопродуктивных линий кур и отказ от импортных кроссов. Отсутствие отечественных высокопродуктивных конкурентноспособных линий и кроссов кур для мясного промышленного птицеводства негативно сказывается на реализации стратегии по обеспечению продовольственной безопасности страны. Работа по созданию отечественных кроссов кур с высокой продуктивностью может опираться на имеющийся в нашей стране гено-

фонд пород кур, представленный в живом разведении в биоколлекциях, и в частности в ЦКП БРК «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» [1].

Экстерьер и живая масса в период роста молодняка сельскохозяйственной птицы – важные ориентиры для селекции. Система оценки вида и телосложения стала основой методологии экстерьера, а связь между внешними признаками и внутренним строением организма – важный аспект для определения племенной ценности особи [2].

Оценка экстерьера кур – это комплексная работа, которая учитывает породу, направление продуктивности и влияние генетических факторов [3]. Основные кости скелетной системы курицы – киль, бедро, голень и плюсна. По данным В.И. Фисинина оценка и отбор мясной племенной птицы происходит в возрасте 16–24 недель по живой массе и степени обмускуленности ног. Изучение связи показателей мясной продуктивности, а именно живой массы с экстерьером в разных возрастах позволяет значительно повысить эффективность селекции и снизить затраты на содержание птицы путем проведения отбора [4].

Ген *LCORL*, который несет информацию о лиганд-зависимом ядерном корепрессоре, является одним из ключевых генов, определяющих рост и массу тела у позвоночных. В этом гене и прилежащих к нему областях генома кур найдены однонуклеотидные замены (SNP), ассоциированные с массой внутренних органов цыплят [5], массой яиц [6] и размером яйцевода [7]. Также ген *LCORL* изучен у ряда млекопитающих и определен в качестве гена, ассоциированного с массой тела, ростом и размером

скелета у крупного рогатого скота, лошадей, свиней и овец [8–10].

**Цель исследования** – изучение связи экстерьерных признаков и живой массы кур породы русская белая с однонуклеотидной заменой A503G в гене *LCORL*.

**Материалы и методы.** Материалом для исследования являлись образцы ДНК, полученные из крови кур русской белой ( $n = 101$ ) породы биоресурсной коллекции ВНИИГРЖ [1]. Кровь отбирали из подкрыльной вены в микропробирку, содержащую в качестве антикоагулянта 30 мкл 0,5 М ЭДТА. Экстракция ДНК проводилась фенольным методом. Для генотипирования птицы использовали ПЦР-ПДРФ метод. Дизайн ПЦР праймеров, специфичных для определенных участков гена *LCORL*, проводили в информационной сфере NCBI с помощью online-инструмента BLAST. Последовательности нуклеотидов гена были получены на основании данных собственных исследований [11]. Основная характеристика апробированной тест-системы представлена в таблице 1.

Таблица 1

Параметры тест-системы для генотипирования кур по SNP A503G в гене *LCORL*

Праймер	Рестриктаза	Сайт рестрикции	Условия рестрикции	Генотипы, п.н.
F:TTGTAGCCTGT GGGAGGGAT RV:TTGGTCTTCCC TCATGGGACT	<i>Bst</i> MAI/A/w26I	GTCTCN↑ CAGAG(N)5↓	55 °C – 1 ч 65 °C – 10 мин	AA-787 AG-787, 450, 337 GG-450, 337

Аmplификацию проводили на приборе Thermal Cycler T100 (Bio-Rad, США). Режим амплификации состоит из 35 циклов: 30 с – 94 °C; 30 с – 58–62 °C; 30 с – 72 °C. Рестриктию и электрофорез проводили по ранее описанной методике [11].

По достижению возраста 270 дней у кур осуществляли индивидуальное взвешивание и оценку по экстерьерным показателям. Измеряли следующие параметры: длина корпуса, длина корпуса с шеей, длина бедра, глубина груди, ширина груди в ключицах, ширина таза – измерялись циркулем; обхват груди, обхват плюсны, угол груди (градус), длина кля, длина плюсны, длина голени – измерялись лентой. Значения фиксировались в сантиметрах (см). Статистическую обработку данных проводили в программе

STATISTICA 10.0 (Statsoft, Inc./TIBCO, Palo Alto, CA, USA) с применением ANOVA by ranks и критерия Крускала – Уоллиса.

