



Генетика и селекция животных Genetics and selection of animals

DOI: 10.22363/2312-797X-2023-18-1-105-115

EDN WTBNKE

УДК 636.52/.58:577.21: 575.113:636.082.2

Научная статья / Research article

Структура геномной ДНК в популяциях кур, выявляемая мультилокусным ДНК-зондом

В.П. Терлецкий  , **В.И. Тыщенко** 

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», г. Санкт-Петербург, Российская Федерация

 valeriter@mail.ru

Аннотация. Молекулярно-генетические технологии занимают все большее место в селекционной работе по совершенствованию существующих пород и популяций кур, а также в программах сохранения ценного генофонда. Малочисленные локальные породы являются источником ценных генов, которые можно использовать в селекции. Цель исследования — получение новых знаний о структуре геномной ДНК шести популяций кур с помощью мультилокусного анализа с меченым молекулярным зондом (ГТГ) 5. Мультилокусный анализ с использованием меченых ДНК-зондов позволяет одновременно учитывать большое число генетических локусов и рассчитать популяционно-генетические параметры как внутри популяций, так и между ними. Приведены данные по использованию мультилокусного зонда в реакции молекулярной гибридизации на шести породах и популяциях кур различного происхождения. Показано, что большое генетическое расстояние наблюдалось между черно-пестрым австралорпом и голошейной ($D = 0,155$). По критерию средней гетерозиготности популяция голошейных кур превосходила юрловских голосистых и черно-пестрых австралорпов. Очевидно, это связано с интенсивной селекционной работой, проводимой в последних двух популяциях, что снижает их генетическое разнообразие. Выявлены маркерные фрагменты ДНК, специфичные для отдельных пород. Подтверждена эффективность мультилокусного анализа как инструмента выявления особенностей организации генома в породах и популяциях кур.

© Терлецкий В.П., Тыщенко В.И., 2023



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/legalcode>

Ключевые слова: породы кур, генетическое разнообразие, гетерозиготность, коэффициент сходства, генетические расстояния

Заявление о конфликте интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Финансирование. Благодарности. Работа подготовлена в рамках выполнения государственного задания 0445–2021–0010.

История статьи: поступила в редакцию 5 августа 2022 г., принята к публикации 18 октября 2022 г.

Для цитирования: Терлецкий В.П., Тыщенко В.И. Структура геномной ДНК в популяциях кур, выявляемая мультилокусным ДНК-зондом // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство. 2023. Т. 18. № 1. С. 105—115. (In Russ.). doi: 10.22363/2312-797X-2023-18-1-105-115

Structure of genomic DNA in chicken populations revealed by multilocus DNA probe

Valeriy P. Terletskiy  , Valentina I. Tyshchenko 

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding,
St. Petersburg, Russian Federation
 valeriter@mail.ru

Abstract. Molecular genetic technologies are taking an increasing place in breeding work to improve existing breeds and populations of chickens, as well as in programs to preserve a valuable gene pool. Small local breeds are a source of valuable genes that can be used in breeding. The aim of this work was to obtain new knowledge about the structure of genomic DNA of six chicken populations using multilocus analysis with a labeled molecular probe (GTG)5. Multilocus analysis using labeled DNA probes provides working simultaneously with a large number of genetic loci and calculating population genetic parameters both within populations and between them. The data on use of the multilocus probe (GTG)5 in molecular hybridization reaction in six breeds and populations of chickens were analyzed. The results revealed a large genetic distance between Black-and-White Australorp and the Bald-necked chickens ($D = 0.155$). Bald-necked chickens are bred in isolation from other breeds to maintain the unique trait of ‘naked necks’. According to the criterion of average heterozygosity, the population of Bald-necked chickens surpassed the Yurlov Crows and Black-and-White Australorps. Obviously, this is due to the intensive breeding work carried out in the last two populations, which reduces genetic diversity. Marker DNA fragments specific for individual breeds were identified. The effectiveness of multilocus analysis as a tool for identifying the features of genome organization in chicken breeds and populations was confirmed.

