



Генетические особенности индеек при создании среднего и тяжелого кроссов

Алексей Витальевич Шепляков¹, Лидия Александровна Шинкаренко¹, Нина Григорьевна Щербакова¹, Ирина Васильевна Романенко¹, Кирилл Федорович Байдинов¹, Валерий Павлович Терлецкий², Валентина Ивановна Тыщенко²

¹Селекционно-генетический центр «Северо-Кавказская ЗОСП» (СГЦ «СКЗОСП») – филиал ФНЦ «ВНИТИП» РАН;

²Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных (ВНИИГРЖ) – филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста»

Аннотация: При создании новых среднего и тяжелого кроссов индеек отечественной селекции были впервые проведены исследования по изучению популяционно-генетических параметров методом ДНК-фингерпринтинга всех линий и популяций. Были рассчитаны коэффициенты сходства, генетические расстояния, выявлены специфические, маркерные гены, коэффициенты средней гетерозиготности для выявления успешно сочетающихся линий для новых кроссов. Полученные данные подтверждают правильность и эффективность селекционной работы, свидетельствуют о достоверности происхождения и отсутствии генетических аномалий у изучаемых групп индеек.

Ключевые слова: индейки, линии, популяции, кроссы, ДНК-фингерпринтинг, коэффициенты сходства, генетические расстояния, гены-маркеры, гетерозиготность.

Для цитирования: Шепляков, А.В. Генетические особенности индеек при создании среднего и тяжелого кроссов / А.В. Шепляков, Л.А. Шинкаренко, Н.Г. Щербакова, И.В. Романенко, К.Ф. Байдинов, В.П. Терлецкий, В.И. Тыщенко // Птицеводство. – 2022. – №9. – С. 22-26.

doi: 10.33845/0033-3239-2022-71-9-22-26

Введение. Основой современного промышленного индейководства является использование кроссов, полученных на основе линейного скрещивания двух или более сочетающихся исходных линий [1]. Биологической основой высокой продуктивности кроссов служит явление гетерозиса – свойства гибридов превосходить по определенным признакам среднее значение данных признаков родителей. Потомство межлинейных скрещиваний отличается повышенной гетерозиготностью. Считается, что гетерозиготность кроссов выше тогда, когда генетическое расстояние между родительскими линиями больше. Сейчас появилась возможность молекулярно-генетического тестирования исходных линий методом ДНК-фингерпринтинга для достижения максимального эффекта

гетерозиса. Расчет генетических расстояний считается в настоящее время самым надежным способом прогнозирования в птицеводстве [2,3]. При создании новых кроссов происходит объединение наследственного материала родительских линий, что увеличивает генетическую изменчивость.

Материал и методика исследований. Исследования были проведены в 2020-2021 гг. на производственной базе СГЦ «СКЗОСП» и КФХ. Генетическая экспертиза проводилась методом ДНК-фингерпринтинга крови индеек исходных линий новых среднего и тяжелого кроссов. Образцы крови индеек помещали в пробирки с 5% раствором цитрата натрия и хранили при -20°C до начала анализа. Метод характеризуется высокой специфичностью и точностью [4]. Работа

по выявлению результатов включала следующие этапы: выявление геномной ДНК из крови индеек; расщепление ДНК эндонуклеазой рестрикции с получением фрагментов; разделение фрагментов ДНК в агарозном геле; перенос фрагментов ДНК с геля на нейлоновый фильтр; прегибридизация и гибридизация ДНК с олигонуклеотидным зондом; детекция мест связывания зонда с фрагментами ДНК; анализ распределения фрагментов ДНК на фильтре с расчетом популяционно-генетических параметров [5-7].

Результаты исследований и их обсуждение. Расчет популяционно-генетических параметров в группе индеек, которые использовались при создании нового среднего кросса (линии ГП1, ГП2, ГП4 и ДП), показал (табл. 1), что наиболее выра-



Таблица 1. Число аллелей на один локус и уровни средней гетерозиготности в линиях индеек (ГП1, ГП2, ГП4 и ДП), рассчитанные методом ДНК-фингерпринтинга с зондом (ГТГ)5 и программой Gelstats™

