



# Kent Academic Repository

Abdelmanova, Alexandra S., Shakhin, Alexey V., Romanov, Michael N, Korshunova, Liudmila G. and Emanuilova, Z.V. (2024) *Оценка генетической дифференциации линий кур породы белый корниш, используемых при создании мясных кроссов [Evaluation of genetic differentiation of chicken lines used for breeding meat crosses]*. *Izvestiya of Saint-Petersburg State Agrarian University*, 78 (4). pp. 87-95. ISSN 2078-1318.

## Downloaded from

<https://kar.kent.ac.uk/108873/> The University of Kent's Academic Repository KAR

## The version of record is available from

<https://doi.org/10.24411/2078-1318-2024-4-87-95>

## This document version

Publisher pdf

## DOI for this version

## Licence for this version

CC BY (Attribution)

## Additional information

In Russian with English summary.

## Versions of research works

### Versions of Record

If this version is the version of record, it is the same as the published version available on the publisher's web site. Cite as the published version.

### Author Accepted Manuscripts

If this document is identified as the Author Accepted Manuscript it is the version after peer review but before type setting, copy editing or publisher branding. Cite as Surname, Initial. (Year) 'Title of article'. To be published in **Title of Journal**, Volume and issue numbers [peer-reviewed accepted version]. Available at: DOI or URL (Accessed: date).

## Enquiries

If you have questions about this document contact [ResearchSupport@kent.ac.uk](mailto:ResearchSupport@kent.ac.uk). Please include the URL of the record in KAR. If you believe that your, or a third party's rights have been compromised through this document please see our [Take Down policy](https://www.kent.ac.uk/guides/kar-the-kent-academic-repository#policies) (available from <https://www.kent.ac.uk/guides/kar-the-kent-academic-repository#policies>).

---

Научная статья/Original article

УДК 636.52/.58 636.5.033 575.174.015.3

Код ВАК 4.2.5

DOI: 10.24411/2078-1318-2024-4-87-95

## ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ЛИНИЙ КУР ПОРОДЫ БЕЛЫЙ КОРНИШ, ИСПОЛЪЗУЕМЫХ ПРИ СОЗДАНИИ МЯСНЫХ КРОССОВ


А.С. Абдельманова<sup>1</sup>  , А.В. Шахин<sup>1</sup> , М.Н. Романов<sup>1, 2, 3, 4</sup> ,  
Л.Г. Коршунова<sup>5</sup> , Ж.В. Емануйлова<sup>5</sup> 

<sup>1</sup>Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика  
Л.К. Эрнста

<sup>2</sup>Санкт-Петербургский государственный аграрный университет

<sup>3</sup>School of Biosciences, University of Kent

<sup>4</sup>Animal Genomics and Bioresource Research Unit (AGB Research Unit)

<sup>5</sup>Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства  
 abdelmanova@vij.ru

**Реферат.** Эффективность мясного птицеводства во многом зависит от успешности сочетания линий при создании товарных гибридов для достижения наибольшего эффекта гетерозиса. В мире для производства мяса птицы наиболее популярны межпородные кроссы. В нашей стране был создан четырехлинейный двухпородный кросс Смена 9. При его создании в качестве отцовской родительской формы используют потомков от скрещивания прародительских линий СМ5 (отцовская) и СМ6 (материнская) породы белый корниш. Однако генетические механизмы, обуславливающие дифференцировку линий СМ5 и СМ6 в рамках одной породы, до настоящего времени не были изучены. Целью нашей работы являлось выявление геномных вариантов, дифференцирующих линии СМ5 и СМ6 породы белый корниш, на основании данных полногеномного секвенирования. После проведения контроля качества в анализ вошло 10 726 763 однонуклеотидных полиморфизмов, локализованных на 28 аутосомах. Анализ генетических взаимосвязей исследуемых линий показал консолидированность каждой линии и четкую их дифференциацию друг от друга. Оценка уровня гомозиготности не выявила значимых отличий между линиями. В материнской и отцовской линиях были идентифицированы непересекающиеся геномные участки (3 и 13 локусов соответственно), предположительно подвергшиеся давлению отбора. Аннотация выявленных регионов показала наличие в них длинных некодирующих РНК, связанных в основном с регуляторными функциями. У линии СМ6 на хромосоме 1 идентифицирован ген *CELF2*, экспрессирующийся в развивающихся и зрелых тканях, ассоциированный с тканеспецифичными процессами у эмбрионов позвоночных. Полученные результаты свидетельствуют о сбалансированной разнонаправленной селекционной работе, позволяющей эффективно использовать генетический потенциал при создании бройлерного кросса.

