

<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.3.217-232>

УДК 636.082.2/12:575.167



Современное состояние и проблемы племенного птицеводства в России (обзор)

© 2020. Е. С. Федорова✉, О. И. Станишевская, Н. В. Дементьева

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), г. Санкт-Петербург, г. Пушкин, Российская Федерация

Современное птицеводство в России является одной из самых динамично развивающихся отраслей сельского хозяйства, но благополучие отрасли почти полностью зависит от поставок племенного материала из-за рубежа. В России практически отсутствует своя племенная база как в яичных, так и в мясных промышленных кроссах кур. Большая часть отечественных кроссов, занимавших лидирующие позиции в российском птицеводстве, в настоящее время утрачены. Более 90 % племенной птицы промышленных линий в России импортируется. Зарубежные селекционно-генетические компании объединяются в транснациональные холдинги, занимающиеся мультивидовым разведением сельскохозяйственных животных, что позволяет им не зависеть от конъюнктуры рынка в отрасли. Обратная сторона такой консолидации в мировом масштабе – снижение генетического разнообразия птицы и высокий уровень инбридинга в промышленных линиях кур. В данных условиях имеется реальная биологическая опасность для существования этих линий из-за потенциальной восприимчивости «монокультур» к новым заболеваниям, что может уничтожить или же сильно навредить генетически однородной популяции. Любая система селекции основывается на оценке племенной ценности потенциальных родителей. Ее цель – получить по возможности наиболее точный прогноз генетической ценности особи и продуктивных качеств ее потомков. Этим условиям наиболее полно отвечает методология BLUP, в которую могут быть успешно интегрированы данные молекулярной генетики (SNP), что позволяет дополнить статистический анализ технологиями геномной селекции. Особенно актуально это для признаков, которые не могут быть измерены, или могут быть измерены лишь у одного пола, либо же только по окончании продуктивного периода. Включение в селекционные программы методов геномной селекции делает возможным значительно повысить прогресс селекции по основным хозяйственно полезным признакам кур. Главной задачей в российском племенном птицеводстве является создание собственной конкурентоспособной племенной базы, не уступающей западным кроссам по уровню продуктивности, для чего при поддержке государства необходимо, в первую очередь, создать селекционно-генетические центры, а также племенные репродукторные хозяйства; разработать и внедрить инновационные методы в области геномной селекции, программно-информационные системы, а также специализированные селекционные компьютерные программы для обработки и анализа мета-данных.

Ключевые слова: кроссы кур, селекция в птицеводстве, племенные заводы, селекционно-генетический центр, репродукторы, BLUP, SNP, геномная селекция

Благодарности: работа выполнена в рамках Государственного задания ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (тема АААА-А18-118021590129-9).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Федорова Е. С., Станишевская О. И., Дементьева Н. В. Современное состояние и проблемы племенного птицеводства в России (обзор). Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2020;21(3):217-232. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.3.217-232>

Поступила: 06.04.2020

Принята к публикации: 18.05.2020

Опубликована онлайн: 23.06.2020

Current state and problems of poultry breeding in Russia (review)

© 2020. Elena S. Fedorova✉, Olga I. Stanishevskaya, Natalia V. Dementieva

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (RRIFAGB), Saint Petersburg, Pushkin, Russian Federation

Modern poultry breeding in Russia is one of the fastest growing sectors of agriculture, but the prosperity of the industry is almost entirely dependent on supplies of breeding material from abroad. Russia practically has no its own breeding base in both egg- and meat-type commercial crosses of chickens. Most of the domestic commercial crosses that had occupied leading positions in Russian poultry breeding have been lost now. More than 90 % of commercial lines of breeding stocks

in Russia are imported. Foreign poultry breeding companies merge into transnational holdings engaged in multi-species breeding of farm animals, which allows them not to depend on market conditions in the industry. The reverse side of such a consolidation on a global scale is a decrease in the genetic diversity of poultry and a high level of inbreeding in commercial chicken lines. In these circumstances, there is a real biological danger for the preservation of these lines due to the potential susceptibility of "monocultures" to new diseases, which can eliminate the genetically homogeneous population. Any selection system is based on an assessment of the breeding value of potential parents. Its purpose is to obtain, as far as possible, the most accurate forecast of the genetic value of an individual and the productive qualities of its progeny. These requirements are optimally met by the BLUP methodology, in which molecular genetics (SNP) data can be successfully integrated, which allows supplementing the statistical analysis with genomic selection technologies. This is especially true for traits that cannot be measured, or can only be measured in one sex, or only at the end of the productive period. The inclusion of genomic selection methods in breeding programs makes it possible significantly increase the selection efficiency for the main economical traits of chickens. The main task in the Russian breeding poultry industry is the creation of its own competitive breeding base, not inferior to Western commercial crosses in terms of productivity. To create poultry breeding centers and grandparents/parents-breeding farms the state support is needed. It is also necessary to develop and implement innovative methods in the field of genomic selection, as well as software and information systems and specialized selection computer programs for processing and analyzing meta-data.

Keywords: chicken crosses, selection in poultry breeding, breeding center, grandparent stock, parent stock, BLUP, SNP, genomic selection

Acknowledgment: the research was carried out within the state assignment of the L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry (theme No. AAAA-A18-118021590129-9).

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

Conflict of interest: the authors stated no conflict of interest.

For citations: Fedorova E. S., Stanishvskaya O. I., Dementyeva N. V. Current state and problems of poultry breeding in Russia (review). *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2020;21(3):217-232. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.3.217-232>

Received: 06.04.2020

Accepted for publication: 18.05.2020

Published online: 23.06.2020

Несмотря на то, что птицеводство является одной из самых быстро развивающихся и наукоемких отраслей сельского хозяйства, в России практически отсутствует собственная племенная база как в яичных, так и в мясных промышленных кроссах кур. Большая часть отечественных кроссов кур, занимавших лидирующие позиции в российском птицеводстве, в настоящее время или находятся в крайне малочисленном количестве («Смена» – по мясной птице и «Родонит» – по яичной), или утрачены («Барос-123», «Конкурент 3», «Сибиряк», «СК Русь 4», «СК Русь 6», «УК Кубань 123», «УК Кубань 456», «Прогресс», «Птичное», «Маркс 23», «Омский белый аутоксексный» и т. д.) [1, 2, 3]. Практически прекратили свою деятельность (подавляющее большинство изменили форму собственности, перейдя в частные руки) государственные племенные птицеводческие предприятия, поскольку не все птицеводческие предприятия смогли «выжить» в условиях экономического кризиса, не получая достаточной поддержки со стороны государства в условиях жесткой конкуренции на фоне демпинговой политики зарубежных селекционно-генетических компаний [3, 4]. Развал производственных систем племенных хозяйств на зарубежную селекцию. Предприятия, которые бы занимались селекционной

работой в исходных линиях и прапроародительских формах, в России практически нет (за исключением СГЦ «Смена») [3, 5].

Цель обзора – оценить современное состояние племенного птицеводства в России, проанализировать новейшие тенденции в селекционной работе ведущих мировых селекционно-генетических компаний, предложить пути восстановления отечественного племенного птицеводства и обеспечения продовольственной независимости страны.

Материал и методы. Материалами для обзора послужили опубликованные научные статьи в области селекции и генетики промышленных линий кур отечественных и зарубежных авторов, технические рекомендации по содержанию птицы ведущих селекционно-генетических компаний мира, нормативно-правовые документы и акты Российской Федерации. Поиск литературы проводился в базах данных e-Library, Science Direct и др., на сайтах специализированных журналов (например, *World's Poultry Science Journal*). Глубина поиска составила 10 лет.

Основная часть. На территории Российской Федерации рынок мясных кроссов делят две ведущие транснациональные компании "Aviagen Group" и "Cobb-Vantress", которые поставляют племенной материал в виде инкубационного яйца родительских и секси-

рованных суточных цыплят прародительских форм, практически в полном объеме обеспечивая потребности рынка, а также полностью осуществляют технологическое сопровождение своих кроссов¹.

Племенная база бройлерного птицеводства России представлена 4 репродукторами первого порядка, которые работают с импортным генетическим материалом. Что касается яичной птицы, то в России функционирует репродуктор первого порядка – АО ППЗ «Свердловский», который в 2017 г. из государственной собственности перешел в частную и стал частью «EW Group GmbH», а также СГЦ ООО «ППР «Свердловский», являющийся российско-голландским предприятием (совместно с «Isa Hendrix Genetics»), – селекционно-генетический центр (СГЦ) по разведению кросса «Hisex Brown» и репродуктор первого и второго порядка по разведению кросса «Decalb White». Яичных кроссов отечественной селекции в России фактически не осталось; птица исходных линий представлена большей частью импортными кроссами. Репродукторы второго порядка также практически полностью комплектуются птицей зарубежной селекции [6, 7].

