



# ДНК-паспортизация и генетическое разнообразие малочисленных пород сельскохозяйственной птицы

Людмила Георгиевна Коршунова

ФГБНУ Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства» Российской академии наук (ФНЦ «ВНИТИП» РАН)

**Аннотация:** Представлен краткий анализ генетических маркеров для изучения генетической структуры популяций живых организмов, включая птицу. Рассмотрены различные типы ДНК-маркеров, области их применения. Описаны маркеры, основанные на ПЦР-анализе полиморфизма ДНК (RAPD, STR, SNP). Обсуждается возможность их использования с целью ДНК-паспортизации и контроля генетического разнообразия малочисленных пород сельскохозяйственной птицы.

**Ключевые слова:** ДНК-паспортизация, генетические маркеры, ДНК-маркеры, полимеразная цепная реакция (ПЦР), микросателлиты, однонуклеотидный полиморфизм, сельскохозяйственная птица.

**Для цитирования:** Коршунова, Л.Г. ДНК-паспортизация и генетическое разнообразие малочисленных пород сельскохозяйственной птицы / Л.Г. Коршунова // Птицеводство. – 2023. – №2. – С. 4-8.

**doi:** 10.33845/0033-3239-2023-72-2-4-8

Контроль и сохранение генетического разнообразия отечественных пород птицы – необходимое условие для обеспечения продовольственной безопасности страны. В настоящее время в промышленном птицеводстве обходятся разведением ограниченного количества лучших пород мировой селекции в каждом виде сельскохозяйственной птицы. Однако такая практика чревата неприятными последствиями, прежде всего, в селекционном аспекте. В последние два-три десятилетия в стране делалась ставка на импорт генетического материала, что вылилось в его доминирование и резкое сокращение доли отечественных пород в геномной структуре популяций промышленной птицы. Многие из этих пород находятся под угрозой исчезновения, в том числе, ввиду своей малочисленности. Международная продовольственная и сельскохозяйственная организация ООН (FAO) определяет по-

роду, «находящуюся под угрозой исчезновения», как породу, численность которой составляет менее 1 тыс. самок и менее 20 самцов. Породы, где разводят менее 100 самок и менее 5 самцов, относятся к «критическому статусу», иными словами, такие породы находятся уже непосредственно на грани исчезновения [5]. В последние годы сельскохозяйственная политика в РФ заметно меняется в сторону сохранения отечественных пород. Созданы генофондные хозяйства, призванные восстанавливать и разводить в чистоте местные породы сельскохозяйственной птицы [3]. Ведутся исследования по генетической паспортизации и разработке приемов сохранения генофонда малочисленных пород биоресурсных коллекций птицы.

Для разведения и поддержания «в чистоте» отечественных пород птицы необходимы знание их генетической характеристики, недо-

оценки их генетического разнообразия. Для этой цели в настоящее время используются различные генетические маркеры и методы.

Генетические маркеры – это наследуемые фенотипические признаки, различающиеся у отдельных особей. Классический генетический маркер соответствует гену, аллели которого имеют четко выраженные отличия на уровне фенотипа. Белковый маркер соответствует гену, аллели которого имеют отличия (разную молекулярную массу) на уровне белкового продукта. ДНК-маркеры – это генетические маркеры, анализируемые на уровне ДНК. Они являются третьим поколением генетических маркеров. Насчитывается несколько десятков типов маркеров: морфометрические (фены), иммуногенетические (например, группы крови), молекулярные (например, полиморфизм белков), группы ДНК-маркеров, различающиеся методами анализа (блот-гибридизация, ПЦР,



ДНК-чипы) Среди ДНК-маркеров различают маркеры с известной локализацией (в определенной хромосоме или участке хромосомы, или вблизи конкретного гена) и маркеры, о локализации которых ничего не известно (как правило, это мультилокусные маркеры) [2]. ДНК-маркеры с неизвестной локализацией нельзя использовать для маркирования определенного гена или хромосомы, зато их успешно применяют в филогенетических исследованиях и для паспортизации пород.

