



Взаимосвязь распределения пробегов гомозиготности в геноме русских белоснежных кур с продуктивными и адаптивными признаками в зависимости от направленности селекционной работы в породе

© 2024. Е. С. Федорова✉, Н. В. Дементьева, О. И. Станишевская, А. Е. Рябова
Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», г. Санкт-Петербург, Российская Федерация

В последние годы все большее внимание уделяется проблеме сохранения генетического разнообразия сельскохозяйственных животных и птиц. Однако непременным условием экономической целесообразности сохранения любой породы является не только ее уникальность, но и возможность практического использования. Примером может служить русская белоснежная порода кур в биоресурсной коллекции ВНИИГРЖ. Она была создана путем селекции русских белых кур на терморезистентность в условиях низких температур, а также на устойчивость к неопластическим заболеваниям. В настоящее время данная порода является специализированной для целей биопромышленности (сырье для производства эмбриональных вирусных вакцин). Изменение направления селекционной работы привело к модификации генетической структуры популяции. Постоянное селективное давление на один конкретный признак может привести к уменьшению изменчивости вокруг геномных областей, связанных с этим признаком. Поэтому понимание генетических механизмов, приводящих к фенотипической дифференциации, требует идентификации областей в геноме, которые находились под давлением отбора. Изучение показателей пробега гомозиготности (ROH) может предоставить полезную информацию об истории отбора популяции, а также позволить лучше понять отношения генотип-фенотип за счет открытия генов, которые находятся или находились под давлением отбора. В специфичных для двух поколений кур островах ROH аннотированы наиболее релевантные гены-кандидаты, связанные с адаптационными признаками. Установлено, что генетический анализ на основе изменения ROH может использоваться для характеристики генетического профиля кур и изменения структуры популяции под воздействием селекционного давления. Эти данные особенно важно учитывать при оценке качественных фенотипических признаков, таких как адаптационные возможности организма.

Ключевые слова: селекция, поколения отбора, гомозиготные районы, инбридинг, гены-кандидаты, русская белоснежная порода

Благодарности: работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках Государственного задания ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (тема № 124020200029-4).

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

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Федорова Е. С., Дементьева Н. В., Станишевская О. И., Рябова А. Е. Взаимосвязь распределения пробега гомозиготности в геноме русских белоснежных кур с продуктивными и адаптивными признаками в зависимости от направленности селекционной работы в породе. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2024;25(5):906-919. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.5.906-919>

Поступила: 14.05.2024

Принята к публикации: 16.09.2024

Опубликована онлайн: 30.10.2024

The relationship of the distribution of ROH in the genome of Russian snow-white chickens with productive and adaptive traits, depending on the direction of selection

© 2024. Elena S. Fedorova✉, Natalia V. Dementieva, Olga I. Stanishevskaya, Anna E. Ryabova

All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals – Branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Saint Petersburg, Russian Federation

In recent years, increasing attention has been paid to the problem of preserving the genetic diversity of farm animals and poultry. However, an indispensable condition for the economic feasibility of preserving any breed is not only its uniqueness, but also the possibility of practical use. An example is the Russian snow-white breed of chickens in the VNIIGRZh bioresource collection. It was developed by breeding of Russian white chickens for thermal resistance at low temperature conditions, as well as for resistance to neoplastic diseases. Currently, this breed is specialized for the purposes of the bio-industry (raw

materials for the production of embryonic viral vaccines). The change in the direction of breeding work led to a modification of the genetic structure of the population. Constant selective pressure on one particular trait can lead to a decrease in variability around the genomic regions associated with that trait. Therefore, understanding the genetic mechanisms leading to phenotypic differentiation requires the identification of regions in the genome that were under selection pressure. The study of runs of homozygosity (ROH) rates can provide useful information about the history of population selection, as well as allow for a better understanding of the genotype-phenotype relationship by discovering genes that are or were under selection pressure. In ROH islands specific to two generations of chickens, the most relevant candidate genes associated with adaptive traits are annotated. It has been established that genetic analysis based on changes in ROH can be used to characterize the genetic profile of chickens and to change the structure of the population under the influence of selection pressure. These data are especially important to take into account when evaluating qualitative phenotypic features, such as the adaptive capabilities of chickens.

Keywords: selection, breeding generations, runs of homozygosity, inbreeding, candidate genes, Russian snow-white breed

Acknowledgements: the research was carried out under the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the state assignment of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst (theme No. 124020200029-4).

The authors thank the reviewers for their contribution to the expert evaluation of this work.

Conflict of interest: the authors stated that there is no conflict of interest.

Для цитирования: Fedorova E. S., Dementieva N. V., Stanishevskaya O. I., Ryabova A. E. The relationship of the distribution of ROH in the genome of Russian snow-white chickens with productive and adaptive traits, depending on the direction of selection. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2024;25(5):906–919. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.5.906-919>

Received: 14.05.2024

Accepted for publication: 16.09.2024

Published online: 30.10.2024

В последние годы все большее внимание уделяется проблеме сохранения генетического разнообразия сельскохозяйственных животных и птиц, в частности, кур. Особую ценность приобретают локальные генофондные породы кур, поскольку именно они являются резервуаром уникальных генов, отвечающих за адаптацию к разным условиям среды, устойчивость к различным заболеваниям, качество получаемой продукции. Сохранить породу в том виде, в котором она изначально существовала, в большинстве случаев невозможно, в основном ввиду ее малочисленности. Одним из путей повышения экономической целесообразности сохранения той или иной генофондной породы кур является ее практическое использование, например, для создания уникальных узкоспециализированных популяций или кроссов для производства продукции птицеводства с заданными свойствами.

Примером такого подхода может служить русская белая порода кур, содержащаяся в биоресурсной коллекции «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» ВНИИГРЖ и обладающая высокими адаптационными способностями в условиях низких температур, начиная с суточного возраста. Кроме того, эмбрионы кур данной породы характеризуются высокими показателями объема и биологической активности аллантоисно-амниотической жидкости (сырье для биопромышленности).

Данная популяция была создана во второй половине XX века в результате отбора генотипов, терморезистентных в условиях сублетальных

пониженных температур. Для молодняка русских белых кур в ранний неонатальный период условиями нормального роста и развития определены температуры в среднем 20 °C (18–23 °C) против общепринятых 30–33 °C [1].

С курами популяции русская белая проводили селекционную работу на устойчивость к неопластическим заболеваниям. В 80-е годы прошлого века в стаде кур русской белой породы, свободной от лейкоза, также велась селекционная работа на устойчивость к болезни Марека, в результате которой уровень заболеваемости в стаде без проведения профилактических прививок составил в пределах 0,2–1,2 %.

Развивающиеся эмбрионы новой популяции кур в породе русская белая использовали и при производстве вакцинных препаратов. Была изучена их выживаемость в сравнении с эмбрионами белых леггорнов при заражении вакцинными штаммами вирусов гриппа. Установлено, что летальность эмбрионов белого леггорна при заражении различными штаммами вируса гриппа составила 18–60 % против 0–7 % у русских белых кур. При анализе аллантоисной жидкости на контаминирующие вирусы было установлено, что вирус лейкоза саркомы обнаружен в 5,9 % проб в популяции русской белой против 23 % у белых леггорнов.

С 2000 г. селекционную работу с популяцией не проводили. Целенаправленная селекционная работа с русскими белыми курами была возобновлена в 2014 г. [2], в результате популяция получила название русской белоснежной (далее РБ).

Поскольку работать предстояло с небольшой замкнутой популяцией, то, прежде всего, необходимо было сохранить ее гетерозиготность. Основным направлением прикладной селекционной работы было выбрано создание популяции, специализированной для целей биопромышленности (производство эмбриональных вирусных вакцин и диагностикумов), поскольку эмбрионы кур данной породы показали наилучший результат по выходу и биологической активности экстраэмбриональной жидкости их эмбрионов в сравнении с эмбрионами кур других генофондных пород и линий кур промышленных яичных кроссов. Основными критериями отбора кур при формировании гнёзд служили: яйценоскость, масса яиц, средний выход экстраэмбриональной жидкости от 3–5 эмбрионов (не менее 0,200 мл/г массы яйца и не менее 10 мл).

