



## ISSR-полиморфизм кур-несушек родительского стада бройлеров, различающихся по темпам роста и показателям продуктивности

© 2020 М. А. Григорьева<sup>1,2</sup>, О. А. Величко<sup>2</sup>, О. Н. Жигилева<sup>1</sup>, И. В. Пак<sup>1</sup>,  
И. А. Виноградский<sup>1</sup>, Р. Д. Рустамов<sup>1</sup> ✉, О. В. Трофимов<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет», г. Тюмень, Российская Федерация,

<sup>2</sup>АО «ПРОДО Тюменский бройлер», г. Тюмень, Российская Федерация

Поиск биомаркеров высокой продуктивности у кур в настоящее время является одной из актуальных задач, стоящих перед птицеводством. В связи с этим целью нашего исследования явилось изучение генетических особенностей кур-несушек родительского стада гибридного кросса «Arbor Acres Plus», различающихся по признакам продуктивности. Работы проведены на предприятии АО «ПРОДО Тюменский бройлер», г. Тюмень, Тюменской области в 2018-2019 гг. на трех группах кур, численностью от 6000 до 6085 голов. Выращивание, оценку кур-несушек проводили в соответствии с руководством и нормативами по выращиванию родительского поколения Arbor Acres Plus и с разработанным на их основе и принятым на предприятии регламентом по технологии содержания родительского стада и взвешиванию птицы. Практика выращивания гибридного кросса производства «Arbor Acres Plus» показала, что в период роста наблюдается отчетливая дифференциация кур-несушек по массе тела. При этом выделяются быстрорастущие «крупные» особи, «мелкие» особи и особи «средние», занимающие промежуточное положение. В начале опыта на 18 неделе средняя масса кур «мелкие» была на 106 г меньше, чем у кур из группы «средние»; средняя масса кур из группы «средние» была меньше показателей группы «крупные» на 139 г, а различия между «крупными» и «мелкими» курами составили 245 г. Подобные различия сохранялись до 35-ой недели, впоследствии в значительной степени нивелировались. Различия между группами кур наблюдались также и в показателях яйценоскости, которые с увеличением возраста кур-несушек (31-33 недели) уменьшаются (количество яиц на несушку в неделю в среднем составило в группе «мелкие» 71,1%; «средние» – 72,8%; «крупные» – 74,4%). Для оценки генетического полиморфизма кур применяли метод ISSR-PCR. При этом было использовано семь праймеров: (AG)<sub>8</sub>G, (AG)<sub>8</sub>T, (CA)<sub>8</sub>G, (GT)<sub>8</sub>C, (AC)<sub>8</sub>T, (TC)<sub>8</sub>C, (TG)<sub>8</sub>A. По результатам установили, что экспериментальные группы кур-несушек различались как по частотам ISSR-бэндов (P), генетического разнообразия (h), наблюдаемого (n<sub>o</sub>) и эффективного числа аллелей (n<sub>e</sub>) отмечены в группе кур-несушек «крупные», в то время как группы «средние» и «мелкие» имели более низкие показатели и достоверно не различались по уровню полиморфизма между собой. Более высокие показатели ISSR-полиморфизма, полученные в группе быстрорастущих («крупные») кур-несушек, могут быть маркером более высокого уровня генетического разнообразия этой группы в сравнении с курами двух других групп. Проведенные исследования показали, что ISSR-маркеры могут быть рекомендованы в качестве простого инструмента для мониторинга генетического разнообразия стад кур-несушек.

**Ключевые слова:** скорость роста, яйценоскость, биомаркеры, полимеразная цепная реакция, ISSR-бэнды

**Благодарности:** работа выполнена при поддержке АО «ПРОДО Тюменский бройлер» и ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет».

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

**Конфликт интересов:** авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

**Для цитирования:** Григорьева М. А., Величко О. А., Жигилева О. Н., Пак И. В., Виноградский И. А., Рустамов Р. Д., Трофимов О. В. ISSR-полиморфизм кур-несушек родительского стада бройлеров, различающихся по темпам роста и показателям продуктивности. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2020;21(4):453-461.

DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.4.453-461>

Поступила: 02.06.2020

Принята к публикации: 27.07.2020

Опубликована онлайн: 24.08.2020

## ISSR polymorphism of laying hens of broiler parental stock distinguished by rates of growth and productivity indicators

© 2020. Marina A. Grygorieva<sup>1,2</sup>, Oksana A. Velichko<sup>2</sup>, Oksana N. Zhigileva<sup>1</sup>,  
Irina V. Pak<sup>1</sup>, Ivan A. Vinogradsky<sup>1</sup>, Rizvan D. Rustamov<sup>1</sup> ✉,  
Oleg V. Trofimov<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Tyumen State University, Tyumen, Russian Federation

<sup>2</sup>PRODO Tyumen broiler, Tyumen, Russian Federation

Searching for biomarkers of high productivity in chickens is currently one of the relevant tasks facing poultry farming. Thus, the research was aimed at studying genetic traits of laying hens. The hens belonged to parental stock of the «Arbor Acres Plus» hybrid cross and varied according to the productivity abilities. The study was carried out in 2018-2019 at the PRODO Tyumen Broiler factory located in Tyumen, Tyumen region on three groups of chickens numbering from 6000 to