В мировом птицеводстве ситуация аналогичная: сохранились только две значительные племенные компании по мясной птице – «Aviagen Group» (с брендами Ross, Hubbard, Arbor Acres, Indian River и Peterson) и «Cobb-Vantress» (с брендами Cobb, Avian, Sasso и Hybro). Что касается яичных кур промышленных кроссов, то это компании «Lohmann Tierzucht GmbH», «Hendrix Genetics» (с брендами Isa, Hisex, Decalb) и «Hy-Line International» [4, 8]. Селекционно-генетические центры объединились в транснациональные холдинги, занимающиеся мультивидовым разведением сельскохозяйственных животных, что позволяет не зависеть от конъюнктуры рынка в отрасли, создавать повсеместно дочерние предприятия, занимая все большую долю мирового рынка. Масштаб холдингов удешевляет генетические исследования, поскольку уровень накопленных знаний компании в генетике применим ко всем видам животных, что расширяет область применения и облегчает использование общей научной инфраструктуры, при этом в научную работу

вовлекается опыт и генетический материал всех поглощенных компаний [8]. Обратная сторона консолидации селекционно-генетических центров в мировом масштабе – снижение генетического разнообразия (на 60 %) и высокий уровень инбридинга в промышленных линиях кур (до 15-20 %) [9]. В данных условиях существует реальная биологическая опасность для сохранения этих линий из-за потенциальной восприимчивости «монокультур» к новым заболеваниям, что может уничтожить или же сильно навредить генетически однородной популяции.

Как уже было сказано, до приватизации государственных племенных заводов существовала система племенных и промышленных хозяйств РФ. Принцип организации такого кластера является универсальным как для отечественного птицеводства, так и для зарубежных компаний. Племенную работу с птицей возглавляли племенные заводы в тесном сотрудничестве с научно-исследовательскими институтами. В задачу селекционных центров входило: создание новых и совершенствование существующих линий и кроссов птицы; разработка новых и совершенствование существующих методов селекции для выявления генетического потенциала птицы по основным хозяйственно полезным признакам; сохранение генофонда промышленных линий и пород птицы с целью его использования для создания новых высокопродуктивных линий и кроссов; координация и научно-методическое руководство исследованиями в области селекции и генетики птицы; научно-методическое руководство племенной работой в племенных заводах и племенных репродукторах (за рубежом СГЦ являются частью крупных транснациональных холдингов). Головные предприятия системы заключали с хозяйствами договоры на обеспечение племенной продукцией, функции племенных и промышленных хозяйств были четко разграничены и взаимосвязаны [3, 10].

Племенные репродукторы первого порядка работают с прародительскими стадами кроссов. Сексированный линейный молодняк (петушков для отцовских и курочек для материнских линий) для этих стад племенных репродукторы получают с племенных заводов (или зарубежных фирм). Репродукторы I порядка также могут входить в состав племенных заводов.

¹Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию. Т. 2. Породы животных (официальное издание). М., 2019. 204 с.

Режим доступа: https://gossortrf.ru/wp-content/uploads/2019/07/REESTR_SKOT_2019-3.pdf

Основные задачи репродукторов I порядка – производство племенной продукции (суточного молодняка или инкубационного яйца) для получения родительских форм гибридов и обеспечение ими репродукторов второго порядка, которые работают с родительскими стадами кроссов. Это могут быть как специализированные хозяйства-репродукторы второго порядка, так и родительские стада птицефабрик.

На контрольно-испытательных станциях (КИС) проводили испытания межлинейных гибридов, родительских форм и отдельных линий птицы по комплексу хозяйственно полезных признаков, после которых специали-

сты давали заключение о целесообразности дальнейшей селекционно-племенной работы с кроссом или рекомендовали его для широкого промышленного использования.

Современное промышленное птицеводство основано на получении гибридной птицы (кроссов) путем скрещивания специализированных сочетающихся линий. Кроссы могут быть 2-х, 3-х и 4-линейными, в зависимости от числа линий, используемых в скрещиваниях для получения финального гибрида (бройлера, промышленной несушки) [3]. Общая схема получения четырехлинейных кроссов птицы (как яичных, так и мясных) представлена на рисунке.

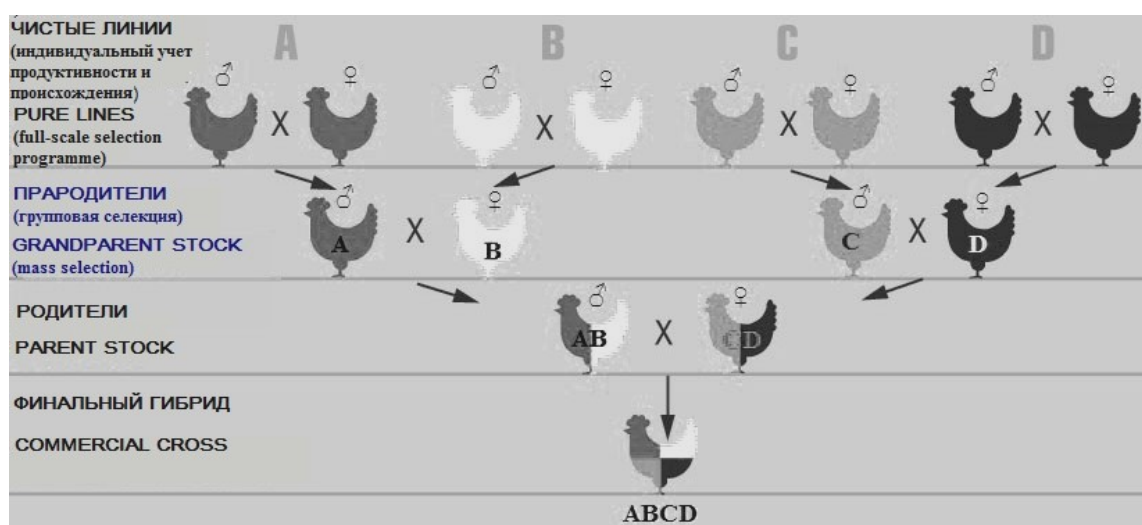


Рис. Схема получения 4-линейного промышленного кросса кур /
Fig. The scheme for obtaining a 4-linear commercial cross of chickens

В яичных промышленных кроссах отцовская и материнская родительские формы, а также финальный гибрид, как правило, аутосексны по скорости оперяемости крыла (ген K, k^+) или по цвету пуха суточных цыплят (ген S, s^+)^{2,3,4}. В состав кросса входит:

1. Селекционное стадо, включающее птицу гнездового и группового спаривания, а также испытатель. Это птица чистых (исходных) линий, подвергающаяся полномасштабной селекции. Поскольку любая селекционно-генетическая фирма за рубежом имеет свою линейку кроссов, она содержит как минимум 10 исходных линий. Разрыв между чистыми

линиями и финальным гибридом составляет 4 поколения.

2. Множитель исходных линий. Используется для увеличения количества птицы чистых линий, необходимой для получения прародительских стад, подвергается лишь лимитированной (обычно массовой) селекции. Множитель чистых линий, как и сами линии, условно можно назвать «закрытыми», поскольку они находятся в ведении исключительно той корпорации, которая их создавала, являясь своего рода «ноу-хау», и не реализуются в другие птицеводческие хозяйства.

² Aviagen. Feather sexing day-old chicks in the hatchery. [Электронный ресурс].

URL: http://en.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Resources_Tools/Hatchery_How_Tos/011-How-to-11-FeatherSexDayOldChicks-EN-17.pdf (дата обращения: 03.04.2020).

³ Руководство по инкубации яиц Ломанн Тирцухт. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://docplayer.ru/66688272-Rukovodstvo-po-tehnologii-inkubacii-yaic-lomann-tircuht.html> (дата обращения: 03.04.2020).

⁴ Ralph G., Somes Jr. International Registry of Poultry Genetic Stocks. 1988. 113 p.

URL: <https://opencommons.uconn.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1028&context=saes>

3. Прародительское стадо. В случае 4-линейного (ABCD) кросса это поколение является первой генерацией межлинейного скрещивания петухов линии А с курами линии В и петухов линии С с курами линии D, составляющими прародительское стадо.

4. Родительское стадо. Это вторая генерация межлинейного скрещивания между гибридными петухами АВ и курами CD.

5. Финальный гибрид (ABCD).