На выбор ДНК-маркеров подходящего типа для решения конкретной задачи влияют, в частности, такие характеристики, как уровень внутривидового полиморфизма и возможность автоматизации процесса анализа полиморфизма ДНК. Процесс генотипирования может быть полностью или частично автоматизирован. Устройства, необходимые для анализа генотипа на уровне ДНК, являются универсальными. Образцы для генотипирования можно отбирать практически в любой удобный момент. Отбор проб для выделения необходимого количества ДНК на ранних стадиях развития селектируемых организмов позволяет своевременно изымать из селекционного процесса значительное количество материала, не потратив лишних средств на анализ и уход за ним. На результаты фенотипирования влияют различные факторы окружающей среды. Генотип не зависит от изменения условий среды. Если отбор ведется на основании анализа фенотипа, то при полном доминировании невозможно отличить доминантные гомозиготы от гетерозигот и, следовательно, выбрать индивидуумы для скрещивания в текущем поколении.

С помощью ДНК-маркеров легко справиться с этой задачей. При использовании ДНК-маркеров можно подобрать подходящие пары и осуществить гибридизацию в текущем поколении. Это также ускоряет селекционный процесс. Благодаря этим преимуществам применение ДНК-маркеров стало неотъемлемой частью селекционного процесса во многих странах мира.

На данном этапе оценка пород сельскохозяйственной птицы с учетом генетических и экстерьерных маркеров активно используется в научно-практической работе отечественными селекционерами. Оценка экстерьерных особенностей, таких как промеры статей птицы (длина и обхват туловища, глубина груди, длина килля, голени, плюсны, шеи и др.), составляет основу морфометрических маркеров. В результате изучения генетической структуры пород кур, в том числе отдельных отечественных генофондных пород, составлены их генетико-морфологические характеристики. Проведено описание пород по десяткам признакам и вариациям этих признаков [4]. В процессе селекционной работы с мясными курами в программах создания исходных линий и родительских форм используются геномодификаторы (dw, K-k, S-s), что обеспечивает ресурсосбережение в бройлерном птицеводстве [1]. Примером использования молекулярных маркеров может служить электрофоретическое исследование белков крови гусей. Был представлен генетический портрет гусей генофондного стада старейших отечественных пород – холмогорские, владимировские глинистые, линдовские – на основе анализа полиморфизма белков сыворотки крови, который выявил до-

стоверные различия по частотам аллелей 6 изученных локусов, что позволило провести идентификацию пород и создать генетический портрет изученных пород гусей [8].

Давно было ясно, что генетические маркеры могут быть полезными при анализе сложных признаков. Однако низкая встречаемость и ряд других свойств не позволили классическим генетическим маркерам, а также и белковым маркерам широко войти в практику.

На протяжении прошлого века было накоплено огромное количество информации по генетике, физиологии и биохимии птиц. В период переоткрытия законов наследования Менделя англичанин Вильям Бэтсон провел со своими сотрудниками серию экспериментов на курах, благодаря чему они стали сегодня классическим модельным генетическим объектом. Многие другие знаменитые ученые того времени стали пионерами изучения генетики птиц. К 1930 г. в Советском Союзе Серебровским А.С. и Петровым С.Г. была создана первая генетическая карта сцепления кур. Генетическая карта – схема взаимного расположения структурных генов, регуляторных элементов и генетических маркеров, а также относительных расстояний между ними на хромосоме (группе сцепления). За картой Серебровского и Петрова в 1936 г. последовала обновленная карта Фредерика Хатта. К середине прошлого столетия зародилась иммуногенетика птиц, и были обнаружены группы крови у кур. В 1944 г. Ямасина в Японии определил куриный кариотип в том виде, в каком мы его знаем сегодня. С наступлением молекулярно-генетической эры в Великобритании в 1992 г. была



получена первая карта сцепления курицы с использованием ДНК-маркеров. Последующее развитие молекулярных карт привело к созданию в 2000 г. консенсусной карты. Переход генетиков к исследованию целых геномов открыл новые возможности в изучении генетических структур и их динамики. Генотипирование приобрело особое значение в исследованиях генофондов сельскохозяйственных видов животных, в том числе птиц. Для надежной паспортизации необходимо использование современных методов генотипирования. Генетический паспорт крайне важен для подтверждения породной принадлежности и решения спорных вопросов.

В настоящее время широкое распространение нашли ДНК-маркеры (на уровне нуклеотидной последовательности ДНК), РНК-маркеры (на уровне последовательности РНК). ДНК-маркеры характеризуются более высокой частотой встречаемости в геноме, универсальностью, что стало залогом бурного развития направлений генетики и селекции, связанных с использованием ДНК-маркеров. Наиболее информативными для этой цели считаются маркеры, основанные на ПЦР-анализе полиморфизма ДНК: RAPD (random analysis of polymorphic DNA), STR (short tandem repeat), SNP (single nucleotide polymorphism).

