

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ЛОКУСА *NCAPG-LCORN* У КУР ЛОКАЛЬНЫХ ПОРОД НА ОСНОВЕ ДАННЫХ SNP-ГЕНОТИПИРОВАНИЯ

Ларкина Т.А.,¹ Романов М.Н.,^{2,3} Баркова О.Ю.,¹
Пегливанян Г.К.,¹ Митрофанова О.В.,¹ Дементьева Н.В.,¹
Станишевская О.И.,¹ Вахрамеев А.Б.,¹ Макарова А.В.,¹ Щербаков
Ю.С.,¹ Позовникова М.В.,¹ Гриффин Д.К.³

¹Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Пушкин, Санкт-Петербург, Россия;

²ФГБОУ ВО «Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени К.И. Скрябина», Москва, Россия;

³Университет Кента, Кентербери, Великобритания

E-mail: tanya.larkina2015@yandex.ru

Аннотация

В ходе исследования с помощью анализа однонуклеотидного полиморфизма (SNP) была проанализирована геномная изменчивость локуса *NCAPG-LCORN* у кур 49 генофондных пород и гибридных форм из «Генетической коллекции редких и исчезающих пород кур». Генотипирование проводили с помощью чипа Illumina Chicken 60K SNP iSelect BeadChip. В результате SNP-сканирования у всех пород и гибридов анализируемых групп кур на GGA4 в регионе, включающем *NCAPG-LCORN*, и в области рядом с этим регионом определено пять значимых SNPs, которые могут быть кандидатами для селекции с помощью маркеров (MAS). Кластерный анализ адмикс-моделей обнаружил разделение особей соответственно их происхождению при $K=5$. Куры яичного и мясного направления продуктивности сформировали два обособленных кластера, что согласуется с результатами частот генотипов. При анализе генетической дифференциации между группами кур различного направления продуктивности на основе попарных F_{ST} -значений отмечены досто-

верные различия ($p < 0,05$) для группы кур яичного направления продуктивности в сравнении с мясными (0,330), мясо-яичными (0,178), бойцовыми (0,225) и яично-мясными (0,237), а также для кур мясного направления продуктивности относительно декоративных (0,153). Результаты показали, что сравниваемые группы отличаются генетически друг от друга, что подтверждается данными о частотах генотипов. Выявлена популяционная специфичность структуры неравновесия по сцеплению (LD) по локусу *NCAPG-LCORL* для 11 пород кур.

Ключевые слова: породы кур, *NCAPG-LCORL*, SNPs, генотипирование, MAS-селекция, LD, F_{ST}

Введение

Сегодня птицеводство является самой высокоэффективной отраслью животноводства, а домашняя курица (*Gallus gallus*) самым распространенным видом сельскохозяйственных животных. В процессе многолетней работы по одомашниванию птицы были сформированы породы, значительно различающиеся на фенотипическом уровне (живая масса, цвет пера и др.) [3,24,29,30,40] и на генетическом [13,18]. По данным Bennett et al. [7], результатом селекционной работы в период от позднего средневековья до наших дней является удвоение размера тела, изменение морфологии, геохимия и генетики костей домашних кур. Значительные изменения экстерьера кур отражают биологические особенности птицы и тесно связаны с направлением продуктивности. Поэтому исследования по изучению локусов количественных признаков (QTL), ассоциированных с живой массой и экстерьером очень важны и актуальны [15,39], особенно у локальных пород кур [13], так как позволяют значительно ускорять селекционный прогресс популяций [12]. Одним из регионов в геноме курицы, значимо ассоциированным с признаками роста является регион на GGA4, включающий гены *LCORL* (ligand dependent nuclear receptor corepressor-like) и *NCAPG* (non-SMC condensin I complex, subunit G). В регионе *NCAPG-LCORL* и в области близкой этому региону были идентифицированы сайты однонуклеотидного полиморфизма (SNPs), ассоцииро-

ванные с массой внутренних органов цыплят [14], массой яйца [43] и размером яйцевода [35].