Линии индеек	n	Полос на дорожку X±m	P	BS ¹	BS ²	D
ГП1	10	21,6±2,1	9,7×10 ⁻⁷	0,50	0,44	0,035
ГП2	10	20,8±1,1	1,3×10 ⁻⁷	0,45		
ГП1	10	21,6±2,1	9,7×10 ⁻⁷	0,50	0,40	0,125
ГП4	10	19,3±2,2	4,0×10 ⁻⁶	0,55		
ГП1	10	21,6±2,1	9,7×10 ⁻⁷	0,50	0,39	0,150
ДП	10	18,2±1,5	8,4×10 ⁻⁶	0,58		
ГП2	10	20,8±1,1	1,3×10 ⁻⁷	0,45	0,36	0,140
ГП4	10	19,3±2,2	4,0×10 ⁻⁶	0,55		
ГП2	10	20,8±1,1	1,3×10 ⁻⁷	0,45	0,36	0,155
ДП	10	18,2±1,5	8,4×10 ⁻⁶	0,58		
ГП4	10	19,3±2,2	4,0×10 ⁻⁶	0,55	0,50	0,065
ДП	10	18,2±1,5	8,4×10 ⁻⁶	0,58		

Таблица 2. Частоты встречаемости отдельных фрагментов ДНК и аллелей в линиях индеек (ГП1, ГП2, ГП4 и ДП), рассчитанные методом ДНК-фингерпринтинга с зондом (ГТГ)5 и программой Gelstats™

Фрагмент ДНК	Частота фрагментов ДНК				Частота встречаемости аллелей q=1-√1-p			
	ГП1	ГП2	ГП4	ДП	ГП1	ГП2	ГП4	ДП
4	0,0	0,0	0,4	0,8	0,00	0,00	0,23	0,55
11	0,1	0,1	0,8	0,9	0,05	0,05	0,55	0,68
32	1,0	0,9	0,2	0,3	1,00	0,68	0,11	0,16

женное генетическое расстояние наблюдалось между линиями ГП1 и ДП (D = 0,150), ГП2 и ДП (D = 0,155), а наиболее близкими были линии ГП1 и ГП2 (D = 0,035).

Коэффициент сходства между линиями в максимальном значении был отмечен в парах линий ГП4 и ДП (BS² = 0,50) и ГП1 и ГП2 (BS² = 0,44). Минимальный коэффициент сходства был отмечен на уровне 0,36 у ГП2 и ГП4, а также ГП2 и ДП. Анализ распределения фрагментов ДНК в этой группе индеек позволил найти маркерные фрагменты. Например, фрагмент №4 встречался у 8 особей из 10 в линии ДП и отсутствовал в линиях ГП1 и ГП2 (табл. 2). Специфический фрагмент №11 встречался у 8 особей из 10 линии ГП4 при частоте встречаемости аллелей 0,55, а также у 9 особей из 10 в линии ДП с частотой встречаемости аллелей 0,68. Маркерный фрагмент №32 был у 10 особей линии ГП1, у 9 из 10 особей линии ГП2.

Генетическое разнообразие внутри линий было наиболее выраженным в линиях ГП1 и ГП2. Заметно ниже средняя гетерозиготность была у линий ГП4 и ГП2. По числу аллелей на один генетический локус существенных различий не наблюдалось, но доля полиморфных локусов от общего количества локусов в линиях ГП1 и ГП2 была выше (табл. 3).

Максимальная гетерозиготность была определена у линии ГП1 (0,48), затем у линии ГП2 (0,47). Минимальное значение гетерозиготности на уровне 0,38 было отмечено у линии ГП4. Таким образом, при создании нового среднего

кросса индеек в качестве исходной материнской линии предпочтительно избрать линию ГП1 и исходных отцовских – линии ГП4 и ДП.

При выполнении исследований по созданию тяжелого кросса индеек проводился анализ фрагментов ДНК в следующих линиях индеек: К1, РЛ11, РЛ22 и группе 1124 (табл. 4). Анализ показал генетическую удаленность индеек линии К1 и группы 1124 (D = 0,160), в то время как линии РЛ11 и РЛ22 были схожи (D = 0,052).

Самый высокий коэффициент сходства отмечался между линиями РЛ11 РЛ22 (BS² = 0,42). Затем шли линии К1 и РЛ11 (BS² = 0,40). Ми-

Таблица 3. Число аллелей на один локус и уровни средней гетерозиготности в линиях индеек (ГП1, ГП2, ГП4 и ДП), рассчитанные методом ДНК-фингерпринтинга с зондом (ГТГ)5 и программой Gelstats™

Линии индеек	Число локусов	Число аллелей на локус	Число полиморфных локусов	H
ГП1	11,4	2,2	0,79	0,48
ГП2	12,4	2,5	0,77	0,47
ГП4	10,0	2,1	0,71	0,38
ДП	10,5	2,0	0,73	0,40



