

3. Демин В.А. Использование лошадей русской верховой породы в конном спорте. В сборнике: Интенсивные технологии производства продукции животноводства. сборник статей Международной научно-практической конференции. ФГБОУ ВПО «Пензенская государственная сельскохозяйственная академия»; Межотраслевой научно-информационный центр Пензенской государственной сельскохозяйственной академии. 2015. С. 88-91.

4. Инструкция по бонитировке лошадей русской верховой породы. // М.: МСХА, 2000.

5. Козловская, Т. Разбор взаимосвязи экстерьера лошади и стиля ее движений. – Электрон. текстовые дан. – Москва, 2016 – Режим доступа: <https://kofestudio.livejournal.com/72096.html>, свободный. – Загл. с экрана.

6. Смирнова, В. Классический выбор. Анализ использования разных пород в классических видах конного спорта / В. Смирнова // Золотой мустанг. – 2008. - №4 (72). – С. 21-23.

УДК 636.082.12

### **ВЛИЯНИЕ ОДНОНУКЛЕОТИДНОГО ПОЛИМОРФИЗМА В ГЕНЕ РЕЦЕПТОРА ФОЛЛИКУЛОСТИМУЛИРУЮЩЕГО ГОРМОНА (FSHR) У КУР ЯИЧНОГО КРОССА ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ СП789 НА ХОЗЯЙСТВЕННО ПОЛЕЗНЫЕ ПРИЗНАКИ**

*Куликов Егор Игоревич, специалист, ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицегоградская д.10, Россия, kulikovegor33@yandex.ru*

*Мартынова В.Н., специалист, ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицегоградская д.10, Россия, mala.var@mail.ru*

*Кравченко А.К., специалист, ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицегоградская д.10, Россия, arishka7557@gmail.com*

***Аннотация:** В репродуктивной системе одну из главных ролей играет фолликулостимулирующий гормон (FSH). Поскольку FSH действует только через свой рецептор (FSHR), механизмы, контролирующие экспрессию этого рецептора, определяют чувствительность клеток к гормону. Была проанализирована однонуклеотидная замена (SNP) rs312312510 на линиях кросса СП 789.*

***Ключевые слова:** яичные куры, геномная селекция, SNP, рецептор, фолликулостимулирующий гормон, однонуклеотидные замены.*

Яичная продуктивность кур обуславливается сложным полигенным генетическим типом наследования и контролируется большим количеством генов. Методами молекулярной генетики на текущий момент было выявлено 66 локусов, связанных с особенностями яйцекладки и 223 локуса, связанных с качеством яиц [1].

Гипоталамо-гипофизарно-гонадаляная система является движущей силой сложного процесса, регулирующего яйценоскость. Гормоны гипофиза, прямо участвующие в регуляции процессов репродуктивной системы. К ним относятся: фолликулостимулирующий (FSH) и лютеинизирующий (LH) гормоны, прогестерон (PG) и пролактин (PRL). FSH и LH принадлежат к одному семейству гликопротеинов и между ними существует определенное структурное сходство.

FSH синтезируется и секретируется гонадотропными клетками передней доли гипофиза, избирательно синтез происходит в клетках Сертоли и гранулёзных клетках яичников. На яичную продуктивность могут влиять полиморфизмы в промоторе гена FSHR []. Они так же влияют на транскрипцию FSHR. В некоторых исследованиях обнаружили мутации ДНК в промоторной области гена FSHR, связанные с формированием яйца и влияющие на экспрессию генов.

Ген FSHR у кур располагается в 3 хромосоме и состоит из 15 экзонов с пятью известными изоформами.

Однонуклеотидный полиморфизм (SNP) – это замена одного нуклеотида в определенной позиции генома, которая присутствует в достаточно большой части популяции (1% или более). В результате была составлена карта SNP, включающая около 2,8 млн SNP (Wong et al., 2004).

Разработка карт связей для кур способствовало изменению тенденции в разведении и ознаменовало переход в количественной генетике от подхода, основанного на фенотипических данных, к подходу, основанному на молекулярной информации, с основным акцентом на идентификацию генетических маркеров с целью улучшения генетического усиления, а также точности отбора [2]. Генетические маркеры предоставляют информацию об аллельной вариации в данном локусе [3] и предполагается, что они связаны с геном или количественным признаком.

У кур определено порядка 20 миллионов SNP, рассеянных по всему геному. Обнаружение многочисленных SNP в генах животных, совершенствование процесса секвенирования, а также развитие вычислительных методов анализа позволило использовать геномную оценку в птицеводстве [4]. Проводились исследования, с использованием секвенирования, которые доказали существование в промоторе гена FSHR 11 однонуклеотидных полиморфизмов – SNP [5,6].