Постоянное селективное давление на один конкретный признак может привести к уменьшению изменчивости вокруг геномных областей, связанных с этим признаком. Поэтому понимание генетических механизмов, приводящих к фенотипической дифференциации, требует идентификации областей в геноме, которые находились под давлением отбора. Присутствие ROH может предоставить полезную информацию об истории отбора популяции, а также позволить лучше понять отношения генотип-фенотип за счет открытия генов, которые находятся или находились под давлением отбора.

Цель исследования – охарактеризовать генетическую изменчивость куриной популяции РБ в разных поколениях отбора по показателям пробегов гомозиготности, чтобы выявить изменения структуры популяции под воздействием направления отбора.

Научная новизна – впервые аннотированы ключевые гены-кандидаты, отвечающие за адаптивные (терморезистентность, устойчивость к неоплазмам) и продуктивные (выход вакцинного сырья) признаки, и связанные с изменением фенотипических и генетических паттернов в поколениях отбора кур в зависимости от направления селекционного давления.

Материал и методы. Материалом для выделения геномной ДНК послужили образцы крови кур (*Gallus gallus domesticus*), взятые из подмышечной вены (20 кур породы русская белая – исходная популяция 2001 г., 177 кур породы русская белая – новая популяция F₅). Образцы крови были собраны в соответствии с этическими рекомендациями ВНИИГРЖ.

ДНК выделяли с использованием фенолхлороформной экстракции. Количество и качество образцов ДНК были протестированы на спектрофотометре NanoDrop 2000. Генотипирование отдельных образцов проводили с использованием чипов Illumina Chicken 60K SNP BeadChip®. Все генотипы кур были отфильтрованы в соответствии с эффективностью генотипирования. Для анализа применяли только SNP, расположенные на аутосомах от GGA1 до GGA28, и генотип SNP менее чем в 95 % образцов был исключен из анализа, в котором использовались следующие параметры для фильтрации SNP: --maf 0,05, --geno 0,02, --hwe 0,0001. Чтобы исключить влияние половых хромосом на последующую оценку, SNP-маркеры, расположенные на них, были исключены.

Оценку внутрипопуляционного генетического разнообразия и анализа ROH находили с помощью программного обеспечения PLINK 1.9 [3, 4].

Поиск гомозиготных областей по отдельным хромосомам осуществлялся с использованием программы PLINK 1.9 и пакета detect-Runs в R по следующим параметрам: минимальный размер гомозиготного района 500 000 п. н., размер окна 15 SNP, порог перекрытия окна 0.1, минимальное количество SNP в области 15, максимальное количество гетерозиготных SNP в окне – 1.

PLINK 1.9 использовали для оценки F_{ROH} (коэффициента инбридинга на основе ROH с SD). Оценивали количество и длину ROH для каждой особи, а затем усредняли их для каждой особи в пределах каждой породы. Количество ROH в геномах двух исследуемых пород было изучено с использованием следующих классов длины ROH: 0,5–1,0; 1,0–2,0; 2,0–4,0 и 4,0–8,0 Мб. Чтобы определить долю генома, покрытого различными сегментами ROH, мы рассчитали сумму ROH для следующих различных минимальных длин – > 0,5; > 1,0; > 2,0; > 4,0 Мб.

Предполагаемые островки ROH были идентифицированы как перекрывающиеся гомозиготные области, общие более чем для 50 % проанализированных особей внутри каждой породы. Для определения предполагаемого гена-кандидата в геномных областях была использована геномная локализация областей, определенных как островки ROH. Границы этих областей, локализованных в хромосомах эталонной сборки GRCgба, использовали в качестве списка запросов для извлечения куриных генов с поддержкой веб-базы

данных Ensembl Genes release 103 и инструмента анализа данных Ensembl biomaRt¹. Регулировку положения перед сборкой GRCgба выполняли с использованием файла, содержащего информацию о полиморфизмах, включенных в биочип Cobb Vantress Chicken 50k, который был предоставлен компанией Illumina. Результаты, полученные с помощью браузера Ensemble для каждой геномной области селекционных сигнатур, были просеяны вручную и сравнены с соответствующими опубликованными исследованиями для определения основного кандидата и других генов, представляющих интерес. Кроме того, с помощью базы данных Chicken QTLdb провели поиск известных QTL, которые пересекаются с островами ROH, выявленными в наших исследованиях.

Статистическую обработку результатов проводили в Microsoft Excel и Statistica 10.0. Рассчитаны средние значения для групп (М) и стандартная ошибка средних значений ($\pm$ SEM). Достоверность различий оценивалась по t-критерию Стьюдента. Различия считались статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты и их обсуждение. В ходе сравнительного анализа распределения ROH в поколениях популяции кур породы русская белоснежная было установлено, что общая длина ROH в геноме «исходной» популяции

равномерно представлена сегментами разной длины, что указывает на значительную степень инбридинга и высокую степень гомозиготности. Более длинные сегменты ROH (более 6,0 Мб) отражают недавний инбридинг, в данном случае обусловленный малочисленностью популяции, который чаще всего оказывает неблагоприятное влияние на показатели жизнеспособности и продуктивности птицы. В то же время общая длина ROH в геноме «новой» популяции в основном представлена набором коротких сегментов, которые отражают более ранние, предковые области инбридинга (рис. 1), свидетельствующие об истории селекционной работы в породе и адаптации данной популяции птицы к пониженным температурам окружающей среды; данная популяция характеризуется более высокой степенью гетерозиготности. Островок ROH свидетельствует о том, что области генома испытывали на себе давление естественного или искусственного отбора. Из-за короткого гетерозиготного разрыва в последовательности ROH он имеет тенденцию становиться короче [5]. Таким образом, благодаря индивидуальному отбору и подбору родительских пар, в результате направленной селекционной работы за 5 поколений отбора птицы удалось снизить долю ROH-сегментов длиной 4,0 Мб и более с 25 до 3 %.