6085 bird units. Raising and evaluation of laying hens were carried out in accordance with the «Arbor Acres Plus» guidelines and standards for breeding of the parental generation and the regulations for the technology of the parent stock management and bird weighing which were developed on the basis of those guidelines and standards and adopted at the factory. The practice of raising the «Arbor Acres Plus» hybrid cross revealed a distinct differentiation of laying hens by body weight during the growth period. There were distinguished fast-growing «large» individuals, «small» individuals and «medium» individuals occupying an intermediate position. At the beginning of the experiment, during the 18<sup>th</sup> week of age the average mass of «small» chickens was 106 g less than that of chickens from the «medium» group. The average mass of chickens from the «medium» group was 139 g less than the indications in the «large» group, and the differences between the «large» and the «small» hens amounted to 245 g. Such differences remained until the 35th week, and then they leveled out substantially. The differences between groups of chickens were observed also in egg production rates, which decreased with increasing the age of laying hens (by 31-33 weeks). The amount of eggs per layer per week averaged out at 71.1 % for «small» hens, 72.8 % for the «medium», and 74.4 % for the «large» ones. To assess the genetic polymorphism of chickens the ISSR-PCR method was applied. Seven primers were used to study the genetic polymorphism of laying hens: (AG)<sub>8</sub>G, (AG)<sub>8</sub>T, (CA)<sub>8</sub>G, (GT)<sub>8</sub>C, (AC)<sub>8</sub>T, (TC)<sub>8</sub>C, (TG)<sub>8</sub>A. The experimental groups of laying hens differed both in the frequencies of ISSR bands and in the average indicators of polymorphism. Higher parameters of the proportion of polymorphic bands (P), genetic diversity (h), apparent (n<sub>a</sub>) and effective number of alleles (n<sub>e</sub>) were observed in the group of «large» laying hens, while the «medium» and «small» groups had lower rates and did not significantly differ in the level of polymorphism among themselves. Higher rates of ISSR polymorphism observed in the group of fast-growing («large») laying hens could be a marker of a higher level of genetic diversity in this group compared to chickens from the other two groups. The conducted studies showed that ISSR markers can be recommended as a simple tool for monitoring the genetic diversity of stocks of laying hens.

**Keywords:** growth rate, egg production, biomarkers, polymerase chain reaction (PCR), ISSR bands

**Acknowledgement:** the research was supported by PRODO Tyumen Broiler and Tyumen State University.

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:** Grygorieva M. A., Velichko O. A., Zhigileva O. N., Pak I. V., Vinogradsky I. A., Rustamov R. D., Trofimov O. V. ISSR polymorphism of laying hens of broiler parental stock distinguished with rates of growth and productivity indicators. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2020;21(4):453-461. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.4.453-461>

Received: 02.06.2020

Accepted for publication: 27.07.2020

Published online: 24.08.2020

Выяснение причин, лежащих в основе экономически важных признаков кур, таких как высокая скорость роста, яйценоскость, устойчивость к заболеваниям представляет интерес для современных производителей. Устойчивость кур к заболеваниям и различия в скорости роста часто связывают с одиночными нуклеотидными заменами (SNP-полиморфизмами). Было выявлено, что высокая скорость роста и устойчивость к кокцидиозу (заражению *Eimeria tenella*) у цыплят-бройлеров связана с двумя однонуклеотидными заменами в генах, участвующих в неспецифическом иммунном ответе (FAM96B и RRAD), а SNP-полиморфизмы, связанные с массой тела, затрагивали гены, расположенные в непосредственной близости от генов FAM96B и RRAD [1]. Было высказано предположение о связи яйценоскости и качества яйца (оценка прокола, высота белка, вес желтка и цвет скорлупы) с отдельными (от 1 до 7) областями локуса количественного признака (QTL) [2]. Показано, что SNP-полиморфизмы по четырём генам-кандидатам (рецептор витамина D, VDR; инсулин, INS; инсулиноподобный фактор роста 1, IGF1; остеопонтин, SPP1) могут лежать в основе различий по таким признакам, как прочность кости, яйценоскость, качество яйца и скорость

роста цыплят-бройлеров [3]. Была показана зависимость качества скорлупы от однонуклеотидных замен [4, 5, 6]. Исследования быстро- и медленно растущих линий кур показали, что различия могут быть связаны с мРНК. Использование 16-поколений от скрещивания быстро растущих и медленно растущих линий цыплят-бройлеров позволило выявить область на хромосоме 4, которая ответственна за разницу веса тела до 19 % в возрасте 12 недель. Животные, обладающие высокой скоростью роста, имеют более низкую экспрессию мРНК и иммунореактивного цитокина ССКАР в головном мозге, связанную с регуляцией аппетита птицы [7]. Данные работы открывают новые возможности для исследований по поиску биомаркеров высокой скорости роста и стрессоустойчивости. Однако используемые в этих работах методы дорогостоящие, в то время как возможности метода ISSR-PCR не до конца исчерпаны. По мнению ученых, для дальнейшего успешного развития птицеводства необходимо продолжить поиск биомаркеров количественных признаков (массы тела, яйценоскости), связанных с производством [8, 9, 10]. Возможным частичным решением этой проблемы могут быть показатели генетической изменчивости кур (ISSR-полиморфизм).

*Цель исследований* – изучить генетические особенности кур-несушек родительского стада производства гибридного кросса «Arbor Acres Plus», различающихся по признакам продуктивности.

*Материал и методы.* Бонитировку и формирование групп проводили в производственных условиях на предприятии АО «ПРОДО Тюменский бройлер»; исследования по оценке генетического полиморфизма кур – в Центре биотехнологии и генодиагностики Тюменского государственного университета в период с 2018 по 2019 г.