Keywords: chicken breeds, genetic variability, heterozygosity, similarity coefficient, genetic distances

Conflicts of interest. The authors declared no conflicts of interest.

Funding. The work was carried out within the framework of the state assignment no. 0445–2021–0010.

Article history: Received: 5 August 2022. Accepted: 18 October 2022.

For citation: Terletskiy VP, Tyshchenko VI. Structure of genomic DNA in chicken populations revealed by multilocus DNA probe. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2023; 18(1):105—115. (In Russ.). doi: 10.22363/2312-797X-2023-18-1-105-115

Введение

Генетический анализ ДНК кур различных пород позволяет установить их исторические взаимоотношения, направления селекции, уточнить происхождение пород, биологическое разнообразие и выявить ассоциации отдельных участков генома с продуктивными признаками [1–3]. Особенно актуальны такие исследования в отношении малочисленных генофондных пород и популяций [4, 5]. В ряде случаев выведение новых пород происходило путем скрещиваний различных групп птицы с последующим закреплением нужных фенотипов. При этом «следы» самых различных пород могут выявляться при анализе распределения однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) на чипах высокой плотности [6, 7]. Нужно отметить, что интенсивная селекция на продуктивные признаки может снизить вариабельность генов, определяющих резистентность у птицы [8, 9].

В программах скрещивания при создании гибридных форм можно использовать генофондные породы с уникальными генами [10]. С практической точки зрения важно понять вклад каждой породы в конечный результат. Описаны случаи интрогрессии генов от промышленных высокопродуктивных пород генофондным [11]. Поддержание необходимого уровня разнообразия в популяциях — необходимый элемент в селекционной работе. Известно, что снижение генетического разнообразия выражается в виде инбредной депрессии с проявлением целого комплекса негативных последствий [12, 13]. Причиной этого считается переход вредных рецессивных аллелей, не экспрессирующихся в гетерозиготном состоянии, в гомозиготное состояние. В последнее время доказывают также, что при инбридинге возможны изменения в метилировании ДНК, что выражается в депрессии [14].

Цель исследования — выявить популяционно-генетические параметры, такие как межпопуляционное разнообразие (коэффициент сходства и генетическое расстояние), внутривидовое разнообразие (гетерозиготность), в шести породах и популяциях кур.

Материалы и методы исследований

В исследовании использовали биоматериал (кровь из подкрыльцовой вены), полученный из особей ($n = 10–15$) кур шести популяций Биоресурсной коллекции Всероссийского научно-исследовательского института генетики и разведения сельскохозяйственных животных (ВНИИГРЖ). Для предотвращения сворачивания крови в пробирку помещали 1 каплю 0,5 М раствора этилендиаминотетрауксусной кислоты (ЭДТА). Клетки лизировали в буфере TES (50 мМ трис, 20 мМ ЭДТА, 10 мМ NaCl, pH 8,0), содержащим 0,5 % раствор додецилсульфата. Параллельно в раствор вносили протеиназу К до конечной концентрации 100 мкг/мл, обеспечивающей расщепление белков смеси. После проведения инкубации при 60 °С в пробирки вносили равный объем водонасыщенного фенола, встряхивали и центрифугировали для полного разделения фаз. Верхнюю фазу с ДНК отбирали в новую пробирку, ДНК осаждали этанолом и растворяли в буфере TE (10 мМ трис, 1 мМ ЭДТА).

Геномную ДНК расщепляли эндонуклеазой рестрикции *HaeIII*, полученные фрагменты ДНК разделяли по длине в агарозном геле, переносили на нейлоновый фильтр, фиксировали в ультрафиолетовом свете, проводили реакцию молекулярной гибридизации с меченым олигонуклеотидным зондом (ГТГ) 5, как описано ранее [5]. Анализ количества и распределения фрагментов ДНК на фильтре позволил рассчитать попарное сходство между особями как внутри каждой популяции, так и между популяциями. Доля общих фрагментов ДНК выражалась коэффициентом сходства (BS). Гетерозиготность рассчитывали по формуле [15, с. 732] с использованием программы Gelstats™. Филогенетические деревья строили с использованием программы Statistica 6.0™ (модуль программы Cluster analysis). Основные этапы экспериментальной работы приведены на рис. 1.