**Ключевые слова:** птицеводство, бройлерный кросс, полногеномное секвенирование, инбридинг, давление селекции, генетическая дифференциация

**Для цитирования:** Абдельманова А.С., Шахин А.В., Романов М.Н., Коршунова Л.Г., Емануйлова Ж.В. Оценка генетической дифференциации линий кур, используемых при

создании мясных кроссов // Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. – 2024. – № 4 (78). – С. 87–95. – DOI: 10.24411/2078-1318-2024-4-87-95.

**Финансирование.** Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (тема FGGN-2023-0002).

## EVALUATION OF GENETIC DIFFERENTIATION OF CHICKEN LINES USED FOR BREEDING MEAT CROSSES

A.S. Abdelmanova<sup>1</sup>  , A.V. Shakhin<sup>1</sup> , M.N. Romanov<sup>1, 2, 3, 4</sup> ,  
L.G. Korshunova<sup>5</sup> , Z.V. Emanuilova<sup>5</sup> 

<sup>1</sup>Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst

<sup>2</sup>Saint-Petersburg State Agrarian University”

<sup>3</sup>School of Biosciences, University of Kent

<sup>4</sup>Animal Genomics and Bioresource Research Unit (AGB Research Unit)

<sup>5</sup>All-Russian Research and Technological Poultry Institute

 abdelmanova@vij.ru

**Abstract.** The efficiency of meat poultry production depends largely on the success of combining lines to create commercial hybrids to achieve the greatest effect of heterosis. Interbreed crosses are the most popular in the world for poultry meat production. A four-line two-breed cross Smena 9 was created in our country. In its creation, the progeny of crosses between the ancestral lines CM5 (paternal) and CM6 (maternal) of the White Cornish breed are used as the paternal parental form. However, the genetic mechanisms causing differentiation of CM5 and CM6 lines within one breed have not been studied so far. The aim of our work was to identify genomic variants differentiating CM5 and CM6 lines of the White Cornish breed on the basis of full genome sequencing data. After quality control, 10,726,763 single nucleotide polymorphisms localised on 28 autosomes were included in the analysis. Analysis of the genetic relationships of the studied lines showed the consolidation of each line and their clear differentiation from each other. Evaluation of the level of homozygosity did not reveal significant differences between the lines. Non-overlapping genomic regions (3 and 13 loci, respectively), presumably subjected to selection pressure, were identified in the maternal and paternal lines. Annotation of the identified regions revealed the presence of long noncoding RNAs associated mainly with regulatory functions. In the CM6 lineage, the *CELF2* gene, expressed in developing and mature tissues, was identified on chromosome 1 and associated with tissue-specific processes in vertebrate embryos. The results obtained indicate a balanced multidirectional selection work that allows efficient utilisation of genetic potential in the creation of broiler cross.

**Keywords:** poultry breeding, broiler cross, whole genome sequencing, selection pressure, inbreeding, genetic differentiation

**For citation:** Abdelmanova, A.S., Shakhin, A.V., Romanov, M.N., Korshunova L.G., Emanuilova Zh.V. (2024), “Evaluation of genetic differentiation of chicken lines used for breeding meat crosses”, *Izvestiya of Saint-Petersburg State Agrarian University*, vol. 78, no. 4, pp. 87–95. (In Russ.). DOI: 10.24411/2078-1318-2024-4-87-95.

**Financial support.** The research was carried out with the financial support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation according to theme No. FGGN-2023-0002.

**Введение.** Птицеводство играет важную роль в обеспечении людей высококачественным животным белком за счет экономически эффективных источников – яиц и мяса птицы. Значительное селекционное давление привело к появлению пород, сильно дифференцированных по скорости роста и развития мышечной ткани и массы [1].

