

УДК: 636.52/.58.636.68.08/082

Научная статья



Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-395-06-87-93

М.В. Позовникова ✉

О.В. Митрофанова

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал ФИЦ животноводства «ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста», Тярлево, Санкт-Петербург, Россия

✉ pozovnikova@gmail.com

Поступила в редакцию: 30.01.2025

Одобрена после рецензирования: 08.05.2025

Принята к публикации: 22.05.2025

© Позовникова М.В., Митрофанова О.В.

Research article



Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-395-06-87-93

Marina V. Pozovnikova ✉

Olga V. Mitrofanova

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Tyarlevo, St. Petersburg, Russia

✉ pozovnikova@gmail.com

Received by the editorial office: 30.01.2025

Accepted in revised: 08.05.2025

Accepted for publication: 22.05.2025

© Pozovnikova M.V., Mitrofanova O.V.

Генетические особенности декоративных пород кур по однонуклеотидным заменам в гене *LCORL*

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) являются важными маркерами генетической изменчивости у кур, которые встречаются в геноме с высокой частотой. Идентификация и характеристика таких маркеров позволяют характеризовать породы с точки зрения их генетических особенностей.

Цель данной работы — оценить полиморфизм в гене *LCORL* у декоративных пород кур на основе однонуклеотидных полиморфизмов.

Методы. Для проведения исследований были сформированы группы кур декоративных пород: новопавловская золотистая ($n = 48$), шелковая ($n = 30$), карликовый кохинхин ($n = 30$). С помощью метода ПЦР-ПДРФ анализировали участок гена *LCORL* по трем однонуклеотидным полиморфизмам (rs14491003, 236 G/T и 503A/G).

Результаты. По rs14491003 полиморфизм установлен только в популяции кур новопавловская золотистая, где 83,3% особей имели генотип CC. По SNP 236G/T только в выборке кур шелковой породы выявлены три возможных варианта генотипов, а частота аллеля G и T была 46,7% и 53,3% соответственно. По SNP 503A/G во всех выборках птицы определены три генотипа гена *LCORL*. Для кур шелковой породы установлена высокая частота аллеля A (71,7%), а для кур пород новопавловская золотистая и карликовый кохинхин — аллеля G (69,8% и 60,0% соответственно). При анализе частот аллелей по всем полиморфным SNP не выявлено сдвига генетического равновесия ($\chi^2 < 3,84$). Полученные результаты свидетельствуют о том, что куры декоративных пород имеют породные особенности, обусловленные полиморфными вариантами гена *LCORL*, что подтверждает функциональную роль данного гена в процессах формирования и роста костей скелета у кур различного направления селекции.

Ключевые слова: полиморфизм, генетические маркеры, *Gallus gallus domesticus*, SNP, новопавловская золотистая, карликовый кохинхин, шелковая

Для цитирования: Позовникова М.В., Митрофанова О.В. Генетические особенности декоративных пород кур по однонуклеотидным заменам в гене *LCORL*. *Аграрная наука*. 2025; 395(06): 87–93.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-395-06-87-93>

Genetic variation in decorative chicken breeds based on single nucleotide substitutions in the *LCORL* gene

ABSTRACT

Relevance. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) are important markers of genetic variation in chickens that occur in the genome with high frequency. The identification and characterization of such markers allow characterization of breeds in terms of their genetic traits.

The aim of this work was to evaluate polymorphism in the *LCORL* gene in ornamental chicken breeds based on single nucleotide polymorphisms.

Methods. Groups of ornamental chicken breeds: Novopavlovskaya golden ($n = 48$), silk ($n = 30$), dwarf cochinchin ($n = 30$) were formed for the research. The *LCORL* gene region was analyzed by three single nucleotide polymorphisms (rs14491003, 236 G/T and 503A/G) using the PCR-PDRF method.

Results. The rs14491003 polymorphism was detected only in the population of Novopavlovskaya golden hens, where 83.3% of individuals had the CC genotype. For SNP 236G/T only in the sample of silk breed hens three possible variants of genotypes were detected, and the frequency of G and T allele was 46.7% and 53.3% respectively. Three genotypes of the *LCORL* gene were identified by SNP 503A/G in all poultry samples. For silk breed chickens, high frequency was found for allele A (71.7%), and for Novopavlovsk golden and dwarf cochinchin breeds — allele G (69.8% and 60.0%, respectively). When analyzing allele frequencies for all polymorphic SNPs, no shift in genetic equilibrium was detected ($\chi^2 < 3.84$). The obtained results indicate that chickens of ornamental breeds have breed peculiarities caused by polymorphic variants of the *LCORL* gene, which confirms the functional role of this gene in the processes of formation and growth of skeletal bones in chickens of different breeding directions.