Объектом исследования являлись куры – несушки кросса «Arbor Acres Plus» – гибридный кросс высокопродуктивных бройлеров (общее поголовье в опыте составило 18170 особей). До возраста 18 недель (в 4 недели и 10 недель) была проведена индивидуальная бонитировка (оценка и отбор ремонтного молодняка по живой массе, экстерьеру и половому признаку) с последующей сортировкой по живой массе ремонтного молодняка родительского поголовья. В возрасте 18 недель была проведена оценка качества родительского поголовья по нормативным показателям однородности (по живой массе  $\pm 10\%$  отклонений от средней живой массы по стаду)<sup>1, 2</sup> и разработанным на их основе и принятым на предприятии регламентам по технологии содержания родительского стада и взвешиванию птицы. На основе отбора сформировали три группы, различающиеся по живой массе: «мелкие» (средняя масса – 1851 г, 6000 гол.), «средние» (1957 г, 6085 гол.), «крупные» (2096 г, 6085 гол.). Дальнейшее содержание, кормление кур осуществляли в соответствии с нормативными показателями по родительскому стаду согласно руководству по выращиванию кросса «Arbor Acres Plus»<sup>3</sup>. Условия содержания (температурный и световой режимы, влажность, плотность посадки, фронт кормления и поения) в трех экспериментальных группах были идентичными. Ежедневно проводили взвешивание в каждой группе кур методом случайной выборки в трех зонах секций (начале, середине и конце) птичника,

согласно методике индивидуального взвешивания кур в период яйцекладки<sup>4</sup>. Взвешивание производили на весах марки «BAT1 poultry scale» VEIT electronics (Czech Republic). В период исследований еженедельно учитывали численность, падеж и выбраковку кур-несушек родительского стада. Выбраковывали ослабленных, с визуально определяемыми проблемами конечностей (травмами, утолщениями и разрывами связок, воспалением суставов, ослабленных и непригодных для дальнейшего производства). Яйценоскость оценивали по относительному показателю «яйценоскость на 1 среднюю несушку в неделю» (поголовье кур несушек на текущую неделю)<sup>5</sup>.

Для оценки генетического полиморфизма кур применяли метод ISSR-PCR – inter simple sequence repeat PCR (ПЦР последовательностей, ограниченных простыми повторами) [11]. ISSR-PCR-маркеры являются разновидностью общеизвестных RAPD-маркеров ДНК. Эти межмикросателлитные последовательности распределены по всему геному и отражают его изменчивость в целом, включая кодирующую и не кодирующую части, в том числе регуляторные последовательности [12].

Забор образцов мышечной ткани для генетических исследований осуществляли в середине эксперимента у кур в возрасте 25 недель. Образцы были зафиксированы в 70 % этаноле и хранились при температуре 20 °С. Всего было отобрано по 20 образцов из каждой экспериментальной группы. ДНК экстрагировали методом щелочного лизиса [13]. Для ISSR-PCR использовали семь праймеров состава (AG)<sub>8</sub>G, (AG)<sub>8</sub>T, (CA)<sub>8</sub>G, (GT)<sub>8</sub>C, (AC)<sub>8</sub>T, (TC)<sub>8</sub>C, (TG)<sub>8</sub>A. Амплификацию проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей ПЦР буфер (0,01 М трис-НCl, 0,05 М KCl, 0,1 % тритон X-100), 4 мМ MgCl<sub>2</sub>, 0,2 мМ каждого из dNTPs, 1 мкл раствора тотальной ДНК, 2,5 мМ праймера и 0,2 ед/мкл Taq-полимеразы, в следующем режиме: 94 °С – 7 мин; затем 94 °С – 30 с, 52 °С – 45 с, 72 °С – 2 мин (40 циклов); 72 °С – 7 мин. Анализ ПЦР-фрагментов осуществляли в 2%-ном агарозном геле.

<sup>1</sup>Arbor Acres. Родительское поголовье. Руководство. Aviagen. 2016. URL: [http://www.vipp-agriservices.com/downloads/AA\\_breeder\\_manual\\_ru.pdf](http://www.vipp-agriservices.com/downloads/AA_breeder_manual_ru.pdf)

<sup>2</sup>Arbor Acres Plus. Нормативные показатели родительского поголовья Aviagen. 2016.

URL: [https://ru.aviagen.com/assets/Tech\\_Center/BB\\_Foreign\\_Language\\_Docs/RUS\\_TechDocs/AFF-PS-PO-RU-2016.pdf](https://ru.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_TechDocs/AFF-PS-PO-RU-2016.pdf)

<sup>3</sup>Arbor Acres. Родительское поголовье. Руководство. Aviagen. 2016.

URL: [http://www.vipp-agriservices.com/downloads/AA\\_breeder\\_manual\\_ru.pdf](http://www.vipp-agriservices.com/downloads/AA_breeder_manual_ru.pdf)

<sup>4</sup>Arbor Acres Plus. Нормативные показатели родительского поголовья Aviagen. 2016.

URL: [https://ru.aviagen.com/assets/Tech\\_Center/BB\\_Foreign\\_Language\\_Docs/RUS\\_TechDocs/AFF-PS-PO-RU-2016.pdf](https://ru.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_TechDocs/AFF-PS-PO-RU-2016.pdf)

<sup>5</sup>Там же. URL: [https://ru.aviagen.com/assets/Tech\\_Center/BB\\_Foreign\\_Language\\_Docs/RUS\\_TechDocs/AFF-PS-PO-RU-2016.pdf](https://ru.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_TechDocs/AFF-PS-PO-RU-2016.pdf)

Длины фрагментов определяли с помощью маркера молекулярных масс ДНК 100 bp. Гели документировали с помощью системы Versa-Doc (Bio-Rad, USA).