Эффективность производства в мясном птицеводстве во многом зависит от успешности использования генетического потенциала и эффекта гетерозиса при сочетании отцовских и материнских линий, используемых для получения товарных кроссов. Поэтому направленной селекции этих линий уделяется особое внимание. Как правило, отцовские линии селекционируют на повышение живой массы и хорошие мясные формы, а материнские – на увеличение плодовитости [2].

В мире для получения мяса птицы наиболее популярны кроссы на основе пород корниш и плимутрок (Ross308, Cobb500 или Ross708).

В нашей стране на базе СГЦ «Смена» был создан четырехлинейный кросс «Смена 9», при выведении которого были использованы 4 линии двух пород кур – белый корниш и белый плимутрок. Хотя обе породы и различаются по характеристикам роста мышечной массы, однако часто используются при создании бройлерных кроссов [3].

Птицу отцовской линии СМ5 породы корниш целенаправленно селекционировали по живой массе молодняка в раннем возрасте. Птица материнской линии СМ6 породы корниш имеет высокие показатели по живой массе, обмускуленности груди и ног [2, 4].

Однако генетические механизмы, обуславливающие дифференцировку линий СМ5 и СМ6 в рамках одной породы, до настоящего времени не были изучены.

Анализ данных полногеномного секвенирования является мощным инструментом, позволяющим обнаружить различия в структуре генов с высокой точностью даже в пределах одной породы [5, 6].

**Цель исследования** – выявление геномных вариантов, дифференцирующих линии СМ5 и СМ6 породы белый корниш, на основании данных полногеномного секвенирования.

**Материалы, методы и объекты исследования.** В качестве материала для исследований служили образцы пульпы пера птиц породы корниш линий СМ5 (CR2022L5,  $n = 20$ ) и СМ6 (CR2022L6,  $n = 20$ ), выведенных в 2022 г., которые были предоставлены ФБГНУ Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства» в рамках договора о научном сотрудничестве.

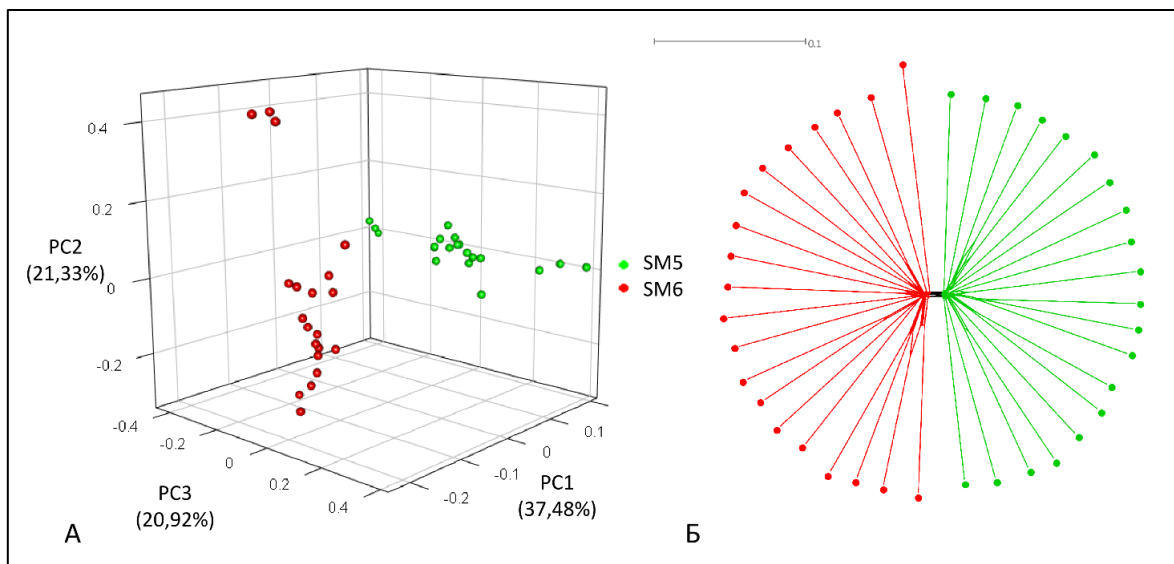
В ходе исследований было проведено полногеномное секвенирование на секвенаторе NovaSeq 6000 (Illumina Inc., США). Выравнивание сиквенсов выполняли с помощью инструментов bwa-mem2 [7] и SAMtools [8] на референсный геном *Gallus gallus* по сборке bGalGal1.mat.broiler.GRCg7b (GCA\_016699485.1).