Key words: polymorphism, genetic markers, *Gallus gallus domesticus*, SNP, Novopavlovsk golden, Dwarf cochinchin, Silk

For citation: Pozovnikova M.V., Mitrofanova O.V. Genetic variation in decorative chicken breeds based on single nucleotide substitutions in the *LCORL* gene. *Agrarian science*. 2025; 395(06): 87–93 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-395-06-87-93>

Введение/Introduction

С развитием методов молекулярной генетики в последние десятилетия идет активное изучение геномов сельскохозяйственных животных и птиц. Домашняя курица (*Gallus gallus domesticus*) служит удобным модельным объектом для этих целей благодаря быстрому развитию и росту, возможности получения большого количества потомства от родительской пары, а также высокому генетическому разнообразию пород. Разведение кур в рамках генетических коллекций дает возможность исследователям собирать ценный фенотипический материал о малочисленных породах [1].

Маркерами генетической изменчивости у кур служат однонуклеотидные полиморфизмы (SNP). Они встречаются в геноме с высокой частотой. Поиск и описание подобных маркеров позволяют выявлять ассоциации с ними фенотипических признаков, что в дальнейшем может стать инструментом отбора ценных производителей для селекции [2, 3].

В исследованиях геномов курицы на хромосоме 4 был выявлен регион, значимо ассоциированный с рядом фенотипических признаков. Этот участок включает ген *LCORL* (Ligand dependent nuclear receptor corepressor-like), который кодирует фактор транскрипции. *LCORL* представляет собой высоконсервативный гидрофильный белок, содержащий НТН-домен, не принадлежит к трансмембранным или секреторируемым белкам. Активно экспрессируется в органах и тканях во время роста и развития птиц [4, 5]. Его значимая роль в метаболических процессах организма обусловлена тем, что он способен вступать во взаимодействие с убиквитином С, а также связан с метаболизмом аргинина [6].

В области генома, близкой к этому региону, были идентифицированы SNP, ассоциированные с массой внутренних органов цыплят [7], массой яйца [8, 9], размером яйцевода [10], живой массой и промерами тела [11, 12.]. Ген *LCORL* был определен как значимый ген-кандидат, ассоциированный с размерами скелета и весовыми характеристиками особей и у других видов продуктивных животных, в том числе несущих в своем геноме ген карликовости [13, 14].

Анализ полиморфных вариантов в гене *LCORL* методом секвенирования по Сенгеру выявил изменчивость по ряду полиморфных вариантов в интроне изучаемого участка гена. Были изучены четыре породы различного типа продуктивности (корниш, китайская шелковая, итальянская куропатчатая, пушкинская). Это позволило считать район гена *LCORL* высоковариабельным у исследуемых популяций кур [15]. Позднее были подобраны и апробированы четыре

тест-системы по заменам rs14491003, 236 G/T, 82 G/C, 503A/G в локусе *LCORL*. При этом для кур комбинированного направления продуктивности значимым определен только SNP 503A/G [16, 17].

Декоративные породы являются прекрасным контрастным фоном для продуктивных пород, так как к ним не применялись селекционные программы по продуктивным признакам (мясности, яйценоскости, качеству мяса и яйца) и основной целью отбора были именно декоративные признаки, в том числе миниатюрность. В рамках изучения гена *LCORL* особенно важен последний показатель (миниатюрность), поскольку, с одной стороны, существует давление гена карликовости *dw*, а с другой — формы карликовых птиц часто повторяют форму крупных. Таким образом, научный и практический интерес представляет выявление особенностей полиморфизма гена *LCORL* у декоративных кур.

Новопавловская золотистая порода кур утверждена в 2016 году¹ после продолжительной работы по воссозданию старой русской павловской породы. Благодаря сложновоспроизводительному скрещиванию создана птица, фенотипически близкая к прототипу. На первоначальном этапе скрещивали представителей пород фавероль и гудан. Затем полученные гибриды последовательно скрещивали с падуанами, аппенцеллерами и шелковой породой. Средняя живая масса по стандарту породы кур 1,5–1,8 кг, петухов 1,7–2,1 кг.

Карликовый кохинхин (пекинская бентамка) — оригинальная декоративная порода с неустановленным происхождением. Не является родственником большого кохинхина. Во ВНИИГРЖ породу разводят более 25 лет. Средняя живая масса по стандарту породы кур 0,65–0,75 кг, петухов 0,75–0,85 кг. Носитель маркерного локуса карликовости *dw*.

Шелковая порода относится к декоративным породам кур. Первые упоминания о породе датированы свыше 2000 лет назад. Во ВНИИГРЖ разводят более 25 лет. Особенности птицы — черно-синяя кожа и шелковистое белое оперение, напоминающее волосы. Средняя живая масса по стандарту породы кур 0,7–0,9 кг, петухов 1,0–1,2 кг. Носитель маркерного локуса карликовости *dw*.

Цель данной работы — оценить полиморфизм в гене *LCORL* у декоративных пород кур из ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» ВНИИГРЖ (г. Пушкин, г. Санкт-Петербург) на основе однонуклеотидных полиморфизмов.

Задачи работы — подобрать условия и провести анализ ПЦР-ПДРФ для выявления полиморфизмов в исследуемом участке гена, а также рассчитать частоты аллелей и генотипов по выявленным SNP.

