

Л.Г. Коршунова

Е.И. Куликов ✉

В.Н. Мартынова

Р.В. Карапетян

Д.М. Дмитренко

А.К. Кравченко

ФНЦ «Всероссийский
научно-исследовательский
и технологический институт
птицеводства», Сергиев Посад,
Московская обл., Россия

✉ kulikovegor33@yandex.ru

Поступила в редакцию: 04.03.2026

Одобрена после рецензирования: 07.08.2026

Принята к публикации: 21.08.2026

© Коршунова Л.Г., Куликов Е.И.,
Мартынова В.Н., Карапетян Р.В.,
Дмитренко Д.М., Кравченко А.К.

Исследование связи полиморфизмов в генах *HGF*, *GAB1* с показателями мясной продуктивности цыплят-бройлеров кросса «Смена 9»

РЕЗЮМЕ

Актуальность. В работе представлено исследование ассоциации однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) генов *HGF* и *GAB1* с показателями мясной продуктивности цыплят-бройлеров кросса «Смена 9». Ген *HGF* локализован на 1-й хромосоме и кодирует фактор роста гепатоцитов, участвующий в регуляции пролиферации и дифференцировки миобластов. Ген *GAB1*, расположенный на 4-й хромосоме, кодирует докинг-белок сигнальных путей PI3K/Akt и MAPK/ERK, играющих ключевую роль в процессах клеточного роста и миогенеза.

Методика. Объектом исследования служили цыплята-бройлеры кросса «Смена 9», выращенные до 42 суток. Генотипирование проводили методом RT-PCR с использованием аллель-специфичных зондов. Для локуса rs313956452 гена *HGF* установлены частоты генотипов: AA — 0,33; AG — 0,55; GG — 0,12. Для локуса rs313780029 гена *GAB1* частоты генотипов распределились следующим образом: TT — 0,60; TC — 0,30; CC — 0,10.

Результаты. Анализ продуктивности показал, что генотип AA по *HGF* ассоциирован с более высокой живой массой на 35–42 сутки у курочек и на 28–42 сутки у петушков ($p < 0,05$), а также с тенденцией к увеличению выхода грудной и бедренной мышц. По гену *GAB1* установлено, что носители генотипа CC превосходят особей с генотипом TC по живой массе в ранние периоды выращивания.

Полученные результаты подтверждают селекционную значимость генотипа AA гена *HGF* и аллеля C гена *GAB1* и демонстрируют перспективность их использования в программах маркер-ассоциированной селекции.

Ключевые слова: генетика, куры, *HGF*, *GAB1*, SNP, RT-PCR, живая масса

Для цитирования: Коршунова Л.Г., Куликов Е.И., Мартынова В.Н., Карапетян Р.В., Дмитренко Д.М., Кравченко А.К. Исследование связи полиморфизмов в генах *HGF*, *GAB1* с показателями мясной продуктивности цыплят-бройлеров кросса «Смена 9». *Аграрная наука*. 2026; 410(09): 109–115.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-410-09-109-115>

Lyudmila G. Korshunova

Egor I. Kulikov ✉

Vera N. Martynova

Ruben V. Karapetyan

Dmitry M. Dmitrenko

Arina K. Kravchenko

All-Russian Research and
Technological Poultry Institute",
Sergiev Posad, Russia

✉ kulikovegor33@yandex.ru

Received by the editorial office: 04.03.2026

Accepted in revised: 07.08.2026

Accepted for publication: 21.08.2026

© Korshunova L.G., Kulikov E.I.,
Martynova V.N., Karapetyan R.V.,
Dmitrenko D.M., Kravchenko A.K.

Investigation of the *HGF*, *GAB1* genes polymorphisms association with meat productivity of the «Smena 9» broiler chickens

ABSTRACT

Relevance. The Article presents a study of the association of single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the *HGF* and *GAB1* genes with meat productivity traits in broiler chickens of the «Smena 9» cross. The *HGF* gene is localized on chromosome 1 and encodes the hepatocyte growth factor involved in the regulation of myoblast proliferation and differentiation. The *GAB1* gene, located on chromosome 4, encodes the docking protein of the PI3K/Akt and MAPK/ERK signaling pathways, which play a key role in cell growth and myogenesis.

Methodology. The object of the study was broiler chickens of the «Smena 9» cross, raised up to 42 days. Genotyping was performed by RT-PCR using allele-specific probes. The frequencies of the genotypes have been established for the rs313956452 locus of the *HGF* gene: AA — 0,33; AG — 0,55; GG — 0,12. For the rs313780029 locus of the *GAB1* gene, the genotype frequencies were distributed as follows: TT — 0,60; TC — 0,30; CC — 0,10.

Results. Productivity analysis showed that the AA genotype according to *HGF* is associated with a higher live weight on days 35–42 in chickens and on days 28–42 in roosters ($p < 0.05$), with a tendency to increase the output of the pectoral and femoral muscles. According to the *GAB1* gene, carriers of the CC genotype were found to outperform individuals with the TC genotype in terms of body weight in the early growing periods.

The results obtained confirm the breeding significance of the AA genotype of the *HGF* gene and the C allele of the *GAB1* gene and demonstrate the prospects for their use in marker-associated breeding programs.

Key words: genetics, chickens, *HGF*, *GAB1*, SNP, RT-PCR, live weight

For citation: Korshunova L.G., Kulikov E.I., Martynova V.N., Karapetyan R.V., Dmitrenko D.M., Kravchenko A.K. Investigation of the *HGF*, *GAB1* genes polymorphisms association with meat productivity of the «Smena 9» broiler chickens. *Agrarian science*. 2026; 410(09): 109–115 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-410-09-109-115>

Введение/Introduction

Птицеводческая отрасль Российской Федерации динамично развивается. Валовое производство мяса бройлеров за 2024 год составило 5,45 миллиона тонн в убойной массе. Удельный вес мяса птицы в общей структуре мяса всех видов животных на отечественном рынке составляет 44%, потребление мяса на душу населения в 2024 г. достигло 36,7 кг, по прогнозам экспертов, данный показатель продолжит расти [1].