Статистическую обработку данных (расчет средних, ошибки, коэффициенты вариации, достоверности различий) проводили с использованием пакета прикладных программ «Statistica» (Stat Soft, USA). Достоверность различий определяли по критерию Стьюдента (t-тест). Показатели генетического полиморфизма: доли полиморфных бэндов ( $P$ ), генетическое разнообразие ( $h$ ), наблюдаемое ( $n_e$ ) и эффективное число аллелей ( $n_a$ ), индексы генетического подобия ( $IN$ ) и генетические дистанции Нея ( $D$ ), рассчитывали по программе Popgen<sup>6</sup>.

**Результаты и их обсуждение.** Определение численности кур-несушек, разделенных на три группы по скорости роста, выявило более низкие показатели, характеризующие жизнеспособность (сохранность – число голов в конце недели) в группе кур «мелкие». Показатели (число голов в конце недели) кур из двух других групп: «средние» и «крупные», различались несущественно (рис. 1). В начале эксперимента (на 18 неделе) в группах насчитывалось примерно одинаковое количество голов: в группе «мелкие» – 6000 шт., «средние» и «крупные» – по 6085 шт. Динамика изменения численности носила сходный характер в трех группах кур до 46 недели. Начиная с этого периода, у кур из группы «мелкие» отмечены более низкие показатели численности в сравнении с курами двух других. Рацион кур был одинаковым во всех группах. Потребление корма соответствовало общепринятым нормам. Самые низкие средние показатели падежа за весь период эксперимента отмечены в группе «средние» – 4,42%; показатели падежа в остальных группах различались на 0,6% («мелкие» – 5,97%; «крупные» – 5,37%). На численность кур в группах оказала влияние и выбраковка, которая в среднем по каждой группе составила: «мелкие» – 5,85%; «средние» – 3,99%; «крупные» – 3,75%. Наибольшее количество кур было отбраковано в период с 22 по 25 неделю.

Анализ изменения массы кур в трех наблюдаемых группах показал, что преимуще-

ство в скорости роста у «крупных» кур над «средними» и «мелкими» сохраняется до 35 недели, а затем различия в значительной степени нивелируются (рис. 2). В начале опыта на 18 неделе средняя масса кур в группе «мелкие» была на 106 г меньше, чем у кур группы «средние» (масса – 1957 г); средняя масса кур из группы «средние» была меньше показателей группы «крупные» на 139 г, а различия между «крупными» и «мелкими» курами составили 245 г. На 35 неделе различия по массе уменьшились и составили соответственно: 18 г («мелкие» – «средние»), 46 г («средние» – «крупные») и 64 г («мелкие» – «крупные»). В возрасте 57 недель различия в средних показателях по массе тела у кур разных групп практически не выявлялись. Сравнение с нормативными показателями<sup>7</sup> выявило нарастание преимущества по массе тела кур во всех трех группах в сравнении с нормой, начиная с 28 недели. К концу 57 недели превышение средних показателей по массе кур во всех группах в сравнении с нормой составило от 344 г до 396 г (рис. 2).

Наиболее отчетливо различия по массе проявились у кур-несушек в возрасте 25 недель (табл. 1). Определение индивидуальной массы у кур из каждой группы (по 45 особей) выявило статистически достоверные различия между группами кур «мелкие» и «крупные». «Крупные» куры значительно опережали по скорости роста «мелких». Различия по массе тела между «мелкими» и «средними» курами, «средними» и «крупными» составили 58 г и 124 г соответственно, однако не носили статистически достоверного характера. Изменчивость по этому признаку во всех исследованных группах была невысокой. Максимальный показатель коэффициента вариации 5,4% отмечен в группе кур «мелкие». По показателям изменчивости группы кур «средние» и «крупные» практически не отличались друг от друга.

Оценка «% яйцекладки» (яйценоскость на среднюю несушку в неделю, %) показала: в период с 26 по 30 неделю этот показатель в трех экспериментальных группах значительно превышал нормативный<sup>8</sup> (рис. 3).

<sup>6</sup>Yeh F.C., Yang R., Boyle T. POPGENE. Version 1.31. University of Alberta and Centre for International Forestry Research. 1999. URL: [https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene\\_download.html](https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html)

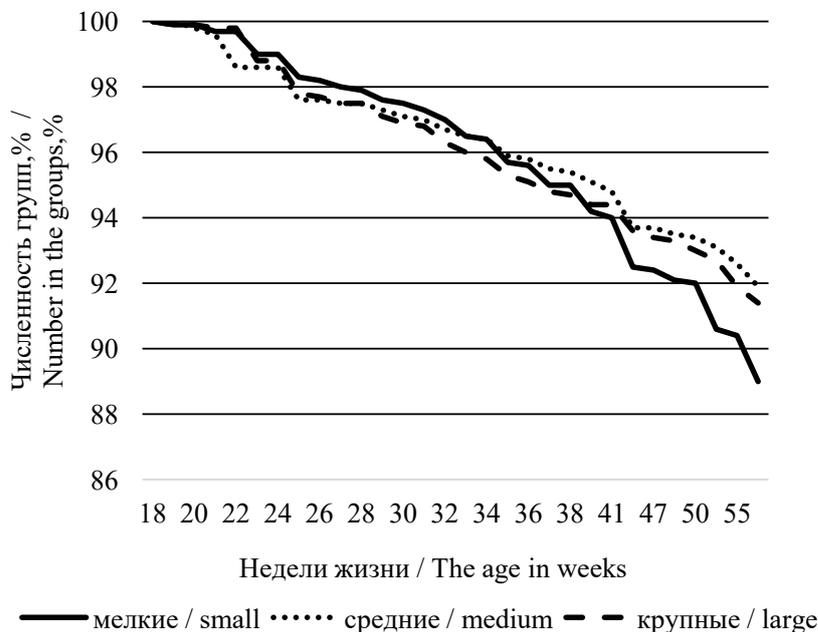
<sup>7</sup>Arbor Acres Plus. Нормативные показатели родительского поголовья Aviagen. 2016.