Дальнейшая биоинформационная обработка данных проводилась с помощью программы PLINK1.9 [9]. Для анализа были отобраны только биаллельные локусы с частотой минорного аллеля не более 5%, расположенные на 28 аутосомах и успешно генотипированные не менее чем у 90% особей. После контроля качества и фильтрации данных в итоговый датасет вошло 10 726 763 однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs, single nucleotide polymorphisms). Визуализация результатов анализа проводилась в среде R 3.5.0 (<http://www.Rproject.org>) с использованием дополнительных пакетов.

**Результаты исследования.** В ходе исследования был проведен анализ генетических взаимосвязей исследуемых линий с использованием анализа главных компонент (рисунок, А), а также была оценена генетическая дифференциация особей внутри линий на основании индивидуальных генетических дистанций (рисунок, Б).

На рисунке 1, А видно, что анализ главных компонент выявил консолидированность обеих линий. Несмотря на то, что в каждой из них обнаружены особи, несколько

отличающиеся от большинства, обе линии четко отделяются друг от друга, что свидетельствует об изменениях в геноме, накопившихся в результате разнонаправленной селекционной работы. На дендрограмме (рисунок 1, Б) образцы каждой линии сформировали специфические кластеры, объединенные достаточно короткими общими ребрами, что также говорит в пользу дифференциации в результате селекции, а не разнородного происхождения или гибридизации с другими породами.



**Рисунок 1. Оценка генетических взаимосвязей внутри и между исследуемыми линиями на основании данных полногеномного секвенирования: А – анализ главных компонент; Б – дендрограмма, построенная на основании генетических дистанций IBS (identity-by-state, идентичный по состоянию)**

**Picture 1. Evaluation of genetic relationships within and between the studied lines based on whole-genome sequencing data: A – principal component analysis; B – neighbor-Net dendrogram based on IBS (identity-by-state) genetic distances**

На основании оценки количества и длины протяженных гомозиготных фрагментов ROH (runs of homozygosity) проведен анализ уровня гомозиготности двух линий породы корниш, используемых в качестве прародительских форм при создании бройлерных кроссов (таблица 1).

Как видно из таблицы 1, в линии CR2022L5, используемой в качестве отцовской формы, средняя длина и количество протяженных гомозиготных фрагментов (ROH), а также коэффициент геномного инбридинга  $F_{ROH}$  были несколько выше, чем в материнской линии CR2022L6. Однако достоверные ( $p < 0,05$ ) различия наблюдались только для среднего количества сегментов ROH. Это может свидетельствовать о незначительно различающемся давлении селекции в материнской и отцовской линиях и равномерном накоплении гомозиготных регионов.

Следует отметить, что показатели коэффициента геномного инбридинга  $F_{ROH}$ , средней длины и количества фрагментов ROH, приведенные в работах других авторов [10], существенно выше полученных в настоящем исследовании, что может объясняться как дизайном эксперимента и особенностями выборки, так и контролем инбридинга в отечественных линиях.

**Таблица 1. Описательная статистика количества и длины протяженных гомозиготных фрагментов в линиях кур породы белый корниш**  
**Table 1. Descriptive statistics of the number and length of runs of homozygosity in lines of White Cornish chickens**

Линия	n	Средняя длина ROH, Mb		Среднее количество ROH		$F_{ROH}$	
		M±SE	min–max	M±SE	min–max	M±SE	min–max
CR2022L5	20	33,11±1,74	21,28–51,83	44,00±2,28*	31–67	0,035±0,002	0,02–0,06
CR2022L6	20	28,94±1,96	17,51–47,72	36,75±2,05	24–56	0,031±0,002	0,02–0,05

Примечание: n – количество голов в группе; M – среднее значение; SE – стандартная ошибка;  $F_{ROH}$  – коэффициент геномного инбридинга; min–max – минимальное и максимальное значение показателя соответственно;

\*  $p < 0,05$ .