Генетическая селекция внесла большой вклад в увеличение производства и улучшение качества мяса птицы за последние 50 лет. Особое внимание уделяется текущим исследованиям в области генетики домашней птицы. Сравнительный анализ отселекционированных коммерческих линий кур с неотселекционированной афино-канадской контрольной линией, разделенной более чем 44 годами селекции, показал, что 85–90 % изменений в увеличении показателей прироста живой массы бройлеров, убойного выхода тушки и ее основных частей обусловлено селекционными мероприятиями по генетическому отбору [2]. Большое количество различных стратегий разведения было использовано для генетического улучшения отдельных признаков птицы, включая воспроизводство, скорость роста, эффективность кормления, выход продукции, качество мяса, а также для снижения метаболических и скелетных нарушений [3]. Курица стала первым видом животных, у которого было продемонстрировано наследование по законам Менделя. Спустя столетие она также стала первым сельскохозяйственным видом, у которого был полностью просеквенирован геном, что стало важным прорывом в науке. Курица остается ключевым объектом для генетических исследований, улучшая птицеводство и служа моделью для изучения других видов, включая человека [4].

В условиях интенсификации птицеводства существует необходимость создания специализированных селекционных линий. Скрещивание этих линий позволяет получать высокопродуктивные гибриды, адаптированные к промышленным технологиям содержания¹.

Отечественный кросс мясных кур «Смена 9» имеет классическую 4-х линейную структуру и схему скрещивания для получения конечного продукта. В кроссе две линии типа белый корниш отцовской родительской формы CM5 и CM6 и две линии типа плимутрок материнской родительской формы CM7 и CM9, две родительские формы CM56, CM79 и четырехлинейный гибрид CM5679 [5].

Мясная продуктивность представляет собой ключевой хозяйственно значимый признак, характеризующий сельскохозяйственную птицу. Она определяется массой тушки и качественными характеристиками мяса птицы на момент убоя. Мясные качества являются важнейшими

характеристиками бройлеров. Однако лежащие в их основе генетические механизмы до конца не изучены. Показатели наследуемости таких характеристик, как масса тушки, масса бедренной и грудной мышцы, качество мяса грудки и эффективность использования корма, могут быть существенно улучшены посредством генетической селекции. Этого можно достичь, изучая связь между определенными генами и фенотипическими характеристиками в коммерческих популяциях бройлеров [6].

Наличие сотен тысяч маркеров, охватывающих весь геном, позволило повысить точность оценки племенной ценности, улучшить управление генетической изменчивостью и сократить интервалы между поколениями². Результаты показывают, что геномная информация, применяемая в селекции несушек и бройлеров, способствует повышению точности отбора по признакам, имеющим экономическое значение [7–9].

Исследования полиморфизмов в генах-кандидатах и последующий анализ корреляции с показателями продуктивности служат основой для селекционных программ. Анализ множественных генов является трудоемким и дорогостоящим процессом [10–12]. Однако для прогнозирования интересующих фенотипических признаков достаточно использовать ограниченный набор маркеров. Идентификация и характеристика хромосомных локусов, содержащих количественные признаки (QTL), с применением программ маркер-ассоциированной селекции (MAS), позволяет эффективно использовать молекулярные карты ассоциаций в сочетании со статистическими методами для генетической характеристики сложных признаков [12–14].

На сегодняшний день однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) являются наиболее часто используемыми маркерами при изучении генетических характеристик различных организмов, включая птиц [15–18].

В рамках исследования генетических факторов, влияющих на мясную продуктивность кур, были проанализированы полиморфизмы генов, кодирующих фактор роста гепатоцитов (*HGF*) и связывающий белок 1, ассоциированный с GRB2 основным активатором фосфатидилинозитол-3-киназы (*Gab1*).

Фактор роста гепатоцитов (*HGF*) размером 62,83 кб расположен на 1 хромосоме. Данный ген является плейотропным многофункциональным цитокином, который способствует пролиферации взрослых миобластов и ингибирует их дифференцировку, а также усиливает их рост для регенерации тканей [19]. В ходе недавних исследований было обнаружено, что активация пути фосфоинозитид-3'-киназы (PI3K) способствует дифференцировке миобластов. В то же время активация

¹ Ройтер Я.С., Егорова А.В., Коноплева А.П. и др. Селекционно-племенная работа в птицеводстве. Сергиев Посад: ФНЦ «ВНИТИП»; 2016. 287 с.

² Веллер Д.И. Геномная селекция животных. Санкт-Петербург: Проспект науки; 2018. 207 с.

митоген-активируемой протеинкиназы/внечелочной протеинкиназы, регулируемой сигналом (MAPK/ERK), способствует пролиферации и препятствует их дифференцировке. *HGF* выполняет двойную функцию в миогенезе клеток-сателлитов, воздействуя как на их пролиферацию, так и на дифференцировку паракринным образом [20].

Gab1 (связывающий белок 1, ассоциированный с *GRB2*) размер 97,03 расположен на 4 хромосоме. Белок *GRB2*, кодируемый этим геном, является членом семейства мультисубстратных белков-докеров IRS1-подобных [21]. Он — важный медиатор разветвленного тубулогенеза, играет центральную роль в клеточном росте, трансформации и апоптозе, которые рекрутируются к рецептору *Met*. Вследствие связывания с их активированными рецепторами *Gab1*, они фосфорилируются и действуют как сайты стыковки для нижестоящих сигнальных молекул, содержащих домену SH2. Связывание *Met* с *Gab1*, в конечном итоге приводит к привлечению *Grb2* и индукции каскада Ras-Raf-митоген-активируемой протеинкиназы/внечелочной протеинкиназы [22].