¹ Вахрамеев А.Б., Паронян И.А., Племяшов К.В., Федоров И.В., Филиппова Н.Д., Юрченко О.П. Куры *Gallus gallus* L. Новопавловская. Патент на селекционное достижение RU 8653. Заявка от 08.12.2015 № 69515. 2016.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследование проведено в 2022–2023 гг. на базе биоресурсной коллекции ВНИИГРЖ «Генетическая коллекция редких исчезающих пород кур» (г. Пушкин, г. Санкт-Петербург)². Содержание птицы — напольное групповое. Для исследования были сформированы группы кур в возрасте 270 дней следующих пород (2021 г. вывода): новопавловская золотистая ($n = 48$), карликовый кохинхин ($n = 30$), шелковая ($n = 30$) (рис. 1).

Объектом исследований послужила ДНК, которую выделяли из крови кур по стандартной методике с использованием фенольной экстракции³. Кровь отбирали у кур из вены, проходящей по внутренней стороне крыла, в микропробирку

с 0,5 М ЭДТА, чтобы предотвратить свертывание. До использования образцы хранили в холодильнике при -20°C .

Исследование одобрено Этическим комитетом Федерального научного центра животноводства им. Л.К. Эрнста 26.09.2023 (протокол № 1) и законом Российской Федерации о ветеринарной медицине от 14 мая 1993 года № 4979-1. Все применимые международные, национальные и (или) институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

На основе ранее проведенных исследований участка гена *LCORL* [15] был разработан дизайн праймеров, который проводили в информационной сфере NCBI с помощью онлайн-инструмента BLAST. Теоретические модели тест-систем представлены на рисунке 2.

Рис. 1. Экстерьер кур: 1) курица новопавловской золотистой породы; 2) курица шелковой породы; 3) курица породы карликовый кохинхин. Автор фото А.Б. Вахрамеев

Fig. 1. Exterior of hens: 1) chicken of Novopavlovskaya golden breed; 2) chicken of Silk breed; 3) chicken of dwarf cochin breed. Author of photo A.B. Vakhrameev

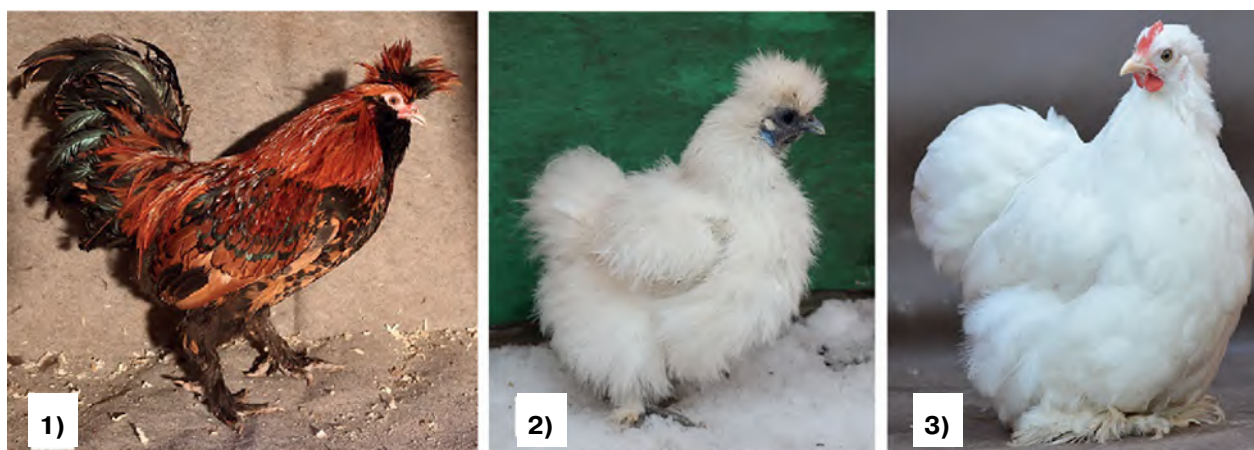
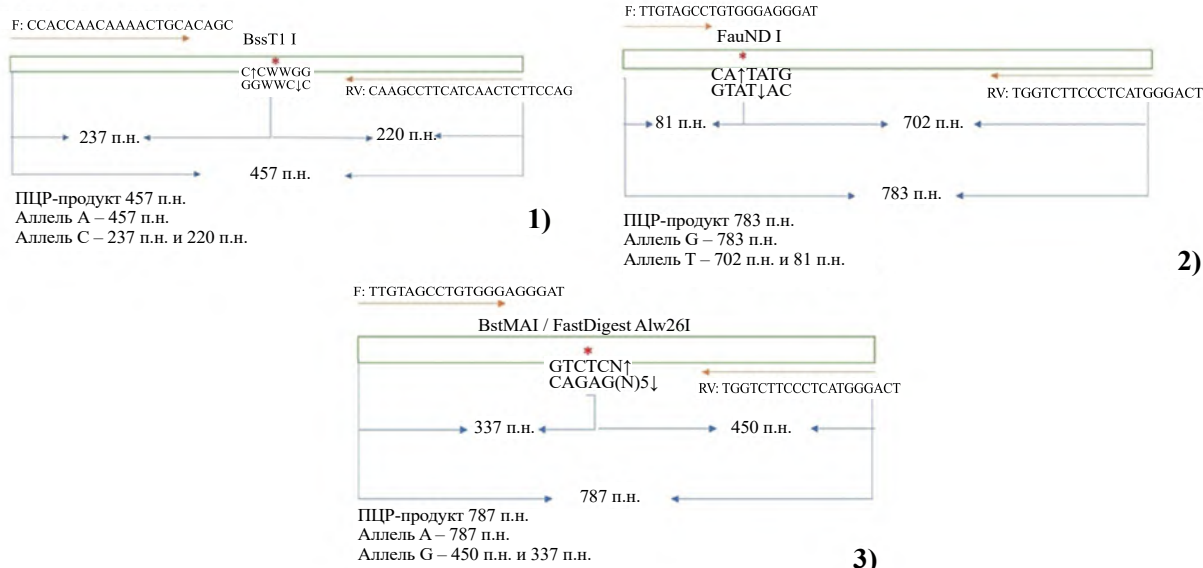