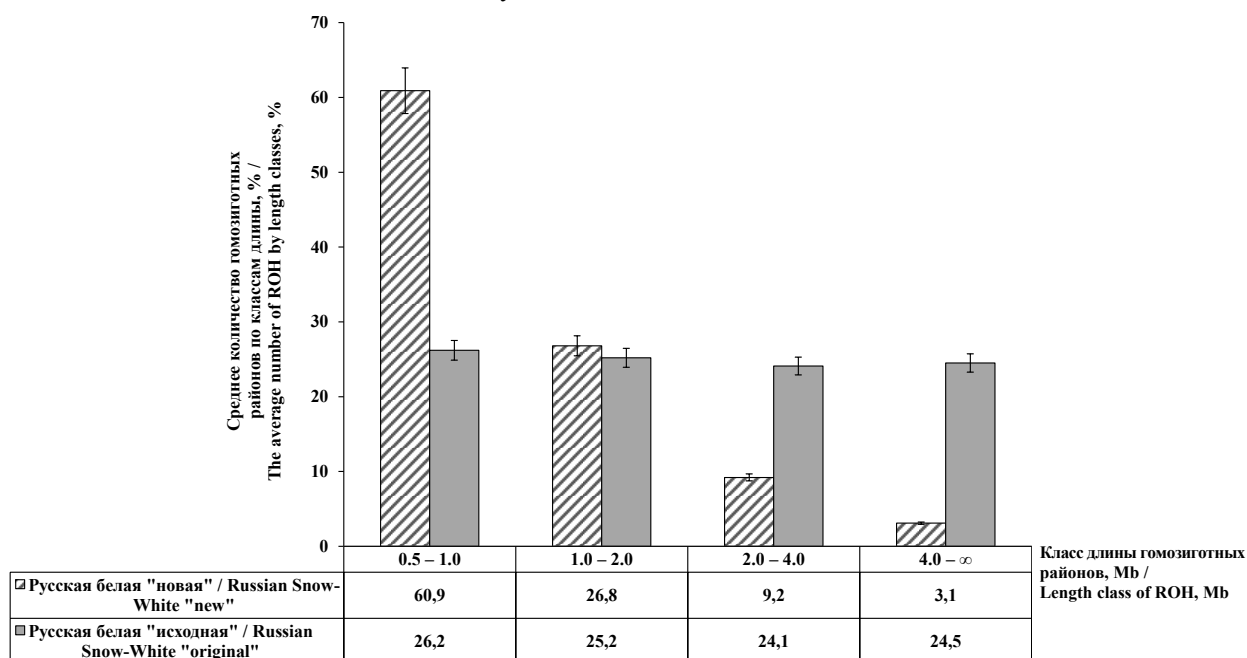


Рис. 1. Описательная статистика пробегов гомозиготности (ROH) по классу длины ROH у кур породы русская белоснежная в различных поколениях /

Fig. 1. Descriptive statistics of ROH by ROH length class in Russian snow-white chicken breed in different generations

¹Ensembl. [Электронный ресурс]. URL: <http://www.ensembl.org/index.html> (дата обращения: 01.05.2024).

На рисунке 2 представлен график, отражающий уровень накопления гомозиготных районов в обеих популяциях РБ кур разных поколений. В «новой» популяции подавляющее поголовье кур имеет суммарную длину ROH в пределах 150–200 Мб на голову (в среднем 175 Мб), у кур «исходной» популяции – в пределах 410–440 Мб (в среднем 425 Мб) с тенденцией к увеличению, причем 410 Мб –

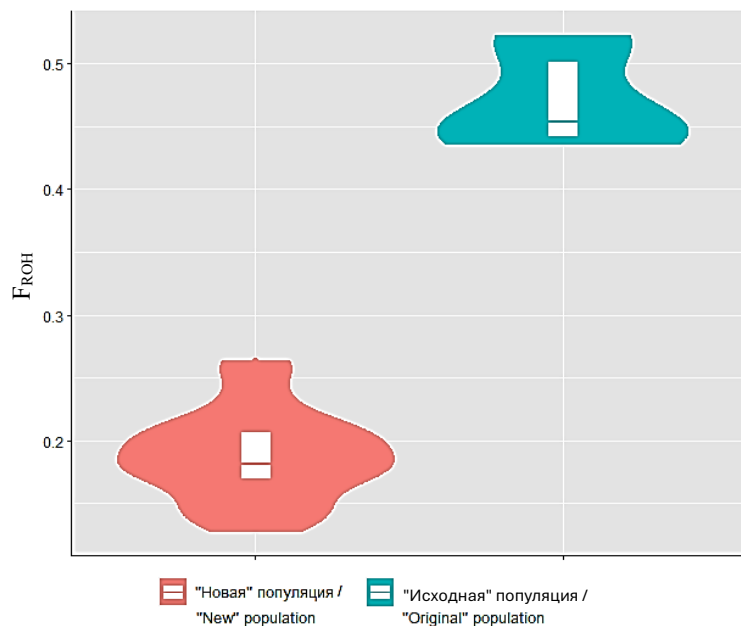


Рис. 2. График средних значений, квантилей и частоты (ширина графика) на основе F_{ROH} для разных поколений кур породы русская белоснежная /

Fig.2. A graph of averages, quartiles and frequencies (graph width) based on F_{ROH} for different generations of Russian snow-white chickens

В таблице 1 представлены показатели генетической изменчивости в двух различных поколениях РБ кур. Фактическая гетерозиготность для «новой» популяции была на 4 % ниже ожидаемой – это связано с тем, что в «новой» популяции проводили отбор по хозяйственно полезным признакам, который был направлен на повышение однородности популяции.

Искусственный отбор, как известно, приводит к изменениям в определенных областях генома, а постоянное селективное воздействие на конкретный признак может привести к снижению изменчивости вокруг геномных областей, связанных с этим признаком. На протяжении 10 лет «исходная» популяция РБ кур характеризовалась малочисленностью, находилась на свободном спаривании, являлась по сути панмиктической: в ней не проводили селекционную работу по хозяйственно полезным признакам, за исключением фенотипических показателей (экстерьер, окраска оперения и пуха суточных цыплят). При возобновлении селекционной работы и создании «новой» популяции кур на базе «исходной» основными критериями отбора являлись яичная продуктивность птицы (яйценоскость, масса яйца) и выход экстраэмбриональной жидкости

минимальное значение для этой выборки. Полученные данные свидетельствуют о значительной степени инбридинга в исходной популяции кур русской белоснежной породы и наглядно демонстрируют эффективное влияние направленного индивидуального отбора и подбора как средства увеличения генетического разнообразия в популяции и снижения уровня инбридинга.

12-суточных эмбрионов (не менее 10,0 мл и не ниже 0,200 мл/г массы яйца), а также проводился индивидуальный подбор родительских пар с целью снижения уровня инбридинга. Уровень отбора птицы в гнезда по петухам составил 5–8 % и 25–35 % – по курам.

Динамика изменения уровня инбридинга по каждой хромосоме между двумя поколениями кур более наглядно представлена на рисунке 3. В целом в «новой» популяции наблюдали значительное его снижение почти по всем хромосомам (значения F_{ROH} находились в пределах 0,12–0,25), в отличие от «исходной» популяции, где значения коэффициента инбридинга, рассчитанного на основе ROH , у большинства оцененных особей изменялись в пределах 0,33–0,55. Также генетическая структура «новой» популяции стала более однородной.

В процессе селекционной работы уровень инбридинга для хромосом GGA11 и GGA23 не изменился, что, очевидно, объясняется отсутствием селекционного давления на расположенные на данных хромосомах геномные регионы. Согласно AnimalQTLdb (<https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>), на этих хромосомах обнаружены QTL, связанные

с цветом яичной скорлупы, живой массой, длиной плюсны, шириной голени, скоростью роста в возрасте 8–46 дней, содержанием

абдоминального жира в тушке, т. е. отвечающие за признаки, находившиеся под воздействием лишь косвенного отбора.

Таблица 1 – Индексы генетической изменчивости для кур породы русская белоснежная в разных поколениях отбора /

Table 1 – Indices of genetic variability for Russian Snow-White chickens in different breeding generations

Популяция / Population	n	Ho±SD	He±SD	F _{ROH} ±SD
Русская белоснежная «исходная» / Russian snow-white «original»	20	0,225 ^a ±0,002	0,226 ^a ±0,001	0,351 ^a ±0,008
Русская белоснежная «новая» / Russian snow-white «new»	177	0,285 ^b ±0,001	0,296 ^b ±0,001	0,083 ^b ±0,006

Примечания: n – число голов; Ho – фактическая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; F_{ROH} – коэффициент инбридинга, рассчитанный на основе ROH. Значения статистически достоверны при: ab P<0,001 /

Notes: N – the number of individuals per breed; Ho – observed heterozygosity; He – expected heterozygosity; F_{ROH}, mean ROH-based inbreeding coefficient with SD. Values superscripted by different letters within the same column are significantly different: ab at P<0.001.