Целью исследования было изучение связи одонуклеотидных полиморфизмов генов *HGF*, *GAB1* с показателями мясной продуктивности бройлеров мясного кросса «Смена 9».

Материал и методы исследования / Material and methods

Для проведения эксперимента выращивание цыплят-бройлеров кросса «Смена 9» в количестве 559 особей проходило в виварии СГЦ «Загорское ЭПХ» — филиал ФНЦ ВНИТИП, г. Сергиев Посад в 2024 году. Птица содержалась в клеточных батареях для выращивания бройлеров с плотностью посадки 25 гол./м². Кормление цыплят-бройлеров подразделяли на три последовательных периода: стартовый (1–7 сутки), ростовой (8–21 сутки) и финишный (22–42 сутки). Рассыпной комбикорм был сбалансирован по комплексу питательных, минеральных веществ и биологически активных добавок. Энергетическая и питательная ценность комбикормов стартового, ростового и финишного периодов соответствовала требованиям руководства³. Птица содержалась 42 дня с еженедельным проведением взвешиваний. На 36-й день выращивания был произведен убой 30-ти голов бройлеров (15 самцов и 15 самок), затем анатомическая разделка не менее шести голов птицы (по три головы самцов и самок) из каждой группы, которые представляют различные генотипы⁴. Для индивидуальной оценки живой массы и анатомических показателей цыпленка были мечены крыломечками

в суточном возрасте. В течение эксперимента животные не были подвержены боли, дистрессу и страданиям. Эвтаназия животных осуществлена в соответствии с Рекомендацией Коллегии Евразийской экономической комиссии методом, предусматривающим отсутствие дистресса и острых болевых ощущений⁵.

Молекулярно-генетические исследования проводили в лаборатории прикладной генетики и молекулярной диагностики отдела селекции и генетики ФНЦ «ВНИТИП».

Для проведения анализов у всех цыплят были взяты прижизненно пробы пера в пробирку типа Эппендорф 1,5 мл с добавлением 0,9% раствора натрия хлорида. Затем из пера была извлечена пульпа. Из полученных образцов пульпы пера выделена ДНК с помощью набора для выделения нуклеиновых кислот MagPure Universal DNA Kit (Magen, Китай). Выделение происходило с помощью автоматической станции AutoPure96 (Allsheng, Китай). Определение содержания ДНК и проверка чистоты образцов проводили с помощью спектрофотометра NanoDrop (Thermo Fisher Scientific) и флуориметра Fluo-200 (Allsheng, Китай).

Характеристики одонуклеотидных полиморфизмов генов *HGF*, *GAB1*, были идентифицированы с использованием базы данных Ensembl⁶.

Статистический анализ проводили в компьютерной программе Excel с помощью пакета «Анализ данных». Для анализа данных по фенотипическим признакам рассчитывали среднее значение признаков (*M*), стандартную ошибку среднего (*m*) и уровень статистической значимости различий (*p*). Оценку достоверности различий между группами проводили с использованием двухвыборочного *t*-критерия Стьюдента с неравными дисперсиями.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Молекулярно-генетические исследования выявили наличие одонуклеотидных полиморфизмов в генах *HGF* и *GAB1* у кур мясного кросса «Смена 9». Для определения полиморфизмов и их взаимосвязи с показателями мясной продуктивности было проведено тестирование 301 образца ДНК кур-бройлеров и 258 образцов ДНК петушков-бройлеров данного кросса.

В таблице 1 представлены характеристики одонуклеотидных полиморфизмов в генах *HGF*, *GAB1*.

Как следует из данных таблицы, в изученных генах обнаружены мутации типа missense, приводящие к замене аминокислоты, что может отразиться на функциональности синтезируемого белка.

³ Ефимов Д.Н., Егорова А.В., Емануйлова Ж.В. и др. Руководство по работе с птицей мясного кросса «Смена 9» с аутосексной материнской родительской формой. Сергиев Посад: ФНЦ «ВНИТИП»; 2021. 95 с.

⁴ Лукашенко В.С., Лысенко М.А., Столляр Т.А., Кавтарашвили А.Ш. Методика проведения анатомической разделки тушек, органолептической оценки качества мяса и яиц сельскохозяйственной птицы и морфологии яиц. Сергиев Посад: ВНИТИП; 2013. 35 с.

⁵ Рекомендацией Коллегии Евразийской экономической комиссии от 14 ноября 2023 г. № 33 "О Руководстве по работе с лабораторными (экспериментальными) животными при проведении доклинических (неклинических) исследований"

⁶ Ensembl genome browser. European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), Wellcome Sanger Institute, United Kingdom. Available at: <https://www.ensembl.org> (accessed: 2026)

Таблица 1. Однонуклеотидные полиморфизмы генов *HGF*, *GAB1*
Table 1. Single-nucleotide polymorphisms in the *HGF* and *GAB1* genes

Ген	Хромосома	Позиция	Название	Тип мутации	Кодон	Аминокислота
<i>HGF</i>	1	10911188	rs313956452	missense variant	ATA/GTA	I/V
<i>GAB1</i>	4	30134571	rs313780029	missense variant	ATG/ACG	M/T

Для выявления представленных полиморфизмов разработаны тест-системы для анализа методом полимеразной цепной реакции в реальном времени (RT-PCR) с использованием амплификаторов QuantStudio 5 и Gentier 96E.

Для полиморфизма rs313956452 гена *HGF* подобраны прямой праймер (AAATCCTAACTTACTTTGCC), обратный праймер (CTGGAATTAGCAATAGTAGC), а также два аллель-специфичных зонда: 5'FAM-CT (G-LNA)(A-LNA)(T-LNA)ATACGG(T-LNA)(C-LNA)C-BHQ1 и 5'VIC-CT(G-LNA)(G-LNA)TATACGG(T-LNA)(C-LNA)C-BHQ2.

