Обзорная статья

УДК 575.116.4:575.2

Обзор генов-кандидатов, ассоциированных с массой тела кур, выявленных с помощью GWAS-анализа

Ольга Юрьевна Баркова

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста»

Аннотация: *Выявление каузальных генов-кандидатов, участвующих в росте мышц кур, может играть ведущую роль в селекции с помощью маркеров для достижения увеличения выхода мяса и улучшения его качества. В последние два-три десятилетия для ускорения данной задачи используется технология полногеномных ассоциативных исследований (GWAS). В данном обзоре описаны некоторые из наиболее информативных мировых работ по GWAS-анализу, перечислены наиболее значимые однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) в генах, ассоциированных с мясной продуктивностью кур. Общая тенденция изученных работ показала, что на хромосоме 1 (GGA1) и хромосоме 4 (GGA4) кур идентифицировано больше локусов количественных признаков (QTL), связанных с массой тела, чем на других хромосомах. Данные настоящего обзора могут быть использованы молекулярными генетиками и селекционерами для дальнейшей работы по созданию ДНК-маркеров для отбора особей с благоприятным генотипом.*

Ключевые слова: *полногеномное ассоциативное исследование (GWAS), локус количественных признаков (QTL), однонуклеотидный полиморфизм (SNP), ДНК-маркеры, куры, хромосома, рост, мясная продуктивность.*

Для цитирования: *Баркова, О.Ю. Обзор генов-кандидатов, ассоциированных с массой тела кур, выявленных с помощью GWAS-анализа / О.Ю. Баркова // Птицеводство. – 2024. – №3. – С. 9-15.*
doi: 10.33845/0033-3239-2024-73-3-9-15

Селекция мясной птицы осуществляется по нескольким основным направлениям, таким как увеличение скорости роста, процента содержания мяса в тушке, эффективность кормления. Выявление каузальных генов-кандидатов, участвующих в росте мышц кур, могут играть ведущую роль в селекции с помощью маркеров для достижения увеличения выхода мяса и улучшения его качества. В последние два-три десятилетия для ускорения данной задачи используется технология полногеномных ассоциативных исследований (genome-wide association study, GWAS). GWAS – это технология выявления локусов, в значительной степени связанных с признаками, которая использует массивы однонуклеотидных полиморфизмов (single nucleotide polymorphism, SNP) или технологии секвенирования, позволяя сканировать сотни тысяч или даже миллионов SNP и некоторые другие виды вариативности в геномах, таких как делеции, инсерции и вариации числа копий. Этот подход впервые был использован для выявления причинных мутаций заболеваний у человека и до сих пор активно используется для выявления локусов, связанных с заболеваниями, особенно для многих видов рака [1,2]. Технология GWAS также широко используется для выявления генетических факторов, связанных с хозяйственно важными признаками у сельскохозяйственных животных. Преимущество чиповых панелей SNP и геномных методов повторного секвенирования для животных заключается в относительно легкой процедуре генотипирования большого количества особей. GWAS-анализ показал, что большинство хозяйственно ценных признаков и заболеваний контролируются многими генами, но влияние одного гена относительно невелико [1,2]. Идентификация генов и маркерных SNP, ассоциированных с признаками роста, может не только принести пользу для маркерной селекции (marker assisted selection, MAS) и геномной селекции, но также предоставить важную информацию для понимания генетической основы особенностей роста кур. У кур в разных популяциях с помощью GWAS-анализа был идентифицирован ряд мажорных SNP, имеющих статистически высокодостоверное влияние на рост и качество мясной продукции [3-8].