URL: [https://ru.aviagen.com/assets/Tech\\_Center/BB\\_Foreign\\_Language\\_Docs/RUS\\_TechDocs/AAFF-PS-PO-RU-2016.pdf](https://ru.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_TechDocs/AAFF-PS-PO-RU-2016.pdf)

<sup>8</sup>Там же. URL: [https://ru.aviagen.com/assets/Tech\\_Center/BB\\_Foreign\\_Language\\_Docs/RUS\\_TechDocs/AAFF-PS-PO-RU-2016.pdf](https://ru.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/RUS_TechDocs/AAFF-PS-PO-RU-2016.pdf)

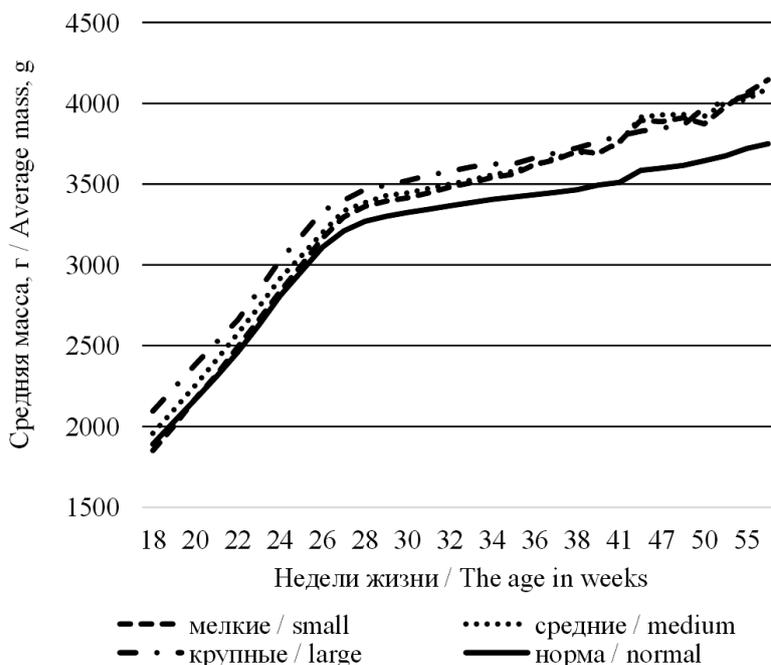
Однако с увеличением возраста (31-33 недели) эти различия уменьшились, а затем исчезли. В период с 34 по 51 неделю яйценоскость кур остается на уровне нормы во всех группах. Начиная с 52 недели, отмечается превышение нормативных показателей в группе «крупные»

(превышение нормативного показателя от 3,24 % в возрасте 52 недели до 6,27 % в возрасте 57 недель). У «средних» кур превышение нормативных показателей не столь значительное, как у «крупных» (от 1,77 % в возрасте 51 недели до 5,72 % в возрасте 57 недель).



**Рис. 1. Численность групп кур-несушек в разные периоды выращивания. Количество кур на 18 неделе: в группе «мелкие» – 6000 шт., «средние» – 6085 шт., «крупные» – 6085 шт. (численность в % рассчитывалась от численности в возрасте 18 недель) /**

**Fig. 1. The number groups of laying hens in different periods of raising. The number of chickens at the age of 18 weeks: in "small" group – 6,000 pcs., in "medium" – 6085 pcs., in "large" – 6085 pcs. (the number in % was calculated from the number at the age of 18 weeks)**



**Рис. 2. Изменение средней массы кур-несушек исследуемых групп за период выращивания / Fig. 2. The change in the average mass of laying hens studied groups during the raising period**

Таблица 1 – Различия по массе групп кур-несушек (возраст 25 недель) /  
Table 1 – Differences in weight between of groups of laying hens (at the age of 25 weeks)

Показатель / Index	Группа / Group		
	мелкие / small	средние / medium	крупные / large
Средняя масса, г / Average weight, g	2998,00±23,90	3056,00±21,91	3180,00±22,39*
Коэффициент вариации, CV% / Coefficient of variation, CV%	5,40	5,12	5,10
Масса кур min - max, г / Mass of chickens minx - max, g	2641-3353	2732-3420	2851-3564

\* Различия между группами кур «мелкие» и «крупные» статистически достоверны при  $p < 0,05$ ; • различия между группами кур «средние» и «крупные» статистически достоверны при  $p < 0,05$  / \* Differences between the groups of small and large chickens are statistically reliable at  $p < 0.05$ ; • differences between the groups of medium and large chickens are statistically reliable at  $p < 0.05$ ;