Для полиморфизма rs313780029 гена *GAB1* подобраны прямой праймер (CGGTCAGTTCTTTACAAG), обратный праймер (TAGGTTTCAGGTTTTTAC), а также два аллель-специфичных зонда: 5'FAM-CA (T-LNA)(G-LNA)CA(A-LNA)GCAGAATCT(T-LNA)C-BHQ1 и 5'VIC-CA(C-LNA)(G-LNA)CA(A-LNA)GCAATCT(T-LNA)C-BHQ2.

В результате анализа генотипирования по полиморфизму rs313956452 гена *HGF* были идентифицированы три генотипа. Получены следующие данные: гомозиготный генотип AA обнаружен у 33% (100 голов) выборки; гетерозиготный генотип AG выявлен у 55% (165 голов); гомозиготный генотип GG был у 12% (36 голов). Большинство исследованных цыплят оказались носителями гетерозиготного генотипа по гену *HGF* (rs313956452). Частота аллели А составила 0,61, G — 0,39. Наблюдается преобладание аллели А и генотипа AG.

Анализ генотипирования по полиморфизму rs313780029 гена *GAB1* дал следующие результаты: гомозиготный генотип ТТ имеют 60% выборки (192 головы), гетерозиготный генотип ТС — 30% (94 головы), гомозиготный генотип СС — 10% цыплят-бройлеров (15 голов). Частота аллеля Т составила 0,75, аллеля С — 0,25. Следовательно, по гену *GAB1* (rs313780029) наблюдается преобладание генотипа ТТ и доминирование аллели Т.

Был проведен анализ связи однонуклеотидного полиморфизма rs313956452 гена *HGF* с массой бройлеров в разном возрасте (табл. 2)

В результате проведения генетической оценки бройлеров по различным генотипам гена *HGF* (rs313956452) были получены средние значения живой массы. Согласно данным, представленным в таблице 2, курочки с генотипом

АА демонстрируют достоверно более высокие показатели живой массы на 35-е (2209,29 ± 20,22 г) и 42-е (2785,91 ± 29,35 г) сутки по сравнению с курами с генотипом GG. Аналогично, петушки с генотипом АА демонстрируют статистически значимое увеличение живой массы в период с 28-го по 42-й день жизни.

В рамках исследования полиморфизма гена *HGF* (rs313956452) была проведена оценка мясной продуктивности бройлеров (♂) различных генотипов путем убоя и анатомической разделки тушек на 36-й день выращивания. В ходе работы были определены следующие показатели: предубойная живая масса бройлеров; масса потрошенных тушек; убойный выход (табл.3). Кроме того, был проведен расчет выхода мышечной ткани из основных частей тушки. (рис. 1).

На основании анализа данных, представленных в таблице 3, установлено, что показатели предубойной живой массы, массы потрошенных тушек и убойного выхода не имеют статистически значимых различий в зависимости от генотипа в локусе *HGF* (rs313956452). Масса мышц из

Таблица 2. Ассоциации однонуклеотидного полиморфизма rs313956452 гена *HGF* с живой массой бройлеров
Table 2. Associations between the rs313956452 single-nucleotide polymorphism of the *HGF* gene and live weight in broilers

Возраст бройлеров, сутки	Живая масса, г		
	♀ <i>HGF</i> (rs313956452)		
	AA (n = 100)	AG (n = 165)	GG (n = 36)
28	1638,3 ± 12,17	1634,4 ± 12,73	1615,6 ± 30,57
35	2209,3 ± 20,22 A	2191,73 ± 17,26 A	2076,9 ± 47,09 B
42	2785,9 ± 29,35 A	2700,6 ± 26,47 B	2599,0 ± 71,26 B
	♂ <i>HGF</i> (rs313956452)		
	AA (n = 98)	AG (n = 128)	GG (n = 32)
28	1847,0 ± 16,14 A	1812,2 ± 14,11 AB	1753,4 ± 36,55 B
35	2554,7 ± 23,48 A	2500,0 ± 20,32 AB	2433,6 ± 52,97 B
42	3229,8 ± 34,47 A	3146,8 ± 31,97 A	3004,2 ± 60,93 B

Примечание: здесь и далее А, В — значения между показателями статистически значимы при наличии разных букв в верхнем индексе, $p < 0,05$

Таблица 3. Влияние однонуклеотидного полиморфизма rs313956452 гена *HGF* на показатели убойного выхода петушков (♂) (убой 36 суток)

Table 3. Effect of the rs313956452 single-nucleotide polymorphism in the *HGF* gene on slaughter yield of male chicks (slaughtered at 36 days)

Показатель	Генотип <i>HGF</i> (rs313956452)					
	AA (n = 7)	AG (n = 5)	GG (n = 3)			
Предубойная живая масса, г	2560,2 ± 65,73	2660,3 ± 96,25	2539,0 ± 157,90			
Масса потрошенной тушки, г	1882,7 ± 56,86	1945,3 ± 68,53	1872,4 ± 99,31			
Убойный выход, %	73,5	73,1	73,5			
<i>Результаты анатомической разделки</i>						
Часть тушки	Масса, г	% от живой массы	Масса, г	% от живой массы	Масса, г	% от живой массы
Грудь, г	536,1 ± 34,08	20,9	504,0 ± 11,01	19,0	525,5 ± 7,06	20,7
Бедро, г	263,2 ± 6,66	10,3	259,4 ± 8,95	9,7	237,9 ± 14,90	8,8
Голень, г	157,7 ± 3,99	6,2	155,4 ± 5,37	5,8	139,7 ± 13,31	5,5
Абдоминальный жир, г	19,8 ± 1,75	0,8	23,8 ± 3,21	0,9	23,0 ± 2,30	0,9

основных частей тушки, таких как грудка, бедро и голень, была несколько выше у петушков с генотипом AA (рис. 1). В результате исследования также выявлена тенденция к увеличению процентного соотношения массы грудки, бедра и голени к общей живой массе у петушков с указанным генотипом. Конкретные значения составили 20,9% для грудки, 10,3% для бедра и 6,2% для голени у петушков с генотипом AA.