В одном из ранних исследований с применением GWAS-анализа для обнаружения вариаций нуклеотидных последовательностей, влияющих на признаки роста кур [3], было показано, что наиболее значимые SNP были сосредоточены на хромосоме GGA1. Признаки роста включали в себя совокупность признаков массы тела в возрасте 0-90 дней. В качестве значимого района, ассоциированного с данными признаками, была идентифицирована область длиной 1,5 м.п.н. (173,5-175,0 Мб) на GGA1, что было достаточно узким диапазоном по сравнению с другими оцененными SNP. В качестве наиболее значимых было выделено пять SNP в этом интервале, в пределах генов *KPNA3-FOXO1A*. SNP rs15497910(A/G) выявлен в пределах гена кариоферина альфа-3 (*KPNA3*). Предположительно, кариоферин альфа-3 может быть вовлечен в ядерную транспортную систему. Второй и третий SNP, GGaluGA055359(A/G) и rs13973515(C/T) в пределах гена *FOXO1A*, показали самые высокие значимые ассоциации со всеми признаками роста. Этот ген, один из 4 членов семейства транскрипционных факторов FOXO млекопитающих, является активатором транскрипции и выполняет наиболее разнообразные биологические функции среди всех членов семейства FOXO: участвует в росте органов, реакции тканей на инсулин, регуляции клеточного цикла, ангиогенезе и злокачественном перерождении клеток. Четвертый SNP, rs14917647(A/C), располагался в пределах гена *INTS6* (комплексной субъединицы интегратора 6). Белок, кодируемый этим геном, является частью комплекса, который взаимодействует с С-концом РНК-полимеразы II и участвует в 3' - концевой обработке snRNAs. Кроме того, этот ген является кандидатом на супрессор опухоли и расположен в критической области потери гетерозиготности (LOH). Пятый SNP, rs13972304(A/C), располагался ниже по течению малоизвестного гена *ENSGALG00000022732* (табл. 1).

Другое GWAS с использованием чипа на 60 тыс. SNP показало, что наиболее значимые SNP, связанные с ростом кур в возрасте 7-12 недель, были расположены на хромосоме GGA4 в области длиной 8,6 м.п.н. (71,6-80,2 Мб) [4]. GGaluGA266058 в пределах гена *LDB2* (фактора 2, связывающего домен LIM) имел самую сильную ассоциацию с поздним ростом и среднесуточным приростом живой массы от 6 до 12 недель. Продукт гена *LDB2* способен связываться с различными факторами транскрипции и имеет жизненно важное значение для развития мозга и формирования кровеносных сосудов. Другие авторы также сообщали, что этот ген ассоциировался с признаками роста у кур [5,6]. Полиморфизм Gga_rs16432721, расположенный на 92 т.п.н. ниже по течению гена *TBC1D1* на GGA4, имел сильное влияние на массу тела в возрасте 12 недель. Сообщалось, что *TBC1D1* является геном-кандидатом ожирения у людей, а полногеномное повторное секвенирование нескольких кур показало, что мутантный гаплотип *TBC1D1* подвергался селекции во время выведения бройлеров [7]. Несколько SNP рядом с геном *LOC769270* имели сильную связь с поздним ростом (масса тела от 11 до 12 недель и ее среднесуточным приростом в 12 недель). Ген *LOC769270* представляет собой гипотетический кодирующий белок, который был биоинформатическим путем предсказан только у кур.

SNP Gga_rs13939265 на GGA1 в гене *OCA2* (полипептид P) оказывал высокодостоверное значимое влияние на массу тела на 11-12 неделе жизни кур. Ген *OCA2* кодирует интегральный мембранный белок, обеспечивающий транспорт тирозина – предшественника меланина – в меланосомы. Мутации в гене *OCA2* часто вызывают глазной и глазокожный альбинизм. У мышей пигментный вариант гена *OCA2* был также связан с массой и размером тела [8], что указывает на то, что этот ген может иметь отношение к признакам роста. Два SNP, расположенные между 151 и 152,3 м.п.н. на GGA1, влияли на массу тела на 11-12 неделе жизни кур (табл. 1). Этот регион включал в себя гены глипикана 6 (*GPC6*) и глипикана 5 (*GPC5*) и кластер *gga-mir-17-92*. Глипиканы участвуют в контроле клеточного деления и регуляции роста, но ранее не сообщалось о генетической связи этих двух генов с массой тела и скоростью роста кур.

Проведенное китайскими учеными GWAS с использованием секвенирования амплифицированных фрагментов специфического локуса (SLAF-seq) выявило некоторые потенциальные локусы и гены-кандидаты у местной китайской породы Jinghai Yellow [6]. В данном исследовании был идентифицирован мажорный SNP rs733409553, ассоциированный с массой тушки кур, расположенный на GGA4 на 1,61 т.п.н. ниже по течению от гена *FGFBP2* (белка, связывающего фактор роста фибробластов 2). Этот ген играет у кур важную роль в эмбриогенезе, клеточной дифференцировке и пролиферации. Ранее идентифицированный SNP g.651G>A