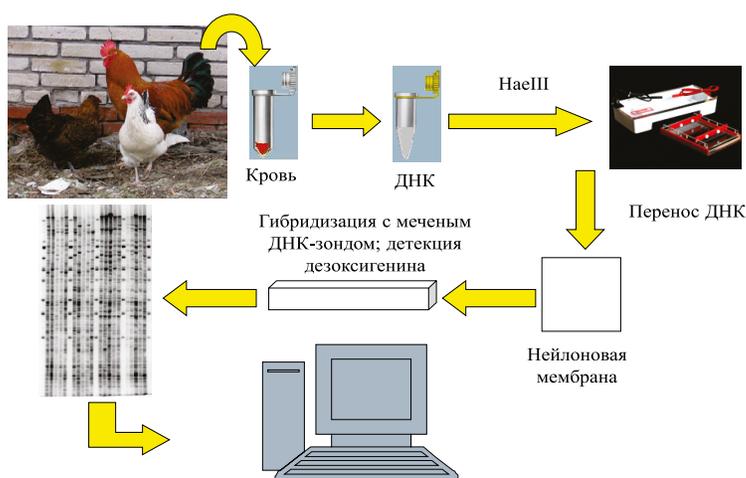


Рис. 1. Схематическое изображение основных этапов проведения мультилокусного анализа

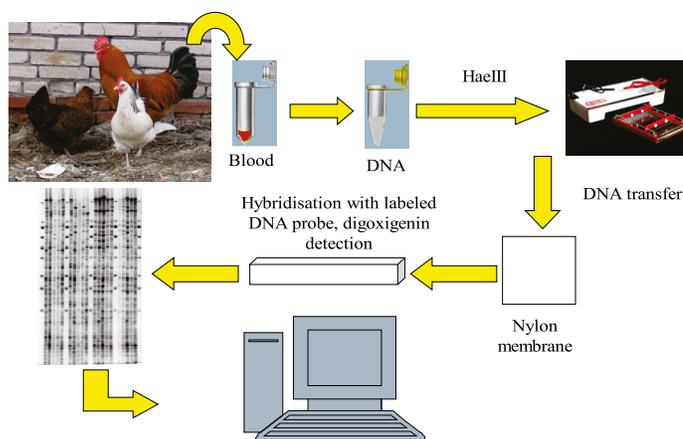


Fig. 1. Outline of main experimental stages of multilocus analysis

Результаты исследования и обсуждение

В первом эксперименте были определены популяционно-генетические параметры в трех популяциях кур следующих пород: юрловская голосистая, черно-пестрый австралорп и голошейная (табл. 1). Наибольшее генетическое расстояние наблюдалось между черно-пестрым австралорпом и голошейной ($D = 0,155$), а также между юрловской голосистой и голошейной ($D = 0,145$), из чего следует, что данные породы имеют разные корни в происхождении. Относительную близость показали куры юрловской голосистой и черно-пестрого австралорпа. Более разнообразной группой является голошейная, в особях которой доля общих фрагментов ДНК при попарном сравнении была наиболее низкой ($BS = 0,32$).

Таблица 1

Популяционно-генетические параметры в 3 популяциях кур (юрловская голосистая, черно-пестрый австралорп, голошейная), полученные методом ДНК-фингерпринтинга

Популяции кур	n	Полос на дорожку, $X \pm m$	P	BS ¹	BS ²	D
Юрловская голосистая	10	27,7 ± 0,9	9,2 × 10 ⁻¹³	0,37	0,29	0,090
Черно-пестрый австралорп	11	27,4 ± 0,5	6,9 × 10 ⁻¹²	0,39		
Юрловская голосистая	10	27,7 ± 0,9	9,2 × 10 ⁻¹³	0,37	0,20	0,145
Голошейная	11	22,7 ± 1,6	4,6 × 10 ⁻¹²	0,32		
Черно-пестрый австралорп	11	27,4 ± 0,5	6,9 × 10 ⁻¹²	0,39	0,20	0,155
Голошейная	11	22,7 ± 1,6	4,6 × 10 ⁻¹²	0,32		

Примечание. P – вероятность встречаемости двух особей с идентичным набором всех фрагментов ДНК; BS¹ – коэффициент сходства внутри групп; BS² – коэффициент сходства между группами; D – генетическое расстояние.