Область *NCAPG-LCORL* была изучена и у других млекопитающих и определена в качестве локуса, ассоциированного с различными признаками, характеризующими рост и развитие организма. Значимые ассоциации с ростом показаны для человека у европейского [42], японского [27] и афроамериканского населения [9], а также в связи с живой массой, ростом и размером скелета у крупного рогатого скота, лошадей, свиней и овец [4,20,24,25,32,36,38]. По данным Lyu et al. [23], ген *LCORL* является одним из ключевых генов, определяющих особенности массы тела у позвоночных и его можно рассматривать как потенциально влияющий на рост цыплят.

Уникальная биоресурсная коллекция «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (ВНИИГРЖ, Санкт-Петербург) насчитывает более 40 пород различного направления продуктивности и является хорошей моделью для изучения генетического разнообразия кур [31]. Понимание геномной изменчивости в локусе *NCAPG-LCORL*, который может быть рассмотрен как связанный с ростом и развитием кур, позволит скорректировать программы селекции для локальных пород. В связи с этим целью исследования было изучение геномной изменчивости в локусе *NCAPG-LCORL* на GGA4 для выявления генетических различий между популяциями кур 49 пород и гибридов различного направления продуктивности.

Материалы и методы

Исследования проводили на базе института ВНИИГРЖ. Объектом эксперимента служили куры биоресурсной коллекции ВНИИГРЖ «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур» (г. Пушкин, Санкт-Петербург). Всего в исследование включено 993 особи 49 пород и гибридов (по 20–21 образцу от каждой породы или гибрида). Изучены следующие породы различного направления продуктивности: светло-коричневый леггорн (или итальянская куропатчатая), минорка черная, русская белая (образцы 2017 г., популяция ВНИИГРЖ), русская белая (образцы 2001 г., популяция ВНИИГРЖ), русская белая (образ-

цы 2001 г., популяция ВНИТИП) (яичные); мини-красная белохвостая, белый корниш (линия 1, кросса «Смена-6»), белый корниш (линия 2, кросса «Смена-6»), гибриды белый корниш × (брама светлая × суссекс светлый), белый корниш × (суссекс светлый × амрок) (мясные); австралорп черно-пестрый, аврора голубая, австралорп черный, амрок, голошейная, первомайская, плимутрок полосатый, полтавская глинистая, суссекс светлый, фавероль лососевая, царскосельская, юрловская голосистая, гибриды суссекс светлый × амрок, царскосельская × суссекс светлый, царскосельская × (суссекс светлый × амрок), брама светлая × суссекс светлый (мясо-яичные); загорская лососевая, пушкинская, род-айланд красный, ленинградская ситцевая, нью-гемпшир, ленинградская золотисто-серая, панциревская черная (яично-мясные); орловская алая, московская бойцовая, узбекская бойцовая, гибрид узбекская бойцовая × амрок (бойцовые); русская хохлатая, украинская ушанка, бентамка ситцевая, брама палевая, брама светлая, гамбургская серебристо-пятнистая карликовая, голландская белохохлая, шелковая белая, кохинхин карликовый, курчавая, павловская пятнистая, павловская белая (декоративные). Разнообразие экстерьерных показателей обусловлено направлением продуктивности кур биоресурсной коллекции. Основной рацион и условия содержания подопытной птицы были идентичны и соответствовали зоогигиеническим нормам.

Материалом для нашего исследования служила ДНК, выделенная из лейкоцитов цельной крови общепринятым фенольным методом. SNP-сканирование проводили с помощью чипа Illumina Chicken 60K SNP iSelect BeadChip (Illumina, США).

Отбор SNPs проводили с помощью программы PLINK 1.9 и функции -extract. Биометрическая обработка данных выполнена с помощью программ, PLINK 1.9 и Microsoft Excel. Определение генетического разнообразия между популяциями проводилось с использованием статистики F_{ST} Хадсона, реализованной в пакете программ EIGENSOFT 6.1.4 [28]. Построение модели для разграничения кластеров на основе данных по SNP-генотипам локуса *NCAPG-LCORL* проводили в программе ADMIXTURE [5].

Соответствие распределения частот аллелей и генотипов равновесию Харди–Вайнберга проверяли по критерию χ^2 . Сравнение различий по частотам генотипов проводили в программе Statistica 10 с применением критерия Крускала–Уоллиса, поскольку данные не прошли тест на нормальность.