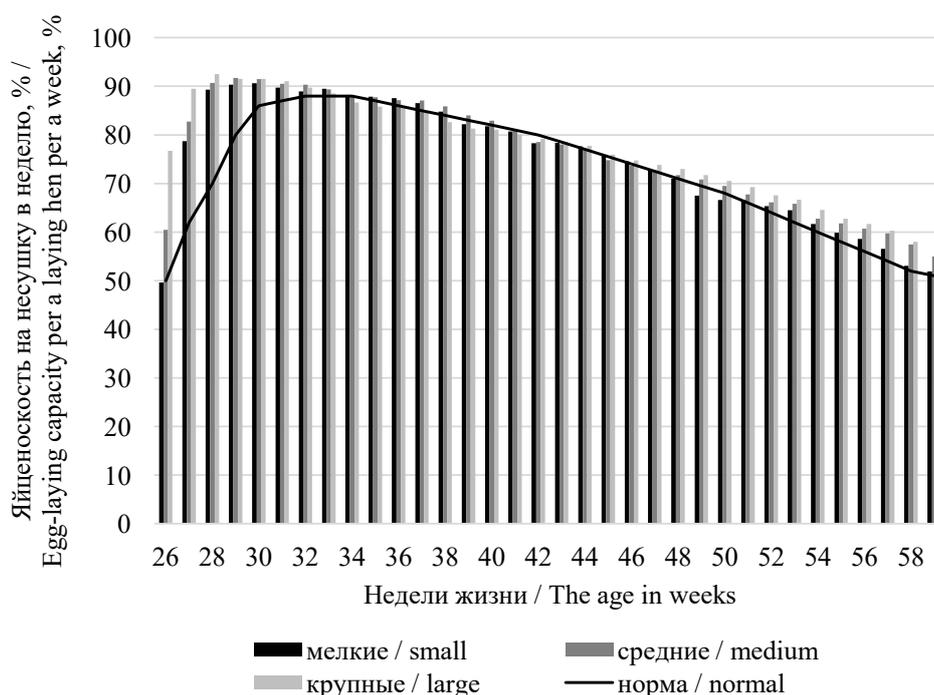


Рис. 3. Яйценоскость кур-несушек исследованных групп /  
Fig. 3. Egg-laying capacity of the laying hens from studied groups

Для изучения генетического полиморфизма кур-несушек было использовано семь праймеров. Количество амплифицированных фрагментов варьировало от 7 до 15 на каждый праймер и в общем составило 74. По всем праймерам был выявлен полиморфизм, но количество полиморфных бэндов варьировало в разных группах кур от 3 до 12 (табл. 2).

Экспериментальные группы кур-несушек различались как по частотам ISSR-бэндов, так и по средним показателям полиморфизма. Более высокие показатели доли полиморфных бэндов ( $P$ ), генетического разнообразия ( $h$ ), наблюдаемого ( $n_e$ ) и эффективного

числа аллелей ( $n_a$ ) отмечены в группе быстрорастущих кур-несушек, в то время как группы «средние» и «мелкие» имели более низкие показатели и достоверно не различались по уровню полиморфизма между собой (табл. 3).

По совокупности частот бэндов были рассчитаны индексы генетического подобия ( $IN$ ) и генетические дистанции Нея ( $D$ ) между группами кур<sup>9</sup>. Индекс подобия между группами кур-несушек «средние» и «мелкие» составил 0,975, и был выше, чем между этими группами и группой «крупные» (0,942 и 0,931 соответственно).

<sup>9</sup>Yeh F.C., Yang R., Boyle T. POPGENE. Version 1.31. University of Alberta and Centre for International Forestry Research. 1999. URL: [https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene\\_download.html](https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html)

*Таблица 2 – Показатели ISSR-полиморфизма групп кур-несушек, отличающихся по темпам роста /*  
*Table 2 – Indicators of ISSR polymorphism of the laying hen groups differing in growth rates*

ПраЙмер / Primer	Количество амплифицированных фрагментов / The number of amplified fragments	Количество полиморфных фрагментов в группе / The number of polymorphous fragments in group		
		крупные / large	средние / medium	мелкие / small
(AG) <sub>8</sub> G	15	12	7	7
(AG) <sub>8</sub> T	13	6	6	6
(CA) <sub>8</sub> G	12	8	6	6
(GT) <sub>8</sub> C	8	5	5	6
(AC) <sub>8</sub> T	9	6	4	5
(TC) <sub>8</sub> C	10	5	5	6
(TG) <sub>8</sub> A	7	7	3	3

*Таблица 3 – Показатели ISSR-полиморфизма групп кур-несушек, отличающихся по темпам роста /*  
*Table 3 – Indicators of ISSR polymorphism of the laying hen groups differing in growth rates*

Группа / Group	Число полиморфных бэндов / The number of polymorphous bands	P, %	h	n <sub>c</sub>	n <sub>a</sub>
Крупные / Large	49	66,22	0,254	1,45	1,66
Средние / Medium	36	48,65	0,178	1,31	1,49
Мелкие / Small	38	51,35	0,182	1,32	1,51

**Заключение.** Таким образом, проведенные исследования выявили генетические различия между тремя группами исследованных кур-несушек. Генетические дистанции между первой группой кур-несушек, с одной стороны, и второй и третьей группами, с другой, составили 0,059 и 0,071 соответственно, и были выше, чем между второй и третьей группами (0,026). Показатели полиморфизма и генетического разнообразия в группе кур-несушек «крупные» были в 1,3-1,4 раза выше, чем в группах «средние» и «мелкие». Выявленные различия по показателям продуктивности (масса тела, яйценоскость) наиболее отчетливо проявлялись в нашем исследовании до 35 недели, в более поздние периоды наблюдения эти различия сглаживались. В начале опыта на 18 неделе средняя масса кур «мелкие» была на 106 г меньше, чем у кур группы «средние»; средняя масса кур из группы «средние» была меньше показателей группы «крупные» на 139 г, а различия между «крупными» и «мелкими» курами составили 245 г. Подобные различия сохраняются до 35-ой недели, в дальнейшем в значительной степени нивелируются. Различия между группами кур наблюдаются также и в показателях яйценоскости, которые с увеличением