Таблица 4. Число аллелей на один локус и уровни средней гетерозиготности в сообществах индеек (линии К1, РЛ11, РЛ22 и группа 1124), рассчитанные методом ДНК-фингерпринтинга с зондом (ГТГ)5 и программой Gelstats™

Линии и группа индеек	n	Полос на дорожку $\bar{X} \pm m$	P	BS ¹	BS ²	D
К1	10	21,4±2,2	9,5×10 ⁻⁷	0,52		
РЛ11	10	20,6±1,4	1,1×10 ⁻⁷	0,46	0,40	0,090
К1	10	21,4±2,2	9,5×10 ⁻⁷	0,52		
РЛ22	10	19,8±2,2	4,0×10 ⁻⁶	0,48	0,39	0,110
К1	10	21,4±2,2	9,5×10 ⁻⁷	0,52		
1124 группа	10	18,9±1,7	8,9×10 ⁻⁶	0,58	0,39	0,160
РЛ11	10	20,6±1,4	1,1×10 ⁻⁷	0,46		
РЛ22	10	19,8±2,2	4,0×10 ⁻⁶	0,48	0,42	0,052
РЛ11	10	20,6±1,4	1,1×10 ⁻⁷	0,46		
1124 группа	10	18,9±1,7	8,9×10 ⁻⁶	0,58	0,38	0,142
РЛ22	10	19,8±2,2	4,0×10 ⁻⁶	0,48		
1124 группа	10	18,9±1,7	8,9×10 ⁻⁶	0,58	0,38	0,150

Таблица 5. Частоты встречаемости отдельных фрагментов ДНК и аллелей в сообществах индеек (линии К1, РЛ11, РЛ22 и группа 1124), рассчитанные методом ДНК-фингерпринтинга с зондом (ГТГ)5 и программой Gelstats™

Фрагмент ДНК	Частота фрагментов ДНК				Частота встречаемости аллелей $q=1-\sqrt{1-p}$			
	К1	РЛ11	РЛ22	гр.1124	К1	РЛ11	РЛ22	гр.1124
3	0,0	0,6	0,9	0,2	0,00	0,36	0,68	0,11
8	0,1	0,1	0,6	0,9	0,05	0,05	0,36	0,68
28	0,0	0,9	0,8	0,3	0,00	0,68	0,55	0,16

нимальное значение коэффициента сходства на уровне 0,38 было между РЛ11 и популяционной группой 1124, а также РЛ22 и группой 1124.

Методом ДНК-фингерпринтинга были также определены специфические, маркерные фрагменты (табл. 5). В линии РЛ22 найден маркерный фрагмент ДНК №3, который встречался у 9 особей из 10. Также этой линии характерен фрагмент №28, встречался у 8 особей из 10. Маркерный фрагмент №28 был характерен и для линии РЛ11 (у 9 особей из 10). Для популяционной группы 1124 маркерный фрагмент №38 встречался у 9 особей из 10.

Использование ДНК-маркеров позволяет тестировать генетический полиморфизм на уровне генотипа, решать проблему насыщения генома при исследованиях генетических процессов в популяциях. Повышенное генетическое разнообразие отмечали у линий РЛ11 и РЛ22 ($H = 0,54$), линия К1 и группа 1124 характеризовались более низкими значениями гетерозиготности (табл. 6). У линии К1 и популяционной группы 1124 число локусов находилось в пределах 10,4-10,6, число аллелей на локус 2,0-2,2, число полиморфных локусов – 0,70-0,73

при одинаковом уровне гетерозиготности – 0,48. Проведенный популяционно-генетический анализ позволил выбрать для получения гибридного материала индюшат тяжелого кросса линии К1 и группу 1124 в качестве родительских форм. Исследования будут продолжены.

Заключение. Результаты исследования по определению генетических особенностей линий индеек ГП1, ГП2, ГП4 и ДП для создания нового среднего кросса, а также линий К1, РЛ11, РЛ22, популяционной группы 1124 для создания тяжелого кросса, указали на достоверность их происхождения и отсутствие генетических аномалий. Выявлено повышенное генетическое расстояние между линиями ГП1, ГП2 и ДП; линией К1 и группой 1124. Генетическая близость установлена между линиями ГП1 и ГП2 ($D = 0,035$) и РЛ11 и РЛ22 ($D =$

Таблица 6. Число аллелей на один локус и уровни средней гетерозиготности в сообществах индеек (линии К1, РЛ11, РЛ22 и группа 1124), рассчитанные методом ДНК-фингерпринтинга с зондом (ГТГ)5 и программой Gelstats™