Table 1

Population and genetic parameters in 3 chicken populations (Yurlov Crows, Black-and-White Australorp and Bald-necked chickens) generated by DNA fingerprinting

Chicken population	n	Bands per lane, $X \pm m$	P	BS ¹	BS ²	D
Yurlov Crows	10	27.7 ± 0.9	9.2 × 10 ⁻¹³	0.37	0.29	0.090
Black-and-White Australorp	11	27.4 ± 0.5	6.9 × 10 ⁻¹²	0.39		
Yurlov Crows	10	27.7 ± 0.9	9.2 × 10 ⁻¹³	0.37	0.20	0.145
Bald-necked chickens	11	22.7 ± 1.6	4.6 × 10 ⁻¹²	0.32		
Black-and-White Australorp	11	27.4 ± 0.5	6.9 × 10 ⁻¹²	0.39	0.20	0.155
Bald-necked chickens	11	22.7 ± 1.6	4.6 × 10 ⁻¹²	0.32		

Note. P – the probability of occurrence of two individuals with an identical set of all DNA fragments; BS¹ – coefficient of similarity within groups; BS² – coefficient of similarity between groups; D – genetic distance.

Поиск специфических фрагментов ДНК в первых трех изучаемых популяциях (табл. 2) привел к выявлению фрагментов ДНК № 108 и 112 — маркерные фрагменты для черно-пестрого австралорпа, встречаются с частотой (0,91), но у особей

голошейной и юрловской голосистой пород они не встречаются вообще либо имеют низкую частоту встречаемости.

Таблица 2

Специфические фрагменты ДНК и аллели, имеющие разную частоту встречаемости в 3 популяциях кур (юрловская голосистая, черно-пестрый австралорп и голошейная), рассчитанные методом ДНК-фингерпринтинга

Фрагмент ДНК	Частота фрагментов ДНК			Частота встречаемости аллелей $q = 1 - \sqrt{1 - p}$		
	I	II	III	I	II	III
85	0,80	0,27	0,18	0,55	0,15	0,09
106	0,10	0,00	0,73	0,05	0,00	0,48
108	0,60	0,91	0,00	0,37	0,68	0,00
112	0,00	0,91	0,18	0,00	0,05	0,09

Примечание. I – юрловская голосистая; II – черно-пестрый австралорп; III – голошейная; p – частота встречаемости фрагмента ДНК в популяции.

Table 2

Specific DNA fragments and alleles with different frequency of occurrence in 3 chicken populations (Yurlov Crower, Black-and-White Australorp and Bald-necked chicken) calculated by DNA fingerprinting

DNA fragment	DNA fragment frequency			Frequency of allele occurrence $q = 1 - \sqrt{1 - p}$		
	I	II	III	I	II	III
85	0.80	0.27	0.18	0.55	0.15	0.09
106	0.10	0.00	0.73	0.05	0.00	0.48
108	0.60	0.91	0.00	0.37	0.68	0.00
112	0.00	0.91	0.18	0.00	0.05	0.09

Note. I – Yurlov Crower; II – Black-and-White Australorp; III – Bald-necked chicken; p – frequency of DNA fragment in population.

Расчеты, проведенные на выявление внутрипопуляционного генетического разнообразия в этих популяциях кур (табл. 3), подтвердили предположение о том, что наиболее разнообразной популяцией являются особи голошейной породы, показавшие наибольшую гетерозиготность ($H = 0,76$). Тем не менее достаточно высокая гетерозиготность наблюдалась и у других пород ($H = 0,71$).