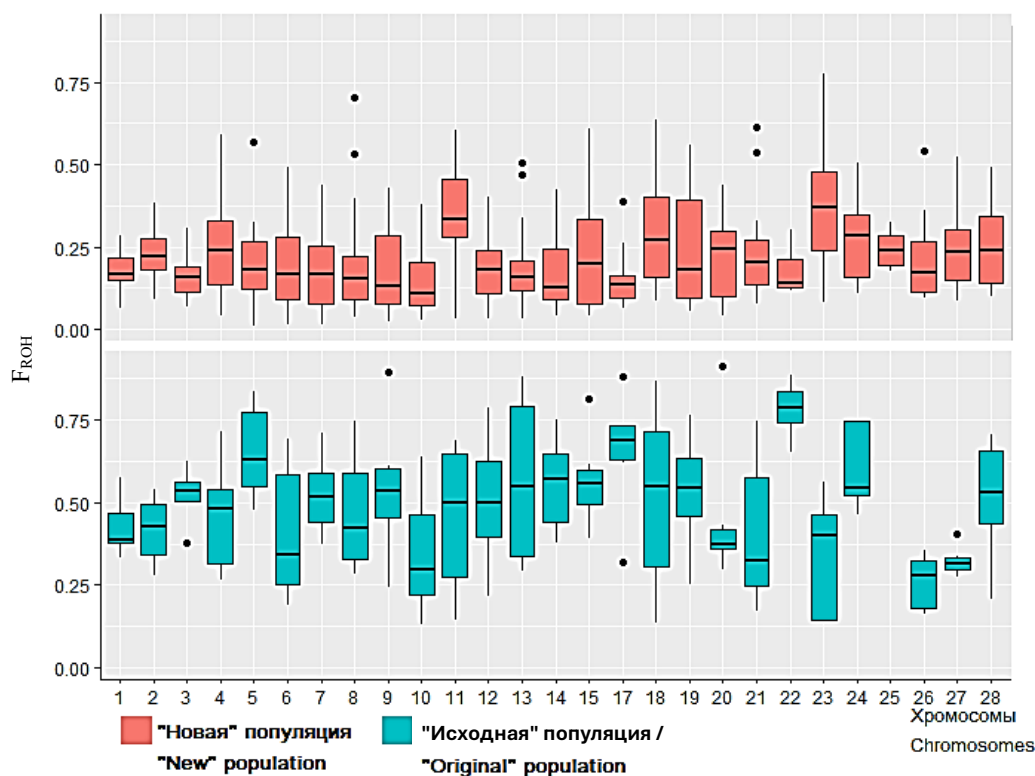


Рис. 3. Уровень инбридинга по хромосомам, рассчитанный на основе F_{ROH} для разных поколений кур русской белоснежной породы /

Fig. 3. The level of inbreeding by chromosomes, calculated on the basis of F_{ROH} for different generations of Russian snow-white chickens

В «новой» популяции, в отличие от «исходной», селекция на терморезистентность молодняка в условиях пониженных температур, а также на устойчивость птицы к неопластическим заболеваниям не проводилась. Поэтому давление отбора на геномные регионы, которые, предположительно, отвечают за реализацию данных признаков, было значительно снижено, что привело к уменьшению уровня инбридинга – F_{ROH} – на GGA5 в 4 раза, GGA17 – в 5 раз, GGA19 – в 3 раза, GGA22 – в 6 раз,

на GGA18 и GGA28 – в 2 раза. На этих хромосомах анализ ROH выявил области генома, содержащие гены, связанные с механизмами иммунной системы, которые могли быть выбраны в ответ на холодовой стресс и устойчивость к неопластическим заболеваниям. Список таких ключевых генов-кандидатов, расположенных в общих регионах ROH, имеющих у более чем 50 % кур «исходной» популяции (и менее чем у 50 % кур «новой»), представлен в таблице 2.

Таблица 2 – Аннотированные наиболее релевантные гены-кандидаты у РБ кур «исходной» популяции, предположительно связанные с адаптацией к низким температурам и устойчивостью к неопластическим заболеваниям /

Table 2 – Annotated most relevant candidate genes in Russian White chickens of the «original» population, presumably associated with adaptation to low temperatures and resistance to neoplastic diseases

Ген / Gene	Локация / Location	Функция / Function
1	2	3
<i>TNC</i>	17: 3,013,995– 3,080,597	Связан с устойчивостью к сальмонеллезу. Помимо высокого уровня экспрессии в опухолях, а также при хроническом воспалении, бактериальной и вирусной инфекции, <i>TNC</i> также экспрессируется в лимфоидных органах. Это подтверждает потенциальную роль <i>TNC</i> в контроле иммунитета [6, 7] / This gene is associated with resistance to salmonellosis. In addition to the high level of expression in tumors, as well as in chronic inflammation, bacterial and viral infections, <i>TNC</i> is also expressed in lymphoid organs. This confirms the potential role of <i>TNC</i> in immune control
<i>TLR4</i>	17: 3,938,801– 3,944,462	Белок, кодируемый этим геном, является членом семейства Toll-подобных рецепторов (<i>TLR</i>), которые играют фундаментальную роль в распознавании патогенов и активации врожденного иммунитета. Передача сигналов <i>TLR4</i> и его нижестоящие молекулы вместе с определенными цитокинами играют ключевую роль в остром повреждении печени у молодых цыплят. Ответ на распознавание патогена <i>TLR</i> инициируют как врожденные, так и адаптивные иммунные реакции [8, 9] / The protein encoded by this gene is a member of the Toll-like receptor (<i>TLR</i>) family, which play a fundamental role in pathogen recognition and activation of innate immunity. <i>TLR4</i> signaling and its downstream molecules, together with certain cytokines, play a key role in acute liver damage in young chickens. The response to <i>TLR</i> pathogen recognition is initiated by both innate and adaptive immune responses
<i>NDUFA8</i>	17: 8,997,900– 9,005,905	Влияет на уровни адреналина и кортикостерона в плазме в результате острого теплового стресса [10] / It affects the levels of adrenaline and corticosterone in plasma as a result of acute heat stress
<i>HSPA5</i>	17: 9,889,792– 9,894,920	Ген-кандидат, связанный с тепловым стрессом у кур. Белок, кодируемый этим геном, является членом семейства белков теплового шока 70 (<i>HSP70</i>) [11] / A candidate gene associated with heat stress in chickens. The protein encoded by this gene is a member of the heat shock 70 (<i>HSP70</i>) protein family
<i>CYGB</i>	18: 4,342,040– 4,352,815	Может выполнять защитную функцию в условиях окислительного стресса [12] / It can perform a protective function in conditions of oxidative stress
<i>ACOX1</i>	18: 4,585,928– 4,604,300	Участвует в регуляции адаптации к гипоксии посредством липидного обмена у тибетских кур и других высокогорных животных [13] / Participates in the regulation of adaptation to hypoxia through lipid metabolism in Tibetan chickens and other alpine animals
<i>RECQL5</i>	18: 4,777,175– 4,814,056	Играет роль супрессора опухолей. Хеликаза <i>RecQL5</i> необходима для поддержания стабильности генома и снижения риска развития рака [14] / It plays the role of a tumor suppressor. <i>RecQL5</i> helicase is necessary to maintain genome stability and reduce the risk of cancer
<i>FASN</i>	18: 4,910,963– 4,948,124	Синтетаза жирных кислот. Участвует в регуляции адаптации к гипоксии посредством липидного обмена у тибетских кур и других высокогорных животных. Маркер адипогенеза [13] / Synthetase of fatty acids. Participates in the regulation of adaptation to hypoxia through lipid metabolism in Tibetan chickens and other alpine animals. A marker of adipogenesis
<i>NME2</i>	18: 5,064,032– 5,066,292	Представляет собой σA-связывающий белок, который может влиять на репликацию реовируса в клетках фибробластов куриного эмбриона. Сверхэкспрессия <i>NME2</i> существенно ингибирует репликацию реовируса [15] / It is a σA-binding protein that can influence reovirus replication in chicken embryo fibroblast cells. Overexpression of <i>NME2</i> significantly inhibits rhinovirus replication
<i>MYH7</i>	19: 56,925– 74,071	Важный кандидат на высотную адаптацию у тибетских кур. Экспрессируется в тканях скелетных мышц, богатых медленными мышечными волокнами I типа. Изменения относительного содержания этого белка и тяжелой альфа-(или быстрой) субъединицы сердечного миозина коррелируют со скоростью сокращения сердечной мышцы [16] / An important candidate for high-altitude adaptation in Tibetan chickens. It is expressed in skeletal muscle tissues rich in type I slow muscle fibers. Changes in the relative content of this protein and the heavy alpha (or fast) subunit of cardiac myosin correlate with the rate of contraction of the heart muscle