В 2007 году в СГЦ «Загорское ЭПХ» специалистами ВНИТИП был выведен кросс собственной селекции – «СП 789».

Трехлинейный кросс, полученный от скрещивания петухов линии СП 7 с курами кросса СП 89. Исходным материалом для создания новых линий кур стали линии отечественной селекции ВР1, ВР2, ВР3 кросса «Радонеж», линии Х1 и Х3, кросса «Хайсекс белый» выведенные фирмой Еврибрид (Нидерланды), а также генетический материал кросса “Хай-Лайн В98”.

Птица яичного направления продуктивности, аутосексная по скорости роста пера. В суточном возрасте: курочки быстрооперяющиеся; петушки

медленнооперяющиеся. Точность сексирования цыплят составляет 99,5 - 99,7 %.

Имеет голову среднего размера с ярко-красным листовидным гребнем. Глаза оранжевого цвета, крупные сережки, белые ушные мочки, серо-желтый клюв. Грудь округлая, выпуклая. Ноги четырехпалые, желтые. Киль средней длины. Оперение туловища гладкое, плотное, блестящее, доминантно белое. Хвост имеет широкое опахало, поставлен под углом 55-60 градусов к линии спины. Живая масса кур низкая. Яйценоскость высокая, за 68 недель жизни 308 яиц. Яйцо очень крупное 66,3 г, правильной формы, а скорлупа прочная, белая.

**Материалы и методы.** В работе использовано поголовье кур линий СП 7, X 11, СП 7.1, X 11.01, СП 8, СП 9. Поголовье находится в СГЦ «Загорское ЭПХ» - филиал ФНЦ «ВНИТИП» РАН г. Сергиев Посад МО.

Лабораторная часть работы была выполнена в лаборатории прикладной генетики ФНЦ «ВНИТИП» РАН.

Для выделения ДНК использовались образцы крови из подкрыльцовой вены, отобранные в пробирки типа Эпендорф 1,5 мл с добавлением цитрата натрия в качестве антикоагулянта.

Из полученных образцов крови было произведено выделение ДНК с помощью коммерческих наборов для выделения нуклеиновых кислот ExtractDNA Blood & Cells (Евроген, Россия). Методика выделения ДНК на спин-колонках была адаптирована под образцы крови кур. Так, вместо 100мкл крови было использовано 20 мкл, смешанных с 80 мкл физраствора. Выявление содержания ДНК и проверки чистоты образцов проводили с помощью спектрофотометра NanoDrop (Thermo Fisher Scientific).

Для идентификации однонуклеотидного полиморфизма rs312312510 в геноме кур использовался набор подобранных праймеров и зондов (Табл. 1). Необходимый участок генома был взят из базы данных Ensembl, далее подбор праймеров и зондов происходил с помощью программ GeneRunner и Oligo Analyzer. Подобранные праймеры и зонды были синтезированы фирмой ДНК-Синтез (г. Москва).

Таблица 5

#### Праймеры и зонды

	rs312312510
Прямой праймер	TGGAACAGAACTAATCACC
Обратный праймер	CATCAATGCCTACAAAAC
Зонд для аллеля А	(5'-FAM)TGCACCTTATGGACGAC(BHQ1)
Зонд для аллеля G	(5'-VIC)TGCACCSTATGGACGAC(BHQ2)

Обнаружение полиморфизмов последовательности ДНК генов происходило путем проведения ПЦР в режиме реального времени (RT-PCR) на амплификаторе QuantStudio. Суть метода заключается в многократном копировании участков ДНК в процессе повторяющихся температурных циклов.

На каждом цикле амплификации синтезируемые ранее фрагменты вновь копируются ДНК-полимеразой, и происходит многократное увеличение количества фрагментов ДНК. Каждый цикл амплификации состоит из трёх этапов.

По продуктивности птицы учитывались следующие показатели: живая масса в 112 дней жизни, г; яйценоскость за 210 дней, шт.; масса яйца в 315 дней жизни, г; возраст наступления половой зрелости, дни.