Яичное птицеводство. Селекционеры в яичном птицеводстве сегодня должны вести отбор или, по крайней мере, контролировать более 28 показателей: возраст полового созревания, возраст достижения 50 % яйценоскости, яйценоскость на начальную/среднюю/конечную несушку, уровень кладки в разные возрастные периоды, выводимость яиц, сохранность поголовья в период выращивания и кладки, массу яйца, живую массу,

конверсию корма, цвет и прочность скорлупы, высоту белка, содержание сухого вещества и липидов в яйце, наличие кровяных и мясных включений, этологические показатели, характеристики, влияющие на продуктивность родителей и т. д. [11]. Яичная продуктивность на начальную несушку продолжает оставаться наиболее важным селекционным показателем. Тем не менее, акцент селекции сместился от отбора по возрасту достижения пика кладки до отбора по продолжительности ее плато. Поскольку стадо несушек сохраняет высокий уровень кладки более длительное время, это позволяет продлить продуктивный период, откладывая линьку птицы (целевые показатели на ближайшую перспективу – 500 штук яиц от несушки за 100 недель жизни) [11, 12, 13]. Современный уровень продуктивности птицы яичных кроссов представлен в таблице 1.

Таблица 1 – Данные продуктивности коричневоскорлупных (Lohmann Brown Classic⁵, Hy-Line Brown⁶, Hisex Brown⁷) и белоскорлупных (Lohmann LSL White Classic⁸, Hisex White⁹, Hy-Line W-36¹⁰) яичных кроссов при клеточной системе содержания /

Table 1 – Production data for brown (Lohmann Brown Classic⁵, Hy-Line Brown⁶, Hisex Brown⁷) and white (Lohmann LSL White Classic⁸, Hisex White⁹, Hy-Line W-36¹⁰) laying crosses at cage housing system

Показатель / Characteristic	Кроссы / Crosses	
	коричневые / brown	белые / white
Возраст достижения 50 % кладки, дни / Age at 50 % of production, days	140-150	140-150
Пик кладки, % / Peak of production, %	93-96	94-96
Яиц на начальную несушку, шт. / Eggs per hen housed, pcs	428-433	407-418
Яйцемасса на начальную несушку за 17 недель кладки, кг / Egg mass per hen housed in 17 weeks of production, kg	25,6-28,5	25,09-26,5
Средняя масса яйца, г / Average egg weight, g	62,7-66,0	62,2-64,5
Прочность скорлупы, Н / Shell breaking strength, Newton	> 40	> 40
Потребление корма с 1 по 20 неделю жизни, кг / Feed consumption 1st-20th weeks age, kg	7,4-8,0	7,0-7,5
Потребление корма в период кладки, г/гол/сут / Feed consumption during production, g/day	105-120	98-115
Конверсия корма, кг/кг яйцемассы / Feed conversion, kg/kg egg mass	1,98-2,17	1,83-2,0
Живая масса в возрасте 20 недель жизни, кг / Body weight at 20 weeks age, kg	1,48-1,70	1,23-1,40
Живая масса в конце продуктивного периода, кг / Body weight at the end of production, kg	1,9-2,2	1,6-1,9
Сохранность в период выращивания, % / Liveability rearing, %	97-98	97-98
Сохранность взрослого поголовья, % / Livability laying period, %	92-94	93-95

⁵Lohmann Tierzucht. Lohmann Brown-classic. Management guide. 2020. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ltz.de/de-wAssets/docs/management-guides/en/Cage/Brown/LTZ-Management-Guide-LB-Classic-EN.pdf> (дата обращения: 03.04.2020).

⁶Hy-Line International. Руководство по содержанию Hy-Line коричневый. 2018. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://www.hyline.com/filesimages/Hy-Line-Products/Hy-Line-Product-PDFs/Brown/BRN%20COM%20RUS.pdf> (дата обращения: 03.04.2020).

⁷Hendrix Genetics. Hisex Brown product guide. 2020. [Электронный ресурс].

URL: https://www.hisex.com/documents/55/HB_cs_c_pgguide_L7150.pdf (дата обращения: 03.04.2020).

⁸Lohmann Tierzucht Lohmann LSL-classic. Management guide. 2020. [Электронный ресурс]. URL: <https://www.ltz.de/de-wAssets/docs/management-guides/en/Cage/White/LTZ-Management-Guide-LSL-Classic.pdf> (дата обращения: 03.04.2020).

⁹Hendrix Genetics. Hisex White product guide. 2020. [Электронный ресурс].

URL: https://www.hisex.com/documents/58/HW_cs_c_pgguide_L7150.pdf (дата обращения: 03.04.2020).

¹⁰Hy-Line International. Руководство по содержанию Hy-Line W-36. 2020. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://www.hyline.com/filesimages/Hy-Line-Products/Hy-Line-Product-PDFs/W-36/36%20COM%20RUS.pdf> (дата обращения: 06.04.2020).

Принято считать, что экономическая значимость степени резистентности к различным заболеваниям в условиях жестких схем вакцинации сравнительно невелика, тем не менее, сопротивляемость птицы к болезням варьирует от одной фирмы к другой. Вспышка какой-либо специфической болезни может заставить производителей птицеводческой продукции пересмотреть свои предпочтения при выборе кросса. Необходимо отметить, что даже склонность птицы к расклеву является одной из важных проблем при содержании птицы, и различия по этому показателю между кроссами значительно влияют на уровень их продаж [11, 13].

Селекция на устойчивость к болезням затрудняется низкой наследуемостью этого показателя, быстрой эволюцией вирусов в более вирулентные формы, а также селекционно-экономическими рисками. Методы выявления птицы, устойчивой к заболеваниям, также нуждаются в совершенствовании. Идентификация и маркировка специфических генов, отвечающих за резистентность, будет способствовать прогрессу в этой области [14, 15].

Важнейшим признаком отбора, обуславливающим экономическую эффективность, является конверсия корма. Улучшение данного показателя велось за счет увеличения яйцемассы и снижения живой массы кур, отбора на сокращение потребления корма при кормлении *ad libitum* при сохранении высокого уровня продуктивности. Во ВНИИГРЖ был предложен принципиально иной подход к отбору яичной птицы по конверсии корма, предусматривающий оценку птицы племенного ядра в конце продуктивного периода при уровне кладки не ниже 90 % и массе яиц не ниже 64 г на селективно-провокационном фоне (снижение суточной нормы потребления корма на 4-5 % при той же питательности рациона). Для дальнейшего племенного использования отбирали потомство кур, не снизивших показатели продуктивности на «провокационном» кормовом фоне [16].

Новые задачи возникли в связи с использованием яиц для дальнейшей глубокой переработки. Производители жидких яйцепродуктов устанавливают стандарты для прочности вителлиновой мембраны желтка¹¹, процентного содержания сухого вещества, липидов и пр. в жидком яичном продукте [17].

Мясное птицеводство. Селекционная работа с птицей в СГЦ осуществляется в соответствии с дифференциацией ее на отцовские и материнские формы. Основными признаками отбора в линиях отцовской формы породы корниш являются: скорость роста молодняка, мясные формы телосложения, конверсия корма, оплодотворенность яиц, сохранность, скорость оперяемости, белая или желтая кожа, а также яйценоскость, возраст достижения половой зрелости, масса яиц, их инкубационные качества [11, 13, 16, 18]. К основным селекционируемым признакам линий материнской формы (порода плимутрок) относятся: яйценоскость, конверсия корма, выход инкубационных яиц, инкубационные качества яиц, скорость роста молодняка, сохранность. Масса грудной мышцы, качество мяса, конверсия корма, выход цыплят на несушку родительского стада, убойный выход, качество и состав тушки (снижение доли абдоминального жира) являются основными характеристиками в многофакторной селекции всех линий¹². Дополнительными признаками отбора являются: скорость оперяемости, живая масса взрослых кур, масса яиц, возраст достижения половой зрелости, крепость костяка и др. [11, 13, 18]. В настоящее время в программы селекции мясных кур включают порядка 35 признаков.

Современный уровень продуктивности птицы мясных кроссов представлен в таблице 2.

Наиболее практичной стратегией для чистопородного линейного разведения мясной птицы является «отбор по коммерческому весу», в котором используется отбор по весу, соответствующему запросам рынка [11, 13]. Селекция на выход грудных мышц включает в себя прямое измерение размера грудной мышцы сибсов птицы племенного поголовья, а также оценку хозяйственно полезных признаков в процессе племенной работы. Кроме того, развитие и использование неинвазивных методов (ультразвуковой технологии, МРТ, рентгена) обеспечивает точный анализ мясных характеристик, проводимый на живой птице, а также позволяет выявлять наличие берцовой дисхондроплазии в племенном поголовье и, таким образом, вести селекцию на повышение крепости костяка [18].

¹¹Van Sambeek F. New production standards show improvement in egg quality. Hendrix Genetics. 2019. [Электронный ресурс]. URL: <https://layinghens.hendrix-genetics.com/en/articles/new-production-standards-show-improvement-egg-quality/> (дата обращения: 03.04.2020).