возраста кур-несушек (31-33 недели) уменьшаются (количество яиц на несушку в неделю в среднем составило у кур «мелкие» 71,1 %; «средние» – 72,8%; «крупные» – 74,4 %). Три группы кур-несушек различаются по уровню гетерозиготности: более высокий показатель отмечен у крупных кур (0,254), средние и мелкие куры-несушки имели примерно равные показатели (0,178 и 0,182 соответственно). Более высокие показатели ISSR-полиморфизма, отмеченные в группе быстрорастущих («крупные») кур-несушек, могут быть маркером более высокого уровня генетического разнообразия этой группы в сравнении с курами из двух других групп. Известно, что от уровня гетерозиготности организма во многом зависит скорость роста и репродуктивная функция живых организмов [15]. Возможно, преимущество кур-несушек группы «крупные» по признакам продуктивности обусловлено их более высокой гетерозиготностью. В связи с этим, поддержание оптимального уровня генетического разнообразия является необходимым условием высокой продуктивности и темпов роста кур-несушек, особенно в раннем возрасте.

Проведенные исследования показали, что ISSR-маркеры могут быть рекомендованы

в качестве простого в исполнении и относительно недорогого инструмента для мониторинга генетического разнообразия стад кур-

несушек с целью поддержания более высокой их продуктивности и для дальнейшей селекционной работы.

### References

1. Boulton K., Nolan M. J., Wu Z., Psifidi A., Riggio V., Harman K., Bishop S. C., Kaiser P., Abrahamson M. S., Hawken R., Watson K. A., Tomley F. M., Blake D. P., Hume D. A. Phenotypic and genetic variation in the response of chickens to *Eimeria tenella* induced coccidiosis. *Genetics Selection Evolution*. 2018; 50(1):63. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0433-7>
2. Wolc A., Arango J., Jankowski T., Dunn I., Settar P., Fulton J. E., O'Sullivan N. P., Preisinger R., Fernando R. L., Garrick D. J., Dekkers J. C. M. Genome-wide association study for egg production and quality in layer chickens. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2014; 131(3):173-182. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbg.12086>
3. Bennett A. K., Hester P. Y., Spurlock D. E. M. Polymorphisms in vitamin D receptor, osteopontin, insulin-like growth factor 1 and insulin, and their associations with bone, egg and growth traits in a layer - Broiler cross in chickens. *Animal Genetics*. 2006; 37(3):283-286. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01439.x>
4. Honkatukia M., Tuiskula-Haavisto M., De Koning D.-J., Virta A., Mäki-Tanila A., Vilkki J. A region on chicken chromosome 2 affects both egg white thinning and egg weight. *Genetics Selection Evolution*. 2005; 37(5):563-577. DOI: <https://doi.org/10.1051/gse:2005016>
5. Dunn I. C., Joseph N. T., Bain M., Edmond A., Wilson P. W., Milona P., Nys Y., Waddington D. Polymorphisms in eggshell organic matrix genes are associated with eggshell quality measurements in pedigree Rhode Island Red hens. *Animal Genetics*. 2009; 40(1):110-114. DOI: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1365-2052.2008.01794.x>
6. Jiang R. S., Xie Z., Chen X. Y., Geng Z. Y. A single nucleotide polymorphism in the parathyroid hormone gene and effects on eggshell quality in chickens. *Poultry Science*. 2010; 89(10):2101-2105. DOI: <https://doi.org/10.3382/ps.2010-00888>
7. Dunn I. C., Meddle S. L., Wilson P. W., Wardle C. A., Law A. S., Bishop V. R., Hindar C., Hocking P. M. Decreased expression of the satiety signal receptor CCKAR is responsible for increased growth and body weight during the domestication of chickens. *American Journal of Physiology - Endocrinology and Metabolism*. 2013; 304(9):909-921. DOI: <https://doi.org/10.1152/ajpendo.00580.2012>
8. Hansen C., Yi N., Zhang Y. M., Xu S., Gavora J., Cheng H. H. Identification of QTL for production traits in chickens. *Animal Biotechnology*. 2005; 16(1):67-79. DOI: <https://doi.org/10.1081/ABIO-200055016>
9. Buyarov V. S., Cheronova I. V., Buyarov A. V., Aldobaeva N. A. *So-vremennye myasnye i yachnye krossy kur: zootehnicheskie i ekonomicheski aspekty*. [Modern meat and egg crosses of chicken: zootechnical and economic aspects. *vestnik of voronezh state agrarian university*]. *Vestnik Voronezhskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta* = *Vestnik of Voronezh state agrarian university*. 2018; 2(57):88-99. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=35258002>
10. Mitrofanova O. V., Dement'eva N. V., Krutikova A. A. *Polimorfizm v promotore gena prolaktina i ego assotsiatsiya s napravleniem pro-ektivnosti u kur*. [Polymorphism in promoter of prolactin gene and its association with production traits in chickens]. *Nauchnyy zhurnal KubGAU = Scientific Journal of KubSAU*. 2015; 111(7):1-10. (In Russ.). URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/polimorfizm-v-promotore-gena-prolaktina-i-ego-asso-tsiatsiya-s-napravleniem-produktivnosti-u-kur>
11. Zietjiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*. 1994; 20(2):176-183. DOI: <https://doi.org/10.1006/geno.1994.1151>
12. Williams J.G.K., Kubelik A.R., Livak K.J. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*. 1990; 18(22): 6531-6535.
13. Bender W., Pierre S., Hognes D.S. Chromosomal walking and jumping to isolate DNA from Ace and rosy loci of bithorax complex in *Drosophila melanogaster*. *Journal of Molecular Biology*. 1983; 168:17-33. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(83\)80320-9](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(83)80320-9)