Таблица 2

**Аллельное распределение кур линий кросса СП 789**

Линии	Частота генотипов			Частота аллелей	
	AA	AG	GG	A	G
СП7 (48 голов)	0,65	0,33	0,02	0,82	0,19
X11 (48 голов)	0,52	0,35	0,13	0,70	0,30
СП7.1 (38 голов)	0,61	0,34	0,05	0,78	0,22
X11.1 (30 голов)	0,63	0,37	0	0,82	0,18
СП8 (12 голов)	0,83	0,17	0	0,92	0,08
СП9 (12 голов)	0,5	0,42	0,08	0,71	0,29

**Библиографический список**

1. Cui H, Zhao G, Liu R, Zheng M, Chen J, Wen J. FSH stimulates lipid biosynthesis in chicken adipose tissue by upregulating the expression of its receptor FSHR. *J Lipid Res.* 2012 May;53(5):909-917. doi: 10.1194/jlr.M025403. Epub 2012 Feb 16. PMID: 22345708; PMCID: PMC3329390.
2. Wakabayashi N, Suzuki A, Hoshino H, Nishimori K, Mizuno S. The cDNA cloning and transient expression of a chicken gene encoding a follicle-stimulating hormone receptor. *Gene.* 1997 Sep 15;197(1-2):121-7. doi: 10.1016/s0378-1119(97)00250-3. PMID: 9332357.
3. KURNIA R. R. et al. The association of follicle stimulating hormone receptor (FSHR) gene polymorphism of on egg productivity in hybrid chicken (*Gallus gallus gallus*, Linnaeus 1758) // *Biodiversitas Journal of Biological Diversity.* – 2021. – Т. 22. – №. 3.
4. Wang Y. et al. Transcriptome analysis on single small yellow follicles reveals that Wnt4 is involved in chicken follicle selection // *Frontiers in endocrinology.* – 2017. – Т. 8. – С. 317.
5. Li X, Lu Y, Liu X, Xie X, Wang K, Yu D. Identification of chicken FSHR gene promoter and the correlations between polymorphisms and egg production in Chinese native hens. *Reprod Domest Anim.* 2019 Apr;54(4):702-711. doi: 10.1111/rda.13412. Epub 2019 Mar 23.

6. Ismoyowati I., Saleh D. M., Suswoyo I. Egg Production Characteristic and the Study of Follicle-stimulating Hormone Receptor Gene on Various of Sentul Chicken //International Conference on Improving Tropical Animal Production for Food Security (ITAPS 2021). – Atlantis Press, 2022. – С. 4-9.

УДК 636.082.12

**АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА В ГЕНЕ РЕЦЕПТОРА  
ФОЛЛИКУЛОСТИМУЛИРУЮЩЕГО ГОРМОНА У КУР ИСХОДНЫХ  
ЛИНИЙ МЯСНОГО И ЯИЧНОГО КРОССОВ ОТЕЧЕСТВЕННОЙ  
СЕЛЕКЦИИ**

*Куликов Егор Игоревич, специалист, ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицеградская д.10, Россия, kulikovegor33@yandex.ru*

*Комарчев А.С., ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицеградская д.10, Россия, kulikovegor33@yandex.ru*

*Попов В.А., ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицеградская д.10, Россия, kulikovegor33@yandex.ru*

*Дмитренко Д.М., ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицеградская д.10, Россия, kulikovegor33@yandex.ru*

*Мартынова В.Н., ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицеградская д.10, Россия, kulikovegor33@yandex.ru*

*Кравченко А.К. ФНЦ «ВНИТИП» РАН, МО Сергиев Посад улица Птицеградская д.10, Россия, kulikovegor33@yandex.ru*

*Аннотация:* Было исследовано аллельное распределение кур исходных линий отечественного яичного кросса «СП 789» (СП 7, СП 8, СП9) и кур отечественного мясного кросса «Смена 9» (СМ 5, СМ 6, СМ 7, СМ 9), а также анализа продуктивности кур линии СМ9 и её взаимосвязи с SNP rs315726646 в гене FSHR. Частота аллеля А у линий, направленных на улучшения показателей яичной продуктивности была выше, что свидетельствовало о взаимосвязи исследуемого полиморфизма с данным показателем. Была установлена взаимосвязь данного SNP с показателем яйценоскости и определен аллель улучшатель.

*Ключевые слова:* куры, геномная селекция, SNP, рецептор, фолликулостимулирующий гормон, однонуклеотидные замены, аллельное распределение.

FSHR (рецептор фолликулостимулирующего гормона) принадлежит к семейству G-белков и экспрессируется гранулезными клетками фолликулов яичников кур. Активация рецептора сопровождается каскадом биохимических процессов с участием большого количества белков, которые активируют гены или иным образом участвуют во внутриклеточных процессах. Активированные гены регулируют клеточную пролиферацию, дифференцировку или апоптоз, а