в гене *FGFBP2* был связан с покраснением мяса и ухудшением его качества после оттаивания [9]. Белок, кодируемый геном *FGFBP2*, распознает промоторные участки ДНК и индуцирует транскрипцию генов факторов роста фибробластов, которые вызывают пролиферацию и дифференцировку миобластов в процессе развития скелетных мышц цыплят [9]. Таким образом, *FGFBP2* может влиять на качество тушки и развитие мышц. Также было идентифицировано еще пять SNP, связанных с массой ног кур и сгруппированных в районе 0,1 м.п.н. на GGA 4 (от 75,54 до 75,67 Мб). Три из них (rs731242270, rs736026342 и rs733762928) были расположены на 2,08, 2,12 и 2,38 т.п.н. выше гена *FAM184B* (ген семейства со сходством последовательностей 184, член B) с не охарактеризованными функциями у кур. Известно, что *FAM184B* влияет на среднесуточный прирост, массу тела и потребление корма у крупного рогатого скота [10]; вероятно, он может оказывать аналогичное влияние на массу ног кур. SNP rs739233957 имел значительную корреляцию с ростом, окружностью голени и признаками массы ног и находился в пределах гена *QDPR* (хиноидной дигидроптеридинредуктазы). Продукт этого гена – фермент, который является предшественником вещества, называемого тетрагидробиоптерин (BH4), которое влияет на синтез в мозге нейротрансмиттеров, передающих сигналы между нервными клетками. Пятый SNP rs316943436, ассоциированный с массой ног, находился в пределах гена *LDB2*, фактора связывания домена 2 LIM, подтверждая результаты исследования [4], где данный ген был связан с поздним ростом и среднесуточным приростом от 6 до 12 недель (табл. 1).

Таблица 1. Список однонуклеотидных полиморфизмов, ассоциированных с мясными признаками у кур

SNP	Признак	GGA	Замена	Локация	Ген	Ссылки
rs15497910	Масса тела	1	A/G	173613981	*KPNA3*	[3]
rs13972304		1	A/C	173931557	*ENSGALG00000022*	
rs14917647		1	A/C	174379124	*INTS6*	
rs13973515		1	C/T	174847719	*FOXO1A*	
GGaluGA055359		1	A/G	174921993	*FOXO1A*	
GGaluGA266058		4	A/G	79194441	*LDB2*	[3] [5] [15]
Gga_rs16432721	Масса тела	4	A/G	71673191	*TBC1D1*	[3]
Gga_rs15620544		4	A/G	79605389	*FBXL5*	
Gga_rs13939265		1	A/G	134871532	*OCA2*	
Gga_rs15618356		4	A/G	77546388	*KCNIP4*	
Gga_rs16438236		4	A/G	80234478	*BOD1L*	
Gga_rs16434462		4	A/G	74867005	*LOC769270*	
Gga_rs14489341		4	A/G	74649803	*LOC769270*	
rs733409553	Масса тушки	4	T/C	76149439	*FGFBP2*	[6]
rs731242270	Масса ног	4	G/A	75548514	*FAM184B*	
rs736026342		4	A/G	75548554	*FAM184B*	
rs733762928		4	A/G	75548810	*FAM184B*	
rs739233957		4	G/A	75641139	*QDPR*	
rs316943436		4	C/T	75679707	*LDB2*	
Gga_rs15619099	Масса тела	4	G/A	78475066	*LCORL*	[5]
Gga_rs15619411		4	T/C	79191496	*LDB2*	
Gga_rs14491543		4	G/A	79484730	*TAPT1*	
Gga_rs14491627		4	A/G	79531679	*TAPT1*	
Gga_rs16436561		4	G/A	78993342	*QDPR*	
Gga_rs15619411		4	T/C	79191496	*LDB2*	
bGga_rs13964189		1	T/C	161126313	*DACH1*	