Гетерозиготность Н в 3 популяциях кур: юрловская голосистая, черно-пестрый австралорп, голошейная

Популяции кур	n	Число локусов	Число аллелей	Число полиморфных локусов	H
Юрловская голосистая	10	16,16	5,88	1,00	0,71
Черно-пестрый австралорп	11	16,05	5,48	1,00	0,71
Голошейная	11	12,91	6,50	1,00	0,76

Table 3

Heterozygosity (H) in three chicken populations: Yurlov Crower, Black-and-White Australorp and Bald-necked chicken

Chicken population	n	Number of loci	Number of alleles	Number of polymorphic loci	H
Yurlov Crower	10	16.16	5.88	1.00	0.71
Black-and-White Australorp	11	16.05	5.48	1.00	0.71
Bald-necked chicken	11	12.91	6.50	1.00	0.76

Известно, что голошейные куры — редкая генофондная порода народной селекции, разводима в условиях коллекционеров и у любителей. Признак голошейности имеет генетическую природу, наследуется как доминантный, стойко передается потомству. Порода не скрещивается с другой птицей и содержится в изолированном состоянии на протяжении длительного времени, что обуславливает генетическую удаленность. Эти представления наглядно проиллюстрированы построением филогенетического древа как с использованием значений коэффициента сходства, так и генетических расстояний (рис. 2).

Аналогичная работа была проведена на трех популяциях кур павловской породы: особи из Биоресурсной коллекции ВНИИГРЖ, куры из Московской области, куры из фермерского хозяйства Барнаула (табл. 4). Наибольшим коэффициентом сходства внутри породы отличались павловские куры из Московской области ($BS^1 = 0,58$), а наименьшим — куры из Биоресурсной коллекции ВНИИГРЖ ($BS^1 = 0,39$), но тем не менее по генетическим расстояниям они очень близки ($D = 0,055$). Наиболее выраженная генетическая дистанция определялась между павловскими курами из Барнаула и Московской области ($D = 0,105$), а также между курами из Барнаула и экспериментального хозяйства ВНИИГРЖ ($D = 0,100$).

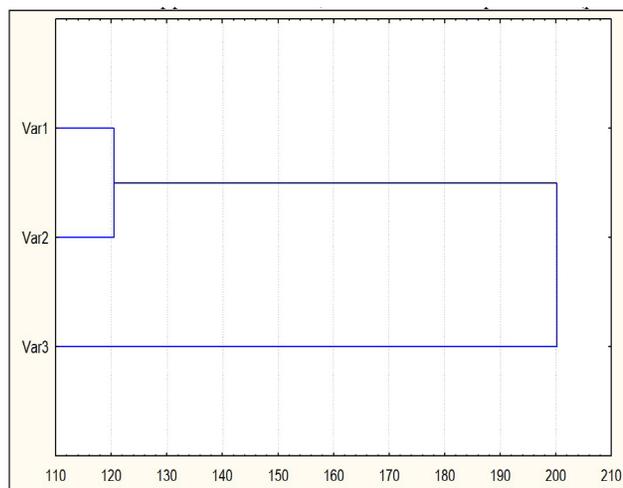


Рис. 2. Филогенетическое древо, показывающее генетические взаимоотношения в породах кур по данным программы Statistica 6.0™ (модуль Cluster analysis): Var1 – юрловская голосистая; Var2 – черно-пестрый австралорп; Var3 – голошейная. По оси ординат – условные единицы генетического расстояния

Fig. 2. Phylogenetic tree showing genetic relationships in chicken breeds according to the Statistica 6.0™ program (Cluster analysis module): Var1 – Yurlov Crows, Var2 – Black-and-White Australorp, Var3 – Bald-necked chicken. On the y-axis – conventional units of genetic distance

Таблица 4

Популяционно-генетические параметры в 3 популяциях кур павловской породы (ВНИИГРЖ, Московская обл., Барнаул), полученные методом ДНК-фингерпринтинга

