



II Молодежная Научная Конференция «Исследования молодых учёных в реализации приоритетов научно-технологического развития в области животноводства», ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, 25 марта 2026 г., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, д. 30

# Анализ R0N регионов в царскосельской популяции кур

Аспирант: Азовцева Анастасия Ивановна

Научный руководитель: Дементьева Наталия Викторовна,  
зав.лаб. Молекулярной генетики ВНИИГРЖ, в.н.с., к.б.н.

Исследование проведено в рамках выполнения  
работы по гранту РФФИ №24-16-00174

**Гомозиготные регионы** (Runs of Homozygosity, ROH) - непрерывные участки хромосом, на которых обе гомологичные хромосомы несут аллели, идентичные по происхождению.

Анализ структуры и распределения ROH в геноме является эффективным инструментом для:  
 выявления следов селективного давления (селекционных сигналов),  
 оценки генетического разнообразия,  
 изучения истории формирования пород и механизмов инбридинга.

**ЦЕЛЬ:** Поиск следов селекции в царскосельской популяции кур и анализ генов, сосредоточенных в них, для установления продуктивных и экстерьерных качеств, а также адапционных свойств породы.



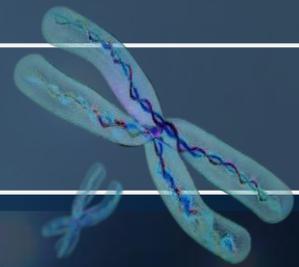
Царскосельская популяция кур

- ♀ полтавская глинистая
- ♀ нью-гемпшир
- ×
- ♂ 4-х линейный кросс корниш и белый плимутрок



# Материалы и методы

Популяция	Царскосельская популяция кур ( $n=12$ )
Источник	ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур», ВНИИГРЖ
Методы:	Выделение ДНК (фенол-хлороформ) + определение чистоты и концентраций (спектрофотометрия, NanoDrop2000c)
	Подготовка библиотек (TruSeq DNA Nano) + полногеномное секвенирование (NovaSeq 6000, 30x, 2 × 151 п.н)
	Оценка качества и фильтрация прочтений (FastQ v.0.12.0) + выравнивание на референсный геном Red Jungle Fowl (GRCg6a) (bwa-mem2)
	Фильтрация SNP (PLINK 1.9) с параметрами: --maf 0,05, --geno 0,02 и --hwa 0,0001
	Анализ ROH регионов (detectRuns) с параметрами: размер окна, 150 SNP; порог перекрытия окна, 0,1; минимальное количество SNP в регионе, 200; максимальное количество гетерозиготных SNP в окне, 1.
	Аннотирование кандидатных генов (ENSEMBL, Red Jungle Fowl, GRCg6a).