В 2018 г. китайские ученые провели GWAS на 24 эталонных особях с использованием чиповой панели на 600 тыс. SNP для выявления генов, влияющих на мясную продуктивность [11]. Для отбора эталонной птицы у 435 китайских аборигенных кур вначале были оценены следующие признаки: масса тушки, масса тела с внутренностями и масса внутренностей после убоя в возрасте 91 день. С помощью GWAS было выявлены шесть генов-кандидатов, потенциально связанных с тремя вышеуказанными признаками: *RNF219, SCEL, MYCBP2* на GGA1 и *ETS1, APLP2, PRDM10* на GGA24. Из 25 SNP, ассоциированных с массой тела с внутренностями, 23 SNP располагались на узком участке GGA1 (от 152,67 до 153,42 м.п.н.), а ближайшими генами были *RNF219*, *SCEL* и *MYCBP2*. Оставшиеся два SNP располагались в районе 0,90 и 1,47 м.п.н. на GGA24: первый – в 15 интроне гена *ETS1*, а второй – ниже по течению от гена *APLP2*. Члены семейства белков RNF имеют богатый цистеином и гистидином домен, участвуют во многих внутриклеточных физико-химических процессах и регулируют множество клеточных

процессов, включая клеточную пролиферацию, апоптоз, транскрипцию и репарацию ДНК. Белок, кодируемый *SECL*, является предшественником ороговевшей оболочки терминально дифференцированных кератиноцитов, локализован на периферии клеток и может функционировать в сборке или регуляции белков в ороговевшей оболочке клетки [11]. *MYCBP2* кодирует убиквитин-протеинлигазу E3 и является членом семейства белков PHR (Phr1/MYCBP2 и RPM-1). Кодируемый белок играет роль во внутриклеточных сигнальных узлах во время развития нейронов и дегенерации аксонов, а также связан с редким наследственным дефектом зрения. Ген *APLP2* кодирует белок-предшественник амилоида 2, который экспрессируется повсеместно. Он содержит гепарин-, медь- и цинк-связывающие домены на N-конце, ингибитор BPTI/Kunitz и домены E2 в средней области, а также трансмембранные и внутриклеточные домены на C-конце. Этот белок взаимодействует с молекулами главного комплекса гистосовместимости (MHC) класса I. Синергия этого белка и APP необходима для обеспечения нервно-мышечной передачи и синаптической пластичности. Ген *PRDM10* кодирует человеческий гомологичный белок и является фактором транскрипции, участвующим в путях передачи нейронных сигналов.

Еще одно GWAS, проведенное в 2021 г., включало оценку признака массы тела у 137 343 бройлеров, охватывающих 15 племенных поколений, и изучение 392 295 предполагаемых SNP [12]. В результате данного исследования выявлено 25 геномных районов, содержащих 96 достоверно значимых SNP на 13 аутосомах кур (GGA1, GGA4, GGA8, GGA10, GGA15, GGA19 и GGA27). Область, содержащая 45 значимых SNP, которые объясняют наибольшую часть общей генетической изменчивости признака (4,37%), находилась на GGA4 (65,67-66,31 м.п.н.). Ассоциация этих областей указывает на несколько мажорных генов-кандидатов, включая факторы роста (GGA1, 4, 8, 13 и 14); локус перекрывающихся транскриптов рецептора лептина (LEPROT)/рецептор лептина (LEPR) (GGA8) и локус *STAT3/STAT5B* (GGA27) в связи с сигнальным путем JAK/STAT; ген T-box (*TBX3/TBX5*) на GGA15 и *CHST11* (GGA1), оба связаны с развитием сердца/скелета; *PLAG1* (GGA2). В совокупности эти 25 геномных регионов объясняют порядка 30% общей генетической изменчивости массы тела. В этом исследовании обнаружили, что хромосома GGA4 содержит несколько генов, играющих роль в массе тела кур, что согласуется с данными исследования [5]. Среди них *CCKAR* (ген рецептора A холецистокинина), расположенный на уровне ~72,8 м.п.н. на GGA4. Снижение экспрессии этого гена связано с увеличением массы тела и скорости роста кур, и есть предположение, что современные породы кур могли быть отобраны в процессе раннего одомашнивания по высокоростовому гаплотипу данного гена [12]. Выявлены SNP, оказывающие достоверный наивысший положительный эффект на массу тела и расположенные на GGA4 в области ~ 400 п.н. выше гена *CWH43* (ген биогенеза клеточной стенки 43 C-концевой гомолог). Предполагается, что он участвует в процессе биосинтеза якоря GPI и является неотъемлемым компонентом мембраны, активен в эндоплазматическом ретикулуме. Восемь других SNP на GGA4 были расположены в самом гене *CWH43*, среди которых четыре находятся в интронах и два являются синонимичными вариантами. Сорок один SNP в регионе GGA4 был сопоставлен с восемью дополнительными генами, некоторые из которых расположены в интронах, а именно *SGCB* (саркогликан бета), *DCUN1D4* (DCN1, дефектный в недилировании куллина 1, содержащий 4 домена), *OCIAD1* (содержащий 1 домен OCIA), *SLAIN2* (член семейства мотивов SLAIN 2), *TEC* (протеинтирозинкиназа tec), *NFXL1* (ядерный фактор транскрипции, связывающий X-box, подобный 1) и *CORIN* (корин, сериновая пептидаза). В том же регионе находились еще пять генов, а именно *FRYL* (FRY-подобный коактиватор транскрипции), *SLC10A4* (семейство носителей растворенных веществ 10 член 4), *TXK* (тирозинкиназа), *NIPAL1* (NIPA-подобный домен, содержащий 1) и *CNGA1* (управляемый циклическим нуклеотидом канал альфа 1). Среди вышеперечисленных генов *SLAIN2* уже был выявлен в предыдущем исследовании как наиболее значимый ген-кандидат, регулирующий массу тела у бройлеров [13]. В исследовании [12] также был идентифицирован мажорный SNP в гене группоспецифического компонента (*GC*) на GGA4. GC (витамин D-связывающий белок) относится к общему семейству альбуминов, участвующих в транспорте витаминов, в частности, витамина D, обмене липидов и липопротеинов и экспрессируется у всех позвоночных. Роль витамина D в поддержание здоровья скелета известна уже более столетия, но в настоящее время появляется все больше доказательств того, что витамин D играет важную роль в здоровье не только скелетных тканей, но и увеличи-