Неравновесие по сцеплению (LD) между парами SNPs оценивалось с помощью коэффициента D' , предложенного Левонтином, и коэффициента корреляции r^2 Пирсона. В данном исследовании блочная структура LD определялась с помощью алгоритма Solid spine, предусмотренного программным обеспечением Npview 4.2, при котором заданные параметры $D \geq 0.75$.

Результаты исследований и обсуждение

Параметры генетического разнообразия

В результате SNP-сканирования у всех пород и гибридов анализируемых групп кур на GGA4 в регионе, включающем *NCAPG-LCORL* и в области рядом с этим регионом обнаружено пять значимых SNPs: GGaluGA265966, GGaluGA265969, rs15619223, rs14491017 и rs14491028. Определены частотные распределения генотипов пяти SNP-маркеров в 49 популяциях кур. Сравнительный анализ проводили между группами птиц, разделенных по направлению продуктивности. Анализ частоты встречаемости генотипов выявил некоторые генетические особенности отдельных групп по локусу *NCAPG-LCORL*.

Анализ фактического и теоретического распределения генотипов выявил смещение генетического равновесия по SNP-замене rs14491017 в кроссе царскосельская \times суссекс светлый ($\chi^2=4,25$), по замене rs14491028 в популяциях кур пород царскосельская ($\chi^2=5,71$), нью-гемпшир ($\chi^2=5,00$), пушкинская ($\chi^2=3,95$) и по замене GGaluGA265969 в популяциях кур курчаява ($\chi^2=4,356$) и плимутрок полосатый ($\chi^2=5,137$) при $p < 0,05$. По заменам GGaluGA265966 и rs15619223 во всех анализируемых популяциях биоресурсной коллекции независимо от породной принадлежности значения χ^2 не превышали критического значения.

Сравнение частотных распределений аллелей по замене GGaluGA265969 выявила различия только между группами яичных и мясных кур и яичных и декоративных ($p < 0,05$). По замене GGaluGA265966 достоверные различия выявлены только для групп яичные – мясные куры и яичные – яично-мясные ($p < 0,05$). Куры яичного направления продуктивности значительно отличались от всех других анализируемых групп ($p < 0,05$) по заменам rs14491017 (за исключением декоративных кур), rs14491028 и rs15619223. Частота аллелей по анализируемым SNPs у кур мясного направления продуктивности отличалась в сравнении с группами кур мясо-яичного по rs14491028 и rs15619223, а также rs14491017, который также показал различия и с группой кур яично-мясных ($p < 0,05$). Декоративные куры значимо отличались от кур мясных и мясо-яичных по rs15619223 ($p < 0,05$).

Кластеризация анализируемых пород кур

Расчет количества K групп, которые лучше всего соответствуют полученным данным, показал, что оптимальное количество предковых популяций соответствует $K=5$. Кластерный анализ адмикс-моделей обнаружил разделение особей соответственно их происхождению. Куры яичного и мясного направления продуктивности сформировали два обособленных кластера, что согласуется с результатами частот генотипов.

Генетическая дифференциация популяций

Генетическую дифференциацию между анализируемыми группами кур различного направления продуктивности сравнивали на основе попарных значений F_{ST} . Различия, рассчитанные для попарных значений F_{ST} , были значимыми при $p < 0,05$. Максимальное удаление получено для группы кур яичного направления продуктивности относительно мясных (0,330), мясо-яичных (0,178), бойцовых (0,225) и яично-мясных (0,237), а также для кур мясного направления продуктивности относительно декоративных (0,153). Результаты показали, что сравниваемые группы отличаются генетически друг от друга, что подтверждается данными о частотах генотипов.

Структура LD генофондных пород

Выявлена популяционная специфичность структуры LD по локусу *NCAPG-LCORL* у 11 пород кур: павловская белая, бентамка ситцевая, павловская пятнистая, русская белая (популяция ВНИТИП 2001 г.), русская белая (популяция ВНИИГРЖ 2001 г.), фавероль лососевая, кохинхин карликовый, брама палевая, нью-гемпшир, полтавская глинистая и загорская лососевая. SNP GGaluga265966 отсутствовал у пород павловская белая, бентамка ситцевая и павловская пятнистая, а rs14491017 – у породы русская белая (популяция ВНИИГРЖ 2001 г.) в связи с их полной гетерозиготностью. Породы русская белая (популяция ВНИТИП 2001 г.), русская белая (популяция ВНИИГРЖ 2001 г.), фавероль лососевая и кохинхин карликовый образуют сильное сцепление между всеми пятью SNPs, составляющими общий блок размером 102 kb.