1	2	3
<i>CCL4</i>	19: 569,263–570,383	Хемокин <i>CCL4</i> может ингибировать метаболизм глюкозы и репликацию лейкоза птиц группы J в куриных макрофагах [17] / The chemokine <i>CCL4</i> can inhibit glucose metabolism and ALV-J replication in chicken macrophages
<i>CCL5</i>	19: 581,831–584,021	Играет роль во врожденном иммунном ответе, в частности на вирусную инфекцию. Этот хемокин, член подсемейства CC, действует как хемоаттрактант для моноцитов крови, Т-хелперных клеток памяти и эозинофилов. Он вызывает высвобождение гистамина из базофилов и активирует эозинофилы [18] / It plays a role in the innate immune response, in particular in the immune response to viral infection. This chemokine, a member of the CC subfamily, acts as a chemoattractant for blood monocytes, T-helper memory cells and eosinophils. It causes the release of histamine from basophils and activates eosinophils
<i>CASP1</i>	19: 844,517–849,701	Тиоловая протеаза играет ключевую роль в клеточном иммунитете в качестве инициатора воспалительной реакции: после активации посредством образования воспалительного комплекса он инициирует провоспалительную реакцию посредством расщепления двух воспалительных цитокинов <i>IL1B</i> и <i>IL18</i> , высвобождая зрелые цитокины, которые участвуют в воспалительном процессе [19, 20] / Thiol protease plays a key role in cellular immunity as an initiator of an inflammatory reaction: after activation through the formation of an inflammatory complex, it initiates a proinflammatory reaction by cleavage of two inflammatory cytokines <i>IL1B</i> and <i>IL18</i> , releasing mature cytokines that are involved in the inflammatory process
<i>HSPB1</i>	19: 4,402,672–4,405,449	Участвует в термотолерантности бройлеров, белок теплового шока [21] / Participates in the thermal tolerance of broilers, heat shock protein
<i>CCL26</i>	19: 4,940,328–4,942,879	Куриный <i>CCL26</i> может быть основным хемокином в адипоцитах курицы, имеет решающее значение для определения селективной инфильтрации жировых депо макрофагов (АТМ), которые могут быть важным средством транспортировки липидов в подкожной жировой ткани кур. Этот белок также обладает антимикробной активностью, оказывая антибактериальное действие на <i>S. pneumoniae</i> , <i>S. aureus</i> , нетипируемый <i>H. influenzae</i> и <i>P. Aeruginosa</i> [22] / Chicken <i>CCL26</i> may be the main chemokine in chicken adipocytes, is crucial for determining the selective infiltration of macrophage fat depots (ATM), which may be an important means of transporting lipids in the subcutaneous adipose tissue of chickens. This protein also has antimicrobial activity, exerting antibacterial effects on <i>S. pneumoniae</i> , <i>S. aureus</i> , untyped <i>H. influenzae</i> and <i>P. Aeruginosa</i>
<i>EMC6</i>	19: 6,781,863–6,788,772	Потенциальный ген-кандидат и транскрипт (ко-) факторов устойчивости к инфекции сальмонеллы [23] / Potential candidate gene and transcript of (co-) salmonella infection resistance factors
<i>CD40</i>	20: 10,622,014–10,625,753	Способность сигналов, опосредованных МНС класса II, усилить ответ антиген (Ag)-специфических В-клеток на передачу сигналов, опосредованную <i>CD40</i> , может избирательно способствовать активации клонов В-клеток, способных к родственным взаимодействиям с Т-хелперами [24] / The ability of MHC Class II-mediated signals to enhance the response of antigen (Ag)-specific B-cells to <i>CD40</i> -mediated signal transmission may selectively promote the activation of B-cell clones capable of related interactions with T-helper cells
<i>RAB22A</i>	20: 11,219,059–11,231,208	Это небольшой белок ГТФазы, который играет центральную роль в эндоцитарном трафике МНС-I, что имеет решающее значение для эффективной перекрестной презентации дендритным клеткам. Изучаются онкогенные свойства <i>Rab22A</i> и то, как его экспрессия определяет прогрессирование многих опухолей [25] / This protein plays a central role in the endocytic traffic of MHC-I, which is crucial for effective cross-presentation to dendritic cells. The oncogenic properties of <i>Rab22A</i> and how its expression determines the progression of many tumors are being studied
<i>SSBP4</i>	28: 4,037,709–4,047,283	Способны к потенциальной опухолевой супрессорной активности за счет дозирования генов или других эпигенетических механизмов [26] / It is capable of potential tumor suppressor activity due to the dosage of genes or other epigenetic mechanisms

В результате анализа пробегов гомозиготности у «исходной» популяции было выявлено порядка 1023 QTL, расположенных в этих областях, которые были связаны как с хозяйственно полезными признаками (% желтка, качество желтка и белка, цвет яичной скорлупы, скорость роста, возраст снесения первого яйца, живая масса, масса яйца, прочность яичной скорлупы, яйценоскость, содержание абдоминального жира, коэффициент конверсии корма), так и с адаптивными, а также с поддержанием гомеостаза и иммунной системы (реакция антител к эритроцитам барана, гемоцианину улитки, липополисахарида, *Salmonella enteridis*, *E.coli*, бактериальная нагрузка селезенки, печени и слепой кишки после заражения *Salmonella enteridis*, титры антител к болезни Нью-Касла, брюшному тифу птиц, устойчи-

вость к болезни Марека, масса тимуса, бурсы, кортикостероновая реакция, стрессоустойчивость, склонность к расклеву, насыщенность крови кислородом, уровни тироксина, инсулина, глюкогона, триглицеридов, холестерина, лактата и глюкозы в крови, pH крови, средний объем клеток крови, количество эритроцитов). В целом конфигурация гомозиготных районов у кур «старой» и «новой» популяций русской белоснежной породы повторяется. Но за счет проведения индивидуального подбора и отбора кур в «новой» популяции, а также изменения направленности селекционной работы (создание специализированной популяции для производства эмбриональных вирусных вакцин) концентрация ROH в их геноме значительно ниже (рис. 4).

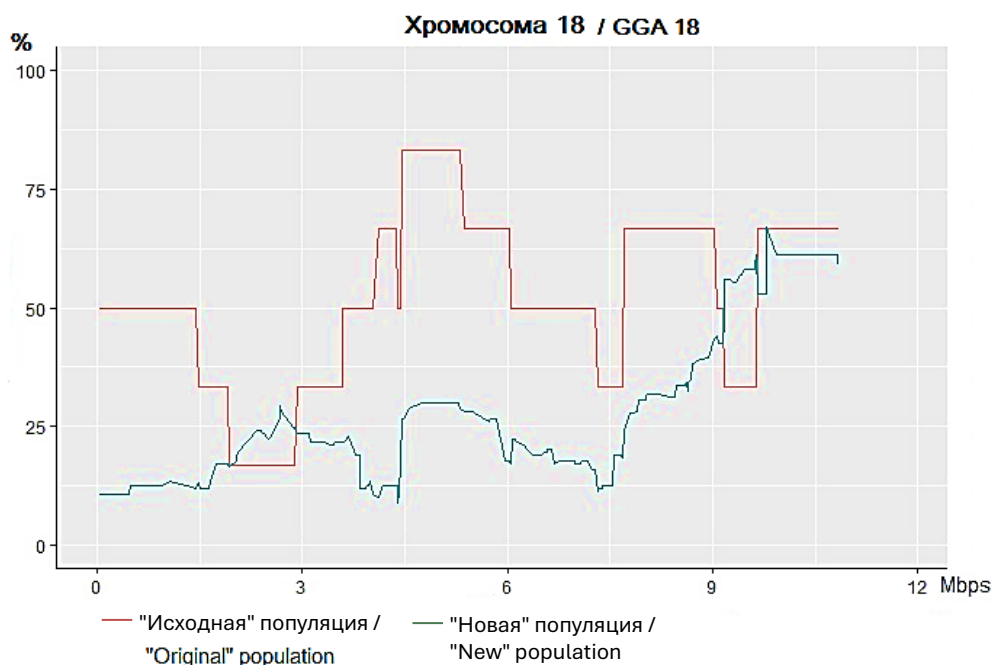


Рис. 4. Конфигурация пробегов гомозиготности у кур русской белоснежной породы «исходной» и «новой» популяций на примере GGA18 /