¹²Aviagen. Научные исследования и развитие Aviagen – технология и методика. 2020. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <http://ru.aviagen.com/about-us/research-development/> (Дата обращения: 06.04.2020).

Таблица 2 – Показатели продуктивности бройлеров при выращивании без разделения по полу (Ross 308¹³, Arbor Acres¹⁴, Cobb 50015¹⁵) /

Table 2 – As-hatched performance of broilers (Ross 308¹³, Arbor Acres¹⁴, Cobb 50015¹⁵)

Показатель / Characteristic	Значение / Value
Живая масса в возрасте 35 дней, кг / Body weight at 35 days, kg	2,226-2,273
Среднесуточный прирост, г / Daily gain, g	62,4-63,7
Потребление корма, кг / Feed consumption, kg	3,29-3,40
Конверсия корма, кг/кг / Feed conversion, kg/kg	1,473-1,495
Убойный выход, % / Eviscerated carcass, %	72,47-73,56
Выход грудного филе, % / Breast meat, %	23,33-24,49
Выход окорочков, % / Whole thigh/drumstick, %	22,98-23,22

Селекционно-генетические компании оценивают производимые кроссы в различных условиях содержания для выявления их генетического потенциала продуктивности и адаптационных способностей с целью сделать их универсальными для различных рынков.

Оценка племенной ценности птицы. При усовершенствовании существующих и создании новых кроссов кур для получения максимального эффекта селекции за поколение отбора важное значение имеет точная оценка племенной ценности особей, которые используются для воспроизводства.

Ожидаемая селекционная ценность особи, отобранная по фенотипу, была эффективной в реализации программы отбора и достижении генетического улучшения на протяжении десятилетий [19]. Но данный метод имел ряд ограничений. Необходимость точно и своевременно регистрировать фенотипы у кандидатов и/или их близких родственников, высокая стоимость сбора и обработки данных, необходимость учета большого количества хозяйственно полезных признаков на протяжении длительного периода времени затрудняет генетический прогресс на поколение отбора. Оценка наследуемости признака имеет решающее значение при выборе метода отбора. При долгосрочном отборе аддитивные генетические вариации продолжают уменьшаться в течение нескольких поколений, что приводит к снижению показателей наследуемости и генетического эффекта в каждом поколении.

Это обуславливает необходимость разработки более тонкого инструмента для более точной оценки генетической изменчивости признаков и племенной ценности индивида [11, 13].

В птицеводстве существует два основных способа селекции [11, 13]:

Семейная – каждая особь отбирается по генотипу и фенотипу с учетом происхождения.

Массовая – отбор происходит только по фенотипу, т. е. по количеству субъективных характеристик птицы.

В классической селекции различают три метода отбора, которые зависят от того, как проводится оценка:

– Способ тандемной селекции – поочередно доводится до нужного уровня один признак, например, яйценоскость. Далее работа ведется на совершенствование массы яиц, пигментации скорлупы и пр. Это очень перспективный метод, но для его реализации требуется много времени.

– Способ независимых уровней браковки – чаще всего применяемый метод, при котором к каждому признаку предъявляются минимально допустимые требования.

– Способ оценки по индексу – особь оценивается по ряду определенных признаков, имеющих различные весовые коэффициенты, которые в итоге выражаются одной величиной. Количество признаков, включенных в селекционные программы при работе с птицей, постоянно увеличивается, но не по всем признакам селекция ведется одинаковыми методами.

¹³ Aviagen. Ross 308. 2019. [Электронный ресурс]. URL: http://ru.aviagen.com/assets/Tech_Center/Ross_Broiler/Ross308-308FF-BroilerPO2019-EN.pdf (дата обращения: 03.04.2020).

¹⁴ Aviagen. Arbor Acres Plus. 2019. [Электронный ресурс]. URL: http://ru.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_TechDocs/AASF-AAFF-BroilerPO2019-RU.pdf (дата обращения: 03.04.2020).

¹⁵ Cobb-Vantress. Cobb 500. 2018. [Электронный ресурс]. URL: https://914e5772-594f-4480-9e9e-821643e188cc.filesusr.com/ugd/bb017a_34aacee708b44d5aa8c5191a4f0a44b8.pdf (дата обращения: 03.04.2020).

Селекция по одной группе признаков может проводиться с помощью совокупного индекса, основанного на генетических значениях, тогда как по другой – по независимым уровням отбора, основанным на генетических или фенотипических значениях (предпочтительна для признаков, приближающихся к биологическому пределу, например, оплодотворяемость и выводимость и сложных признаков, например, сохранность).

В основе разработки статистических моделей для анализа селекционных данных лежат следующие принципы [11]:

1. В программах разведения используются большие популяции, которые размещены в относительно одинаковых условиях окружающей среды (жесткий контроль зоогигиенических и технологических параметров содержания кросса, его кормления, схем вакцинации).

2. Птица разделена на возрастные группы.

3. Схемы разведения птицы характеризуются иерархической гнездовой структурой: за петухом закрепляют 5-12 кур; при этом для дальнейшего воспроизводства из лучших селекционных гнезд оставляют не более чем по 2-3 петуха-сына.

Эти особенности объясняют, по крайней мере частично, успех методов классической генетики, основанной на селекционных индексах и оценке генетических параметров методом Хендерсона и т. д. Каждый метод имеет свои преимущества и недостатки. Теория отбора по селекционным индексам, например, не учитывает изменения в аддитивной генетической дисперсии из-за отбора, инбридинга и индивидуального закрепления производителей. Массив данных быстро становится громоздким, поскольку коэффициенты индекса должны пересчитываться каждый раз, когда изменяется объем информации о кандидате. Это подтолкнуло генетиков ограничить информацию близкими родственниками (например, родителями, полными сибсами, полусибсами), в то время как информация от более отдаленных родственников игнорируется. Была предложена модель бесконечно малых величин, представляющая собой модель с большим (строго говоря, бесконечным) числом независимых локусов, каждый из которых оказывает сравнительно небольшое влияние на интересующий признак [11]. Эта модель продолжает доминировать в мире количественной генетики, поскольку поддается мате-

матической проверке. Учеными ВНИИГРЖ на базе 3 российских племзаводов успешно применялся отбор петухов в гнезда по частотам распределения потомков [20].

Выводы об эффективности селекции могут основываться на различных методах. Некоторые из них требуют использования контрольных линий, чтобы со временем отделить генетические изменения от негенетических. На практике же большинство коммерческих фирм отказались от использования контрольных линий и поддерживают ограниченные, но активные тестовые программы для измерения эффективности своей программы, сравнивают свои кроссы с кроссами конкурентов, ищут варианты создания новых кроссов [11].

Любая система селекции основывается на оценке племенной ценности потенциальных родителей. Ее цель – получить, по-возможности, наиболее точный прогноз генетической ценности особи и продуктивных качеств ее потомков. Этим условиям наиболее полно отвечает методология BLUP – наилучшего линейного несмещенного прогноза (Best Linear Unbiased Prediction), разработанная еще в 1973 г. Henderson, которая позволяет учитывать родственные связи между животными, в том числе уровень инбридинга, отличия условий содержания, генетические группы, уровни выращивания и другие показатели, а также уменьшение генетической дисперсии из-за дрейфа генов и эффекта Балмера (сокращение генетического разнообразия вследствие селекции) [21]. В методе BLUP выделяется ряд моделей, важнейшими из которых являются отцовская, или Sire Model (оценивается племенная ценность отцов, имеющих потомство известной продуктивности), и личная модель животного, или Animal Model (оценивается племенная ценность животного по его собственной продуктивности, либо продуктивности родственников). Модели BLUP дифференцированы также в зависимости от того, оценивается племенная ценность по каждому признаку отдельно или по нескольким признакам одновременно. Для применения метода BLUP принципиальным является наличие безошибочной документации о происхождении животных и данных их собственной продуктивности и продуктивности родственников.

Когда расчет с использованием BLUP основан только на родословных и фенотипических признаках, генетические ковариации между родственниками вычисляются при

условии наличия родословных отношений. Они используются в BLUP для оптимального объединения информации от всех родственников для получения генетической оценки каждого кандидата. Когда генетические ковариации, в дополнение к информации о родословной, рассчитываются с учетом информации о генетических маркерах, точность оценки значительно повышается. Данные маркеров наиболее полезны для генетической оценки признаков с низкой наследуемостью, поскольку низкая наследуемость предполагает неаддитивное действие гена, а метод BLUP сложно реализовать для неаддитивных признаков, особенно при наличии инбридинга [11, 13]. Применение метода GBLUP (линейного непредвзятого прогнозирования на основе генома), позволяющего интегрировать данные однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) в «традиционные» BLUP-методы, основанные на использовании гено- и фенотипических индексов (репродукционных, производственных и т. д.), решает эту проблему. Оценка GBLUP, используя информацию прогноза, предлагает достаточно быстрый способ в селекционных процессах повысить избирательное давление на идентифицированные каким-либо способом геномные регионы с ещё большим влиянием на интересующие селекционера черты [22]. Таким образом, маркерная селекция не отрицает традиционных подходов к определению племенной ценности. Статистический анализ и технологии геномной селекции взаимно дополняют друг друга. Использование генетических маркеров позволяет ускорить процесс отбора животных, а индексные методы – точнее оценить эффективность этого отбора.