Одинаковое строение блоков и почти полное LD между заменами GGaluga265969 и rs15619223 ($r^2=1$ и $r^2=0,89$) у пород фавероль лососевая и кохинхин карликовый, а также схожее LD между заменами GGaluga265969 и rs15619223 ($r^2=1$ и $r^2=0,73$) у брамы палевой и фавероли лососевой объясняется их общим происхождением, поскольку предками породы фавероль являются кохинхин, брама, доркинг и гудан.

У пород загорская лососевая, полтавская глинистая и нью-гемпшир можно выделить сходный по своей структуре блок 49 kb который включает в себя три полиморфизма – GGaluga265966, GGaluga265969 и rs15619223. Куры породы загорская лососевая выведены путем скрещивания русской белой, род-айланда красного, нью-гемпшира и юрловской голосистой. В основе полтавской глинистой, как и нью-гемпшира, находится род-айланд красный. Общее происхождение подтверждается также почти полным LD у этих трех пород между SNPs GGaluga265966 и rs14491017 на уровне $r^2=1$ у нью-гемпшира и полтавской глинистой и $r^2=0,84$ у загорской породы кур.

Породы павловская пятнистая и бентамка ситцевая имеют одинаковое строение блока между заменами GGaluga265969, rs15619223, rs14491017 и rs14491028 (63 kb), при $r^2=0,90$ и $0,80$ между нуклеотидными заменами rs15619223 rs14491028, что вероятно объясняет схожее телосложение и миниатюрные раз-

меры обеих пород, поскольку известно, что полиморфизм в гене *LCORL* оказывает достоверное влияние на высоту в холке и размер скелета, формированием костей и на развитие мышц в эмбриогенезе [17].

При изучении распределения гаплотипов у 11 изученных пород обнаружена различная степень гаплотипического разнообразия: только три породы содержали одинаковые гаплотипы, что указывает на возможность общего механизма формирования данных паттернов LD. Из гипотетически возможных 45 гаплотипов (у отдельно взятой диплоидной особи существует 9 возможных гаплотипов) по пяти SNPs в локусе *NCAPG-LCORL* нами было выявлено 36 гаплотипов. Одинаковые гаплотипы САА, СГА, ТГА и ТАА встречались у пород нью-гемпшир, полтавская глинистая и загорская лососевая. Гаплотип СГС встречался у нью-гемпшира и полтавской глинистой, что также подтверждает их общее происхождение от предковой породы, наравне с формированием общего блока сильного SNPs и полного LD между нуклеотидными заменами вышеуказанных пород.

Характеристика генетических вариаций и генетическая структура популяций по SNPs ключевых генов продуктивности кур позволяет определять особенности местных популяций и может быть полезна в селекции с помощью маркеров (MAS). В нашем исследовании мы выявили различия на генетическом уровне среди кур различного направления продуктивности по SNPs, расположенных в локусе, охватывающем *NCAPG-LCORL*. Эти гены являются одними из ключевых регуляторов транскрипции РНК-полимеразы II и обладают плейотропным эффектом в отношении массы/размеров тела и массы/размеров яйца кур [33,34]. Guo et al. [16] определили геномные варианты, связанные с размером и массой костей кур, которые были сопряжены с локусом *LCORL-NCAPG*. SNPs в гене *NCAPG* (rs14491030) и гене *LCORL* (rs14699480) были ассоциированы с массой яиц [41]. По данным Yi et al. [43], rs14491030 в гене *NCAPG* может влиять как на массу яиц, так и на живую массу одновременно. В исследованиях Barkova, Smaragdov [6] обнаружены ассоциации rs14491030 гена *NCAPG* с признаком массы яиц и упругой деформации скорлупы. Sun et al. [37] показали, что *NCAPG* имел

определенное влияние на качество яичной скорлупы молодых кур. Плейотропный эффект локуса *NCAPG-LCORL* может быть связан с тем фактом, что масса яиц влияет на живую массу цыплят при рождении, их физическую форму и дальнейшую продуктивность [26]. Яичная скорлупа, обеспечивая газообмен между эмбрионом и окружающей средой и снабжая кальцием кости эмбриона, имеет биологическое значение для развития эмбрионов птиц [22].