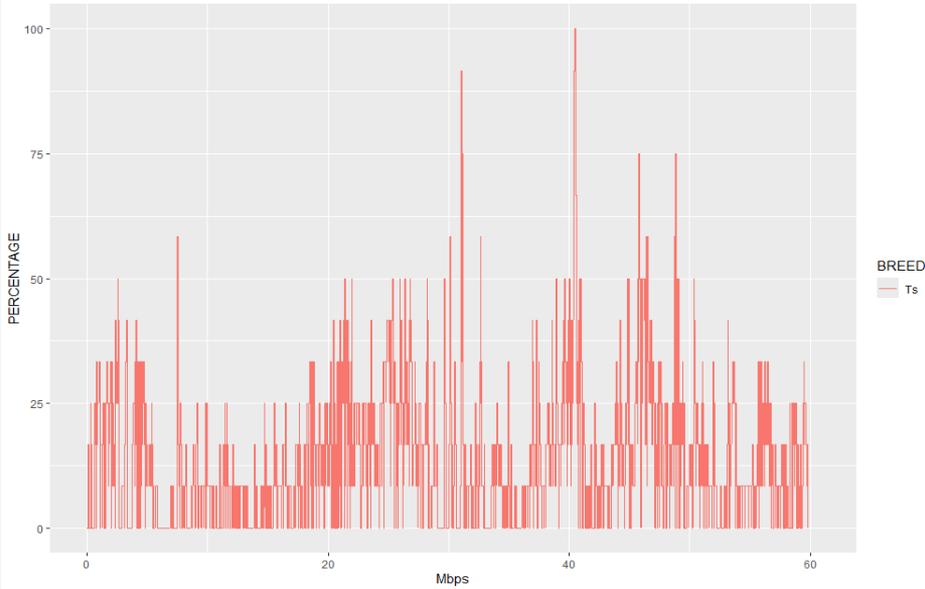


# Результаты



## GGA5

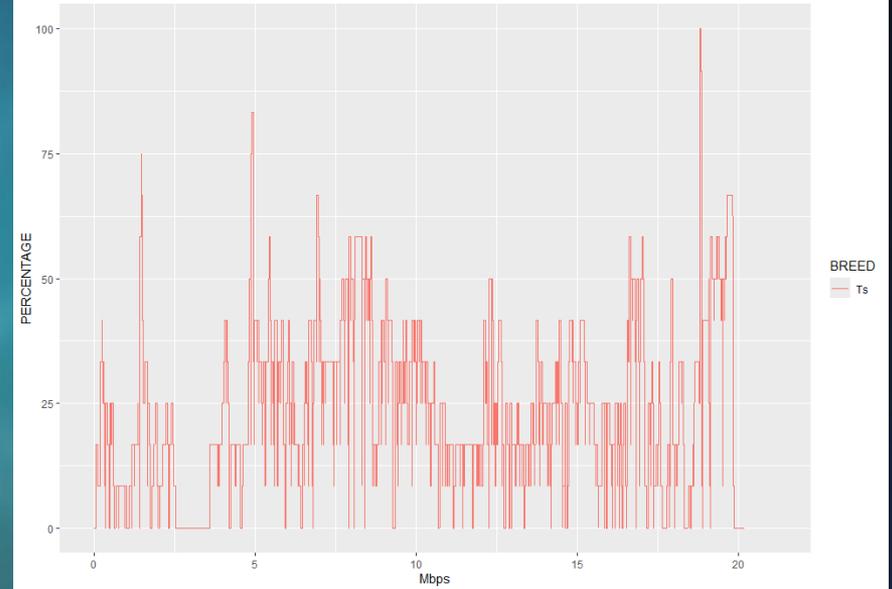
Chromosome 5



Распределение гомозиготных районов (ROH) на GGA5. По оси X представлена хромосома до 60 Мб, по оси Y – процент встречаемости ROH

## GGA11

Chromosome 11



Распределение гомозиготных районов (ROH) на GGA11. По оси X представлена хромосома до 20 Мб, по оси Y – процент встречаемости ROH



# GGA5: блок продуктивности

Сцепленная группа генов (*DIO2-CEP128-TSHR-GTF2A1-STON2*) представляет собой селекционный блок, обеспечивающий яйценоскость, мясную продуктивность и метаболическую эффективность.



# GGA5: гены продуктивности

Результаты



## *TSHR* – ключевой ген доместикации

- Мутация в *TSHR* является одним из главных маркеров доместикации кур, т.к:
- Обеспечивает круглогодичную яйценоскость: снимает сезонное ограничение на размножение;
  - Снижает пугливость: облегчает промышленное содержание птицы;
  - Влияет на метаболизм, способствуя более эффективному росту.

## *DIO2* – регулятор метаболизма и адаптационных процессов



В исследовании на бройлерах отмечена дифференциальная экспрессия *DIO2* у медленно- и быстрорастущих линий. Кроме того, у современных бройлеров измененная регуляция *DIO2* связана со снижением теплопродукции и более эффективным использованием корма.



## *STON1* – яйценоскость

Согласно базе данных Chicken QTL Database (<https://www.animalgenome.org/>), ассоциирован с яичной продуктивностью, а именно с яйценоскостью и качественными характеристиками яйца – массой желтка.

## *GTF2A1* – яйценоскость

Кодирует фактор транскрипции, специфичный для половых клеток. В ряде GWAS исследований *GTF2A1* неоднократно ассоциирован с яйценоскостью, более ранним возрастом снесения первого яйца и более длинными сериями непрерывной яйцекладки.



## *SER128* – клеточная пролиферация

Кодирует белок centrosомы, необходимый для нормального клеточного деления, что подчеркивает его важную функцию для клеточной пролиферации.