Таким образом, на основании полученных данных можно заключить, что генотип AA в локусе *HGF* (rs313956452) обладает потенциальной селекционной значимостью и может способствовать улучшению продуктивных характеристик, что имеет важное значение для реализации программ селекции, направленных на повышение их эффективности.

В таблице 4 представлены результаты анализа связи однонуклеотидного полиморфизма rs313780029 в гене *GAB1* с живой массой и приростом живой массы бройлеров (♀) в разном возрасте.

В результате изучения полиморфизма rs313780029 гена *GAB1* было установлено, что курочки с генотипом CC имеют статистически значимое превосходство по живой массе в сравнении с курочками, обладающими генотипом TC, на 7-й, 14-й, 21-й, 28-й день эксперимента.

На основе представленных данных были проанализированы показатели убойного выхода (табл. 5) и анатомического состава тушки цыплят-бройлеров (рис. 2) в зависимости от генетического полиморфизма по локусу rs313780029 гена *GAB1*.

Результаты анализа выявили следующие тенденции: у курочек с генотипами CC и TC показатель убойного выхода составил 74,4%, это ниже, чем у курочек с генотипом TT (74,9%). В процентном соотношении от общей массы тела курочек с генотипом CC доля мышечной ткани из области бедра составила 10,1%, из области голени — 6,0%, а абдоминального жира — 1,2%. Эти показатели оказались выше по сравнению с аналогичными параметрами у кур с генотипами TT и TC.

Анализ общедоступных источников не выявил значимого влияния генов *HGF* (фактор роста гепатоцитов) и *GAB1* (Grb2-associated-binding protein 1) на рост и мясную продуктивность кур. Однако, исследования, проведенные R. Gal-Levi и соавторами [21], продемонстрировали, что фактор роста гепатоцитов оказывает значительное воздействие на регенерацию мышечной ткани у кур.

В свою очередь, A. Yamane *et al.* [23] установили влияние *HGF* на процессы дифференцировки и пролиферации миобластов языка в органокультуре

Рис. 1. Влияние однонуклеотидного полиморфизма rs313956452 гена *HGF* на показатели морфологического состава тушки петушков (♂) (убой 36 суток)

Fig. 1. Effect of the rs313956452 single-nucleotide polymorphism in the *HGF* gene on morphological composition parameters of male chicks (♂) (slaughtered at 36 days)

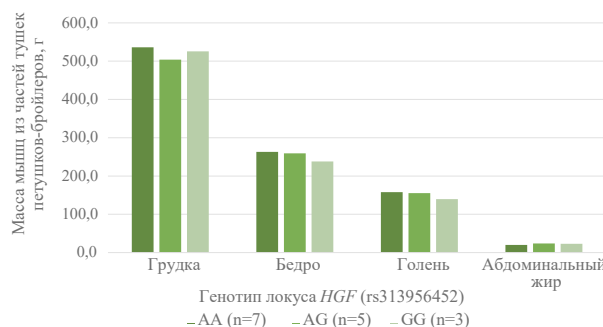


Таблица 4. Живая масса бройлеров (♀) в зависимости от генотипа по SNP rs313780029 в гене *GAB1*

Table 4. Live weight of broiler hens (♀) by genotype of rs313780029 SNP in the *GAB1* gene

Возраст бройлеров, сутки	Живая масса, г		
	ТТ (n = 192)	ТС (n = 94)	СС (n = 15)
1	42,5 ± 0,16	42,3 ± 0,24	42,5 ± 0,48
7	194,4 ± 1,57 AB	189,2 ± 2,49 A	201,9 ± 3,49 B
14	522,5 ± 3,85 AB	507,9 ± 6,64 A	530,6 ± 7,96 B
21	1043,3 ± 7,14 A	1017,4 ± 10,38 B	1055,5 ± 11,95 A
28	1640,3 ± 11,28 A	1612,7 ± 16,11 A	1675,9 ± 13,12 B
35	2184,6 ± 17,09	2172,9 ± 21,77	2241,9 ± 47,13
42	2741,0 ± 23,54	2680,7 ± 35,78	2637,8 ± 131,04

Рис. 2. Связь однонуклеотидного полиморфизма rs313780029 гена *GAB1* с показателями морфологического состава тушки цыплят-бройлеров (♀) (убой 36 суток)

Fig. 2. Association between the rs313780029 single-nucleotide polymorphism in the *GAB1* gene and indicators of the morphological composition of broiler chicken carcasses (♀) (slaughtered at 36 days)

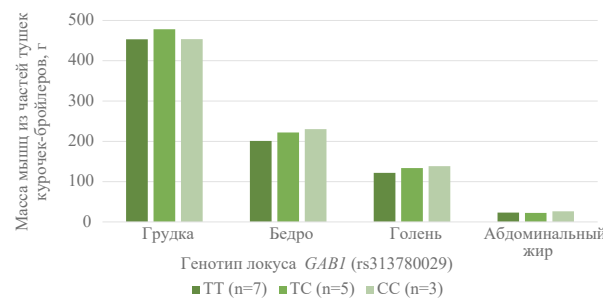


Таблица 5. Связь однонуклеотидного полиморфизма rs313780029 гена *GAB1* с показателями убойного выхода, морфологического состава тушки цыплят-бройлеров (♀) (убой 36 суток)

Table 5. Association of the rs313780029 single-nucleotide polymorphism in the *GAB1* gene with slaughter yield and carcass composition of female broiler chickens (slaughtered at 36 days)