**Результаты и их обсуждение.** В ходе исследования были выявлены различия на уровне генома среди кур русской белой породы по замене 503A/G гена *LCORL*. Этот ген является одним из ключевых регуляторов транскрипции РНК-полимеразы II и обладает плейотропным эффектом в отношении массы/размеров тела и массы/размеров яйца кур.

По SNP 503A/G во всей выборке птицы определены три генотипа гена *LCORL*. Генотипу AA на электрофореграмме соответствуют фрагмент 787 п.о., генотипу AG – 787, 450 и 337 п.о., а генотипу GG – 450 и 337 п.о. (рис. 1).

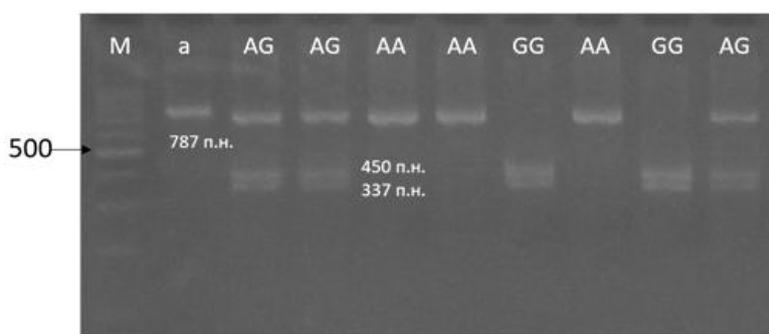


Рис. 1 Электрофореграмма продуктов, полученных в ходе ПЦР-ПДРФ анализа участка гена *LCORL*, содержащего SNP 503A/G: М – маркер *pUC/MspI* (Евроген, Россия) с шагом 100bp; а – амплификат

Встречаемость аллелей А и G по SNP A503G гена *LCORL* составила 0,673 и 0,327 соответственно. Хотя частота аллеля G была в 2 раза меньше, не наблюдался сдвиг генетического равновесия по исследуемому SNP ( $\chi^2 = 0,010$ ).

Сравнительная оценка взаимосвязи средних значений живой массы и экстерьерных показателей в исследуемой группе кур русской белой

породы (n = 101) показала, что особи с генотипом GG превосходят носителей остальных генотипов по ряду показателей. Достоверные (при  $p \leq 0,0001$ ) различия отмечены по живой массе, глубине груди, длине голени, длине корпуса, длине плюсны, длине корпуса с шеей, обхвату плюсны, ширине таза (табл. 2).

Таблица 2

**Экстерьерная оценка и показатели живой массы кур русской белой породы (n = 101) в возрасте 270 дней с различными генотипами по замене A503G в гене *LCORL***

Показатель	AA n = 46	AG n = 44	GG n = 11	Уровень достоверности (p-value)
Живая масса 330 дней, кг	1,69±0,03	1,85±0,03	2,04±0,07	AA-GG 0,0001 AA-AG 0,0022 GG-AG 0,027
Глубина груди, см	10,20±0,16	10,77±0,16	11,22±0,32	AA-GG 0,013 AA-AG 0,033
Длина бедра, см	8,64±0,10	8,80±0,10	9,16±0,20	Различия недостоверны
Длина голени, см	12,71±0,09	13,12±0,09	13,79±0,18	AA-GG 0,0001 AA-AG 0,005 GG-AG 0,003
Длина кля, см	9,46±0,10	9,79±0,11	9,72±0,21	Различия недостоверны
Длина корпуса, см	15,94±0,12	16,38±0,12	17,25±0,24	AA-GG 0,0001 AA-AG 0,021 GG-AG 0,003
Длина плюсны, см	8,52±0,07	8,87±0,08	9,31±0,15	AA-GG 0,0001 AA-AG 0,003 GG-AG 0,028
Длина корпуса с шеей, см	31,00±0,22	31,39±0,22	33,22±0,45	AA-GG 0,00017 GG-AG 0,0013
Обхват груди, см	29,89±0,23	30,26±0,24	30,88±0,47	Различия недостоверны
Обхват плюсны, см	3,18±0,43	3,15±0,44	5,95±0,88	AA-GG 0,014 GG-AG 0,014
Угол груди, град.	69,35±0,68	68,09±0,70	67,09±1,39	Различия недостоверны
Ширина груди, см	6,15±0,10	6,39±0,10	6,33±0,20	Различия недостоверны
Ширина таза, см	8,27±0,08	8,62±0,09	8,81±0,17	AA-GG 0,015 AA-AG 0,010