Fig. 4. The configuration of ROH in the Russian snow-white chickens of the «original» and «new» populations on the example of GGA18

Несмотря на длительный период, в течение которого селекционная работа с русскими белоснежными курами на поддержание терморезистентности в условиях низких температур не проводилась, птица все же сохранила свою высокую адаптационную способность к холоду [27].

Интенсивная селекционная работа с вновь созданной популяцией русских белоснежных кур привела к снижению уровня инбридинга, в том числе рассчитанного на основе ROH, в 4 раза (по сравнению с «исходной»),

повышению яйценоскости в 52 недели жизни за 5 поколений отбора на 15 %, массы яиц — на 10 %. Объем аллантоисно-амниотической жидкости в том же возрасте увеличился на 14 % в абсолютной величине (мл) и на 12 % — в относительной (мл/г массы яйца). За 5 поколений отбора (табл. 3) фенотипическое разнообразие (Cv) в породе по яичной продуктивности и выходу аллантоисно-амниотической жидкости уменьшилось вследствие интенсивной селекционной работы, порода стала более однородной.

Таблица 3 – Яичная продуктивность и выход вакцинного сырья породы русская белоснежная в поколениях отбора /
Table 3 – Egg productivity and yield of vaccine raw materials of the Russian snow-white breed in different generations of selection

Показатель / Indicator	Возраст оценки, недель жизни / Age of assessment, weeks of life	Параметр / Parameter	Поколение отбора / Selection generation	
			F ₀	F ₅
Выход экстраэмбриональной жидкости, мл / Output of extraembryonic fluid, ml	38	Мср.±m	10,7±0,2	12,8±0,2
		Cv, %	15,6	8,5
		SD	-	2,1
		SE	-	0,46
Выход экстраэмбриональной жидкости, мл/г / Output of extraembryonic fluid, ml/g	38	Мср.±m	0,191±0,002	0,228±0,001
		Cv, %	11,4	6,2
		SD	-	0,037
		SE	-	0,013
Масса яйца, г / Egg weight, g	52	Мср.±m	54,0±0,5	60,2±0,4
		Cv, %	8,5	6,2
		SD	-	6,2
		SE	-	0,7
Яйценоскость, шт. / Eggs per hen, pieces	52	Мср.±m	134,0±0,9	169,0±0,9
		Cv, %	13,5	9,5
		SD	-	35,0
		SE	-	4,2

Примечания: SD – селекционный дифференциал, который вычисляли по формуле: $SD = \bar{X}_p - \bar{X}$, где $\bar{X}_p$ – средняя величина признака в отобранной популяции F₅, $\bar{X}$ – среднее значение признака в исходной популяции (F₀); SE – эффект селекции, который вычисляли по формуле: $SE = \frac{h^2 \cdot SD}{i}$, где h² – коэффициент наследуемости, рассчитанный по формуле Д. Лаша: $h^2 = \frac{D_l - D_x}{M_l - M_x} \cdot 2$, где D_л и D_х – средняя продуктивность лучших и худших дочерей соответственно, M_л и M_х – средняя продуктивность лучших и худших матерей соответственно, i – интервал между поколениями /

Notes: SD – the selection differential, it was calculated using the formula: $SD = \bar{X}_p - \bar{X}$, where: $\bar{X}_p$ – the average value of the trait in the selected population F₅; $\bar{X}$ – the average value of the trait in the original population (F₀); SE – the selection effect, which was calculated using the formula: $SE = \frac{h^2 \cdot SD}{i}$, where h² – the heritability coefficient calculated according to the D. Lush formula: $h^2 = \frac{Db - Dw}{Mb - Mw} \cdot 2$, where Db and Dw – are the average productivity of the best and worst daughters, respectively; Mb and Mw – are the average productivity of the best and worst mothers, respectively; i – the interval between generations.

По результатам лабораторных вирусологических исследований и производственных испытаний было установлено, что эмбрионы кур русской белоснежной породы обладают наибольшим выходом аллантоисно-амниотической жидкости (сырьё для производства вирусных эмбриональных вакцин для животных и человека) в расчете на эмбрион и массу яйца, а также титрами вакцинных вирусов в ней в сравнении с эмбрионами кур других генофондных пород и кур промышленных яичных

кроссов [28]. При тестировании эмбрионов в лабораториях ФГБУ НИИ гриппа им. А. А. Смординцева и ФГУП СПбНИИВС ФМБА России установлено, что объем вакцинного сырья и титры вирусов гриппа A/Swine (H1N2), B/Phuket и B/Washington и IVR-215/A/Victoria/2570/ 2019 (H1N1) в куриных эмбрионах пород русская белоснежная также выше по сравнению с эмбрионами кур промышленных линий (объем жидкости – на 9–17 %, выход гемагглютинаина – на 16–19 %) [29].

В результате селекционной работы по созданию «новой» специализированной для целей биопромышленности популяции и усиления давления отбора на соответствующие хозяйственно полезные признаки ее генетическая структура изменилась. С одной стороны, количество ROH длиной 4 Мб и более сократилось на 21,5 %, с другой – сформировались

новые сегменты ROH, присутствующие более чем у 50 % особей, которых не было у кур «исходной» популяции. Например, появились районы гомозиготности на GGA25, F_{ROH} для которых составил 0,19–0,28 (рис. 3). В таблице 4 представлены 5 таких специфичных областей на 4 хромосомах.

Таблица 4 – Аннотированные наиболее релевантные гены-кандидаты у русских белоснежных кур «новой» популяции, предположительно связанные с отбором на повышение выхода и качества вакцинного сырья (экстраэмбриональной жидкости их эмбрионов) /

Table 4 – Annotated most relevant candidate genes in Russian snow-white chickens of the «new» population, presumably associated with selection to increase the yield and quality of vaccine raw materials (extraembryonic fluid of their embryos)