Геномные и постгеномные технологии в птицеводстве. Птицеводство до недавнего времени основывалось, главным образом, на том, что можно было наблюдать или измерять на фенотипическом уровне: учет количества снесенных яиц, массы тела и конверсии корма. К сожалению, на данные количественные характеристики также влияет большое число различных паратипических факторов, что может значительно снизить генетический прогресс за счет того, что уровень реализации генетического потенциала птицы по хозяйст-

венно полезным признакам зависит от условий окружающей среды.

Использование маркерной селекции значительно повышает точность информации о племенной ценности и особенно эффективно для показателей, которые имеют низкий коэффициент наследуемости, трудноизмеримы (например, устойчивость к стрессам, заболеваниям, качество мяса), или которые отсутствуют у определенного пола (например, яичная продуктивность у петухов). Данные технологии позволяют проводить отбор у суточных цыплят, не дожидаясь оценки по продуктивности. Так, раннее тестирование и отбор петушков являются экономически эффективным приёмом в селекции, что приводит к снижению интервала в поколениях отбора, в отличие от тех случаев, когда селекционер вынужден полностью полагаться на родословную для получения информации от родственников для принятия селекционных решений. Этот процесс может быть неточным, дорогостоящим и длительным [11].

Для некоторых хозяйственно полезных признаков, таких как яичная продуктивность материнских линий бройлеров, финансовые затраты значительно лимитируют численность оцениваемого поголовья. Однако в таких случаях многоступенчатый отбор может увеличить селекционный дифференциал в сочетании с молекулярной генетикой. Например, включение в селекционные программы методов геномной селекции позволило генетикам фирмы «Lohmann Tierzucht GmbH» повысить устойчивость яйцекладки на 25 %, прочности скорлупы – на 25 %, конверсию корма – на 20 %, показатели качества яиц – на 5 % и сохранность – на 15 %¹⁶. IT-технологии позволяют хранить и обрабатывать накопленные за много поколений огромные массивы данных, на основании которых генетики отслеживают закономерности и точнее предсказывают параметры получаемых гибридов на основе данных родителей. Компьютерная программа Flexi-breed компании «Isa» обрабатывает в режиме реального времени 165 млн параметров от 2,7 млн особей за 15 поколений и позволяет точно прогнозировать продуктивность будущих потомков производителя по результатам анализа ДНК родителей [8].

¹⁶Mischke N., Preisinger R. Как обеспечить достижение биологического «потолка» высокопродуктивной несушки. Междунар. проф. Форум: Технологии повышения эффективности в птицеводстве. 2017. 44 с. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <http://animal-profi.ru/upload/iblock/685/685b352f3da13a532057991b3486e781.pdf> (дата обращения: 03.04.2020).

Большинство показателей продуктивности имеют полигенную природу и определяются при взаимодействии с окружающей средой. В последнее время с разработкой и применением высокопроизводительных методов генотипирования появилась возможность изучения ассоциаций участков генома с селекционируемыми признаками. Известно несколько методов обнаружения связей: первый – с использованием маркеров, случайно распределенных в геноме (микросателлитах), которые позволили идентифицировать локусы количественных признаков (QTL) для некоторых экономически важных признаков [23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30]; второй основан на идентификации SNP в функциональных и позиционных генах-кандидатах и проверке их ассоциации в областях QTL [31, 32, 33, 34, 35, 36, 37]. С появлением методов полногеномного секвенирования (NGS) исследования ассоциаций между геномными вариантами и фенотипическими признаками (GWAS) вышли на новый уровень. Появилась возможность разработки и использования чипов (матриц), где сканирование генома происходит от десятков до сотен тысяч SNP для геномной оценки племенной ценности животного.

Двумя крупнейшими и наиболее конкурентоспособными платформами генотипирования чипов SNP являются Illumina (<http://www.illumina.com>) и Affymetrix (www.affymetrix.com) [11]. В настоящее время большинство коммерчески выпускаемых массивов SNP для домашних животных (собака, крупный рогатый скот, лошадь, свинья и овца) создаются с использованием платформы Bead-Array с технологией Illumina iSelect Infinium. Компания «Aviagen» начала разрабатывать первую панель SNP для курицы; плотность чипа увеличилась с 6 K до 12 K, 42 K и, в конечном итоге, до 600 K SNP [13]. Кастомный чип SNP Chicken 60 K (Illumina Inc., Сан-Диего, Калифорния) был разработан при финансовой поддержке двух племенных компаний («Cobb-Vantress» и «Hendrix Genetics»). Были введены жесткие ограничения на возможность его использования (только в исследовательских целях). Второй чип SNP (42 K SNP, Illumina Inc.) был впоследствии полностью разработан за счет частных средств («EW Group», состоящей из «Aviagen», «Hy-Line International» и «Lohmann Tierzucht»);

полученные данные также находятся в ограниченном доступе.

Открытие новых технологий полногеномного генотипирования позволило поднять селекцию в птицеводстве на более высокий уровень. Появилась возможность поиска геномных ассоциаций с различными фенотипическими признаками [22, 38]. С помощью новых технологий были обнаружены неизвестные ранее области QTL и уточнены данные о ранее опубликованных локусах [39, 40, 41]. SNP-генотипирование с использованием микрочипа Illumina Chicken 60K SNP iSelect BeadChip (Illumina, США), наряду с полногеномным секвенированием, используется для поиска геномных ассоциаций с признаками, связанными с иммунитетом птицы, и важными для производства фенотипическими характеристиками, такими, например, как качественные характеристики яйца и мяса птицы [42, 43].

Изучение генетических маркеров, основанных на Indel полиморфизме (удалениях или вставках участков генома) является очень важной задачей. Такого типа полиморфизмы могут кардинальным образом менять функцию гена (например, делеция, приводящая к курчавости перьев) [44].

Геномные технологии используют для анализа большую базу известных генотипов, которая постоянно пополняется. Многочисленные исследования показывают, что SNP могут эффективно использоваться в качестве генетических маркеров многих селекционируемых у кур признаков, таких как живая масса, яйценоскость, толщина скорлупы, величина грудной мышцы, скорость роста и т. д. Сканирование генома происходит с использованием чипов (матриц) с 50-60 тысячами SNP (которые маркируют основные гены количественных признаков) для определения генотипов с желательным проявлением совокупности продуктивных признаков и оценки племенной ценности животного. Для различных целей геномной селекции используются чипы разной плотности: низкой и средней – для генетической идентификации популяций, а чипы высокой плотности – для поиска геномных ассоциаций с интересующими селекционеров признаками. Для нахождения SNP в геномах кур-кандидатов для отбора используется программное обеспечение, созданное разра-

ботчиками SNP-чипов – GenomeStudio для Illumina и AxiomAnalysisSuite для Affymetrix. Дополнительные этапы контроля качества, такие как проверка несоответствий между родителями и потомками, тестирование на неожиданное изменение частот аллелей между поколениями, могут быть выполнены с помощью общедоступного программного обеспечения, например, PLINK [11].

Второе преимущество молекулярной генетики – интрогрессия (приобретение генов другого вида при межвидовой гибридизации). Примером успешного применения этого метода является ген голой шеи, желательный для птицеводства в условиях жаркого климата. Но необходимо отметить, что некоторые потребители за рубежом требуют от коммерческих птицефабрик предоставить информацию о том, что данная птица не является генетически модифицированным организмом (ГМО). Это значительно снижает интерес производителей использовать методы трансгенеза [11]. Использование маркерной селекции для программ интрогрессии или повторяющегося отбора отклоняет часть селекционного нажима от черт, имеющих экономическое значение. Таким образом, при интрогрессии польза от гена-мишени должна быть больше, чем та, которую можно достичь путем регулярного классического отбора в течение того же периода времени. С другой стороны, программы отбора, проводимые методами классической селекции, могут быть улучшены путем увеличения числа протестированных особей и/или эффективного размера популяции, что позволит либо увеличить интенсивность отбора, либо снизить скорость инбридинга, увеличивая, тем самым, как краткосрочный, так и долгосрочный эффекты селекции.