**Заключение.** Обнаружены различия частот аллелей по SNP 503A/G гена *LCORL* в исследуемой группе кур русской белой породы ( $n = 101$ ). Встречаемость аллеля А составила 0,673, аллеля G по SNP – 0,327. При этом сдвига генетического равновесия по данной замене не выявлено ( $\chi^2 = 0,010$ ). Выявлено, что особи с генотипом GG превосходят носителей остальных генотипов по таким показателям, как живая масса, глубина груди, длина голени, длина корпуса, длина плюсны, длина корпуса с шеей, обхват плюсны, ширина таза (при  $p \leq 0,0001$ ). Полученные результаты позволяют предположить, что полиморфный вариант 503A/G гена *LCORL* можно рассматривать в качестве ДНК-маркера показателей экстерьера кур и использовать при отборе родительских пар в селекции с целью коррекции продуктивности местных популяций кур.

#### Список источников

1. ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур». URL: <https://vniigen.ru/ckp-geneticheskaya-kollekciya-redkix-i-ischezayushhix-porod-kur> (дата обращения: 11.01.2022).
2. Вахрамеев А.Б., Макарова А.В. Экстерьерная оценка кур. Дубровицы: Изд-во ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. 2021.
3. Evolutionary Subdivision of Domestic Chickens: Implications for Local Breeds as Assessed by Phenotype and Genotype in Comparison to Commercial and Fancy Breeds / T.A. Larkina [et al.] // Agriculture. 2021. Vol. 11. P. 914.
4. Пат. 2370030С1 РФ. Способ отбора мясных кур селекционного стада / Фисинин В.И., Егорова А.В., Елизаров Е.С., Холодков В.А., Шахнова Л.В.; патентообладатель Всерос. научно-исследовательский и технологический институт птицеводства. № 2008112908/12, заявл. 03.04.2008, опубл. 20.10.2009, Бюл. № 29. 4 с.
5. Genetic architecture and candidate genes detected for chicken internal organ weight with a 600 K single nucleotide polymorphism array / T. Dou [et al.] // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. 2019. Vol. 32. P. 341–349.
6. Genome-wide association study dissects genetic architecture underlying longitudinal egg weights in chickens / G. Yi [et al.] // BMC Genomics. 2015. Vol. 16. P. 746.
7. A genome-wide study to identify genes responsible for oviduct development in chickens /

- M. Shen [et al.] // PLoS One. 2017. Vol. 12. e0189955.
8. Genome-wide association study of body weight in Australian Merino sheep reveals an orthologous region on OAR6 to human and bovine genomic regions affecting height and weight / H.A. Al-Mamun [et al.] // Genetics Selection Evolution. 2015. Vol. 47. P. 66.
9. Takasuga A. *PLAG1* and *NCAPG-LCORL* in livestock // Animal Science Journal. 2016. Vol. 87, P. 159–167.
10. Identification of loci and genes for growth related traits from a genome-wide association study in a slow- × fast-growing broiler chicken cross / R. Liu [et al.] // Genes & Genomic. 2015. Vol. 37. P. 829–836.
11. Поиск полиморфных вариантов гена *LCORL* с помощью секвенирования по Сенгеру у пород кур различного направления продуктивности / Т.А. Ларкина [и др.] // Аграрный вестник Урала. 2020. № 9 (200). С. 48–54.