вает выход мяса грудки у бройлеров [14]. Хотя о важной роли GGA1 в регуляции массы тела кур имеется много сообщений, в данном исследовании авторы не обнаружили достоверно значимых ассоциаций.

Для определения генетического потенциала каузальных генов, связанных с убойными характеристиками, был проведен GWAS-анализ 102 петухов популяции поколения F2, полученной в результате скрещивания бойцового петуха Luxi и бройлера с рецессивным геном белого пера [15]. Выявлены десять SNP, значимо ассоциированных с массой ног и сгруппированных в области 2,16 м.п.н. на GGA4 внутри, либо рядом с несколькими генами: *LCORL* (лиганд-зависимый белок, подобный корепрессору ядерного рецептора), *NCAPG* (субъединица G комплекса конденсина I, не относящаяся к SMC), а также *FAM184B*, *QDPR* и *LDB2*, еще раз подтверждая результаты более ранних исследований [5,6], где было выявлено семь достоверно ассоциированных с массой тела кур SNP, расположенных вблизи или в пределах генов *LCORL, LAP3, LDB2, TAPT1* и *DACH1* (табл. 1). LCORL является одним из характерных мотивов факторов транскрипции в костях и играет важную роль в дифференцировке и пролиферации костных клеток [4,5]. Трансмембранный белок TAPT1 участвует в транспортировке молекул через мембраны. Мутации в его гене нарушают морфологию и транспортировку в аппарат Гольджи и вызывают тяжелую недостаточность минерализации эмбрионального скелета. Аминопептидаза LAP3 катализирует удаление аминокислот и пептидов, участвует в созревании и деградация белков. Ген *DACH1* кодирует ассоциированный с хроматином белок, который связывается с другими ДНК-связывающими факторами транскрипции, регулируя экспрессию генов и определение судьбы клеток во время развития, а также является мишенью передачи сигналов FGF во время развития скелета конечностей.

Обнаруженные гены-кандидаты дают ценные знания о генетической детерминации признаков роста у кур, но требуют более детального изучения. Идентифицированные с помощью GWAS значимые варианты SNP используются для определения области гена-кандидата, ассоциированного с признаком, однако это не всегда означает, что изменение вариации полиморфизма приводит к фенотипическим различиям. Следовательно, необходимо проводить дополнительный скрининг других вариантов выявленных генов-кандидатов и подтверждать их посредством дальнейших исследований (например, путем генотипирования варианта SNP для подтверждения его связи с фенотипом, изучения транскриптома и подтверждения функций кодируемых белков). Несмотря на увеличение исследований GWAS во всем мире, в которых было выявлено множество статистически достоверных SNP, общая тенденция изученных работ показала, что на хромосоме 1 (GGA1) и хромосоме 4 (GGA4) кур идентифицировано больше локусов количественных признаков (QTL), связанных с массой тела, чем на других хромосомах.