*Сведения об авторах*

**Григорьева Марина Алексеевна**, аспирант Института биологии, ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет», ул. Пирогова, д. 3, г. Тюмень, Российская Федерация, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), ведущий технолог ОА «ПРОДО Тюменский бройлер», с. Каскара, Тюменская обл., Тюменский район, Российская Федерация, 625512, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0001-6296-4962>, e-mail: [M.GRIGOREVA@tumen.prodo.ru](mailto:M.GRIGOREVA@tumen.prodo.ru)

**Величко Оксана Александровна**, доктор с.-х. наук, директор ОА «ПРОДО Тюменский бройлер», с. Каскара, Тюменская обл., Тюменский район, Российская Федерация, 625512, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-2448-0689>, e-mail: [voa@tumen.prodo.ru](mailto:voa@tumen.prodo.ru)

**Жигилева Оксана Николаевна**, доктор биол. наук, профессор кафедры экологии и генетики Института биологии, ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет», ул. Пирогова, д. 3, г. Тюмень, Российская Федерация, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-3782-3014>, e-mail: [zhigileva@mail.ru](mailto:zhigileva@mail.ru)

**Пак Ирина Владимировна**, доктор биол. наук, профессор, заведующий кафедрой экологии и генетики Института биологии, ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет», ул. Пирогова, д. 3, г. Тюмень, Российская Федерация, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0001-7038-2583>, e-mail: [pakiv57@mail.ru](mailto:pakiv57@mail.ru)

**Виноградский Иван Александрович**, студент 5 курса Института биологии, ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет», ул. Пирогова, д. 3, г. Тюмень, Российская Федерация, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), e-mail: [vinogradskiy.vanechka@mail.ru](mailto:vinogradskiy.vanechka@mail.ru)

✉ **Рустамов Ризван Дилман оглы**, аспирант кафедры экологии и генетики Института биологии, ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет», ул. Пирогова, д. 3, г. Тюмень, Российская Федерация, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-7046-8405>, e-mail: [rizvanich@mail.ru](mailto:rizvanich@mail.ru)

**Трофимов Олег Владимирович**, кандидат биол. наук, доцент кафедры экологии и генетики Института биологии, ФГАОУ ВО «Тюменский государственный университет», ул. Пирогова, д. 3, г. Тюмень, Российская Федерация, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-0086-1180>, e-mail: [oleg\\_v\\_trofimov@mail.ru](mailto:oleg_v_trofimov@mail.ru)

*Information about the authors*

**Marina A. Grigorieva**, postgraduate, Tyumen State University, Institute of Biology, Pirogov St., 3, Tyumen, Russian Federation, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), Leading Technologist PRODO Tyumen Broiler, village of Kaskara, Tyumen Region, Russian Federation, 625512, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0001-6296-4962>, e-mail: [M.GRIGOREVA@tumen.prodo.ru](mailto:M.GRIGOREVA@tumen.prodo.ru)

**Oksana A. Velichko**, DSc in Agricultural Science, Director of the PRODO Tyumen Broiler, village of Kaskara, Tyumen Region, Russian Federation, 625512, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-2448-0689>, e-mail: [voa@tumen.prodo.ru](mailto:voa@tumen.prodo.ru)

**Oksana N. Zhigileva**, DSc in Biological science, professor, Tyumen State University, Institute of Biology, Pirogov St., 3, Tyumen, Russian Federation, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-3782-3014>, e-mail: [zhigileva@mail.ru](mailto:zhigileva@mail.ru)

**Irina V. Pak**, DSc in Biological science, professor, Head of the Department of Ecology and Genetics, Tyumen State University, Institute of Biology, Pirogov St., 3, Tyumen, Russian Federation, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0001-7038-2583>, e-mail: [pakiv57@mail.ru](mailto:pakiv57@mail.ru)

**Ivan A. Vinogradsky**, student, Tyumen State University, Institute of Biology, Pirogov St., 3, Tyumen, Russian Federation, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), e-mail: [vinogradskiy.vanechka@mail.ru](mailto:vinogradskiy.vanechka@mail.ru)

✉ **Rizvan D. Rustamov**, postgraduate, Tyumen State University, Institute of Biology, Pirogov St., 3, Tyumen, Russian Federation, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-7046-8405>, e-mail: [rizvanich@mail.ru](mailto:rizvanich@mail.ru)

**Oleg V. Trofimov**, PhD in Biological science, associate professor, Tyumen State University, Institute of Biology, Pirogov St., 3, Tyumen, Russian Federation, 625043, e-mail: [biologia.91@mail.ru](mailto:biologia.91@mail.ru), [inbio@utmn.ru](mailto:inbio@utmn.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-0086-1180>, e-mail: [oleg\\_v\\_trofimov@mail.ru](mailto:oleg_v_trofimov@mail.ru)

✉ – Для контактов / Corresponding author