Показатель	Генотип <i>GAB1</i> (rs313780029)					
	ТТ (n = 7)		ТС (n = 5)		СС (n = 3)	
Предубойная живая масса, г	2188,2 ± 43,72		2240,1 ± 138,76		2290,0 ± 47,01	
Масса потрошенной тушки, г	1639,0 ± 31,03		1667,6 ± 109,71		1703,5 ± 19,75	
Убойный выход, %	74,9		74,4		74,4	
Результаты анатомической разделки						
Часть тушки	Масса, г	% от живой массы	Масса, г	% от живой массы	Масса, г	% от живой массы
Грудка, г	453,2 ± 17,90	20,7	478,3 ± 28,62	21,4	453,8 ± 23,11	19,8
Бедро, г	201,1 ± 9,41	9,2	222,1 ± 14,00	9,9	230,3 ± 20,83	10,1
Голень, г	121,7 ± 5,63	5,5	133,8 ± 8,43	6,0	138,6 ± 12,51	6,0
Абдоминальный жир, г	23,3 ± 3,95	1,1	22,2 ± 5,23	1,0	26,2 ± 3,78	1,2

E13 у мышей. L. Zhang *et al.* [24] обнаружили, что активация гена *GAB1* наблюдается при *HGF*-индуцированной клеточной пролиферации.

Следует отметить, что параметры мясной продуктивности определяются совокупным действием множества генов [25, 26]. Для выявления наиболее перспективных вариантов используются генетические маркеры. В частности, совокупность статистически значимых ассоциаций между рядом генов-кандидатов и показателями роста и продуктивности кур может послужить основой для разработки тест-системы, предназначенной для селекционных целей.

Выводы/Conclusion

В ходе анализа генотипирования по полиморфизму rs313956452 в гене *HGF* было установлено распределение частот генотипов и аллелей этого полиморфизма. Преобладающим оказался аллель А и генотип АG.

Анализ генотипирования по полиморфизму rs313780029 в гене *GAB1* показал, что наиболее часто встречающимся является аллель Т и генотип ТТ.

Изучение связи однонуклеотидных полиморфизмов генов *HGF* и *GAB1* с мясными характеристиками цыплят-бройлеров породы «Смена 9» позволило обнаружить значимые генетические

маркеры, потенциально улучшающие продуктивность. Анализ данных позволяет предположить, что генотип АА в локусе *HGF* (rs313956452) имеет перспективы для селекции, так как он благоприятно сказывается на результатах анатомической разделки цыплят-бройлеров. Аллель С в полиморфном локусе rs313780029 гена *GAB1* также демонстрировал тенденцию к улучшению мясных характеристик у бройлеров в возрасте до 36 дней. Эти данные могут быть рассмотрены как потенциальный дополнительный фактор, заслуживающий дальнейшего изучения на более обширной выборке, который способствует улучшению мясных характеристик птицы.

Представленное исследование позволило идентифицировать гены-кандидаты *HGF*, *GAB1*, которые ассоциированы с параметрами мясной продуктивности. Эти данные представляют значительную ценность для программ селекции бройлеров, так как они могут быть использованы для разработки эффективных стратегий генетического улучшения. Обнаруженные одонуклеотидные полиморфизмы и гены могут служить генетическими маркерами для селекционного отбора особей с повышенной мясной продуктивностью. Это, в свою очередь, способствует повышению экономической эффективности выращивания бройлеров.

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

Исследование выполнено при финансовой поддержке Российской Федерации в лице Министерства науки и высшего образования, соглашение №075-15-2025-189 (номер государственного учета НИОКТР 125050605771-9).

FUNDING

This research was conducted with financial support from the Russian Federation, represented by the Ministry of Science and Higher Education, under Agreement No. 075-15-2025-189 (State Registration Number for Scientific Research and Development: 125050605771-9).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Фисинин В.И. Динамика и перспективы развития мирового и отечественного птицеводства. Результаты работы яичного и мясного птицеводства России в 2024 году. *Птицеводство*. 2025; (3): 4–10. EDN IGUKIC
2. Havenstein G.B., Ferket P.R., Qureshi M.A. Growth, livability, and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*. 2003; 82(10): 1500–1508. <https://doi.org/10.1093/ps/82.10.1500>
3. Thiruvenkadan A.K., Prabakaran R., Panneerselvam S. Broiler breeding strategies over the decades: an overview. *World's Poultry Science Journal*. 2011; 67(2): 309–336. <https://doi.org/10.1017/S0043933911000328>
4. Siegel P.B., Dodgson J.B., Andersson L. Progress from Chicken Genetics to the Chicken Genome. *Poultry Science*. 2006; 85(12): 2050–2060. <https://doi.org/10.1093/ps/85.12.2050>
5. Егорова А.В. Основные направления работы с мясными курами родительского стада бройлеров. *Птицеводство*. 2017; (3): 16–21. EDN YLKCFR
6. Yang X. *et al.* Identification of Major Loci and Candidate Genes for Meat Production-Related Traits in Broilers. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 645107. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.645107>
7. Wolc A. Understanding genomic selection in poultry breeding. *World's Poultry Science Journal*. 2014; 70(2): 309–314. <https://doi.org/10.1017/S0043933914000324>
8. Mir N.A., Rafiq A., Kumar F., Singh V., Shukla V. Determinants of broiler chicken meat quality and factors affecting them: a review. *Journal of Food Science and Technology*. 2017; 54(10): 2997–3009. <https://doi.org/10.1007/s13197-017-2789-z>
9. Lee J.H. Special Issue: Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology. *Genes*. 2021; 12(11): 1744. <https://doi.org/10.3390/genes12111744>
10. Liu Z. *et al.* Design and evaluation of a custom 50K Infinium SNP array for egg-type chickens. *Poultry Science*. 2021; 100(5): 101044. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101044>
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. Коршунова Л.Г., Карапетян Р.В., Комарчев А.С., Куликов Е.И. Ассоциации одонуклеотидных 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>