Данные настоящего обзора могут быть использованы молекулярными генетиками и селекционерами для дальнейшей работы по созданию ДНК-маркеров для отбора особей с благоприятным генотипом.

Исследование выполнено при финансовой поддержке программы государственного задания Российской Федерации № 2024-2026, FGGN-2024-0015.

Литература / References

1. Liang, B. GWAS in cancer: progress and challenges / B. Liang, H. Ding, L. Huang, H. Luo, X. Zhu // Mol. Genet. Genomics. - 2020. - V. 295. - No 3. - P. 537-561. doi: 10.1007/s00438-020-01647-z
2. Dou, D. Genome-wide association studies for growth traits in broilers / D. Dou, L. Shen, J .Zhou, Z. Cao, P. Luan, Y. Li, F. Xiao, H. Guo, H. Li, H. Zhang // BMC Genom Data. - 2022. - V. 23. - No 1. - P. 1-5. doi: 10.1186/s12863-021-01017-7
3. Xie, L. Genome-wide association study identified a narrow chromosome 1 region associated with chicken growth traits / L. Xie, C .Luo, C. Zhang R. Zhang, J. Tang, Q. Nie, L. Ma, X. Hu, N. Li, Y. Da, X. Zhang // PLoS One. - 2012. - V. 7. - No 2. - P. e30910. doi: 10.1371/journal.pone.0030910
4. Gu, X. Genome-wide association study of body weight in chicken F2 resource population / X. Gu, C. Feng, L. Ma, C. Song, Y. Wang, Y. Da H. Li, K. Chen, S. Ye, C. Ge, X. Hu, N. Li // PLoS One. - 2011. - V. 6. - No 7. - P. e21872. doi: 10.1371/journal.pone.0021872
5. Liu, R. Genome-wide association study identifies loci and candidate genes for body composition and meat quality traits in Beijing-You chickens/ R. Liu, Y. Sun, G. Zhao, F. Wang, D. Wu, M. Zheng, J. Chen, L. Zhang, Y. Hu, J. Wen // PLoS One. - 2013. - V. 8. - No 4. - P. e61172. doi: 10.1371/journal.pone.0061172