Рис. 2. Тест-системы для выявления SNP гена *LCORL* у кур. Показано схематичное расположение праймеров и сайта рестрикции. 1) замена rs14491003, длина ПЦР-продукта 457 п. н.; 2) замена 236G/T, длина ПЦР-продукта 783 п. н.; 3) замена 503A/G, длина ПЦР-продукта 787 п. н.

Fig. 2. Test systems for detection of SNPs of the *LCORL* gene in chickens. Schematic location of primers and restriction site are shown. 1) replacement rs14491003, PCR product length 457 bp; 2) replacement 236G/T, PCR product length 783 bp; 3) replacement 503A/G. PCR product length 787 bp



² ЦКП «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур».

<https://vniigen.ru/ckp-geneticheskaya-kollekciya-redkix-i-ischezayushix-porod-kur/>

³ https://vniigen.ru/wp-content/uploads/2023/10/Azovtseva_A_I_praktikum_DNK.pdf?x26163

Амплификацию проводили на приборе Thermal Cycler T100 (Bio-Rad, США) по следующему режиму: 1) предварительная денатурация — 2 мин., 94 °C; 2) 35 циклов основного процесса: 30 сек. — 94 °C, 30 сек. — 58–62 °C, 30 сек. — 72 °C; 3) окончательная достройка — 10 мин., 72 °C. После амплификации проводили обработку ампликонов ферментами рестрикции (табл. 1).

Для рестрикции в пробирку с ампликоном добавляли необходимый объем фермента в соответствии с рекомендациями фирмы-производителя, перемешивали и ставили на инкубацию при соответствующей температуре. Смесь после рестрикции вносили в лунки агарозного геля концентрацией 1,5%, содержащего флуоресцентный краситель бромистый этидий и ТВЕ-буфер (45 мМ трис-борат, 1 мМ ЭДТА). Электрофорез проводили в течение 20 мин. при рабочем напряжении 180 В. Для определения длины полученных продуктов использовали ДНК-маркер pUC/MspI («Евроген», Россия) с шагом 100 бп. Сигнал флуоресценции детектировали в системе гель-документации фирмы Kodak.

Оценку генетического равновесия по выявленным однонуклеотидным заменам рассчитывали с помощью критерия Харди — Вайнберга. За критический уровень принимали значение $\chi^2 = 3,84$.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

На рисунке 3 представлены результаты анализа ПЦР-ПДРФ с использованием предложенных тест-систем.

Таблица 1. Основные характеристики эндонуклеаз рестрикции, используемых для тест-систем
Table 1. The basic characteristics of restriction endonucleases used for test systems

Замена	Наименование рестриктазы (фирма-производитель)	Сайт рестрикции	Условия рестрикции
rs14491003	BssT1 I (НПО «СибЭнзим»)	C↑CWWGG GGWWC↓C	60 мин., 60 °C
236G/T	FauND I (НПО «СибЭнзим»)	CA↑TATG GTAT↓AC	60 мин., 37 °C
503A/G	BstMAI (НПО «СибЭнзим»)	GTCTCN↑ CAGAG(N)5↓	60 мин., 55 °C

Данные по распределению частот генотипов и аллелей гена *LCORL* у кур анализируемых групп показали следующее (табл. 2). В результате генотипирования по rs14491003 у кур пород карликовый кохинхин и шелковая определен только гомозиготный генотип CC. У кур новопавловской золотистой породы 83,3% особей имели генотип CC, у 16,7% особей был выявлен гетерозиготный генотип CG. Гомозиготные особи с генотипом GG в исследуемой выборке не встречались. Возможно, на такие результаты повлияло относительно небольшое поголовье ($n = 48$), которое удалось генотипировать.

