

А. А. Сермягин, Н. А. Зиновьева

Перспективы использования оценки племенной ценности в бройлерном птицеводстве России для совершенствования экономически значимых признаков (обзор)

Аннотация. Рассмотрены перспективы и возможности перехода от традиционной оценки птицы мясного направления продуктивности России (классификационной или бонитировочной) к определению генетической ценности с использованием методов BLUP и геномной селекции. Обобщено уравнение модели смешанного типа для оценки прогноза племенных характеристик птицы с учетом минимума средовых эффектов. Результативность отбора по сравнению с оценкой по фенотипу с помощью метода BLUP выше для признаков воспроизводства, чем для показателей выращивания. На основе анализа литературных источников показаны возможности геномного анализа для повышения точности оценочных показателей экономически значимых признаков бройлеров, а также молекулярно-генетических методов в селекции. В среднем увеличение точности геномных оценок в зависимости от линии (отцовской и материнской пород) птицы может составлять от 8 до 23%. Для низко наследуемых показателей геномный прогноз показывает большую разницу в точности оценок. Определен ряд организационных мероприятий для успешного внедрения в практику птицеводства генетической оценки племенной ценности: создание базы данных индивидуального учета в селекционных гнездах; сбор основных и дополнительных признаков, отражающих экономически важные показатели; получение достаточного числа потомков для объективной оценки петухов и кур; обеспечение интенсивности отбора в селекционных группах птицы. Использование методов геномной селекции позволит интенсифицировать процесс раннего предотбора особей при увеличении его жесткости. Для этого необходимо обеспечить высокую однородность в «чистых» линиях для получения промышленных кроссов с реализацией в них генетического потенциала предковых форм (прародителей и родителей). Предложена последовательность шагов по использованию инструментов геномного анализа в селекции бройлеров, которая также может быть апробирована на яичных курах.

Ключевые слова: оценка племенной ценности, мясная продуктивность, бройлер, «чистая» линия, кросс, BLUP, точность оценки, геномная селекция.

Авторы:

Александр Александрович Сермягин — кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, руководитель лаборатории популяционной генетики и разведения животных; e-mail: alex_sermyagin85@mail.ru;

Наталья Анатольевна Зиновьева — доктор биологических наук, профессор, академик РАН, руководитель отдела биотехнологии и молекулярной диагностики животных, директор ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста; e-mail: n_zinovieva@mail.ru

ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста; 142132, Россия, г.о. Подольск, п. Дубровицы 60.

Отрасль птицеводства в агропромышленном секторе экономики России является одной из наиболее динамично развивающихся направлений. Значительные инвестиционные вложения за последние десятилетия позволили увеличить производство товарного яйца и мяса птицы, что способствовало решению задач обеспечения населения животным белком в рамках стратегии продовольственной безопасности страны. Касательно яич-

ного производства, с точки зрения генетического совершенствования пород и кроссов кур был достигнут определенный биологический максимум продуктивности птицы в расчете за год (около 351 шт. или 1 яйцо в день, исходя из паузы 1 день в месяц). В то время как для производства мяса бройлеров имеются перспективы для увеличения выхода товарных частей туши, среднесуточного прироста при непременном снижении затрат на

конверсию корма. Широкое распространение в мире коммерческих трех- и четырех-линейных кроссов бройлеров открывает большие возможности для работы в данном направлении, включая разработку селекционных программ для «чистых» или исходных линий [1, 2].

Ряд племенных хозяйств в настоящее время совмещают функции по выращиванию прародителей и далее гибридных форм птицы, т.к. уступают зарубежным аналогам и вынуждены адаптироваться к сохранению ранее наработанного материала вместо широкого предложения собственных конкурентных кроссов. В дополнение к этому существует ряд методологических проблем в оценке племенных качеств птицы, которые не позволяют с высокой эффективностью вести отбор петушков в исходных линиях, а также проводить подбор пар и оценку сочетаемости линий, что несомненно снижает селекционный эффект в поколениях и повышает зависимость отечественных производителей от завоза генетического материала из-за рубежа.

Главное конкурентное преимущество импортных кроссов бройлеров состоит в активном применении при отборе в «чистых» линиях подходов BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*, наилучшего линейного несмещенного прогноза), позволяющих нивелировать средовое влияние на оценку птицы, при гарантии отсутствия вероятности на носительство различного рода вирусных и наследственных заболеваний. Также в последние годы во всем мире происходит активное использование для раннего прогнозирования племенных качеств птицы, наравне с крупным рогатым скотом, свиньями и овцами, методов геномной селекции, основанной на генотипировании десятков тысяч маркеров (*Single Nucleotide Polymorphism, SNP*), равномерно расположенных по всему геному организма [3].