#### References

1. CKP «Geneticheskaya kolleksiya redkih i ischezayuschih porod kur». URL: <https://vniigen.ru/ckp-geneticheskaya-kollekciya-redkix-i-ischezayushhix-porod-kur> (data obrascheniya: 11.01.2022).
2. Vahrameev A.B., Makarova A.V. `Ekster'ernaya ocenka kur. Dubrovicy: Izd-vo FGBNU FIC VIZh im. L.K. `Ernsta. 2021.
3. Evolutionary Subdivision of Domestic Chickens: Implications for Local Breeds as Assessed by Phenotype and Genotype in Comparison to Commercial and Fancy Breeds / T.A. Larkina [et al.] // Agriculture. 2021. Vol. 11. P. 914.
4. Pat. 2370030C1 RF. Sposob otbora myasnyh kur selekcionnogo stada / Fisinin V.I., Egorova A.V., Elizarov E.S., Holodkov V.A., Shahnova L.V.; patentoobladatel' Vseros. nauchno-issledovatel'skij i tehnologicheskij institut pticevodstva. № 2008112908/12, zayavl. 03.04.2008, opubl. 20.10.2009, Byul. № 29. 4 s.
5. Genetic architecture and candidate genes detected for chicken internal organ weight with a 600 K single nucleotide polymorphism array / T. Dou [et al.] // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. 2019. Vol. 32. P. 341–349.

6. Genome-wide association study dissects genetic architecture underlying longitudinal egg weights in chickens / G. Yi [et al.] // BMC Genomics. 2015. Vol. 16. P. 746.
7. A genome-wide study to identify genes responsible for oviduct development in chickens / M. Shen [et al.] // PLoS One. 2017. Vol. 12. e0189955.
8. Genome-wide association study of body weight in Australian Merino sheep reveals an orthologous region on OAR6 to human and bovine genomic regions affecting height and weight / H.A. Al-Mamun [et al.] // Genetics Selection Evolution. 2015. Vol. 47. P. 66.
9. Takasuga A. *PLAG1* and *NCAPG-LCORL* in livestock // Animal Science Journal. 2016. Vol. 87, P. 159–167.
10. Identification of loci and genes for growth related traits from a genome-wide association study in a slow- × fast-growing broiler chicken cross / R. Liu [et al.] // Genes & Genomic. 2015. Vol. 37. P. 829–836.
11. Poisk polimorfnyh variantov gena *LCORL* s pomosch'yu sekvenirovaniya po Sengeru u porod kur razlichnogo napravleniya produktivnosti / T.A. Larkina [i dr.] // Agrarny vestnik Urala. 2020. № 9 (200). S. 48–54.

Статья принята к публикации 27.05.2022 / The article accepted for publication 27.05.2022.

Информация об авторах:

**Марина Владимировна Позовникова**<sup>1</sup>, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, кандидат биологических наук

**Татьяна Александровна Ларкина**<sup>2</sup>, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, кандидат биологических наук

**Григорий Карапетович Пегливанян**<sup>3</sup>, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики

**Анатолий Борисович Вахрамеев**<sup>4</sup>, старший научный сотрудник лаборатории генетики, разведения и сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных птиц

**Александра Владимировна Макарова**<sup>5</sup>, научный сотрудник лаборатории генетики, разведения и сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных птиц, кандидат сельскохозяйственных наук

**Ольга Викторовна Митрофанова**<sup>6</sup>, ученый секретарь лаборатории молекулярной генетики, кандидат биологических наук

Information about the authors:

**Marina Vladimirovna Pozovnikova**<sup>1</sup>, Senior Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Candidate of Biological Sciences

**Tatyana Aleksandrovna Larkina**<sup>2</sup>, Junior Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Candidate of Biological Sciences

**Grigory Karapetovich Peglivanyan**<sup>3</sup>, Junior Researcher, Laboratory of Molecular Genetics

**Anatoly Borisovich Vakhrameev**<sup>4</sup>, Senior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding and Conservation of Poultry Genetic Resources

**Alexandra Vladimirovna Makarova**<sup>5</sup>, Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding and Conservation of the Genetic Resources of Farm Birds, Candidate of Agricultural Sciences

**Olga Viktorovna Mitrofanova**<sup>6</sup>, Scientific Secretary at the Laboratory of Molecular Genetics, Candidate of Biological Sciences