По SNP 236G/T гена *LCORL* три возможных варианта генотипов выявлено только в выборке кур шелковой породы. При некотором избытке гетерозигот (66,7%) частота встречаемости аллелей была практически равнозначной — $G = 0,467$ и $C = 0,533$. Выборки кур пород карликовый кохинхин

Рис. 3. Электрофореграммы результатов анализа ПЦР-ПДРФ по заменам в гене *LCORL*: 1) генотипы по замене rs14491003; 2) генотипы по замене 236G/T; 3) генотипы по замене 503A/G; M — маркер молекулярных масс, а — ампликон

Fig. 3. Electrophoregrams of PCR-PDRF analysis results for substitutions in the *LCORL* gene: 1) genotypes for the rs14491003 substitution; 2) genotypes for the 236 G/T substitution; 3) genotypes for the 503A/G substitution; M — molecular mass marker, a — amplicon

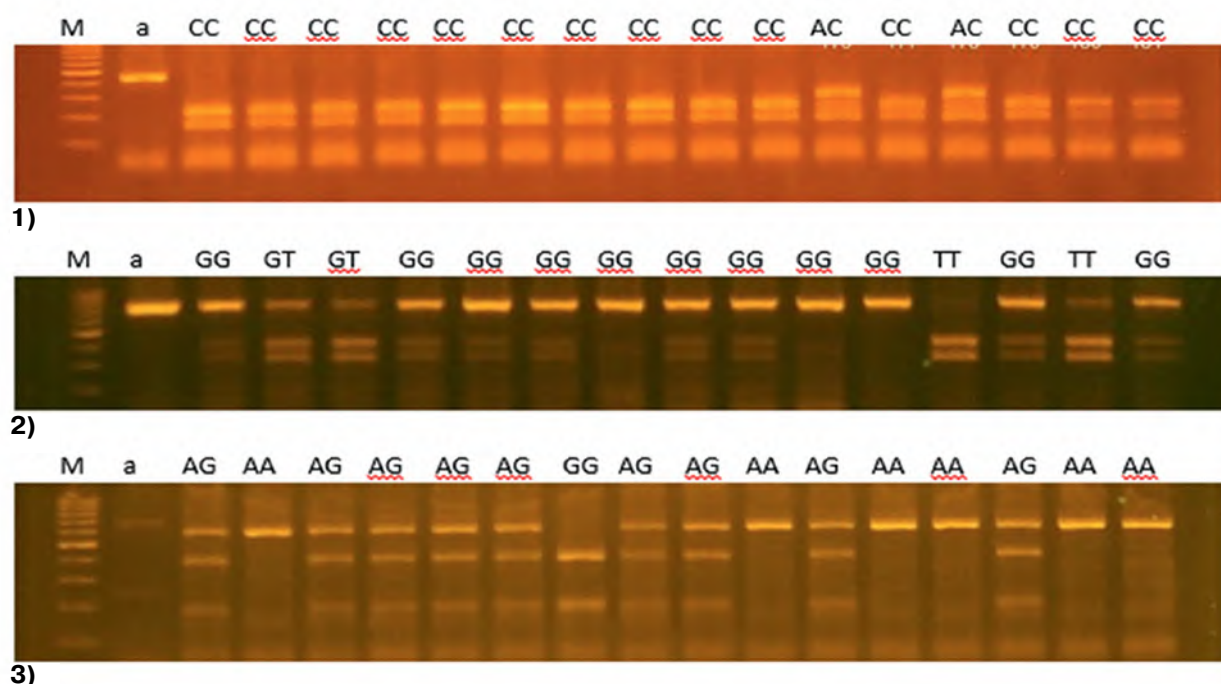


Таблица 2. Распределение частот генотипов и аллелей гена *LCORL* у кур анализируемых группTable 2. Frequency distribution of genotypes and alleles of *LCORL* gene in chickens of the analyzed groups

Порода	Генотип	n	Частота генотипов	Частота аллелей	χ^2
<i>rs14491003</i>					
Карликовый кохинхин	CC	30	1,00	C 1,00	–
	CG	–	–	G –	
	GG	–	–		
Шелковая	CC	30	1,00	C 1,00	–
	CG	–	–	G –	
	GG	–	–		
Новопавловская золотистая	CC	40	0,833	C 0,917	0,40
	CG	8	0,167	G 0,083	
	GG	0	0		
<i>SNP 236G/T</i>					
Карликовый кохинхин	GG	30	1,00	G 1,00	–
	GT	–	–	T –	
	TT	–	–		
Шелковая	GG	4	0,133	G 0,467	3,45
	GT	20	0,667	T 0,533	
	TT	6	0,200		
Новопавловская золотистая	GG	48	1,00	G 1,00	–
	GT	–	–	T –	
	TT	–	–		
<i>SNP 503A/G</i>					
Карликовый кохинхин	AA	3	0,100	A 0,400	1,88
	AG	18	0,600	G 0,600	
	GG	9	0,300		
Шелковая	AA	15	0,500	A 0,717	0,13
	AG	13	0,433	G 0,283	
	GG	2	0,067		
Новопавловская золотистая	AA	4	0,083	A 0,302	0,07
	AG	21	0,438	G 0,698	
	GG	23	0,479		

и новопавловская золотистая оказались моноформны по аллелю G.