На основании информации о распределении по геному островков ROH – гомозиготных регионов, общих для более чем 50% особей в каждой группе, проведена идентификация участков, предположительно подвергшихся давлению отбора (таблица 2).

**Таблица 2. Регионы, предположительно находящиеся под давлением отбора в исследованных линиях породы корниш**  
**Table 2. Regions suspected to be under selection pressure in the Cornish breed lines studied**

Хромосома	Регион		Количество SNP в регионе	Протяженность региона, Kb	Линия
	Начальная позиция	Конечная позиция			
1	5638772	6295868	3078	657,096	CR2022L6
1	6296517	6314133	88	17,616	CR2022L6
1	55192648	55349607	3	156,959	CR2022L5
1	55516301	55568395	81	52,094	CR2022L5
2	70815739	71118579	484	302,840	CR2022L5
2	71118807	71446276	958	327,469	CR2022L5
2	71446410	71517023	196	70,613	CR2022L5
2	71517353	72133691	1867	616,338	CR2022L5
2	72135027	72685905	1792	550,878	CR2022L5
4	70190284	70280330	617	90,046	CR2022L5
4	70282487	70482452	921	199,965	CR2022L5
5	31091029	31620810	839	529,781	CR2022L5
7	24308753	24822159	3748	513,406	CR2022L5
9	17027472	17109801	792	82,329	CR2022L5
18	883537	1434663	1947	551,126	CR2022L6
18	1056288	1351459	1049	295,171	CR2022L5

Как видно из таблицы 2, всего выявлено 16 островков ROH. Большинство (13 островков) было найдено в отцовской линии CM5, средняя их протяженность составляла 291,376 Kb. В материнской линии выявлено всего 3 островка, средняя протяженность которых 408,613 Kb. На первой хромосоме были выявлены гомозиготные участки для обеих линий, локализованные в разных местах на хромосоме.

Структурная аннотация регионов, идентифицированных у линии СМ6, выявила в локусе GGA1:5,68-5,94 Mb длинные некодирующие РНК (lncRNA, long non-coding RNA), которые выполняют разнообразные биологические функции, регулируя экспрессию генов и функции на транскрипционном, трансляционном и посттрансляционном уровнях [11]. У линии СМ5 lncRNA были обнаружены в локусе GGA1:55,16-55,24 Mb. Кроме того, у линии СМ6 в локусе GGA1:6,01-6,58 Mb идентифицирован ген *CELF2*, ассоциированный с несколькими стадиями процессинга РНК, который широко экспрессируется в развивающихся и зрелых тканях и может лежать в основе консервативных регулируемых развитием тканеспецифических процессов у эмбрионов позвоночных [12].

**Выводы.** Проведенные исследования показали, что отцовская и материнская прародительские линии петухов, используемых при создании кросса «Смена 9», несмотря на принадлежность к одной породе, генетически хорошо дифференцированы. Линейное разведение не привело к значительным различиям в уровне инбридинга и его критическому нарастанию. Это указывает на сбалансированную разнонаправленную селекционную работу, позволяющую эффективно использовать генетический потенциал при создании товарного гибрида.

### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Gu, S., Huang, Q., Sun, C., Wen, C., Yang, N. Transcriptomic and epigenomic insights into pectoral muscle fiber formation at the late embryonic development in pure chicken lines. // *Poult Sci.* – 2024. – Vol. 103 (8). – Article 103882. – DOI: 10.1016/j.psj.2024.103882.
2. Емануйлова, Ж.В., Егорова, А.В., Ефимов, Д.Н., Комаров, А.А. Приемы селекции новой отцовской линии породы корниш кросса «Смена 9» // *Птицеводство.* – 2021. – № 4. – С. 12–17. – DOI: 10.33845/0033-3239-2021-70-4-12-17.
3. Gu, S., Wen, C., Li, J., Liu, H., Huang, Q., Zheng, J., Sun, C., Yang, N. Temporal expression of myogenic regulatory genes in different chicken breeds during embryonic development. // *Int J Mol Sci.* – 2022. – Vol. 23 (17). – Article 10115. – DOI: 10.3390/ijms231710115.
4. Ефимов, Д.Н., Егорова, А.В., Емануйлова, Ж.В., Комаров, А.А. Эффективность работы селекционеров СГЦ «Смена» с материнской линией породы корниш // *Птицеводство.* – 2022. – № 10. – С. 8–14. – DOI: 10.33845/0033-3239-2022-71-10-8-14.
5. Bello, S.F., Lawal, R.A., Adeola, A.C., Nie, Q. The study of selection signature and its applications on identification of candidate genes using whole genome sequencing data in chicken-a review. // *Poult Sci.* – 2023. – Vol. 102 (6). – Article 102657. – DOI: 10.1016/j.psj.2023.102657.
6. Moreira, G.C.M., Boschiero, C., Cesar, A.S.M., Reecy, J.M., Godoy, T.F., Trevisoli, P.A., Cantão, M.E., Ledur, M.C., Ibelli, A.M.G., Peixoto, J.O., Moura, A.S.A.M.T., Garrick, D., Coutinho, L.L. A genome-wide association study reveals novel genomic regions and positional candidate genes for fat deposition in broiler chickens. // *BMC Genomics.* – 2018. – Vol. 19 (1). – Article 374. – DOI: 10.1186/s12864-018-4779-6
7. Vasimuddin, M., Misra, S., Li, H., Aluru, S. Efficient Architecture-Aware Acceleration of BWA-MEM for Multicore Systems // *IEEE Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS).* – 2019. – DOI: 10.1109/IPDPS.2019.00041.
8. Danecek, P., Bonfield, J.K., Liddle, J., Marshall, J., Ohan, V., Pollard, M.O., Whitwham, A., Keane, T., McCarthy, S.A., Davies, R.M., Li, H. Twelve years of SAMtools and BCFtools // *Gigascience.* – 2021. – Vol. 10 (2). – Article giab008. – DOI: 10.1093/gigascience/giab008 .
9. Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P.I.W., Daly, M.J., et al. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. // *Am. J. Hum. Genet.* – 2007. – Vol. 81. – Pp. 559–575. – DOI: 10.1086/519795.

10. Talebi, R., Szmatoła, T., Mészáros, G., Qanbari, S. Runs of Homozygosity in Modern Chicken Revealed by Sequence Data. // *G3 (Bethesda)*. – 2020. – Vol. 10 (12) – Pp. 4615–4623. – DOI: 10.1534/g3.120.401860.
11. Chi, Y., Wang, D., Wang, J., Yu, W., Yang, J. Long non-coding RNA in the pathogenesis of cancers. // *Cells*. – 2019. – Vol. 8 (9). – Article 1015. – DOI: 10.3390/cells8091015.
12. Blech-Hermoni, Y., Stillwagon, S.J., Ladd, A.N. Diversity and conservation of CELF1 and CELF2 RNA and protein expression patterns during embryonic development. // *Dev Dyn*. – 2013. – Vol. 242 (6). – Pp. 767–777. – DOI: 10.1002/dvdy.23959.