Необходимо учитывать, что оптимальный долгосрочный эффект селекции достигается путем минимизации потерь благоприятных аллелей, которые возникают в результате случайного генетического дрейфа и связанной с этим инбредной депрессией, при одновременной максимизации частоты желательных аллелей. С одной стороны, отбор увеличивает частоту благоприятных аллелей и противодействует потере аллелей в результате дрейфа генов. С другой стороны, увеличение интенсивности отбора также уменьшает эффективный размер популяции, что увеличивает ско-

рость потери благоприятных аллелей. Точно так же программы отбора, которые повышают его точность, такие как BLUP, уменьшают эффективный размер популяции, поскольку обычно выбираются родственники [13]. Таким образом, программы отбора, которые оптимизируют краткосрочные и долгосрочные эффекты, обычно не совпадают. Сохранение генетической изменчивости имеет важное значение для поиска генов, которые могут иметь весимость в будущем для борьбы с новым заболеванием или для решения новой задачи отбора, или просто для восстановления аллелей, потерянных в процессе отбора. Молекулярно-генетические инструменты могут помочь сохранить это разнообразие. Кроме того, полезные аллели, потерянные в процессе селекции, можно обнаружить в популяциях генофондных пород кур.

Полиморфизм инсерций-делеций является одним из важнейших факторов эволюции генома. Замечено, что большинство Indel полиморфизмов не равномерно распределены по геному и чаще встречаются в локусах, содержащих tandemные повторы [45]. Повышенная частота Indel полиморфизмов сопровождается повышенной частотой SNP мутаций.

Решающим фактором в вопросе интеграции классических и новых генетических подходов к проблемам является экономика. Селекционеры и производители будут использовать любой подход, который увеличивает их общую прибыльность. Рентабельность определяется разницей в доходах от продаж за вычетом затрат на разработку. Объем продаж в основном определяется генетическим превосходством кроссов.

Основными недостатками использования методов молекулярной генетики в настоящее время являются стоимость и скорость анализа. Исходя из экономических соображений, в настоящее время маркеры могут быть определены только для тех животных, которые находятся в элитном племенном ядре. Затраты являются большой проблемой при комбинированном отборе, потому что молекулярная информация является дополнением, а не заменой фенотипической информации, и в этом случае соотношение цена-выгода может привести к тому, что маркерная селекция окажется не более эффективной, чем простой фенотипический

отбор. Использование методов геномной селекции имеет следующие ограничения:

- Необходимость достижения стабильной точности геномного прогноза – установления связи между SNP и продуктивностью для референтной популяции, что связано со значительными затратами.

- Геномные прогнозы вне референтной популяции будут точны только в том случае, если оцениваемое племенное поголовье близкородственно поголовью референтной популяции.

- SNP-связи являются специфичными для породы и линии. Поэтому невозможно перенести формулу прогноза с одной линии на другую. Также крайне необходимо иметь точную статистику продуктивности для очень большого количества животных. Таким образом, геномная селекция в птицеводстве – это прикладное направление и разрабатывается на конкретное стадо под конкретные цели как метод достижения результата с большей скоростью для признаков с низкой наследуемостью.

Также существует мнение, что большие GWAS просто собирают большинство вариантов ДНК, которые влияют на регуляцию генов, и которые оказываются активными в широких функциях клеток, имеющих отношение к изучаемому признаку. Поскольку периферийные гены по количеству значительно превосходят основные гены, большая часть общего генетического вклада в развитие какого-либо признака, например, устойчивости к заболеваниям, происходит от периферических генов, которые не играют в этом прямой роли [46]. Ключевые гены можно рассматривать как гены, которые имеют самые сильные эффекты или обладают интерпретируемыми механистическими связями с изучаемым признаком. Таким образом, вклад конкретного генетического варианта чаще всего является косвенным, а в реальности все влияет на все [46].

Современное состояние организации племенного птицеводства в России. Так как более 90 % племенной птицы промышленных линий в России импортируется, в целях снижения зависимости от зарубежных поставок и в соответствии с «Доктриной продовольственной безопасности» Минсельхозом РФ была предложена Подпрограмма: «Создание отечественного конкурентоспособного кросса мясных кур в целях получения бройлеров», разработанная в соответствии с направлением реа-

лизации Федеральной научно-технической Программы развития сельского хозяйства на 2017-2025 годы, утвержденной постановлением Правительства Российской Федерации от 25 августа 2017 г. № 996 (Госпрограмма), предусматривающим создание селекционно-генетических центров по птицеводству и внедрение отечественных конкурентоспособных технологий [3].

До 2020 года в России запланировано создание нескольких крупных селекционно-генетических центров. По бройлерному птицеводству – на базе СГЦ «Смена» в Московской области, а по яичной птице – на ППЗ «Свердловский» [5, 47, 48].

Однако данная подпрограмма имеет и ряд существенных недостатков: пока создается материально-техническая и кадровая базы, даже при условии финансирования, к 2025 году целевые показатели подпрограммы по параметрам отечественных кроссов устареют. В мире уже существуют отработанные технологии, основанные, прежде всего, на сочетании геномной селекции с обработкой глобального массива информации и данных с конкретных предприятий по всему миру. Это позволяет отслеживать качественные и производственные параметры кроссов от конкретных экземпляров исходных линий через прародительские и родительские стада до финального гибрида во всех странах, куда их поставляют.

Заключение. В результате анализа современного состояния племенного птицеводства в России, а также новейших тенденций в селекционной работе ведущих мировых селекционно-генетических компаний, можно сделать вывод, что для обеспечения продовольственной независимости страны необходимо создать собственную конкурентоспособную племенную базу, не уступающую западным кроссам по уровню продуктивности, для чего необходимо решить следующие задачи:

- создать собственные селекционно-генетические центры, а также племенные репродукторы I и II порядка;

- разработать и внедрить инновационные методы в области геномной селекции;

- разработать и создать программно-информационные системы и специализированные селекционные компьютерные программы для обработки и анализа метаданных.