Линии и группа индеек	Число локусов	Число аллелей на локус	Число полиморфных локусов	H
К1	10,4	2,2	0,70	0,48
РЛ11	13,2	2,5	0,77	0,54
РЛ22	13,9	2,4	0,77	0,54
1124 группа	10,6	2,0	0,73	0,48



0,052). Установлены специфические, маркерные фрагменты для нового среднего кросса (№№4, 11, 32) и для нового тяжелого кросса (№№3, 8, 28). Использование ДНК-маркеров позволяет тестировать генетические процессы в селекции индек. Повышенное

внутрипопуляционное разнообразие по критерию средней гетерозиготности отмечалось в линиях ГП1 и ГП2 ($H = 0,48$ и $0,47$ соответственно) и в линиях РЛ11 и РЛ22 ($H = 0,54$). Исследования по созданию новых среднего и тяжелых кроссов индек отечественной селекции будут продолжены.

Робота была поддержана бюджетным государственным финансированием по теме НИ-ОКТР № 1210301000-24-2 при поддержке госзадания 0445-2021-0010.

Робота была поддержана бюджетным государственным финансированием по теме НИ-ОКТР № 1210301000-24-2 при поддержке госзадания 0445-2021-0010.

Литература

1. Селекционно-племенная работа в птицеводстве / Я.С. Ройтер, А.В. Егорова, А.П. Коноплева [и др.]. – Сергиев Посад: ВНИТИП, 2016. – 287 с.
2. Grunder, A.A. Estimates of relatedness and inbreeding in goose strains from DNA fingerprints / A.A. Grunder, M.P. Sabour, J.S. Gavora // Anim. Genet. – 1994. – V. 25. – Suppl. 1. – P. 81-88.
3. Zhu, J. Relationship between band sharing levels of DNA fingerprints and inbreeding coefficients and estimation of true inbreeding in turkey lines / J. Zhu, K.E. Nestor, Y. Moritsu // Poult. Sci. – 1998. – V. 75. – No 1. – P. 25-28.
4. Weigend, S. Current strategies for the assessment and evaluation of genetic diversity in chicken resources / S. Weigend, M.N. Romanov // World's Poult. Sci. J. – 2001. – V.57. – No 3. – P. 275-288.
5. Шинкаренко, Л.А. Выведение новых отечественных генотипов индек и их использование для получения экологически чистой продукции : монография / Л.А. Шинкаренко, В.А. Погодаев. – Черкесск: Северо-Кавказская гос. гум.-технол. академия, 2014. – 156 с.
6. Беленький, Ю.В. Популяционно-генетические особенности индек генофонда отечественной селекции / Ю.В. Беленький, Л.А. Шинкаренко, Н.Г. Щербакова, В.П. Терлецкий // Птица и птицепродукты. – 2017. – №2. – С. 50-52.
7. Шинкаренко, Л.А. Генетические особенности пород индек биоресурсной коллекции Селекционно-генетического центра «СКЗОСП» / Л.А. Шинкаренко, В.П. Терлецкий, В.И. Тыщенко // Птицеводство. – 2020. – №9. – С. 17-21.

Сведения об авторах:

Шепляков А.В.: директор; skzosp@yandex.ru. **Шинкаренко Л.А.:** кандидат сельскохозяйственных наук, зам. директора по научной работе. **Щербакова Н.Г.:** старший научный сотрудник отдела селекции и генетики. **Романенко И.В.:** научный сотрудник отдела селекции и генетики. **Байдиков К.Ф.:** научный сотрудник отдела кормления; skzospsel@yandex.ru. **Терлецкий В.П.:** доктор биологических наук, профессор; valeriter@mail.ru. **Тыщенко В.И.:** кандидат биологических наук.

Статья поступила в редакцию 08.07.2022; одобрена после рецензирования 15.08.2022; принята к публикации 20.08.2022.

Research article

Certain Genetic Parameters in Populations of Turkeys to Be Used for the Development of New Middleweight and Heavy Crosses

Alexey V. Sheplyakov¹, Lidia A. Shinkarenko¹, Nina G. Shcherbakova¹, Irina V. Romanenko¹, Kirill F. Baydikov¹, Valery P. Terletsy², Valentina I. Tyshchenko²

¹Center for Selection & Genetics «North-Caucasian Zonal Experimental Station for Poultry», branch of the Federal Scientific Center «All-Russian Research and Technological Institute of Poultry» of Russian Academy of Sciences;

²All-Russian Research Institute of Animal Genetics and Breeding, branch of the Federal Science Center for Animal Husbandry of L.K. Ernst



Abstract. The genetic parameters in different lines and populations of turkeys which could be potentially used for the development of new middleweight and heavy crosses were studied using DNA fingerprinting. Similarity coefficients and genetic distances between the lines were determined, specific marker gene sequences were identified, coefficients of average heterozygosity were determined to finally identify the successfully crossable lines for the new crosses. The data obtained confirmed the successfulness and effectiveness of previous selection of the lines, authenticity of their origins, as well as the absence of genetic abnormalities.