## REFERENCES

1. Gu, S., Huang, Q., Sun, C., Wen, C., Yang, N. (2024), “Transcriptomic and epigenomic insights into pectoral muscle fiber formation at the late embryonic development in pure chicken lines”, *Poult Sci.*, vol. 103 (8), Article 103882, DOI: 10.1016/j.psj.2024.103882.
2. Emanuylova, Zh.V., Egorova, A.V., Efimov, D.N., Komarov, A.A. (2021), “The techniques and efficiency of selection of new paternal Cornish line of broiler cross Smena-9” // *Ptitsevodstvo*, vol. 4., pp. 12–17. (In Russ.), DOI: 10.33845/0033-3239-2021-70-4-12-17.
3. Gu, S., Wen, C., Li, J., Liu, H., Huang, Q., Zheng, J., Sun, C., Yang, N. (2022) “Temporal expression of myogenic regulatory genes in different chicken breeds during embryonic development”, *Int J Mol Sci.*, vol. 23 (17), Article 10115, DOI: 10.3390/ijms231710115.
4. Efimov, D.N., Egorova, A.V., Emanuylova, Zh.V., Komarov, A.A. (2022), “The effectiveness of the selection of preparental maternal line of paternal Cornish line of broiler breeders at the Center for Selection & Genetics “Smena”, *Ptitsevodstvo*, vol. 71 (10), pp. 8–14. (In Russ.), DOI: 10.33845/0033-3239-2022-71-10-8-14.
5. Bello, S.F., Lawal, R.A., Adeola, A.C., Nie, Q. (2023), “The study of selection signature and its applications on identification of candidate genes using whole genome sequencing data in chicken-a review” *Poult Sci.*, vol. 102 (6), Article 102657, DOI: 10.1016/j.psj.2023.102657
6. Moreira, G.C.M., Boschiero, C., Cesar, A.S.M., Reecy, J.M., Godoy, T.F., Trevisol, P.A., Cantão, M.E., Ledur, M.C., Ibelli, A.M.G., Peixoto, J.O., Moura, A.S.A.M.T., Garrick, D., Coutinho, L.L. (2018), “A genome-wide association study reveals novel genomic regions and positional candidate genes for fat deposition in broiler chickens”, *BMC Genomics*, vol. 19 (1), Article 374, DOI: 10.1186/s12864-018-4779-6.
7. Vasimuddin, M., Misra, S., Li, H., Aluru, S. (2019), “Efficient Architecture-Aware Acceleration of BWA-MEM for Multicore Systems”, *IEEE Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS)*, DOI: 10.1109/IPDPS.2019.00041.
8. Danecek, P., Bonfield, J.K., Liddle, J., Marshall, J., Ohan, V., Pollard, M.O., Whitwham, A., Keane, T., McCarthy, S.A., Davies, R.M., Li, H. (2021), “Twelve years of SAMtools and BCFtools”, *Gigascience*, vol. 10 (2), Article giab008, DOI: 10.1093/gigascience/giab008 (accessed: 14.10.2024).
9. Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P.I.W., Daly, M.J., et al. (2007), “PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses”, *Am. J. Hum. Genet.*, vol. 81, pp. 559–575, DOI: 10.1086/519795.
10. Talebi, R., Szmatoła, T., Mészáros, G., Qanbari, S. (2020) “Runs of Homozygosity in Modern Chicken Revealed by Sequence Data”. *G3 (Bethesda)*, vol. 10 (12), pp. 4615–4623, DOI: 10.1534/g3.120.401860.
11. Chi, Y., Wang, D., Wang, J., Yu, W., Yang, J. (2019), “Long Non-Coding RNA in the Pathogenesis of Cancers”, *Cells*, vol. 8 (9), Article 1015, DOI: 10.3390/cells8091015.



12. Blech-Hermoni, Y., Stillwagon, S.J., Ladd, A.N. (2013), "Diversity and conservation of CELF1 and CELF2 RNA and protein expression patterns during embryonic development", *Dev Dyn.* vol. 242 (6), pp. 767–777, DOI: 10.1002/dvdy.23959.

#### СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

**Александра Сергеевна Абдельманова**, доктор биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории функциональной и эволюционной геномики животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, пос. Дубровицы, Подольский р-н, Московская обл., Россия; <https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>, SPIN-код: 9320-8756, Scopus Author ID: 57214725435, ResearcherID: AAC-3769-2019; e-mail: [abdelmanova@vij.ru](mailto:abdelmanova@vij.ru).

**Алексей Викторович Шахин**, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории функциональной и эволюционной геномики животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, пос. Дубровицы, Подольский р-н, Московская обл., Россия; <https://orcid.org/0000-0003-4959-878X>, SPIN-код: 5536-6340, Scopus Author ID: 57204107584; e-mail: [alexshakhin@vij.ru](mailto:alexshakhin@vij.ru).

**Михаил Николаевич Романов**, кандидат биологических наук, научный сотрудник, 1. Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, Подольский р-н, Московская обл., Россия; 2. Санкт-Петербургский государственный аграрный университет, Санкт-Петербург, Россия; 3. School of Biosciences, University of Kent; Canterbury CT2 7NZ, UK; 4. Animal Genomics and Bioresource Research Unit (AGB Research Unit), Faculty of Science, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok, Thailand; <https://orcid.org/0000-0003-3584-4644>, SPIN-код: 6626-3013, Scopus Author ID: 7005857204, ResearcherID: O-9419-2014; e-mail: [m.romanov@kent.ac.uk](mailto:m.romanov@kent.ac.uk).