Локация / Location	Ген / Gene	Функция / Function
2: 54,867,331- 56,831,199	<i>IL7</i>	Интерлейкин-7 млекопитающих (<i>IL-7</i>) способен стимулировать пролиферацию и созревание лимфоцитов, а также обратить вспять иммуносупрессию, может быть потенциальным терапевтическим средством для профилактики и лечения инфекционной бурсальной болезни [30] / Mammalian interleukin-7 (<i>IL-7</i>) is able to stimulate the proliferation and maturation of lymphocytes, as well as reverse immunosuppression, and may be a potential therapeutic agent for the prevention and treatment of Infectious bursal disease
2: 54,867,331- 56,831,199	<i>RIPK2</i>	Серин/треонин/тирозин-протеинкиназа, которая играет важную роль в модуляции врожденных и адаптивных иммунных ответов, играет важную роль при бактериальной инфекции [31]. Связан с холодовой адаптацией [32] / Serine/threonine/tyrosine protein kinase, which plays an important role in the modulation of innate and adaptive immune responses, plays an important role in bacterial infection. It is associated with cold adaptation
3: 81,273,290- 84,116,491	<i>CGAS</i>	Путь <i>cGAS/STING</i> отвечает за выработку интерферона типа I и транскрипцию МНС-II. <i>cGAS</i> , и <i>STING</i> продемонстрировали противовирусное действие против ДНК-вирусов, ретровирусов и РНК-вирусов, что указывает на широкий спектр противовирусных функций и решающую роль во врожденном иммунитете кур [33, 34] / The <i>cGAS/STING</i> pathway is responsible for the production of type I interferon and MHC-II transcription. <i>cGAS</i> and <i>STING</i> have demonstrated antiviral action against DNA viruses, retroviruses and RNA viruses, indicating a wide range of antiviral functions and a crucial role in the innate immunity of chickens
9: 5,136,443- 5,867,361	<i>STK25</i>	Активируемая окислительным стрессом серин/треониновая киназа, которая может играть роль в реакции на стресс окружающей среды [35] / Oxidative stress-activated serine/threonine kinase, which may play a role in the response to environmental stress
11: 2,356,393- 2,622,703	<i>HSF4</i>	Фактор теплового шока. Реакция на тепловой шок, регулируемая семейством <i>HSF</i> , должна состоять из индукции как классических, так и неклассических генов теплового шока, оба из которых могут быть необходимы для поддержания белкового гомеостаза [36] / The heat shock factor. The heat shock response regulated by the <i>HSF</i> family should consist of the induction of both classical and non-classical heat shock genes, both of which may be necessary to maintain protein homeostasis

Заключение. Таким образом, генетический анализ на основе изменения ROH может использоваться для характеристики генетического профиля кур и изменения структуры популяции под воздействием селекционного давления. Эти данные особенно важно учитывать при оценке качественных феноти-

ческих признаков, таких как адаптационные возможности организма.

В результате этого исследования получена информация об изменении структуры популяции под воздействием направленного отбора, установлены гомозиготные районы, характерные для «исходной» и «новой» попу-

ляции кур породы русская белоснежная, которые позволяют лучше понять отношения генотип-фенотип за счет анонсирования наиболее релевантных генов-кандидатов, находящихся

под селекционным давлением и связанных с фенотипической дифференциацией изученных поколений отбора кур.

References

1. Федорова Е. С., Станишевская О. И. Пути сохранения и использования генофондных пород и популяций сельскохозяйственных птиц на примере русской белой породы кур. *Птицеводство*. 2020;(7-8):5–10. DOI: <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2020-69-7-8-5-10> EDN: ECEELP
2. Fedorova E. S., Stanishevskaya O. I. New possibilities of the preservation and practical usage of rare breeds and populations of poultry: the case of russian white chicken breed. *Ptitsevodstvo*. 2020;(7-8):5–10. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2020-69-7-8-5-10>
3. Stanishevskaya O. I., Fedorova E. S. Dosed exposure to low temperature as a breeding background in the selection of gene pool breeds of chickens for viral vaccines production. *The Open Agriculture Journal*. 2020;14:345–351. DOI: <https://doi.org/10.2174/1874331502014010345>
4. Chang C. C., Chow C. C., Tellier L. C., Vattikuti S., Purcell S. M., Lee J. J. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*. 2015;4(1):s13742-015-0047-8. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
5. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M. A. R., Bender D., et. al. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics*. 2007;81(3):559–575. DOI: <https://doi.org/10.1086/519795>
6. Ceballos F. C., Joshi P. K., Clark D. W., Ramsay M., Wilson J. F. Runs of homozygosity: windows into population history and trait architecture. *Nature Reviews Genetics*. 2018;19(4):220–234. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrg.2017.109>
7. Hu J., Bumstead N., Barrow P., Sebastiani G., Olien L., Morgan K., Malo D. Resistance to salmonellosis in the chicken is linked to *NRAMP1* and *TNC*. *Genome Research*. 1997;7:693–704. DOI: <https://doi.org/10.1101/gr.7.7.693>
8. Murdamoohoo D., Schwenzer A., Kant J., Rupp T., Marzeda A., Midwood K., Orend G. Investigating cell-type specific functions of tenascin-C. *Methods in Cell Biology*. 2018;143:401–428. DOI: <https://doi.org/10.1016/bs.mcb.2017.08.023>
9. Nawab A., An L., Wu J., Li G., Liu W., Zhao Y., Wu Q., Xiao M. Chicken toll-like receptors and their significance in immune response and disease resistance. *International Reviews of Immunology*. 2019;38(6):284–306. DOI: <https://doi.org/10.1080/08830185.2019.1659258>
10. St Paul M., Brisbin J. T., Abdul-Careem M. F., Sharif S. Immunostimulatory properties of Toll-like receptor ligands in chickens. *Veterinary Immunology and Immunopathology*. 2013;152(3-4):191–199. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.vetimm.2012.10.013>
11. Zhuang Z. X., Chen S. E., Chen C. F., Lin E. C., Huang S. Y. Single-nucleotide polymorphisms in genes related to oxidative stress and ion channels in chickens are associated with semen quality and hormonal responses to thermal stress. *The Journal of Thermal Biology*. 2022;105:103220. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2022.103220>
12. Sánchez A. L. B., Wang Q., Thiam M., Wang Z., Zhang J., Zhang Q., et. al. Liver Transcriptome Response to Heat Stress in Beijing You Chickens and Guang Ming Broilers. *Genes*. 2022;13(3):416. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes13030416>
13. Videla Rodriguez E. A., Mitchell J. B. O., Smith V. A. A Bayesian network structure learning approach to identify genes associated with stress in spleens of chickens. *Scientific Reports*. 2022;12(1):7482. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-11633-7>
14. Cao Y., Zeng T., Han W., Ma X., Gu T., Chen L., et. al. Comparative analysis of liver transcriptome reveals adaptive responses to hypoxia environmental condition in Tibetan Chicken. *Animal Biosciences*. 2024;37(1):28–38. DOI: <https://doi.org/10.5713/ab.23.0126>
15. Hosono Y., Abe T., Ishiai M., Islam M. N., Arakawa H., Wang W., et. al. Tumor suppressor *RecQL5* controls recombination induced by DNA crosslinking agents. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Molecular Cell Research*. 2014;1843(5):1002–1012. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.bbamcr.2014.01.005>
16. Xie L., Wang S., Xie Z., Wang X., Wan L., Deng X., et. al. Gallus *NME/NM23* nucleoside diphosphate kinase 2 interacts with viral σ A and affects the replication of avian reovirus. *Veterinary Microbiology*. 2021;252:108926. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2020.108926>
17. Zhang Y., Gou W., Zhang Y., Zhang H., Wu C. Insights into hypoxic adaptation in Tibetan chicken embryos from comparative proteomics. *Comparative Biochemistry and Physiology – Part D: Genomics and Proteomics*. 2019;31:100602. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cbd.2019.100602>