В нашем исследовании мы обнаружили, что яичные куры значительно отличались от кур других направлений продуктивности. Так, по замене GGaluga265969 показаны значимые различия между группами яичные – мясные и яичные – декоративные. Предположительно такие различия объясняются тем, что данный SNP может быть ассоциирован с живой массой кур. В исследованиях Liu et al. [21] GGaluga265996 был в значительной степени связан с живой массой кур. Установлено также, что ген *LCORL* имеет различный уровень экспрессии у медленнорастущих и быстрорастущих бройлерных цыплят.

SNP rs15619223 также показал значимые различия между группами кур различного направления продуктивности. По предыдущим нашим исследованиям данный SNP ассоциирован с живой массой и массой яиц у кур русской белой породы [2,19].

Хотя по SNPs GGaluga265966, rs14491028 и rs14491017 мы не нашли сообщений о связи их с продуктивными признаками кур, но наличие полиморфизма и различие в частотах аллелей между группами кур контрастных пород также позволяют рассматривать их как потенциально значимые. В целом, основываясь на имеющихся данных, можно предположить, что область на GGA4, включающая *NCAPG-LCORL*, является важным QTL для признаков живой массы и массы яиц кур [21].

Нами изучена популяционная специфичность структуры LD в области гена *LCORL* у 11 пород кур, а также определены структура, общие блоки LD и сходные значения уровня LD между аналогичными нуклеотидными заменами изучаемых пород, что подтверждается их общим происхождением и схожей конституцией. LD в популяции кур генофонда изменялось на протяжении поколений в связи с интенсивным отбором птицы и

значительным сокращением размера популяции в программе разведения. Характеристика LD имеет фундаментальное значение для реализации как геномного ассоциативного анализа и геномной селекции, а также для выявления недавних геномных перестроек. Впоследствии LD может внести свой вклад для применения в MAS-селекции в птицеводстве [10], что может в значительной степени снизить затраты на генотипирование SNP, так как маркеры связаны друг с другом в области влияния на признак [8].

Заключение

Сравнительная оценка популяций с различной историей является важным источником информации об изменениях в геноме при разведении малочисленных групп и оценке результатов скрещивания [1,11,31].

Таким образом, полученные данные представляют новую информацию и дополняют имеющиеся данные для дальнейшего понимания генетических основ и молекулярных механизмов, лежащих в основе характеристик признаков в отношении массы/размеров тела и массы/размеров яйца кур.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках государственная задания 0445-2021-0010.

Список литературы

1. Дементьева Н.В., Романов М.Н. и др. Изучение структуры генофондной популяции русской белой породы кур методом геномного SNP-сканирования. С.-х. биол., 2017, 52: 1166–1174.
2. Дементьева Н.В. и др. Связь однонуклеотидного полиморфизма в гене LCORL с продуктивными признаками кур. Птицеводство, 2019, № 5, с. 14–17.
3. Романов М.Н., Сахацкий Н.И. Инвентаризация генофонда домашних птиц Украины. Науч.-техн. бюл. / Укр. акад. аграр. наук, Ин-т птицеводства, 1995, № 34: 3–14.
4. Al-Mamun H.A. et al. Genome-wide association study of body weight in Australian Merino sheep reveals an orthologous region on OAR6

to human and bovine genomic regions affecting height and weight. *Genet Sel Evol*, 2015, 47: 66.

5. Alexander D.H. et al. Fast model-based estimation of ancestry in unre-lated individuals. *Genome Res*, 2009, 19: 1655–1664.

6. Barkova O.Y., Smaragdov M.G. Association of a nonsynonymous substitution in the condensin NCAPG gene with traits of eggs in laying hens. *Russ J Genet Appl Res*, 2016, 6: 804–808.

7. Bennett C.E. et al. The broiler chicken as a signal of a human reconfig-ured biosphere. *R Soc Open Sci*, 2018, 5: 180325.

8. Boichard D. et al. Design of a bovine low-density SNP array optimized for imputation. *PLoS One*, 2012, 7: e34130.

9. Carty C.L. et al. Genome-wide association study of body height in Af-rican Americans: the Women’s Health Initiative SNP Health Association Resource (SHARe). *Hum Mol Genet*, 2012, 21: 711–720.