REFERENCES

1. Fisinin V.I. Dynamics and prospects of the development of the world's and ignali poultry production. Poultry egg and meat production in Russian Federation in 2024. *Pitvevodstvo*. 2025; (3): 4–10 (in Russian). EDN IGUKIC
2. Havenstein G.B., Ferket P.R., Qureshi M.A. Growth, livability, and feed conversion of 1957 versus 2001 broilers when fed representative 1957 and 2001 broiler diets. *Poultry Science*. 2003; 82(10): 1500–1508. <https://doi.org/10.1093/ps/82.10.1500>
3. Thiruvenkadan A.K., Prabakaran R., Panneerselvam S. Broiler breeding strategies over the decades: an overview. *World's Poultry Science Journal*. 2011; 67(2): 309–336. <https://doi.org/10.1017/S0043933911000328>
4. Siegel P.B., Dodgson J.B., Andersson L. Progress from Chicken Genetics to the Chicken Genome. *Poultry Science*. 2006; 85(12): 2050–2060. <https://doi.org/10.1093/ps/85.12.2050>
5. Egorova A.V. The Principal Directions in Selection of Broiler Breeder Females. *Pitvevodstvo*. 2017; (3): 16–21 (in Russian). EDN YLKCFR
6. Yang X. *et al.* Identification of Major Loci and Candidate Genes for Meat Production-Related Traits in Broilers. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 645107. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.645107>
7. Wolc A. Understanding genomic selection in poultry breeding. *World's Poultry Science Journal*. 2014; 70(2): 309–314. <https://doi.org/10.1017/S0043933914000324>
8. Mir N.A., Rafiq A., Kumar F., Singh V., Shukla V. Determinants of broiler chicken meat quality and factors affecting them: a review. *Journal of Food Science and Technology*. 2017; 54(10): 2997–3009. <https://doi.org/10.1007/s13197-017-2789-z>
9. Lee J.H. Special Issue: Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology. *Genes*. 2021; 12(11): 1744. <https://doi.org/10.3390/genes12111744>
10. Liu Z. *et al.* Design and evaluation of a custom 50K Infinium SNP array for egg-type chickens. *Poultry Science*. 2021; 100(5): 101044. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101044>
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. 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>