По SNP 503A/G во всех выборках птицы определены три генотипа гена *LCORL*. В группе кур породы карликовый кохинхин преобладал генотип AG (60%) при высокой встречаемости аллеля G (60%). В выборке кур шелковой породы преобладал аллель A (71,7%), 50% особей имели гомозиготный генотип AA. Среди кур породы новопавловская золотистая генотип AG определен у 48,3% особей, гомозиготный генотип GG — у 47,9%. Рассчитанная при этом частота аллеля G составила 0,698. По всем анализируемым полиморфным SNP гена *LCORL* не выявлено сдвига генетического равновесия ($\chi^2 < 3,84$).

ДНК-маркеры представляют собой полиморфные участки генома, функции которых не всегда известны, в то время как положение на ДНК определено. Спектр полиморфных ДНК-маркеров, используемых для анализа генетического разнообразия в популяциях сельскохозяйственных животных и птиц, достаточно широк. Это повторяющиеся участки ДНК (микро- и мини-сателлиты, STR-маркеры и др.), вставки и делеции, замены единичных нуклеотидов [18].

Полиморфные ДНК-маркеры активно используются для изучения геномов животных и птиц благодаря тому, что сочетают в себе уникальные свойства. Технология их изучения чаще всего доступна, не требует наличия дорогостоящего оборудования и реагентов. В то же время полученные результаты дают ценную информацию о популяциях. В некоторых случаях реально обнаружить маркерные участки ДНК [19, 20].

В данном исследовании не все рассмотренные SNP оказались информативными. Так, по замене rs14491003 полиморфизм был обнаружен лишь у новопавловских золотистых кур. Ранее при изучении этой же замены у кур пород пушкинская, русская белая и царскосельская наблюдалось отсутствие аллеля G в изучаемых популяциях [15]. Расширение выборки новопавловских золотистых позволит получить больше информации о распространении этого аллеля.

У шелковых кур наблюдалась практически равная частота аллелей G и T в SNP 236G/T гена *LCORL*, в то время как в двух других выборках аллель T не встречался. Анализ большего числа полиморфизмов и разница по частоте встречаемости тех или иных аллелей в разных популяциях могут стать основой для описания генетического профиля породы. В дальнейшем эту информацию можно использовать для паспортизации популяций.

Для получения полной информации о полиморфизмах в гене *LCORL* следует рассмотреть возможность применения в будущих исследованиях более современных методов генотипирования (например, HRM или NGS).

Выводы/Conclusions

Результаты исследований показали, что генетическая структура изученных популяций кур декоративных пород по полиморфным вариантам гена *LCORL* неоднородна. По rs14491003 гена *LCORL* полиморфизм установлен только в популяции кур новопавловская золотистая, где 83,3% особей имели генотип CC. По SNP 236G/T гена *LCORL* три возможных варианта генотипов выявлены только в выборке кур шелковой породы, наблюдалась практически равнозначная частота встречаемости аллелей G (0,467) и C (0,533). По SNP 503A/G во всех выборках птицы определены три генотипа гена *LCORL*.

У кур пород карликовый кохинхин и новопавловская золотистая преобладал аллель G (0,600 и 0,698 соответственно). В выборке кур шелковой породы преобладал аллель A (0,717). По всем анализируемым полиморфным SNP гена *LCORL* не выявлено сдвига генетического равновесия ($\chi^2 < 3,84$). Расширение объемов выборки позволит уточнить полученные данные и повысит их статистическую достоверность.

Изучение геномов кур декоративных пород может быть полезно для понимания особенностей формирования их статей тела. Дальнейшее исследование анализа ассоциаций полиморфных вариантов гена *LCORL* с различными фенотипическими показателями кур позволит выявить значимые SNP, что может быть востребовано в разработке селекционных программ в декоративном куроводстве.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа проведена в рамках выполнения научных исследований Министерства науки и высшего образования РФ по теме № 124020200114-7.