10. Dekkers J. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *J Anim Sci*, 2004, 82 (E-Suppl): E313–328.

11. Dementeva N.V. et al. WPSI-6 Chicken resource population as the source of study genetic improvement of indigenous breeds. *J Anim Sci*, 2018, 96 (suppl_3): 513.

12. Dementeva N.V. et al. Efficiency of using SNP markers in the MSTN gene in the selection of the Pushkin breed chickens. *Vavilovskii Zhurnal Genet Selektii*, 2019, 23: 993–998.

13. Dementieva N.V., Kudinov A.A., Larkina T.A., Mitrofanova O.V., Dysin A.P., Terletsky V.P., Tyshchenko V.I., Griffin D.K., Romanov M.N. Genetic variability in local and imported germplasm chicken populations as revealed by analyzing runs of homozygosity. *Animals*, 2020, 10: 1887.

14. Dou T. et al. Genetic architecture and candidate genes detected for chicken internal organ weight with a 600 K single nucleotide polymorphism array. *Asian-Australas J Anim Sci*, 2019, 32: 341.

15. Gu X. et al. Genome-wide association study of body weight in chicken F2 resource population. *PLoS One*, 2011, 6: e21872.

16. Guo J. et al. Genome-wide association study provides insights into the genetic architecture of bone size and mass in chickens. *Genome*, 2020, 63: 133–143.

17. Han, Y.J.; Chen, Y.; Liu, Y.; Liu, X.L. Sequence variants of the LCORL gene and its association with growth and carcass traits in Qinchuan cattle in China. *J. Genet.* 2017, 96, 9–17.

18. Kholofelo Malomane D. et al. Different evolutionary dynamics revealed by functional SNP classes in global chicken groups. *Worlds Poul Sci J*, 2018, Suppl: 87.

19. Kudinov A.A., Dementieva N.V., Mitrofanova O.V., Stanishevskaya O.I., Fedorova E.S., Larkina T.A., Mishina A.I., Plemiyashov K.V., Griffin D.K., Romanov M.N. Genome-wide association studies target-ing the yield of extraembryonic fluid and production traits in Russian White chickens. *BMC Genomics*, 2019, 20: 270.
20. Lindholm-Perry A.K. et al. Association, effects and validation of poly-morphisms within the NCAPG-LCORL locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle. *BMC Genet*, 2011, 12: 103.
21. Liu R. et al. Identification of loci and genes for growth related traits from a genome-wide association study in a slow- × fast-growing broiler chicken cross. *Genes Genomics*, 2015, 37: 829–836.
22. Lourens A. et al. Effect of eggshell temperature during incubation on embryo development, hatchability, and posthatch development. *Poultry Sci*, 2005, 84: 914–920.
23. Lyu S. et al. Fine mapping of a distal chromosome 4 QTL affecting growth and muscle mass in a chicken advanced intercross line. *Anim Genet*, 2017, 48: 295–302.
24. Makarova A.V. et al. Molecular-genetic bases of plumage coloring in chicken. *Vavilovskii Zhurnal Genet Selektcii*, 2019, 23: 343–354.
25. Metzger J. et al. Expression levels of LCORL are associated with body size in horses. *PLoS One*, 2013, 8: e56497.
26. Nangsuay A. et al. Yolk absorption and embryo development of small and large eggs originating from young and old breeder hens. *Poult Sci*, 2011, 90: 2648–2655.
27. Okada Y. et al. A genome-wide association study in 19 633 Japanese subjects identified LHX3-QSOX2 and IGF1 as adult height loci. *Hum Mol Genet*, 2010, 19: 2303–2312.
28. Price A.L. et al. Principal components analysis corrects for stratification in genome-wide association studies. *Nature Genet*, 2006, 38: 904–909.
29. Romanov M.N. Farm animal genetic resources. The global databank for farm animal genetic resources. Breeds currently in the global databank. Ukraine. Chicken. Domestic duck. Domestic goose. Turkey. *World Watch List for Domestic Animal Diversity*, FAO, 1995c, pp. 550–551, 602.
30. Romanov M.N., Sakhatsky N.I. Conservation of poultry genetic resources in Ukraine. 9th International Symposium of Young Poultry Scientists, 1995, pp. 87–88.
31. Romanov M.N. et al. Applying SNP array technology to assess genetic diversity in Russian gene pool of chickens. *International Plant and Animal Genome XXV Conference*, 2017, P0115.