References

1. Гальперн И. Л., Синичкин В. В., Станишевская О. И., Бычаев А. Г., Пахомова Т. И., Джолова М. Н., Слепухин В. В., Емашкина И. А., Гуреев А. А. Селекционно-генетические методы и программы выведения новых линий и создания конкурентоспособных кроссов яичных и мясных кур. СПб., 2010. 164 с.
Gal'pern I. L., Sinichkin V. V., Stanishevskaya O. I., Bychaev A. G., Pakhomova T. I., Dzholova M. N., Slepukhin V. V., Emashkina I. A., Gureev A. A. *Selektsionno-geneticheskie metody i programmy vyvedeniya novykh liniy i sozdaniya konkurentosposobnykh krossov yaichnykh i myasnykh kur*. [Selection and genetic methods and programs for breeding new lines and creating competitive crosses of egg- and meat-type chickens]. Sankt-Peterburg, 2010. 164 p.
2. Костиков А. Л., Самбуров Н. В. Кроссы мясных цыплят отечественной и зарубежной селекции. Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. 2014;(5):62-65. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=22499669>
Kostikov A. L., Samburov N. V. *Krossy myasnykh tsyplyat otechestvennoy i zarubezhnoy seleksii*. [Crosses of broiler-type meat chickens of Russian and foreign selection]. *Vestnik Kurskoy gosudarstvennoy sel'skokhozyaystvennoy akademii* = Vestnik of Kursk State Agricultural Academy. 2014;(5):62-65. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=22499669>
3. Мишуров Н. П., Кузьмин В. Н., Голубев И. Г., Маринченко Т. Е., Кузьмина Т. Н., Чавыкин Ю. И., Францкевич В. С. Зарубежный и отечественный опыт разработки и применения мер и инструментов поддержки создания отечественных конкурентоспособных кроссов мясной птицы. Правдинский: ФГБНУ «Росинформагротех», 2018. 72 с. Режим доступа: https://rosinformagrotech.ru/images/pdf/otchet_pticevodstvo_2018.pdf
Mishurov N. P., Kuz'min V. N., Golubev I. G., Marinchenko T. E., Kuz'mina T. N., Chavykin Yu. I., Frantskevich V. S. *Zarubezhnyy i otechestvennyy opyt razrabotki i primeneniya mer i instrumentov podderzhki sozdaniya otechestvennykh konkurentosposobnykh krossov myasnoy ptitsy*. [Foreign and Russian experience in the development and application of measures and tools to support the creation of domestic competitive meat-type poultry crosses]. Pravdinskiy: FGBNU «Rosinformagrotekh», 2018. 72 p. URL: https://rosinformagrotech.ru/images/pdf/otchet_pticevodstvo_2018.pdf
4. Бобылева Г. А. Итоги работы птицеводческой отрасли России и задачи на будущее. Птица и птицепродукты. 2018;(2):4-6. Режим доступа: <http://www.vniipp.ru/images/statya/20182/st2.pdf>
Bobyleva G. A. *Itogi raboty ptitsevodcheskoy otrasli Rossii i zadachi na budushchee*. [The results of the work of the poultry industry in Russia and challenges for the future]. *Ptitsa i ptitseprodukty* = Poultry and Poultry Products. 2018;(2):4-6. (In Russ.). URL: <http://www.vniipp.ru/images/statya/20182/st2.pdf>
5. Буяров А. В., Буяров В. С. Формирование конкурентоспособной базы отечественного племенного птицеводства. Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. 2018;(3):105-111. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=35016573>
Buyarov A. V., Buyarov V. S. *Formirovanie konkurentosposobnoy bazy otechestvennogo plemennogo ptitsevodstva*. [Formation of the competitive base of domestic breeding poultry]. *Vestnik Kurskoy gosudarstvennoy sel'skokhozyaystvennoy akademii* = Vestnik of Kursk State Agricultural Academy. 2018;(3):105-111. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=35016573>
6. Ушаев И. Г. Импортзамещение в АПК России: проблемы и перспективы: монография. М., 2015. С. 212-242.
Ushachev I. G. *Importozameshchenie v APK Rossii: problemy i perspektivy: monografiya*. [Import substitution in the agro-industrial complex of Russia: problems and outlook: monograph]. Moscow, 2015. pp. 212-242.
7. Зыков С. А. Современные тенденции развития птицеводства. Эффективное животноводство. 2019;4(152):51-54. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=39323601>
Zykov S. A. *Sovremennye tendentsii razvitiya ptitsevodstva*. [Current trends in the development of poultry breeding]. *Effektivnoe zhivotnovodstvo*. 2019;4(152):51-54. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=39323601>
8. Hendrix T. Мировая селекция животных: что нового? Zootechnica international. 2019;6:36-39.
Hendrix T. *Mirovaya selektsiya zhivotnykh: chto novogo?* [World animal breeding: what's new?]. Zootechnica international. 2019;6:36-39. (in Russ.).
9. Muir W. M., Wong G. K.-S., Zhang Y., Wang J., Groenen M. A. M., Crooijmans R. P. M. A., Megens H. J., Zhang H., Okimoto R., Vereijken A., Jungerius A., Albers G. A. A., Lawley C. T., Delany M. E., MacEachern S., Cheng H. H. Genome-wide assessment of worldwide chicken SNP genetic diversity indicates significant absence of rare alleles in commercial breeds. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2008;105(45):17312-17317. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0806569105>
10. Фисинин В. И., Ройтер Я. С., Егорова А. В., Коноплева А. П., Тяпугин Е. Е., Шашина Г. В., Ройтер Л. М., Дегтярева Т. Н., Карпенко Л. С., Тюриков В. М., Петрухин О. Н., Щербакова Н. Г. Племенная работа в птицеводстве. Сергиев Посад, 2011. 255 с.
Fisinin V. I., Royter Ya. S., Egorova A. V., Konopleva A. P., Tyapugin E. E., Shashina G. V., Royter L. M., Degtyareva T. N., Karpenko L. S., Tyurikov V. M., Petrukhin O. N., Shcherbakova N. G. *Plemennaya rabota v ptitsevodstve*. [Selection in poultry breeding]. Sergiev Posad, 2011. 255 p.

11. Muir W. M., Aggrey S. E. Poultry genetics, breeding and biotechnology. London, 2003. 715 p. DOI: <https://doi.org/10.1079/9780851996608.0000>
12. Thiruvankadan A. K., Panneerselvam S., Prabakaran R. Layer breeding strategies: an overview. World's Poultry Science Journal. 2010;66(03):477-502. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0043933910000553>
13. Saxena V. K., Kolluri G. Selection Methods in Poultry Breeding: From Genetics to Genomics. Application of Genetics and Genomics in Poultry Science. 2018;Ch.2:19-32. DOI: <https://doi.org/10.5772/intechopen.77966>
14. Looi F., Baker M., Townson T., Richard M., Novak B., Doran T. J., Short K. R. Creating disease resistant chickens: a viable solution to avian influenza? Viruses. 2018;10(10):561. DOI: <https://doi.org/10.3390/v10100561>
15. Berghof T. V. L., Matthijs M. G. R., Arts J. A. J., Bovenhuis H., Dwars R. M., van der Poel J. J., Visker M. H. P. W., Parmentier H. K. Selective breeding for high natural antibody level increases resistance to avian pathogenic Escherichia coli (APEC) in chickens. Developmental and comparative immunology. 2019;93:45-57. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.dci.2018.12.007>
16. Гальперн И. Л., Синичкин В. В., Бычаев А. Г., Станишевская О. И., Федорова Е. С. Ускорение темпов генетического прогресса продуктивных признаков яичных и мясных кур. СПб., 2009. 66 с.
Gal'pern I. L., Sinichkin V. V., Bychaev A. G., Stanishevskaya O. I., Fedorova E. S. *Uskorenie tempov geneticheskogo progressa produktivnykh priznakov yaichnykh i myasnykh kur*. [Acceleration of the rate of genetic progress of productive traits of egg and meat-type chickens]. Sankt-Peterburg, 2009. 66 p.
17. Rossi M., Nys Y., Anton M., Bain M., de Ketelaere B., de Reu K., Dunn I., Gautron J., Hammershøj M., Hidalgo A., Meluzzi A., Mertens K., Nau F., Sirri F. Developments in understanding and assessment of egg and egg product quality over the last century. World's Poultry Science Journal. 2013;69(02):414-429. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0043933913000408>
18. Thiruvankadan A. K., Prabakaran R., Panneerselvam S. Broiler breeding strategies over the decades: an overview. World's Poultry Science Journal. 2011 67(02):309-336. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0043933911000328>
19. Tixier-Boichard M., Leenstra F., Flock D., Hocking P. M., Weigend S. A century of poultry genetics. World's Poultry Science Journal. 2012; 68(02):307-321. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0043933912000360>
20. Дмитриев В. Б., Гальперн И. Л. Новый принцип оценки племенных качеств птицы. Птицеводство. 2003;(4):2-4.
Dmitriev V. B., Gal'pern I. L. *Novyy printsip otsenki plemennykh kachestv ptitsy*. [A new principle for assessing the breeding qualities of poultry]. *Ptitsevodstvo*. 2003;(4):2-4. (In Russ.)
21. Панькова С. Н. Оценка племенной ценности птицы с использованием BLUP. Инновационное обеспечение яичного и мясного птицеводства России: материалы XVIII Междунар. конференции. Сергиев Посад, 2015. С. 77-79.
Pan'kova S. N. *Otsenka plemennoy tsennosti ptitsy s ispol'zovaniem BLUP*. [Evaluation of the effectiveness of chicken selection using the BLUP method]. *Innovatsionnoe obespechenie yaichnogo i myasnogo ptitsevodstva Rossii: materialy XVIII Mezhdunar. konferentsii*. [Innovative provision of egg and meat poultry production in Russia: Proceedings of the XVIIIth International Conference]. Sergiev Posad, 2015. pp. 77-79.
22. Сермягин А. А., Зиновьева Н. А. Перспективы использования оценки племенной ценности в бройлерном птицеводстве России для совершенствования экономически значимых признаков (обзор). Генетика и разведение животных. 2018;(2):20-28. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=35340484>
Sermiyagin A. A., Zinov'eva N. A. *Perspektivy ispol'zovaniya otsenki plemennoy tsennosti v broylernom ptitsevodstve Rossii dlya sovershenstvovaniya ekonomicheski znachimykh priznakov (obzor)*. [Perspectives for using the estimated breeding value in Russian broiler chicken to improve economically important traits]. *Genetika i razvedenie zhivotnykh*. 2018;(2):20-28. (In Russ.). URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=35340484>
23. Van Kaam J. B. C. H. M., van Arendonk J. A. M., Groenen M. A. M., Bovenhuis H., Vereijken A. L. J., Crooijmans R. P. M. A., van der Poel J., Veenendaal A. Whole genome scan for quantitative trait loci affecting body weight in chickens using a three generation design. Livestock Production Science. 1998;54(2):133-150. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(97\)00171-1](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(97)00171-1)
24. Tatsuda K., Fujinaka K. Genetic mapping of the QTL affecting body weight in chickens using a F2 family. British poultry science. 2001;42:333-337. DOI: <https://doi.org/10.1080/00071660120055296>
25. Ikeobi C. O., Woolliams J. A., Morrice D. R., Law A., Windsor D., Burt D. W., Hocking P. M. Quantitative trait loci for meat yield and muscle distribution in a broiler layer cross. Livestock Production Science. 2004;87:143-151. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2003.09.020>
26. Zhou H., Deeb N., Evock-Clover C. M., Ashwell C. M., Lamont S. J. Genome-wide linkage analysis to identify chromosomal regions affecting phenotypic traits in the chicken II. Body Composition. Poultry Science. 2006;85(10):1712-1721. DOI: <https://doi.org/10.1093/ps/85.10.1712>
27. Ambo M., Moura A. S., Ledur M. C., Pinto L. F., Baron E. E., Ruy D. C., Nones K., Campos R. L., Boschiero C., Burt D. W., Coutinho L. L. Quantitative trait loci for performance traits in a broiler x layer cross. Animal Genetics. 2009;40:200-208. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2008.01824.x>