13. Pampouille E. *et al.* Mapping QTL for white striping in relation to breast muscle yield and meat quality traits in broiler chickens. *BMC Genomics*. 2018; 19: 202. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4598-9>
14. Abdelmanova A.S. *et al.* Unveiling Comparative Genomic Trajectories of Selection and Key Candidate Genes in Egg-Type Russian White and Meat-Type White Cornish Chickens. *Biology*. 2021; 10(9): 876. <https://doi.org/10.3390/biology10090876>
15. Ouyang J.H. *et al.* Single nucleotide polymorphism (SNP) at the *GHR* gene and its associations with chicken growth and fat deposition traits. *British Poultry Science*. 2008; 49(2): 87–95. <https://doi.org/10.1080/00071660801938817>
16. Zhu S.K. *et al.* Adjacent SNPs in the transcriptional regulatory region of the *FADS2* gene associated with fatty acid and growth traits in chickens. *Genetics and Molecular Research*. 2014; 13(2): 3329–3336.
17. Romanov M.N. *et al.* Dissecting Selective Signatures and Candidate Genes in Grandparent Lines Subject to High Selection Pressure for Broiler Production and in a Local Russian Chicken Breed of Ushanka. *Genes*. 2024; 15(4): 524. <https://doi.org/10.3390/genes15040524>
18. Luo N. *et al.* Identification of regulatory loci and candidate genes related to body weight traits in broilers based on different models. *BMC Genomics*. 2025; 26: 513. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11651-5>
19. Gal-Levi R., Leshem Y., Aoki S., Nakamura T., Halevy O. Hepatocyte growth factor plays a dual role in regulating skeletal muscle satellite cell proliferation and differentiation. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Molecular Cell Research*. 1998; 1402(1): 39–51. [https://doi.org/10.1016/s0167-4889\(97\)00124-9](https://doi.org/10.1016/s0167-4889(97)00124-9)
20. Furge K.A., Zhang Y.-W., Vande Woude G.F. Met receptor tyrosine kinase: enhanced signaling through adapter proteins. *Oncogene*. 2000; 19(49): 5582–5589. <https://doi.org/10.1038/sj.onc.1203859>
21. Holgado-Madruga M., Emlet D.R., Moscatello D.K., Godwin A.K., Wong A.J. A Grb2-associated docking protein in EGF- and insulin-receptor signaling. *Nature*. 1996; 379(6565): 560–564. <https://doi.org/10.1038/379560a0>
22. Lemarié C.A., Lehoux S. The Gift of Gab1 (Grb-2-Associated Binder 1). *Arteriosclerosis, Thrombosis, and Vascular Biology*. 2011; 31(5): 956–957. <https://doi.org/10.1161/atvbaha.111.225987>
23. Yamane A. *et al.* Exogenous hepatocyte growth factor inhibits myoblast differentiation by inducing myf5 expression and suppressing myoD expression in an organ culture system of embryonic mouse tongue. *European Journal of Oral Sciences*. 2004; 112(2): 177–181. <https://doi.org/10.1111/j.0909-8836.2004.00106.x>
24. Zhang L., Zuo J., Huang S., Chang Q. Endothelial progenitor cells overexpressing Grb2-associated binder 1 for in vitro-constructed tissue-engineered heart valves. *Кардиология*. 2022; 62(7): 38–43. <https://doi.org/10.18087/cardio.2022.7.n2100>
25. Вахрамеев А.Б., Позовникова М.В., Рябова А.Е., Федорова З.Л., Деметьева Н.В. Сравнительный анализ фенотипической изменчивости кур различного направления продуктивности. *Аграрная наука*. 2025; 396 (07): 92–100. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-396-07-92-100>
26. Дысин А.П., Баркова О.Ю. Молекулярно-генетические и эпигенетические механизмы регуляции мясной продуктивности у кур: современные данные об эпигенетических, метаболических и породных особенностях. *Аграрная наука*. 2025; 399 (10): 142–158. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-142-158>
13. Pampouille E. *et al.* Mapping QTL for white striping in relation to breast muscle yield and meat quality traits in broiler chickens. *BMC Genomics*. 2018; 19: 202. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4598-9>
14. Abdelmanova A.S. *et al.* Unveiling Comparative Genomic Trajectories of Selection and Key Candidate Genes in Egg-Type Russian White and Meat-Type White Cornish Chickens. *Biology*. 2021; 10(9): 876. <https://doi.org/10.3390/biology10090876>
15. Ouyang J.H. *et al.* Single nucleotide polymorphism (SNP) at the *GHR* gene and its associations with chicken growth and fat deposition traits. *British Poultry Science*. 2008; 49(2): 87–95. <https://doi.org/10.1080/00071660801938817>
16. Zhu S.K. *et al.* Adjacent SNPs in the transcriptional regulatory region of the *FADS2* gene associated with fatty acid and growth traits in chickens. *Genetics and Molecular Research*. 2014; 13(2): 3329–3336.
17. Romanov M.N. *et al.* Dissecting Selective Signatures and Candidate Genes in Grandparent Lines Subject to High Selection Pressure for Broiler Production and in a Local Russian Chicken Breed of Ushanka. *Genes*. 2024; 15(4): 524. <https://doi.org/10.3390/genes15040524>
18. Luo N. *et al.* Identification of regulatory loci and candidate genes related to body weight traits in broilers based on different models. *BMC Genomics*. 2025; 26: 513. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11651-5>
19. Gal-Levi R., Leshem Y., Aoki S., Nakamura T., Halevy O. Hepatocyte growth factor plays a dual role in regulating skeletal muscle satellite cell proliferation and differentiation. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Molecular Cell Research*. 1998; 1402(1): 39–51. [https://doi.org/10.1016/s0167-4889\(97\)00124-9](https://doi.org/10.1016/s0167-4889(97)00124-9)
20. Furge K.A., Zhang Y.-W., Vande Woude G.F. Met receptor tyrosine kinase: enhanced signaling through adapter proteins. *Oncogene*. 2000; 19(49): 5582–5589. <https://doi.org/10.1038/sj.onc.1203859>
21. Holgado-Madruga M., Emlet D.R., Moscatello D.K., Godwin A.K., Wong A.J. A Grb2-associated docking protein in EGF- and insulin-receptor signaling. *Nature*. 1996; 379(6565): 560–564. <https://doi.org/10.1038/379560a0>
22. Lemarié C.A., Lehoux S. The Gift of Gab1 (Grb-2-Associated Binder 1). *Arteriosclerosis, Thrombosis, and Vascular Biology*. 2011; 31(5): 956–957. <https://doi.org/10.1161/atvbaha.111.225987>
23. Yamane A. *et al.* Exogenous hepatocyte growth factor inhibits myoblast differentiation by inducing myf5 expression and suppressing myoD expression in an organ culture system of embryonic mouse tongue. *European Journal of Oral Sciences*. 2004; 112(2): 177–181. <https://doi.org/10.1111/j.0909-8836.2004.00106.x>
24. Zhang L., Zuo J., Huang S., Chang Q. Endothelial progenitor cells overexpressing Grb2-associated binder 1 for in vitro-constructed tissue-engineered heart valves. *Kardiologia*. 2022; 62(7): 38–43. <https://doi.org/10.18087/cardio.2022.7.n2100>
25. Vakhrameev A.B., Pozovnikova M.V., Ryabova A.E., Fedorova Z.L., Dementieva N.V. Comparative analysis of the phenotypic variability of chickens of different productivity directions. *Agrarian science*. 2025; 396 (07): 92–100 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-396-07-92-100>
26. Dysin A.P., Barkova O.Yu. Molecular genetic and epigenetic mechanisms of regulation of meat productivity in chickens: recent findings on epigenetic, metabolic and breed features. *Agrarian science*. 2025; 399 (10): 142–158 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-142-158>

ОБ АВТОРАХ

Людмила Георгиевна Коршунова

доктор биологических наук, главный научный сотрудник
lg@vinitip.ru
<https://orcid.org/0000-0002-4393-7499>

Егор Игоревич Куликов

научный сотрудник, заведующий лабораторией
kulikovegor33@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0001-5553-4454>

Вера Николаевна Мартынова

аспирант
veramartnik@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0000-7626-0990>

Рубен Ваагнович Карапетян

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник
ruben@vinitip.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6610-7749>

Дмитрий Михайлович Дмитренко

аспирант, младший научный сотрудник
dmitrenko.dmitry1999@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0001-6027-2169>

Арина Константиновна Кравченко

аспирант, младший научный сотрудник
arinkakravchenko@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0009-0986-4626>

Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства» (ФНЦ «ВНИТИП»),
ул. Птицеградская, 10. Сергиев Посад, Московская область, 141311, Россия

ABOUT THE AUTHORS

Lyudmila Georgievna Korshunova

Doctor of Biological Sciences, Chief Researcher
lg@vinitip.ru
<https://orcid.org/0000-0002-4393-7499>

Egor Igorevich Kulikov

Researcher, Head of the Laboratory
kulikovegor33@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0001-5553-4454>

Vera Nikolaevna Martynova

postgraduate student
veramartnik@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0000-7626-0990>

Ruben Vahagnovich Karapetyan

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher
ruben@vinitip.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6610-7749>

Dmitry Mikhailovich Dmitrenko

postgraduate student, Junior Researcher
dmitrenko.dmitry1999@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0001-6027-2169>

Arina Konstantinovna Kravchenko

postgraduate student, Junior Researcher
arinkakravchenko@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0009-0986-4626>

All-Russian Research and Technological Poultry Institute (FSC ARRTPI),

10 Pitsegradskaya st., Sergiev Posad, Moscow Region, 141311, Russia