Изучение гетерозиготности на основе анализа полиморфизма ДНК с помощью RAPD-маркеров позволяет выявить степень дивергенции и влияние направленной селекции в исследуемых породах. Оценка структуры популяций и уровня внутрипопуляционного разнообразия трех групп генофондных пород кур (гилянская, орловская и брама пале-

вая) была проведена с использованием метода ДНК-фингерпринтинга. Мультилокусный анализ позволил выявить генетические взаимоотношения в генофондных породах кур и определить разнообразие особей внутри популяций [6]. Была проведена экспертиза по популяционно-генетическим параметрам методом ДНК-фингерпринтинга семи пород индеек российской селекции [7]. Мультилокусный анализ с использованием ДНК-зонда явился эффективным инструментом выявления генетической структуры популяций птицы генофондных пород. Он позволяет прояснить историю выведения и совершенствования пород птицы, подтвердить или опровергнуть данные о происхождении пород, рассчитать внутрипопуляционное разнообразие особей по критерию средней гетерозиготности. Наличие достаточного количества молекулярно-генетических маркеров позволяет сохранять, контролировать и совершенствовать необходимое биоразнообразие видов.

Во многих странах в практику вошел контроль родословных некоторых видов животных по панелям локусов микросателлитных ДНК (STR), стандартизированным сравнительными тестами, при содействии Международного общества генетики животных (the International Society for Animal Genetics, ISAG) [5]. В России разработана мультиплексная тест-система микросателлитного анализа. С использованием созданной тест-системы определена степень генетической близости и дана характеристика аллелофонда отдельных пород кур, перепелов, индеек, в том числе – российской селекции. Основным ограничением для нашей страны остается высокая стоимость оборудования

и наборов реагентов, что делает затруднительным использование этого метода для масштабных исследований.

В настоящее время накоплено все еще недостаточно данных для характеристики генофонда сельскохозяйственной птицы отечественной селекции по полиморфизму генома на основе информативных ДНК-маркеров. Продолжающийся поиск и изучение генетических маркеров для оценки генетического разнообразия, паспортизации и улучшения геномов представляет большой научно-практический интерес. Изучение однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) является наиболее информативным молекулярно-генетическим подходом. Однако для этого нужно исследовать два или более десятков локусов, что также делает метод дорогостоящим, но в будущем, с развитием технологий – перспективным. Поэтому разработка методов генетической паспортизации с высоким уровнем разрешающей способности и информативности при скорости анализа и приемлемой стоимости остается актуальной.

Таким образом, ДНК-маркеры – это новое поколение генетических маркеров, отличающихся от прежних большим количеством и частой встречаемостью в геномах эукариот, и основанных на универсальных, а, значит, широко востребованных и постоянно развивающихся методах анализа. Целесообразным и экономически оправданным оказалось использование ДНК-маркеров в прикладных областях, в частности, в селекции сельскохозяйственных животных и птицы. На современном этапе развития отечественного птицеводства исследование по ДНК-маркерам, необ-

ходимые для генетической паспортизации пород и линий различных видов сельскохозяйственной птицы, находятся в стадии развития.

Использование ДНК-паспортов позволит оценивать уровень контроля над состоянием сохраняемых пород и линий птицы.

*Статья подготовлена в соответствии с тематическим планом ФНЦ «ВНИТИП» РАН, № гос. рег. 121030100023-5.*