Фактически, довольствуясь оценкой по фенотипу родственников и потомства, в российском птицеводстве происходит так называемый отбор особей по независимым уровням, определяемый бонитировкой. Стоит отметить, что интенсивность селекции будущих поколений определяется генетическим влиянием, поэтому бройлерное птицеводство России остро нуждается в разработке генетической оценки для использования с высокой достоверностью лучших в племенном отношении петушков и курочек.

Как и в любой отрасли животноводства, основой генетического совершенствования пород и линий сельскохозяйственной птицы является как можно более ранний отбор на основе объективной информации лучших петухов (отцов) и лучших

курочек (матерей) для получения следующего поколения потомков. Наиболее объективным критерием отбора в качестве родителя для ремонта стада является племенная ценность особи — ее способность передавать уровень развития хозяйственно полезных признаков потомству или, иными словами, прогнозируемое превосходство уровня развития хозяйственно полезных признаков у потомства конкретной особи над средним значением в популяции [4].

Племенная ценность не поддается непосредственному измерению, так как фенотипическое (внешнее) проявление признаков определяется двумя составляющими — генетической (наследственная основа) и средовой (влияние факторов внешней среды). Практикуемые сегодня методы оценки «мать-дочь» и «дочери-сверстницы» являются недостаточно эффективными из-за большого несоответствия прогнозных показателей племенной ценности птицы, либо в связи с отсутствием сравнимости условий содержания родителей, либо со сложностью учета паратипических факторов в больших стадах и неравнозначностью подбора оцениваемых самцов к самкам.

В этой связи ключевым фактором поддержания и совершенствования генетического потенциала «чистых» линий сельскохозяйственной птицы является внедрение методов, позволяющих с высокой точностью (достоверностью) осуществлять оценку племенной ценности. Использование в качестве критериев отбора фенотипического уровня проявления признаков является не столь эффективным. Доля генетического эффекта в величине общей фенотипической изменчивости (наследуемость, h^2) по большинству хозяйственно полезных признаков варьирует от относительно невысокой до умеренной: от 0,14 до 0,64 по количественным показателям продуктивности и сравнительно низкой — от 0,03 до 0,21 по воспроизводительным качествам [5]. Обеспечение точной оценки племенной ценности в птицеводстве усложняется еще и тем, что отбор «чистых» линий проводится в племенных стадах, где птица находится в закрытой популяции (линия), а целевые параметры разведения должны достигаться в коммерческих стадах, которые производят кроссированную птицу на прародительском и родительском уровнях.

Для решения данной задачи необходимо создание информационной системы, основой которой является разработка и внедрение современных генетических методов оценки племенной ценности, начиная от методов BLUP по модели отца или животного (BLUP Sire Model (SM) или BLUP Animal Model (AM)), и заканчивая геномной оценкой.

Внедрение BLUP AM обеспечивает высокую точность оценок племенной ценности, что достигается использованием в уравнении модели так называемой матрицы родства, которая объединяет все группы предков как с отцовской, так и с материнской сторон родословной, сибсов и полусибсов, что позволяет оценивать и учитывать генетический тренд в породе или популяции. Так, например, точность оценок племенной ценности для признака яйценоскости при отборе только по фенотипу составляет 10%, по продуктивному индексу — 30% и 60% при использовании метода BLUP AM, в то время как для признака живая масса точность достигает, соответственно, 45, 60 и 70% [6].

Использование методологии BLUP AM отличается от ныне существующих подходов включением в уравнение модели прогноза фиксированных факторов, которые отражают действие окружающей среды: технология содержания и комплекса (птичника), эффекта гнезда; год, сезон и партия вывода соответствующей генерации, эффект взаимодействия генерация-вывод; пол; возраст материнской особи; число животных в клетках (залах, боксах) [7–9]. Учет непрерывных эффектов в модели племенной ценности производителя позволяет повысить адекватность оценок и приблизить их

к истинным генетическим значениям (т.е. к 100%); доля влияния фиксированных факторов в данном случае от общей изменчивости признака может достигать до 30–50%.