Группы кур	n	Количество полос на дорожку X ± m	P	BS ¹	BS ²	D
Павловская ВНИИГРЖ	15	10,6 ± 0,9	4,7 × 10 ⁻⁵	0,39	0,43	0,055
Павловская Моск. обл.	12	13,6 ± 0,9	5,5 × 10 ⁻⁴	0,58	0,45	0,105
Павловская ВНИИГРЖ	15	10,6 ± 0,9	4,7 × 10 ⁻⁵	0,39	0,36	0,100
Павловская Барнаул	13	15,0 ± 1,4	7,5 × 10 ⁻⁵	0,53	0,45	0,105
Павловская Моск. обл.	12	13,6 ± 0,9	5,5 × 10 ⁻⁴	0,58	0,45	0,105
Павловская Барнаул	13	15,0 ± 1,4	7,5 × 10 ⁻⁵	0,53	0,45	0,105

Table 4

Population and genetic parameters in 3 groups of Pavlov chickens (RRIFAGB, Moscow region, Barnaul), as revealed by DNA fingerprinting

Chicken group	n	Bands per lane, X ± m	P	BS ¹	BS ²	D
Pavlov RRIFAGB	15	10.6 ± 0.9	4.7 × 10 ⁻⁵	0.39	0.43	0.055
Pavlov Moscow region	12	13.6 ± 0.9	5.5 × 10 ⁻⁴	0.58	0.45	0.105
Pavlov RRIFAGB	15	10.6 ± 0.9	4.7 × 10 ⁻⁵	0.39	0.36	0.100
Pavlov Barnaul	13	15.0 ± 1.4	7.5 × 10 ⁻⁵	0.53	0.45	0.105
Pavlov Moscow region	12	13.6 ± 0.9	5.5 × 10 ⁻⁴	0.58	0.45	0.105
Pavlov Barnaul	13	15.0 ± 1.4	7.5 × 10 ⁻⁵	0.53	0.45	0.105

Заключение

ДНК-зонд (ГТГ)5 может эффективно использоваться при выяснении особенностей организации генома у кур различных пород и популяций. С его помощью можно рассчитать основные популяционно-генетические параметры, такие как коэффициент сходства, средняя гетерозиготность и генетические расстояния.