### Литература

1. Егорова, А.В. Использование генов-модификаторов в работе с мясными курами / А.В. Егорова // Птицеводство. - 2018. - №10. - С. 2-7.
2. Коршунова, Л.Г. Использование генетических методов на основе ДНК-маркеров продуктивных признаков в селекции кур / Л.Г. Коршунова, Р.В. Карапетян // Птицеводство. - 2021. - №5. - С. 4-7.
3. Коршунова, Л.Г. Сохранение и мониторинг генофонда отечественных пород кур / Л.Г. Коршунова, Р.В. Карапетян // Птицеводство. - 2021. - №3. - С. 9-12.
4. Севастьянова, А.А. Приемы генетического маркирования экстерьеря отечественных пород кур / А.А. Севастьянова, А.В. Александров // Птицеводство. - 2022. - №12. - С. 16-21.
5. Сулимова, Г.Е. Разработка универсального метода оценки генетического разнообразия и паспортизации пород и популяций domesticированных видов животных / Г.Е. Сулимова, Н.В. Кол, М.Н. Рузина, К.Ю. Столповский, В.Н. Воронкова, И.С. Бояринцева, Ю.А. Столповский // Мол. и прикл. генетика. - 2011. - Т. 12. - С. 20-27.
6. Терлецкий, В.П. Возможности генетического анализа в изучении биоразнообразия генофондных пород кур и паспортизации пород / В.П. Терлецкий, В.И. Тыщенко, И.Я. Шахтамиров, У.А. Делаев // Птицеводство. - 2019. - №7-8. - С. 19-22.
7. Шинкаренко, Л.А. Генетические особенности пород индеек биоресурсной коллекции селекционно-генетического центра "СКЗОСП" / Л.А. Шинкаренко, В.П. Терлецкий, В.И. Тыщенко // Птицеводство. - 2020. - №9. - С. 17-21.
8. Zharkova, I. The genetic portraying of goose breeds / I. Zharkova, L. Korshunova // Proc. XI Eur. Symp. Poult. Genet. - Prague, 2019. - P. 91.

### Сведения об авторе:

**Коршунова Л.Г.:** доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела генетики и селекции; lg@vnitip.ru.

Статья поступила в редакцию 23.12.2022; одобрена после рецензирования 17.01.2023; принята к публикации 22.01.2023.

### Review article

## DNA-Based Certification and Genetic Diversity of Endangered Poultry Breeds

Liudmila G. Korshunova

Federal Scientific Center "All-Russian Research and Technological Institute of Poultry" of Russian Academy of Sciences

**Abstract.** Different genetic markers for investigation of the genetic structure of populations of animals and poultry are briefly reviewed including different types of DNA markers and potential areas of their application. The markers based on PCR analysis of DNA polymorphism (RAPD, STR, SNP) and possibilities of their application for genetic certification and control of biodiversity in endangered small-sized poultry breeds are discussed.

**Keywords:** DNA certification, genetic markers, DNA markers, polymerase chain reaction (PCR), microsatellites, single nucleotide polymorphism (SNP), poultry.

**For Citation:** Korshunova L.G. (2023) DNA-based certification and genetic diversity of endangered poultry breeds. Ptitsevodstvo, 72(2): 4-8. (in Russ.)

**doi:** 10.33845/0033-3239-2023-72-2-4-8

## References

1. Egorova AV (2018) The use of modifier genes in the selection of broiler chicken. *Ptitsevodstvo*, (10):2-7 (in Russ.).
2. Korshunova LG, Karapetyan RV (2021) *Ptitsevodstvo*, (5):4-7; doi 10.33845/0033-3239-2021-70-5-4-7 (in Russ.).
3. Korshunova LG, Karapetyan RV (2021) *Ptitsevodstvo*, (3):9-12; doi 10.33845/0033-3239-2021-70-3-9-12 (in Russ.).
4. Sevastyanova AA, Alexandrov AV (2022) *Ptitsevodstvo*, (12):16-21; doi 10.33845/0033-3239-2022-71-12-16-21 (in Russ.).
5. Sulimova GE, Kol NV, Ruzina MN, Stolpovsky KY, Voronkova VN, Boyarintsev IS, Stolpovsky YA (2011) Development of the universal method for estimation of genetic diversity and certification of domesticated animal species and populations. *Mol. Appl. Genet. (Belarus)*, **12**:20-27 (in Russ.).
6. Terletsky VP, Tyshchenko VI, Shahtamirov IY, Delaev UA (2019) *Ptitsevodstvo*, (7-8):19-22; doi 10.33845/0033-3239-2020-68-7-8-19-22 (in Russ.).
7. Shinkarenko LA, Terletsky VP, Tyshchenko VI (2020) *Ptitsevodstvo*, (9):17-21; doi 10.33845/0033-3239-2020-69-9-17-21 (in Russ.).
8. Zharkova I, Korshunova L (2019) The genetic portraying of goose breeds. Proc. XI Eur. Symp. Poult. Genet., Prague:91.

### Author:

**Korshunova L.G.:** Dr. of Biol. Sci., Chief Research Officer, Dept. of Genetics and Selection; lg@vnitip.ru.

Submitted 23.12.2022; revised 17.01.2023; accepted 22.01.2023.

© Коршунова Л.Г., 2023