Существует мнение, что в племенных стадах используется стратегия совместного содержания птицы в больших группах сравнения (одного возраста) при равно контролируемых условиях. Поэтому отбор часто проводится внутри этих групп, где отсутствует или имеется малое число особей с пересекающимися между собой генерациями предков. В связи с этим имеющиеся различия между генетическими и систематическими эффектами становятся менее значимыми. Однако данное утверждение при расширении торговли живой птицей и инкубационным яйцом, а также повышением темпов интенсивности селекции в особенности в бройлерном птицеводстве, делает BLUP-метод наиболее перспективным в сравнении с прогнозом, основанным только на фенотипических данных и исходящих из них селекционных индексов или комплексной оценки (бонитировка).

Наиболее распространенной моделью в исследованиях для оценки племенных качеств птицы мясного направления продуктивности является следующее уравнение:

$$Y_{ijklm} = \mu + SEX_i + HW_j + AGE_k + a_l + p_m + e_{ijklm}$$

где: Y_{ijklm} — наблюдаемая фенотипическая оценка животного, μ — популяционная средняя, SEX_i — фиксированный эффект пола, HW_j — фиксированный эффект j -й недели вывода партии цыплят, AGE_k — фиксированный эффект k -го класса возраста матери (несушки), a_l — рандомизированный аддитивный генетический эффект l -го животного, p_m — рандомизированный средовой (перманентный и временный) эффект m -й матери, e_{ijklm} — остаточная дисперсия или случайная ошибка модели.

Признаки с низкой наследуемостью (фертильность, выводимость), оцененные по BLUP в сравнении с продуктивным индексом, дополнительно получают около 5% в виде селекционного ответа и около 15% на вероятность увеличения инбридинга при селекции по семьям (чистые линии). Для высоконаследуемых признаков (например, вес яйца) метод BLUP за счет отбора лучших генотипов внутри семей дает, соответственно, 2 и 9%. Стоит отметить, что наличие явления инбредной депрессии в современном птицеводстве практически элиминировано в связи с коротким периодом воспроизводства и специфической иерархической структурой разведения [6].

Наравне с методами традиционной селекции, в которой широкое распространение получили регрессионные модели оценки генотипа по принципу смешанного типа, современное развитие программ разведения племенной птицы сосредото-

чилось на использовании подходов геномной селекции.

В начале 2000-х гг. Theo Meuwissen были предложены подходы, обеспечивающие внедрение в селекцию геномных методов оценки, включающих следующие шаги: (1) генотипирование особей с высокодостоверными значениями племенной ценности (*Estimated Breeding Value, EBV*), полученной с помощью оценки по родословной и качеству потомства (референтная популяция); (2) разработка уравнения прогноза для референтной популяции; (3) оценка молодых особей по генетико-математическим моделям, основанным на использовании точечных мутаций (SNP); (4) отбор оцененных молодых особей, удовлетворяющих требованиям программы разведения [10, 11]. Это ознаменовало собой новую эпоху в разведении и селекции животных.

Использование в птицеводстве подходов, разработанных на основе оценки геномной племенной

ценности, может позволить увеличить интенсивность отбора в породах и линиях, тем самым повысить эффект гетерозиса при получении четырехлинейных кроссов, а также сократить расходы на содержание дополнительно проверяемого поголовья птицы и оптимизировать полезную площадь комплекса под селекционные и производственные нужды.

Основной идеей использования геномной информации является картирование локусов для наилучшего определения сцепления генетических маркеров с количественными признаками, а также получение достоверной генетической взаимосвязи между предками по сравнению с записями в родословных. Наравне с этим, активно ведутся исследования по изучению вопросов молекулярной генетики птицы, влиянию учета макро- и микрочромосом в геномной оценке, импутации данных и пополнению референтной популяции женскими особями [12].

Коллективом ученых из США было проведено исследование по изучению возможности использования методов геномной селекции на двух линиях бройлерных цыплят компании Cobb-Vantress Inc. (Siloam Springs, Arkansas) [13–16]. Всего было прогенотипировано с помощью панели 60K (57636 SNP) [17] около 3000 особей в каждой из линий. Полная база данных включала информацию по более чем 160 тыс. кур в трех генерациях. Были изучены признаки: живая масса в 6 недель, площадь грудки и оценка ног. Методом одноступенчатой геномной оценки (*single-step Genomic BLUP*) ssGBLUP и стандартной процедурой BLUP были получены показатели племенной ценности и рассчитана их точность (табл. 1). Таким образом, было установлено значительное преимуще-

ство от совместного использования информации по предкам, потомству и геному птицы при помощи подхода ssGBLUP по сравнению с традиционным методом оценки племенной ценности.