Keywords: turkey, lines, populations, crosses, DNA fingerprinting, similarity coefficients, genetic distances, marker genes, heterozygosity.

For Citation: Sheplyakov A.V., Shinkarenko L.A., Shcherbakova N.G., Romanenko I.V., Baydikov K.F., Terletsky V.P., Tyshchenko V.I. (2022) Certain genetic parameters in populations of turkeys to be used for the development of new middleweight and heavy crosses. *Ptitsevodstvo*, 71(9): 22-26. (in Russ.)
doi: 10.33845/0033-3239-2022-71-9-22-26

References

1. Roiter YS, Egorova AV, Konopleva AP [et al.] (2016) Selection and Breeding of Poultry. Sergiev Posad, VNITIP, 287 pp. (in Russ.).
2. Grunder A, Sabour MP, Gavora JS (1994) *Anim. Genet.*, **25**(Suppl. 1):81-8; doi 10.1111/j.1365-2052.1994.tb00407.x.
3. Zhu J, Nestor KE, Moritsu Y (1996) *Poult. Sci.*, **75**(1):25-8; doi 10.3382/ps.0750025.
4. Weigend S, Romanov MN (2001) *World's Poult. Sci. J.*, **57**(3):275-88; doi 10.1079/WPS20010020.
5. Shinkarenko LA, Pogodaev VA (2014) Development of New Turkey Genotypes and Their Use for Sustainable Commercial Turkey Production. Cherkessk, North-Caucas. State Hum. Technol. Acad., 156 pp. (in Russ.).
6. Belenky YV, Shinkarenko LA, Shcherbakova NG, Terletsky VP (2017) Populational genetic peculiarities of turkeys from Russian gene pool. *Poult. Chicken Prod.*, (2):50-2 (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.).

Authors:

Sheplyakov A.V.: Director; skzosp@yandex.ru. **Shinkarenko L.A.:** Cand. of Agric. Sci., Deputy Director for Science. **Shcherbakova N.G.:** Senior Research Officer, Dept. of Selection and Genetics. **Romanenko I.V.:** Research Officer, Dept. of Selection and Genetics. **Baydikov K.F.:** Research Officer, Dept. of Nutrition; skzosp-sel@yandex.ru. **Terletsky V.P.:** Dr. of Biol. Sci., Prof.; valeriter@mail.ru. **Tyshchenko V.I.:** Cand. of Biol. Sci. Submitted 08.07.2022; revised 15.08.2022; accepted 20.08.2022.

© Шепляков А.В., Шинкаренко Л.А., Щербакова Н.Г., Романенко И.В., Байдилов К.Ф., Терлецкий В.П., Тыщенко В.И., 2022

ОТРАСЛЕВЫЕ НОВОСТИ

Птицеводы рассчитывают нарастить экспорт мяса птицы до 500 тыс. тонн в год

Потенциал российских поставок мяса птицы на внешние рынки составляет 500 тыс. тонн в год. Об этом заявил генеральный директор Национального союза птицеводов Сергей Лахтюхов на первой рабочей встрече представителей Министерства сельского хозяйства России (сельхозатташе) с отраслевыми экспертами, компаниями-производителями и экспортерами мясной продукции.

Сергей Лахтюхов уверен, что экспортная деятельность для компаний – это не только источник дополнительной выручки, но и важный инструмент регулирования ситуации на внутреннем рынке.

«Потенциал российских поставок мяса птицы на внешние рынки он оценивает в 500 тыс. тонн в год», – говорится в сообщении по итогам рабочей встречи в официальном Telegram-канале Национального союза птицеводов.

По данным системы «Аргус» Россельхознадзора, по итогам 2021 года Россия поставила за рубеж 276,4 тыс. тонн мяса птицы и субпродуктов. С начала этого года по 15 июля на внешние рынки отправлено 194,7 тыс. тонн мяса птицы. За такой же период прошлого года российские птицеводы экспортировали чуть более 138 тыс. тонн. То есть рост объемов экспорта мяса птицы уже составил более 56 тыс. тонн.

Источник: vetandlife.ru