**Людмила Георгиевна Коршунова**, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, федеральное государственное бюджетное научное учреждение федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства», г. Сергиев Посад, Московская обл., Россия; <https://orcid.org/0000-0002-4393-7499>, SPIN-код: 2833-4480, Scopus Author ID: 57203822911; e-mail: [lg@vnitip.ru](mailto:lg@vnitip.ru).

**Жанна Владимировна Емануйлова**, кандидат сельскохозяйственных наук, главный зоотехник-селекционер ФГБУ СГЦ «Смена» – филиал ФНЦ «ВНИТИП», г. Сергиев Посад, Московская обл., Россия; <https://orcid.org/0000-0002-8855-2947>; e-mail: [emanuilova@mail.ru](mailto:emanuilova@mail.ru).

#### INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

**Alexandra S. Abdelmanova**, Doc. Sci. (Biol.), Senior Researcher, Laboratory of Functional and Evolutionary Animal Genomics, L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy village, Podolsky district, Moscow Region, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>, SPIN-code: 9320-8756, Scopus Author ID: 57214725435, ResearcherID: AAC-3769-2019; e-mail: [abdelmanova@vij.ru](mailto:abdelmanova@vij.ru).

**Alexey V. Shakhin**, Cand. Sci. (Biol.), Research, Laboratory of Functional and Evolutionary Genomics of Animals, L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy village, Podolsky district, Moscow Region, Russia; <https://orcid.org/0000-0003-4959-878X>, SPIN-code: 5536-6340, Scopus Author ID: 57204107584; e-mail: [alexshakhin@vij.ru](mailto:alexshakhin@vij.ru).

**Michael N. Romanov**, Cand. Sci. (Biol.), Researcher, 1. L.K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy village, Podolsky district, Moscow Region, Russia; 2. Saint Petersburg State Agrarian University; Saint Petersburg, Russia; School of Biosciences, University of Kent; Canterbury CT2 7NZ, UK; 3. Animal Genomics and Bioresource Research Unit (AGB Research Unit), Faculty of Science, Kasetsart University, Chatuchak, Bangkok, Thailand; <https://orcid.org/0000-0003-3584-4644>, SPIN-code: 6626-3013, Scopus Author ID: 7005857204, ResearcherID: O-9419-2014; e-mail: [m.romanov@kent.ac.uk](mailto:m.romanov@kent.ac.uk).

**Liudmila G Korshunova**, Doc. Sci. (Biol.), Chief researcher, Federal State Budget Scientific Institution Federal Scientific Center “All-Russian Research and Technological Poultry Institute”, Sergiev Posad, Moscow Region, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-4393-7499>, SPIN-code: 2833-4480 Scopus Author ID: 57203822911; e-mail: [lg@vnitip.ru](mailto:lg@vnitip.ru).

**Zhanna V. Emanuilova**, Cand. Sci. (Agric.), Chief breeder Center of Genetic and Selection “Smena” branch of the Federal State Budget Scientific Institution Federal Scientific – branch of the Federal State Budget Scientific Institution Federal Scientific Center “All-Russian Research and Technological Poultry Institute”, Sergiev Posad, Moscow Region, Russia; <https://orcid.org/0000-0002-8855-2947>; e-mail: [emanuilova@mail.ru](mailto:emanuilova@mail.ru).

<b>Авторский вклад.</b> Все авторы настоящего исследования принимали непосредственное участие в планировании, выполнении и анализе данного исследования. Все авторы настоящей статьи ознакомились и одобрили представленный окончательный вариант	<b>Author’s contribution.</b> All authors of this research paper have directly participated in the planning, execution, or analysis of this study. All authors of this paper have read and approved the final version submitted
Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов	The authors declare no conflict of interest

Поступила в редакцию / Received 30.10.2024  
Поступила после рецензирования / Revised 21.11.2024  
Принята к публикации / Accepted 15.11.2024