6. Wang, W. Genome-wide association study of 8 carcass traits in Jinghai Yellow chickens using specific-locus amplified fragment sequencing technology / W. Wang, T. Zhang, J. Wang, G. Zhang, Y. Wang, Y. Zhang, J. Zhang, G. Li, Q. Xue, K. Han, X. Zhao, H. Zheng // Poult. Sci. - 2016. - V. 95. - No 3. - P. 500-506. doi: 10.3382/ps/pev266
7. Rubin, C.J. Whole-genome resequencing reveals loci under selection during chicken domestication / C.J. Rubin, M.C. Zody, J. Eriksson, J.R. Meadows, E. Sherwood, M.T. Webster, L. Jiang, M. Ingman, T. Sharpe, S. Ka, F. Hallböök, F. Besnier, O. Carlborg, B. Bed'hom, M. Tixier-Boichard, P. Jensen, P. Siegel, K. Lindblat-Toh, L. Andersson // Nature. - 2010. - V. 464. - No 7288. - P. 587-591. doi: 10.1038/nature08832
8. Duchesnes, C.E. New Zealand Ginger mouse: novel model that associates the tyrp1b pigmentation gene locus with regulation of lean body mass / C.E. Duchesnes, J.K. Naggert, M.A. Tatnell, N. Beckman, R.N. Marnane, J.A. Rodrigues, A. Halim, B. Pontré, A.W. Stewart, G.L. Wolff, R. Elliott, K.G. Mountjoy // Physiol. Genomics. - 2009. - V. 37. - No 3. - P. 164-174. doi: 10.1152/physiolgenomics.90336.2008
9. Felicio, A.M. Polymorphisms in FGFBP1 and FGFBP2 genes associated with carcass and meat quality traits in chickens / A.M. Felicio, C. Boschiero, C. Balieiro, M.C. Ledur, J.B. Ferraz, A.S. Moura, L.L. Coutinho // Genet. Mol. Res. - 2013. - V. 12. - No 1. - P. 208-222. doi: 10.4238/2013.January.24.13
10. Lindholm-Perry, A.K. Association, effects and validation of polymorphisms within the NCAPG-LCORL locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle/ A.K. Lindholm-Perry, A.K. Sexten, L.A. Kuehn, T.P. Smith, D.A. King, S.D. Shackelford, T.L. Wheeler, C.L. Ferrell, T.G. Jenkins, W.M. Snelling, H.C. Freetly // BMC Genet. - 2011. - V. 12. - P. 103. doi: 10.1186/1471-2156-12-103
11. Huang, S. Genome-wide association study on chicken carcass traits using sequence data imputed from SNP array / S. Huang, Y. He, S. Ye, J. Wang, X. Yuan, H. Zhang, J. Li, X. Zhang, Z. Zhang // J. Appl. Genet. - 2018. - V. 59. - No 3. - P. 335-344. doi: 10.1007/s13353-018-0448-3
12. Dadousis, C. A genome-wide association analysis for body weight at 35 days measured on 137,343 broiler chickens / C. Dadousis, A. Somavilla, J.J. Ilska, M. Johnsson, L. Batista, R.J. Mellanby, D. Headon, P. Gottardo, A. Whalen, D. Wilson, I.C. Dunn, G. Gorjanc, A. Kranis, J.M. Hickey // Genet. Sel. Evol. - 2021. - V. 53. - No 1. - P. 70. doi: 10.1186/s12711-021-00663-w
13. Tarsani, E. Discovery and characterization of functional modules associated with body weight in broilers / E. Tarsani, A. Kranis, G. Maniatis, S. Avendano, A.L. Hager-Theodorides, A. Kominakis // Sci. Rep. - 2019. - V. 9. - No 1. - P. 9125. doi: 10.1038/s41598-019-45520-5
14. Vignale, K. 25-hydroxycholecalciferol enhances male broiler breast meat yield through the mTOR pathway / K. Vignale, E.S. Greene, J.V. Caldas, J.A. England, N. Boonsinchai, P. Sodsee, E.D. Pollock, S. Dridi, C.N. Coon // J. Nutr. - 2015. - V. 145. - No 5. - P. 855-863. doi: 10.3945/jn.114.207936
15. Liu, J. Identification of candidate genes associated with slaughter traits in F2 chicken population using genome-wide association study/ J. Liu, J. Zhou, J. Li, H. Bao // Anim. Genet. - 2021. - V. 52. - No 4. – P. 532-535. doi: 10.1111/age.13079

Сведения об авторе:

Баркова О.Ю.: кандидат биологических наук, старший научный сотрудник; barkoffws@list.ru.

Статья поступила в редакцию 18.01.2024; одобрена после рецензирования 05.02.2024; принята к публикации 15.02.2024.

Review article

Candidate Genes Identified using GWAS Approach as Associated with Bodyweight Traits in Chicken: A Review

Olga Y. Barkova

All-Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding of Farm Animals, Branch of the Federal Scientific Center for Animal Husbandry – VIZH of Academician L.K. Ernst

Abstract. *Identification of causal candidate genes involved in muscle growth in chickens can play a leading role in marker-assisted selection for increased meat yield and improved meat quality. Over the last two decades genome-wide association study (GWAS) has been used to accelerate this task. In the review presented the most infor-*

mative works on GWAS analysis of bodyweight related traits in chicken are reviewed; the most significant single nucleotide polymorphisms (SNPs) in genes associated with meat productivity in chicken are listed. The general trend of the studies evidenced that quantitative trait loci (QTLs) associated with bodyweight were predominantly identified on chicken chromosomes 1 (GGA1) and 4 (GGA4). The data presented in this review can be used by molecular geneticists and breeders for further development of DNA markers which can help in the selection of individuals with a favorable genotype.

Keywords: *genome-wide association study (GWAS), quantitative trait locus (QTL), single nucleotide polymorphism (SNP), DNA markers, chicken, chromosome, growth, meat productivity.*

For Citation: *Barkova O.Y. (2024) Candidate genes identified using GWAS approach as associated with bodyweight traits in chicken: a review. Ptitsevodstvo, 73(3): 9-15. (in Russ.)*
doi: 10.33845/0033-3239-2024-73-3-9-15

(For references see above)

Author:
Barkova O.Y.: Cand. of Biol. Sci., Senior Research Officer; barkoffws@list.ru.
Submitted 18.01.2024; revised 05.02.2024; accepted 15.02.2024.

© Баркова О.Ю., 2024