Библиографический список

1. Коршунова Л.Г., Карапетян Р.В. Молекулярная генетика в селекции сельскохозяйственной птицы // Птицеводство. 2018. № 2. С. 2–5.
2. Коршунова Л.Г., Карапетян Р.В. Использование генетических методов на основе ДНК-маркеров продуктивных признаков в селекции кур // Птицеводство. 2021. № 5. С. 4–7. doi: 10.33845/0033-3239-2021-70-5-4-7
3. Zhuang Z.X., Cheng S.E., Chen C.F., Lin E.C., Huang S.Y. Genomic regions and pathways associated with thermotolerance in layer-type strain Taiwan indigenous chickens // *Journal of Thermal Biology*. 2020. Vol. 88: 102486. doi: 10.1016/j.jtherbio.2019.102486
4. Гальперн И.Л., Перинек О.Ю., Федорова З.Л. Использование двух генофондных пород кур для создания трехлинейного яично-мясного кросса // Птица и птицепродукты. 2020. № 1. С. 34–39. doi: 10.30975/2073-4999-2020-22-1-34-39
5. Тыщенко В.И., Терлецкий В.П. Молекулярно-генетическая характеристика четырех генофондных пород кур // Птица и птицепродукты. 2019. № 3. С. 64–66. doi: 10.30975/2073-4999-2019-21-3-64-66
6. Chen L., Wang X., Cheng D., Chen K., Fan Y., Wu G., You J., Liu S., Mao H., Ren J. Population genetic analyses of seven Chinese indigenous chicken breeds in a context of global breeds // *Animal Genetics*. 2019. Vol. 50(1). P. 82–86. doi: 10.1111/age.12732
7. Rostamzadeh M.E., Esmailzadeh A., Ayatollahi M.A., Asadi F.M. A genome-wide scan to identify signatures of selection in two Iranian indigenous chicken ecotypes // *Genetics Selection Evolution*. 2021. № 53(72). doi: 10.1186/s12711-021-00664-9
8. Бородин А.М., Алексеев Я.И., Герасимов К.Е., Коновалова Н.В., Терентьева Е.В., Ефимов Д.Н., Емануйлова Ж.В., Тучемский Л.И., Комаров А.А., Фисинин В.И. Селекция продуктивности кур влияет на гены иммунной системы // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2020. Т. 24. № 7. С. 755–760. doi: 10.18699/VJ20.670
9. Bosse M., Megens H.J., Derks M.F.L., de Cara Á.M.R., Groenen M.A.M. Deleterious alleles in the context of domestication, inbreeding, and selection // *Evolutionary Applications*. 2018. № 12(1). С. 6–17. doi: 10.1111/eva.12691
10. Макарова А.В. Пример использования генофонда кур в селекционной программе // Генетика и разведение животных. 2019. № 3. С. 24–28. doi: 10.31043/2410-2733-2019-3-24-28
11. Zhang C., Lin D., Wang Y., Peng D., Li H., Fei J., Chen K., Yang N., Hu X., Zhao Y., Li N. Widespread introgression in Chinese indigenous chicken breeds from commercial broiler // *Evolutionary Applications*. 2019. № 12(3). С. 610–621. doi: 10.1111/eva.12742
12. Xue Q., Li G., Cao Y., Yin J., Zhu Y., Zhang H., Zhou C., Shen H., Dou X., Su Y., Wang K., Zou J., Han W. Identification of genes involved in inbreeding depression of reproduction in Langshan chickens // *Animal Bioscience*. 2021. Vol. 34. № 6. P. 975–984. doi: 10.5713/ajas.20.0248
13. Doekes H.P., Bijma P., Windig J.J. How depressing is inbreeding? A meta-analysis of 30 years of research on the effects of inbreeding in livestock // *Genes (Basel)*. 2021. Vol. 12. № 6. P. 926. doi: 10.3390/genes12060926
14. Han W., Xue Q., Li G., Yin J., Zhang H., Zhu Y., Xing W., Cao Y., Su Y., Wang K., Zou J. Genome-wide analysis of the role of DNA methylation in inbreeding depression of reproduction in Langshan chicken // *Genomics*. 2020. Vol. 112. № 4. P. 2677–2687. doi: 10.1016/j.ygeno.2020.02.007

15. Stephens J.C., Gilbert D.A., Yuhki N., O'Brien S.J. Estimation of heterozygosity for single-probe multilocus DNA fingerprints // *Molecular Biology and Evolution*. 1992. Vol. 9. № 4. P. 729–743.