FUNDING

The research was funded by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation by topic No. 124020200114-7.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Паронян И.А., Юрченко О.П., Вахрамеев А.Б., Макарова А.В. Разведение малочисленных и редких пород кур. *Генетика и разведение животных*. 2016; (4): 62–66. <https://elibrary.ru/xrurtx>
2. Lawal R.A., Hanotte O. Domestic chicken diversity: Origin, distribution, and adaptation. *Animal Genetics*. 2021; 52(4): 385–394. <https://doi.org/10.1111/age.13091>
3. Malomane D.K., Weigend S., Schmitt A.O., Weigend A., Reimer C., Simianer H. Genetic diversity in global chicken breeds in relation to their genetic distances to wild populations. *Genetics Selection Evolution*. 2021; 53: 36. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00628-z>
4. Jiang S. *et al.* Environmental adaptation and genetic insights: Cloning, bioinformatics, and tissue expression analysis of the *LCORL* gene in Guangxi Partridge Chicken. *Chemosphere*. 2024; 369: 143893. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2024.143893>
5. Ларкина Т.А., Позовникова М.В., Вахрамеев А.Б., Федорова З.Л. Анализ экспрессии гена *LCORL* у кур русской белой породы в реперные точки роста и физиологического созревания. *Молочнохозяйственный вестник*. 2024; (4): 83–99. <https://elibrary.ru/fiilgn>
6. Weikard R. *et al.* Metabolomic profiles indicate distinct physiological pathways affected by two loci with major divergent effect on *Bos taurus* growth and lipid deposition. *Physiological Genomics*. 2010; 42A(2): 79–88. <https://doi.org/10.1152/physiolgenomics.00120.2010>
7. Dou T. *et al.* Genetic architecture and candidate genes detected for chicken internal organ weight with a 600 K single nucleotide polymorphism array. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2018; 32(3): 341–349. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0274>
8. Shen M. *et al.* A genome-wide study to identify genes responsible for oviduct development in chickens. *PLoS ONE*. 2017; 12(12): e0189955. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0189955>
9. Деметьева Н.В., Ларкина Т.А., Митрофанова О.В., Федорова Е.С., Позднякова Т.Э. Связь однонуклеотидного полиморфизма в гене *LCORL* с продуктивными признаками кур. *Птицеводство*. 2019; (5): 14–17. <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2019-68-5-14-17>
10. Yi G. *et al.* Genome-wide association study dissects genetic architecture underlying longitudinal egg weights in chickens. *BMC Genomics*. 2015; 16: 16. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1945-y>
11. Wang J. *et al.* Elucidation of the genetic determination of body weight and size in Chinese local chicken breeds by large-scale genomic analyses. *BMC Genomics*. 2024; 25: 296. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10185-6>

REFERENCES

1. Paronyan I.A., Yurchenko O.P., Vakhrameev A.B., Makarova A.V. Breeding of indigenous and rare breeds of chickens. *Genetics and breeding of animals*. 2016; (4): 62–66 (in Russian). <https://elibrary.ru/xrurtx>
2. Lawal R.A., Hanotte O. Domestic chicken diversity: Origin, distribution, and adaptation. *Animal Genetics*. 2021; 52(4): 385–394. <https://doi.org/10.1111/age.13091>
3. Malomane D.K., Weigend S., Schmitt A.O., Weigend A., Reimer C., Simianer H. Genetic diversity in global chicken breeds in relation to their genetic distances to wild populations. *Genetics Selection Evolution*. 2021; 53: 36. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00628-z>
4. Jiang S. *et al.* Environmental adaptation and genetic insights: Cloning, bioinformatics, and tissue expression analysis of the *LCORL* gene in Guangxi Partridge Chicken. *Chemosphere*. 2024; 369: 143893. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2024.143893>
5. Larkina T.A., Pozovnikova M.V., Vakhrameev A.B., Fedorova Z.L. Analysis of *LCORL* gene expression in the Russian White chickens at the reference points of growth and physiological maturation. *Molochnokhozyaistvenny Vestnik*. 2024; (4): 83–99 (in Russian). <https://elibrary.ru/fiilgn>
6. Weikard R. *et al.* Metabolomic profiles indicate distinct physiological pathways affected by two loci with major divergent effect on *Bos taurus* growth and lipid deposition. *Physiological Genomics*. 2010; 42A(2): 79–88. <https://doi.org/10.1152/physiolgenomics.00120.2010>
7. Dou T. *et al.* Genetic architecture and candidate genes detected for chicken internal organ weight with a 600 K single nucleotide polymorphism array. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2018; 32(3): 341–349. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0274>
8. Shen M. *et al.* A genome-wide study to identify genes responsible for oviduct development in chickens. *PLoS ONE*. 2017; 12(12): e0189955. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0189955>
9. Dementieva N.V., Larkina T.A., Mitrofanova O.V., Fedorova E.S., Pozdnyakova T.E. Association of single nucleotide polymorphism in *LCORL* gene with the productive traits in Russian White chicken breed. *Pitisevodstvo*. 2019; (5): 14–17 (in Russian). <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2019-68-5-14-17>
10. Yi G. *et al.* Genome-wide association study dissects genetic architecture underlying longitudinal egg weights in chickens. *BMC Genomics*. 2015; 16: 16. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1945-y>
11. Wang J. *et al.* Elucidation of the genetic determination of body weight and size in Chinese local chicken breeds by large-scale genomic analyses. *BMC Genomics*. 2024; 25: 296. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10185-6>

12. Wang H. *et al.* Comparative population genomics analysis uncovers genomic footprints and genes influencing body weight trait in Chinese indigenous chicken. *Poultry Science*. 2023; 102(11): 103031. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103031>

13. Bai F. *et al.* *LCORL* and *STC2* Variants Increase Body Size and Growth Rate in Cattle and Other Animals. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*. 2025: qzaf025. <https://doi.org/10.1093/gpbjnl/qzaf025>

14. Ballan M. *et al.* Population genomic structures and signatures of selection define the genetic uniqueness of several fancy and meat rabbit breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2023; 140(6): 663–678. <https://doi.org/10.1111/jbg.12818>

15. Ларкина Т.А., Крутикова А.А., Пегливанян Г.К., Дементьева Н.В. Поиск полиморфных вариантов гена *LCORL* с помощью секвенирования по Сенгеру у пород кур различного направления продуктивности. *Аграрный вестник Урала*. 2020; (9): 48–54. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2020-200-9-48-54>