Результаты



# GGA11: блок адаптивного потенциала

Сцепленная группа генов (*FBXO31-MAP1LC3B-ZCCHC14-JPH3-KLHDC4-SLC7A5*) представляет собой селекционный блок, обеспечивающий мясную продуктивность, клеточный гомеостаз, репродуктивную функцию, иммунный ответ и устойчивость к стрессу.



# GGA11: гены адаптивного потенциала



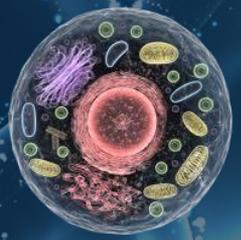
Результаты

## *SLC7A5* – мясная продуктивность



Переносчик АМК (лейцин, изолейцин, валин); ключевой регулятор сигнального пути mTORC1, регулирующего синтез белка и рост клеток. Делеционные варианты *SLC7A5* различаются у быстро- и медленнорастущих кур, а экспрессия *SLC7A5* в печени бройлеров положительно коррелирует с уровнем лизина в рационе и массой тела. Полученные данные подтверждают влияние этого гена на мясную продуктивность.

## *FBXO31* – клеточный гомеостаз



Кодирует субъединицу убиквитин-лигазного комплекса SCF, который маркирует белки для деградации. Участвует в контроле клеточного цикла. У кур механизмы с участием *FBXO31* обеспечивают низкую восприимчивость к раку. Участвует в протеолизе – важно для качества мяса.



## *KLHDC4* – клеточный гомеостаз и фертильность

Кодирует адаптерный белок для убиквитинирования субстратов. Участвует в контроле качества белков, что подтверждает участие этого гена в поддержании клеточного гомеостаза. Высокая экспрессия *KLHDC4* в семенниках и яичниках млекопитающих предполагает его роль в развитии репродуктивных органов и фертильности.

## *MAP1LC3B* – клеточный гомеостаз и фертильность

Кодирует ключевой маркер аутофагии – белок, участвующий в формировании аутолизосом и удалении поврежденных клеточных компонентов. Участвует в митофагии – регулирует количество и качество митохондрий для предотвращения окислительного стресса. Высокая экспрессия *MAP1LC3B* в примордиальных зародышевых клетках (PGC) кур свидетельствует о его роли в развитии репродуктивных органов и фертильности.





## *ZSSHC14* – клеточный метаболизм и иммунитет

Участвует в противовирусных реакциях. Регулирует пероксисомы (окисление жирных кислот, детоксикация АФК). При окислительном стрессе снижает активность пероксисом, способствуя адаптации клеток. Подтверждена роль в иммунном ответе и метаболической адаптации.

## *JPH3* – мясная продуктивность

Кодирует белок, формирующий кальциевые микродомены, необходимые для сокращения мышечных волокон. Консервативность гена у птиц предполагает его роль в развитии скелетной мускулатуры и формировании мясной продуктивности.



# ЗАКЛЮЧЕНИЕ



## GGA5

(40,72–41,10 Мб)

селекционный блок продуктивности.

Включает гены:

- *TSHR* — ключевой ген доместикации, обеспечивающий круглогодичную яйценоскость и снижение пугливости;
- *DIO2* и *CER128* — гены, связанные с эффективностью роста, конверсией корма и клеточной пролиферацией, что отражает селекцию на мясную продуктивность;
- *GTF2A1* и *STON2* — гены, ассоциированные с яйценоскостью и качественными характеристиками яиц.

## GGA11

(17,77–17,96 Мб)

селекционный блок адаптивного потенциала.

Включает гены:

- *SLC7A5* и *JPH3* — гены, обеспечивающие мясную продуктивность;
- *FBXO31*, *KLHDC4*, *MAP1LC3B* — гены, поддерживающие клеточный гомеостаз через убиквитинирование, протеолиз, контроль качества белков и аутофагию;
- *ZCCHC14* — ген, вовлеченный в иммунный ответ и метаболическую адаптацию; обеспечивает устойчивость к окислительному стрессу и вирусным инфекциям;
- *KLHDC4* и *MAP1LC3B*, помимо поддержания клеточного гомеостаза, играют важную роль в развитии репродуктивных органов и фертильности, что критически значимо для пород с длительным репродуктивным периодом.



*Благодарю за  
внимание!*