References

1. Korshunova LG, Karapetyan RV. Molecular genetic methods in poultry selection. *Ptitsevodstvo*. 2018;(2):2–5. (In Russ.).
2. Korshunova LG, Karapetyan RV. The use of the genetic methods based on the DNA markers of the productive traits in the selection of chicken. *Pticevodstvo*. 2021;(5):4–7. (In Russ.). doi: 10.33845/0033-3239-2021-70-5-4-7
3. Zhuang ZX, Cheng SE, Chen CF, Lin EC, Huang SY. Genomic regions and pathways associated with thermotolerance in layer-type strain Taiwan indigenous chickens. *Journal of Thermal Biology*. 2020;88:102486. doi: 10.1016/j.jtherbio.2019.102486
4. Galpern IL, Perinek OY, Fedorova ZL. The using of two gene pool breeds of chickens to create a 3-linear egg-meat cross. *Poultry and chicken products*. 2020;(1):34–39. (In Russ.). doi: 10.30975/2073-4999-2020-22-1-34-39
5. Tyshchenko VI, Terletskiy VP. Molecular genetics characterization of four gene pool chicken breeds. *Ptica i pticeprodukti*. 2019;(3):64–66. (In Russ.). doi: 10.30975/2073-4999-2019-21-3-64-66
6. Chen L, Wang X, Cheng D, Chen K, Fan Y, Wu G, You J, Liu S, Mao H, Ren J. Population genetic analyses of seven Chinese indigenous chicken breeds in a context of global breeds. *Animal Genetics*. 2019;50(1):82–86. doi: 10.1111/age.12732
7. Rostamzadeh ME, Esmailzadeh A, Ayatollahi MA, Asadi FM. A genome-wide scan to identify signatures of selection in two Iranian indigenous chicken ecotypes. *Genetics Selection Evolution*. 2021;53:72. doi: 10.1186/s12711-021-00664-9
8. Borodin AM, Alekseev YI, Gerasimov KE, Konovalova NV, Terentjeva EV, Efimov DN, Emanuilova ZV, Tuchemskiy LI, Komarov AA, Fisinin VI. Chickens productivity selection affects immune system genes. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020;24(7):755–760. (In Russ.). doi: 10.18699/VJ20.670
9. Bosse M, Megens HJ, Derks MFL, de Cara ÁMR, Groenen MAM. Deleterious alleles in the context of domestication, inbreeding, and selection. *Evolutionary Applications*. 2018;12(1):6–17. doi: 10.1111/eva.12691
10. Makarova AV. An example of using the chicken gene pool in breeding program. *Genetics and breeding of animals*. 2019;(3):24–28. (In Russ.). doi: 10.31043/2410-2733-2019-3-24-28
11. Zhang C, Lin D, Wang Y, Peng D, Li H, Fei J, Chen K, Yang N, Hu X, Zhao Y, Li N. Widespread introgression in Chinese indigenous chicken breeds from commercial broiler. *Evolutionary Applications*. 2019;12(3):610–621. doi: 10.1111/eva.12742
12. Xue Q, Li G, Cao Y, Yin J, Zhu Y, Zhang H, Zhou C, Shen H, Dou X, Su Y, Wang K, Zou J, Han W. Identification of genes involved in inbreeding depression of reproduction in Langshan chickens. *Animal Bioscience*. 2021;34(6):975–984. doi: 10.5713/ajas.20.0248
13. Doekes HP, Bijma P, Windig JJ. How depressing is inbreeding? A meta-analysis of 30 years of research on the effects of inbreeding in livestock. *Genes (Basel)*. 2021;12(6):926. doi: 10.3390/genes12060926
14. Han W, Xue Q, Li G, Yin J, Zhang H, Zhu Y, Xing W, Cao Y, Su Y, Wang K, Zou J. Genome-wide analysis of the role of DNA methylation in inbreeding depression of reproduction in Langshan chicken. *Genomics*. 2020;112(4):2677–2687. doi: 10.1016/j.ygeno.2020.02.007
15. Stephens JC, Gilbert DA, Yuhki N, O'Brien SJ. Estimation of heterozygosity for single-probe multilocus DNA fingerprints. *Molecular Biology and Evolution*. 1992;9(4):729–743. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040755

Об авторах:

Терлецкий Валерий Павлович — доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), Российская Федерация, 196625, г. Санкт-Петербург, г. Пушкин, пос. Тярлево, Московское ш., д. 55а; e-mail: valeriter@mail.ru
ORCID 0000-0003-4043-3823
SPIN-код 4512-5328

Тыщенко Валентина Ивановна — кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), Российская Федерация, 196625, г. Санкт-Петербург, г. Пушкин, пос. Тярлево, Московское ш., д. 55а; e-mail: tinatvi@mail.ru
ORCID 0000–0003–4964–9938
SPIN-код 6294–2400

About authors:

Terletsky Valeriy Pavlovich — Doctor of Biological Sciences, Professor, Chief Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — branch of Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 55a Moskovskoe highway, Tyarlevo vil., Pushkin, St. Petersburg, 196625, Russian Federation; e-mail: valeriter@mail.ru
ORCID 0000–0003–4043–3823, SPIN-code 4512–5328

Tyshchenko Valentina Ivanovna — Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — branch of Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 55a Moskovskoe highway, Tyarlevo vil., Pushkin, St. Petersburg, 196625, Russian Federation; e-mail: tinatvi@mail.ru
ORCID 0000–0003–4964–9938, SPIN-code 6294–2400