32. Rubin C.J. et al. Strong signatures of selection in the domestic pig genome. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2012, 109: 19529–19536.
33. Sasaki O. et al. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting body weight, egg character and egg production in F2 intercross chickens. *Anim Genet*, 2004, 35: 188–194.
34. Schreiweis M.A. et al. Identification of quantitative trait loci associated with egg quality, egg production, and body weight in an F2 resource population of chickens. *Anim Genet*, 2006, 37: 106–112.
35. Shen M. et al. A genome-wide study to identify genes responsible for oviduct development in chickens. *PLoS One*, 2017, 12: e0189955.
36. Soranzo N. et al. Meta-analysis of genome-wide scans for human adult stature identifies novel Loci and associations with measures of skeletal frame size. *PLoS Genet*, 2009, 5: e1000445.
37. Sun C. et al. Genome-wide association study revealed a promising region and candidate genes for eggshell quality in an F2 resource population. *BMC Genomics*, 2015, 16: 565.
38. Takasuga A. *PLAG1* and *NCAPG-LCORL* in livestock. *Anim Sci J*, 2016, 87: 159–167.
39. Wang M.S. et al. Comparative population genomics reveals genetic basis underlying body size of domestic chickens. *J Mol Cell Biol*, 2016, 8: 542–552.
40. Wang M.S. et al. 863 genomes reveal the origin and domestication of chicken. *Cell Res*, 2020, 30: 693–701.
41. Wolc A. et al. Genome-wide association analysis and genetic architecture of egg weight and egg uniformity in layer chickens. *Anim Genet*, 2012, 43 (Suppl 1): 87–96.
42. Wood A.R. et al. Defining the role of common variation in the genomic and biological architecture of adult human height. *Nat Genet*, 2014, 46: 1173–1186.
43. Yi G. et al. Genome-wide association study dissects genetic architecture underlying longitudinal egg weights in chickens. *BMC Genomics*, 2015, 16: 746.

**Genetic variation of the *NCAPG-LCORL* locus in chickens
of local breeds based on SNP genotyping data**

Larkina T.A.,¹ *Romanov M.N.*,^{2,3} *Barkova O.Yu.*,¹
Peglivanyan G.K.,¹ *Mitrofanova O.V.*,¹ *Dementieva N.V.*,¹
Stanishevskaya O.I.,¹ *Vakhrameev A.B.*,¹ *Makarova A.V.*,¹
Shcherbakov Y.S.,¹ *Pozovnikova M.V.*,¹ *Griffin D.K.*³

¹Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Pushkin, St. Petersburg, Russia;

²K. I. Skryabin Moscow State Academy of Veterinary Medicine and Biotechnology, Moscow, Russia;

³University of Kent, Canterbury, UK

Abstract

Using SNP analysis, genomic variation of the *NCAPG-LCORL* locus in chickens of 49 gene pool breeds and crossbreds from the Genetic Collection of Rare and Endangered Chicken Breeds was analyzed. Genotyping was performed using an Illumina Chicken 60K SNP iSelect BeadChip. As a result of SNP scanning, five significant SNPs were identified in the *NCAPG-LCORL* region in all breeds and crossbreds of the analyzed groups of chickens for GGA4. Cluster analysis of admixture models revealed a subdivision of individuals according to their origin at $K=5$. Chickens of the egg and meat types formed two separate clusters, which is consistent with the results of genotype frequencies. When analyzing genetic differentiation between groups of chickens with different utility types on the basis of pairwise F_{ST} values, significant differences ($p<0.05$) were found for the group of egg-type chickens in comparison with meat-type (0.330), dual purpose (meat-egg, 0.178), game (0.225) and dual purpose (egg-meat, 0.237) chickens, as well as for meat-type relative to fancy chickens (0.153). The results showed that the compared groups differ genetically from each other, which is confirmed by the data on genotype frequencies. The population specificity of the linkage disequilibrium structure at the *NCAPG-LCORL* locus was revealed for 11 chicken breeds.

Key words: chicken breeds, *NCAPG-LCORL*, SNPs, genotyping, marker-assisted selection, LD, F_{ST}