16. Позовникова М.В., Ларкина Т.А., Вахрамеев А.Б., Федорова З.Л., Рябова А.Е., Рейнбах Н.Р. Идентификация SNPs в локусе *LCORL-NCAPG* и анализ их связи с экстерьером кур пушкинской породы. *Птица и птицепродукты*. 2023; (2): 30–33. <https://elibrary.ru/nbaopi>

17. Рябова А.Е., Азовцева А.И., Дементьева Н.В. Влияние полиморфизма A503G в гене *LCORL* на живую массу петухов царскосельской породы. *Аграрный вестник Северного Кавказа*. 2023; (3): 25–28. <https://doi.org/10.31279/2949-4796-2023-3-51-25-28>

18. Коршунова Л.Г., Карапетян Р.В. Использование генетических методов на основе ДНК-маркеров продуктивных признаков в селекции кур. *Птицеводство*. 2021; (5): 4–7. <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2021-70-5-4-7>

19. Мамонтова Т.В., Айбазов М.М. Генетические маркеры в селекции животных: опыт и перспективы (обзор). *Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства*. 2016; 9(1): 480–485. <https://elibrary.ru/wvjhel>

20. Коршунова Л.Г., Карапетян Р.В., Комарчев А.С., Куликов Е.И. Ассоциации однонуклеотидных замен в генах-кандидатах с хозяйственно полезными признаками у кур (*Gallus gallus domesticus* L.) (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2023; 58(2): 205–222. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.2.205rus>

12. Wang H. *et al.* Comparative population genomics analysis uncovers genomic footprints and genes influencing body weight trait in Chinese indigenous chicken. *Poultry Science*. 2023; 102(11): 103031. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103031>

13. Bai F. *et al.* *LCORL* and *STC2* Variants Increase Body Size and Growth Rate in Cattle and Other Animals. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*. 2025: qzaf025. <https://doi.org/10.1093/gpbjnl/qzaf025>

14. Ballan M. *et al.* Population genomic structures and signatures of selection define the genetic uniqueness of several fancy and meat rabbit breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2023; 140(6): 663–678. <https://doi.org/10.1111/jbg.12818>

15. Larkina T.A., Krutikova A.A., Peglivanyan G.K., Dementieva N.V. Search for polymorphic variants of the *LCORL* gene using Sanger sequencing in chickens of various directions of productivity. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2020; (9): 48–54 (in Russian). <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2020-200-9-48-54>

16. Pozovnikova M.V., Larkina T.A., Vakhrameev A.B., Fedorova Z.L., Ryabova A.E., Reinbakh N.R. Identification of SNPs in the *LCORL-NCAPG* gene locus and analysis of their relationship with the exterior of the Pushkin breed chickens. *Poultry & chicken products*. 2023; (2): 30–33 (in Russian). <https://elibrary.ru/nbaopi>

17. Ryabova A.E., Azovtseva A.I., Dementieva N.V. Influence of the A503G polymorphism in the *LCORL* gene on the live weight of the Tsarskoye Selo breed. *Agrarian Bulletin of the North Caucasus*. 2023; (3): 25–28 (in Russian). <https://doi.org/10.31279/2949-4796-2023-3-51-25-28>

18. Korshunova L.G., Karapetyan R.V. The Use of the Genetic Methods Based on the DNA Markers of the Productive Traits in the Selection of Chicken. *Ptitsevodstvo*. 2021; (5): 4–7 (in Russian). <https://doi.org/10.33845/0033-3239-2021-70-5-4-7>

19. Mamontova T.V., Aybazon M.M. Genetic markers in animal breeding: experience and prospects (review). *Sbornik nauchnykh trudov Vserossiyskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta ovtsevodstva i kozovodstva*. 2016; 9(1): 480–485 (in Russian). <https://elibrary.ru/wvjhel>

20. Korshunova L.G., Karapetyan R.V., Komarchev A.S., Kulikov E.I. Association of single nucleotide polymorphisms in candidate genes with economically useful traits in chickens (*Gallus gallus domesticus* L.) (review). *Agricultural Biology*. 2023; 58(2): 205–222. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.2.205eng>

ОБ АВТОРАХ

Марина Владимировна Позовникова

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики
pozovnikova@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8658-2026>

Ольга Викторовна Митрофанова

кандидат биологических наук, ведущий биолог лаборатории молекулярной генетики
mo1969@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4702-2736>

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал Федерального исследовательского центра животноводства «ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста», Московское шоссе, 55А, Тярлево, Санкт-Петербург, 196601, Россия

ABOUT THE AUTHORS

Marina Vladimirovna Pozovnikova

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher at the Laboratory of Molecular Genetics
pozovnikova@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8658-2026>

Olga Viktorovna Mitrofanova

Candidate of Biological Sciences, Leading Biologist of the Laboratory of Molecular Genetics
mo1969@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4702-2736>

Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,

55A Moskovskoe shosse, Tyarlevo, St. Petersburg, 196601, Russia