17. Wu H., Zaib G., Luo H., Guo W., Wu T., Zhu Sh., et. al. *CCL4* participates in the reprogramming of glucose metabolism induced by ALV-J infection in chicken macrophages. *Frontiers in Microbiology*. 2023;14:1205143. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1205143>
18. Schilling M. A., Katani R., Memari S., Cavanaugh M., Buza J., Radzio-Basu J., et. al. Transcriptional Innate Immune Response of the Developing Chicken Embryo to Newcastle Disease Virus Infection. *Frontiers in Genetics*. 2018;9:00061. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00061>
19. Thornberry N. A., Bull H. G., Calaycay J. R., Chapman K. T., Howard A. D., Kostura M. J. et. al. A novel heterodimeric cysteine protease is required for interleukin-1 beta processing in monocytes. *Nature*. 1992;356(6372):768–774. DOI: <https://doi.org/10.1038/356768a0>
20. Wang Y., Ning X., Gao P., Wu Sh., Sha M., Lv M., Zhou X., et.al. Inflammasome Activation Triggers Caspase-1-Mediated Cleavage of *cGAS* to Regulate Responses to DNA Virus Infection. *Immunity*. 2017;46(3):393–404. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.immuni.2017.02.011>
21. Wu D., Zhang M., Xu J., Song E., Lv Y., Tang S., et.al. In vitro evaluation of aspirin-induced HspB1 against heat stress damage in chicken myocardial cells. *Cell Stress and Chaperones*. 2016;21(3):405–413. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12192-016-0666-8>
22. Zhao H., Wu M., Tang X., Li Q., Yi X., Zhao W., Sun X. RNA-seq Based Transcriptome Analysis Reveals The Cross-Talk of Macrophage and Adipocyte of Chicken Subcutaneous Adipose Tissue during The Embryonic and Post-Hatch Period. *Frontiers in Immunology*. 2022;13:889439. DOI: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.889439>
23. Wang Q., Thiam M., Sánchez A. L. B., Wang Z., Zhang J., Li Q., Wen J., Zhao G. Gene Co-Expression Network Analysis Reveals the Hub Genes and Key Pathways Associated with Resistance to Salmonella Enteritidis Colonization in Chicken. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023;24(5):4824. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms24054824>
24. Bishop G. A., Warren W. D., Berton M. T. Signaling via major histocompatibility complex class II molecules and antigen receptors enhances the B cell response to *gp39/CD40* ligand. *The European Journal of Immunology*. 1995;25(5):1230–1238. DOI: <https://doi.org/10.1002/eji.1830250515>
25. Yu F., Raheem M. A., Tan Y., Rahim M. A., Zha L., Zhang J., et.al. Localization of Chicken *Rab22a* in Cells and Its Relationship to BF or Ii Molecules and Genes. *Animals (Basel)*. 2023;13(3):387. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani13030387>
26. Castro P., Liang H., Liang J. C., Nagarajan L. A novel, evolutionarily conserved gene family with putative sequence-specific single-stranded DNA-binding activity. *Genomics*. 2002;80(1):78–85. DOI: <https://doi.org/10.1006/geno.2002.6805>
27. Станишевская О. И., Федорова Е. С. Сравнительная оценка стресс-реактивности организма кур пород русская белая с мутацией *sw+* и амрокс на гипотермию в эмбриональном и раннем постнатальном периодах онтогенеза. *Сельскохозяйственная биология*. 2019;54(6):1135–1143. DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.6.1135rus> EDN: JIVYWR
- Stanishevskaya O. I., Fedorova E. S. Comparative evaluation of the peculiarities of stress reactivity of the Russian White breed chicken with *sw+* mutation and Amrox in hypothermia conditions during embryonal and early postnatal periods of ontogenesis. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya* = Agricultural Biology. 2019;54(6):1135–1143. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.6.1135rus>
28. Федорова Е. С., Станишевская О. И. Оценка кур генофондных пород и промышленных линий по выходу вакцинного сырья их эмбрионов в сравнительном аспекте. *Аграрная наука*. 2021;(3):30–33. DOI: <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2021-346-3-30-33> EDN: OFNUOY
- Fedorova E. S., Stanishevskaya O. I. Evaluation of chickens of gene pool breeds and commercial lines on the yield of vaccine raw materials of their embryos in a comparative aspect. *Agrarnaya nauka* = Agrarian Science. 2021;346(3):30–33. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2021-346-3-30-33>
29. Федорова Е. С., Станишевская О. И. Сравнительная оценка эффективности использования различных пород кур в качестве продуцентов вакцинного сырья для производства гриппозных вакцин. *Птицеводство*. 2023;(9):13–16. DOI: <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2023-72-9-13-16> EDN: NKFUMG
- Fedorova E. S., Stanishevskaya O. I. Comparative evaluation of developing embryos of different chicken breeds as raw materials for production of influenza vaccines. *Ptitsevodstvo*. 2023;(9):13–16. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2023-72-9-13-16>
30. Huo S., Wang L., Zhang Y., Zhang J., Zuo Y., Xu J., Cui D., Li X., Zhong F. Molecular cloning of chicken *IL-7* and characterization of its antiviral activity against IBDV in vivo. *Poultry Science*. 2016;95(11):2647–2654. DOI: <https://doi.org/10.3382/ps/pew251>
31. Tan J., Ge J., Sahaer P., Li H., Sun H. Identification and functional analysis of *circRIPK2* in lipopolysaccharide induced chicken macrophages. *British Poultry Science*. 2023;64(6):678–687. DOI: <https://doi.org/10.1080/00071668.2023.2261870>
32. Romanov M. N., Abdelmanova A. S., Fisinin V. I., Gladyr E. A., Volkova N. A., Koshkina O. A. et.al. Selective footprints and genes relevant to cold adaptation and other phenotypic traits are unscrambled in the genomes of divergently selected chicken breeds. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2023;14(1):35. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40104-022-00813-0>

33. Oliveira M., Rodrigues D. R., Guillory V., Kut E., Giotis E. S., Skinner M. A., et al. Chicken *cGAS* Senses Fowlpox Virus Infection and Regulates Macrophage Effector Functions. *Frontiers in Immunology*. 2021;11:613079. DOI: <https://doi.org/10.3389/fimmu.2020.613079>
34. Li S., Yang J., Zhu Y., Ji X., Wang K., Jiang S., et al. Chicken DNA Sensing cGAS-STING Signal Pathway Mediates Broad Spectrum Antiviral Functions. *Vaccines*. 2020;8(3):369. DOI: <https://doi.org/10.3390/vaccines8030369>
35. Fedorova E. S., Dementieva N. V., Shcherbakov Y. S., Stanishevskaya O. I. Identification of Key Candidate Genes in Runs of Homozygosity of the Genome of Two Chicken Breeds, Associated with Cold Adaptation. *Biology (Basel)*. 2022;11(4):547. DOI: <https://doi.org/10.3390/biology11040547>
36. Fujimoto M., Nakai A. The heat shock factor family and adaptation to proteotoxic stress. *FEBS Journal*. 2010;277(20):4112–4125. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1742-4658.2010.07827.x>

Сведения об авторах

✉ **Федорова Елена Сергеевна**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории генетики, разведения и сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных птиц, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», д. 55а, Московское шоссе, п. Тярлево, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-1618-6271>, e-mail: Osot2005@yandex.ru

Дементьева Наталия Викторовна, кандидат биол. наук, зав. лабораторией молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», д. 55а, Московское шоссе, п. Тярлево, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0210-9344>

Станисhevская 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 исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», д. 55а, Московское шоссе, п. Тярлево, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-9504-3916>

Рябова Анна Евгеньевна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», д. 55а, Московское шоссе, п. Тярлево, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2362-2892>

Information about the authors

✉ **Elena S. Fedorova**, PhD in Biological Science, senior researcher, the Laboratory of genetics, breeding and conservation of genetic resources of farm birds, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals – Branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Moscow highway, 55a, village Tyarlevo, Saint Petersburg, Russian Federation, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-1618-6271>, e-mail: Osot2005@yandex.ru

Natalia V. Dementieva, PhD in Biological Science, Head of the Laboratory of Molecular Genetics, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals – Branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Moscow highway, 55a, village Tyarlevo, Saint Petersburg, Russian Federation, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0210-9344>

Olga I. Stanishevskaya, DSc in Biological Science, Head of the Laboratory of genetics, breeding and conservation of genetic resources of farm birds, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals – Branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Moscow highway, 55a, village Tyarlevo, Saint Petersburg, Russian Federation, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <http://orcid.org/0000-0001-9504-3916>

Anna E. Ryabova, junior researcher, the Laboratory of Molecular Genetics, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals – Branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Moscow highway, 55a, village Tyarlevo, Saint Petersburg, Russian Federation, 196625, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2362-2892>

✉ – Для контактов / Corresponding author