28. Goraga Z. S., Nassar M. K., Brockmann G. A. Quantitative trait loci segregating in crosses between New Hampshire and White Leghorn chicken lines: I. egg production traits. *Animal genetics*. 2012;43(2):183-189. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02233.x>
29. Nassar M. K., Goraga Z. S., Brockmann G. Quantitative trait loci segregating in crosses between New Hampshire and White Leghorn chicken lines: II. Muscle weight and carcass composition. *Animal Genetics*. 2012;43:739-745. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02344.x>
30. Nassar M. K., Goraga Z. S., Brockmann G. Quantitative trait loci segregating in crosses between New Hampshire and White Leghorn chicken lines: III. Fat deposition and intramuscular fat content. *Animal Genetics*. 2013;44:62-68. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02365.x>
31. Shen X., Zeng H., Xie L., He J., Li J., Xie X., Luo C., Xu H., Zhou M., Nie Q., Zhang X. The GTPase activating Rap/RanGAP domain-like 1 gene is associated with chicken reproductive traits. *PLoS One*. 2012;7:e33851. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033851>
32. Boschiero C., Jorge E. C., Ninov K., Nones K., do Rosário M. F., Coutinho L. L., Ledur M. C., Burt D. W., Moura A. S. Association of IGF1 and KDM5A polymorphisms with performance, fatness and carcass traits in chickens. *Journal of applied genetics*. 2013;54:103-112. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13353-012-0129-6>
33. Felício A. M., Boschiero C., Balieiro J. C., Ledur M. C., Ferraz J. B., Moura A. S., Coutinho L. L. Polymorphisms in FGFBP1 and FGFBP2 genes associated with carcass and meat quality traits in chickens. *Genetics and molecular research*. 2013;12:208-222. DOI: <https://doi.org/10.4238/2013.January.24.13>
34. Felício A. M., Boschiero C., Balieiro J. C., Ledur M. C., Ferraz J. B., Michelan Filho T., Moura A. S., Coutinho L. L. Identification and association of polymorphisms in CAPN1 and CAPN3 candidate genes related to performance and meat quality traits in chickens. *Genetics and molecular research*. 2013;12:472-482. DOI: <https://doi.org/10.4238/2013.February.8.12>
35. Sheng Q., Cao D., Zhou Y., Lei Q., Han H., Li F., Lu Y., Wang C. Detection of SNPs in the cathepsin D gene and their association with yolk traits in chickens. *PloS One*. 2013;8(2):e56656. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0056656>
36. Pertille F., Zanella R., Felício A. M., Ledur M. C., Peixoto J. O., Coutinho L. L. Identification of polymorphisms associated with production traits on chicken (*Gallus gallus*) chromosome 4. *Genetics and molecular research*. 2015;14:10717-10728. DOI: <https://doi.org/10.4238/2015.september.9.11>
37. Mitrofanova O.V., Dementeva N.V., Krutikova A.A., Yurchenko O.P., Vakhrameev A.B., Terletskiy V.P. Association of polymorphic variants in MSTN, PRL, and DRD2 genes with intensity of young animal growth in Pushkin breed chickens. *Cytology and Genetics*. 2017;51(3):179-184. DOI: <https://doi.org/10.3103/S0095452717030082>
38. Яковлев А. Ф., Деметьева Н. В. Использование геномных данных в селекции птицы. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017; 21(7): 770-777. DOI: <https://doi.org/10.18699/VJ17.298>
- Yakovlev A. F., Dement'eva N. V. *Ispol'zovanie genomnykh dannykh v seleksii ptitsy*. [Evaluation of the genome data in poultry breeding]. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i seleksii* = Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2017;21(7):770-777. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.18699/VJ17.298>
39. Guo J., Qu L., Dou T. C., Shen M. M., Hu Y. P., Ma M., Wang K. H. Genome-wide association study provides insights into the genetic architecture of bone size and mass in chickens. *Genome*. 2019;63(3):1-29. DOI: <https://doi.org/10.1139/gen-2019-0022>
40. Liu Z., Yang N., Yan Y., Li G., Liu A., Wu G., Sun C. Genome-wide association analysis of egg production performance in chickens across the whole laying period. *BMC Genetics*. 2019;20(1):67. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12863-019-0771-7>
41. Qu L., Shen M., Guo J., Wang X., Dou T., Hu Y., Li Y., Ma M., Wang K., Liu H. Identification of potential genomic regions and candidate genes for egg albumen quality by a genome-wide association study. *Archives Animal Breeding*. 2019;62(1):113-123. DOI: <https://doi.org/10.5194/aab-62-113-2019>
42. Liu Z., Sun C., Yan Y., Li G., Shi F., Wu G., Liu A., Yang N. Genetic variations for egg quality of chickens at late laying period revealed by genome-wide association study. *Scientific reports*. 2018;8(1):10832. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-29162-7>
43. Moreira G. C. M., Boschiero C., Cesar A. S. M., Reecy J. M., Godoy T. F., Pärttilä F., Ledur M. C., Moura A. S. A. M. T., Garrick D. J., Coutinho L. L. Integration of genome wide association studies and whole genome sequencing provides novel insights into fat deposition in chicken. *Scientific Reports*. 2018;8(1):16222. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-34364-0>
44. Dong J., He C., Wang Z., Li Y., Li S., Tao L., Chen J., Li D., Yang F., Li N., Zhang Q., Zhang L., Wang G., Akinyemi F., Meng H., Du B. A novel deletion in KRT75L4 mediates the frizzle trait in a Chinese indigenous chicken. *Genetics selection evolution*. 2018;50(1):68. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0441-7>
45. Williams L. E., Wernegreen J. J. Sequence context of indel mutations and their effect on protein evolution in a bacterial endosymbiont. *Genome Biology and Evolution*. 2013;5:599-605. DOI: <https://doi.org/10.1093/gbe/evt033>

46. Boyle E. A., Li Y. I., Pritchard J. K. An expanded view of complex traits: from polygenic to omnigenic. *Cell*. 2017;169(7):1177-1186. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2017.05.038>

47. Бачкова Р. С. Настоящее и будущее российского племенного птицеводства. *Птицеводство*. 2017;(1):9-16. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=28150452>

Bachkova R. S. *Nastoyashchee i budushchee rossiyskogo plemennogo ptitsevodstva*. [The present and the future of Russian poultry breeding]. *Ptitsevodstvo*. 2017;(1):9-16. (In Russ.). URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=28150452>

48. Зыков С. А. Современные тенденции развития птицеводства. *Эффективное животноводство*. 2019;(4):51-52. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=39323601>

Zykov S. A. *Sovremennyye tendentsii razvitiya ptitsevodstva*. [Current trends in the development of poultry breeding]. *Effektivnoe zhivotnovodstvo*. 2019;(4):51-52. (In Russ.). URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=39323601>

Сведения об авторах

✉ **Федорова Елена Сергеевна**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник отдела генетики, разведения и сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных птиц, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), д. 55а, Московское шоссе, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-1618-6271>, e-mail: Osot2005@yandex.ru

Станишевская Ольга Игоревна, доктор биол. наук, зав. отделом генетики, разведения и сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных птиц, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), д. 55а, Московское шоссе, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-9504-3916>, e-mail: olgastan@list.ru

Дементьева Наталья Викторовна, кандидат биол. наук, зав. лабораторией молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), д. 55а, Московское шоссе, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-0210-9344>, e-mail: dementevan@mail.ru

Information about the authors

✉ **Elena S. Fedorova**, PhD in Biology, senior researcher, the Department of Genetics, Breeding and Conservation of Genetic Resources of Poultry, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Moskovskoe Shosse, 55a, Pushkin, St. Petersburg, Russian Federation, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-1618-6271>, e-mail: Osot2005@yandex.ru

Olga I. Stanishevskaya, DSc in Biology, Head of the Department of Genetics, Breeding and Conservation of Genetic Resources of Poultry, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Moskovskoe Shosse, 55a, Pushkin, St. Petersburg, Russian Federation, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-9504-3916>, e-mail: olgastan@list.ru

Natalia V. Dementieva, PhD in Biology, Head of the Laboratory of Molecular Genetics, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Moskovskoe Shosse, 55a, Pushkin, St. Petersburg, Russian Federation, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-0210-9344>, e-mail: dementevan@mail.ru

✉ – Для контактов / Corresponding author