Стоит отметить, что в России также проводятся исследования по использованию SNP-анализа для изучения генетической структуры популяций генофондных пород кур. Первые результаты свидетельствуют о наличии четкой кластеризации в популяции русских белых кур, что в значительной степени было обусловлено происхождением от разных петухов-родоначальников. Обнаружено увеличение частоты минорных аллелей и снижение показателя неравновесного сцепления между маркерами в современной популяции птицы. Полученные данные планируется использовать для сохранения ценных генетических ресурсов генофондных пород и создания новых селекционных форм птицы [18].

Селекционерам-птицеводам нет необходимости изменять существующую стратегию разведения и сложившуюся практику, чтобы внедрить геномную селекцию на производстве. Генотипирование молодых петушков и выдающихся производителей наравне с матерями стада становится стандартным методом селекции для совершенствования экономически значимых признаков птицы.

База отечественного племенного бройлерного птицеводства имеет все необходимые предпосылки для успешного внедрения системы генетической оценки племенной ценности на основе BLUP AM. Для данных методов необходим минимум организационных мероприятий:

- создать базу данных о развитии хозяйственно-полезных признаков по не менее 10–15 поколениям племенной птицы хозяйства;

Таблица 1. Точность и наследуемости оценок племенной ценности по потомству и геному по двум линиям методами BLUP и ssGBLUP (цит. по [12])

Показатель	Без использования геномной информации		С использованием геномной информации		Δ ssGBLUP / BLUP	h^2
	BLUP		ssGBLUP			
	выборка из генотипированных особей	общая выборка	выборка из генотипированных особей	общая выборка		
Линия 1, гол	2485	155899	2485	155899	—	—
Живая масса	0,46	0,51	0,60	0,61	+0,10	0,20
Площадь грудки	0,30	0,34	0,34	0,40	+0,06	0,30
Оценка ног	< 0	0,28	0,06	0,37	+0,09	0,11
Линия 2, гол	2299	134918	2299	134918	—	—
Живая масса	0,39	0,24	0,50	0,44	+0,20	0,17
Площадь грудки	0,27	0,33	0,45	0,51	+0,18	0,35
Оценка ног	0,24	0,43	0,15	0,73	+0,30	0,09

- проводить зоотехнический учет по всем основным хозяйственно полезным признакам согласно как официально принятой инструкции, так и дополнительным параметрам отбора (узи-диагностика, конверсия корма и т.п.);
- существующая система разведения птицы в хозяйстве должна строиться на индивидуальном учете показателей собственной продуктивности по исходным линиям от момента вывода до возраста 140 дн. с последующим учетом информации по потомству при системе гнездового спаривания родительских пар;
- от каждого петуха должно быть получено достаточное количество потомства для объективной оценки генетического потенциала: нагрузка на одного петуха должна быть в среднем не менее 13 кур (1 гнездо), при дополнительном дублировании производителем (полный брат);
- должна быть обеспечена достаточная «жесткость» отбора для получения поступательного положительного эффекта селекции согласно программы разведения.

Одним из мировых объектов исследований в направлении создания отечественного генетического материала птицы являются признанные стандартом в разведении мясные куры пород Корниш и Плимутрок с белым оперением. Селекция в данном случае строится на отборе особей по развитию мясных качеств и конверсии корма в одном случае, яйценоскости и воспроизводительным способностям — в другом. Племенная работа прово-

дится по ряду пар линий дифференцированных отцовской (Корниш) и материнской (Плимутрок) родительских форм. Для нашей страны задача обеспечения племенными ресурсами является особенно актуальной для бройлерного птицеводства. В этой связи производству предлагается в качестве обсуждения система селекции с использованием геномных методов для генетического совершенствования и воспроизводства «чистых» линий отечественной репродукции через внедрение инновационных методов. Процесс улучшения генетических качеств птицы определен рядом последовательных шагов с использованием инструментов геномного анализа (рис. 1, 2).

1. Проведение отбора образцов ткани (пульпа пера или кровь) петухов селекционной группы по основным исходным линиям (от 2-х до 4-х) стада в количестве не менее 180 гол. Для построения генетических профилей каждой из линий и анализа гетерогенности в популяции должно быть проведено первичное генотипирование по аллельным полиморфизмам микросателлитных локусов (не менее 8) с целью выяснения консолидации заводской популяции.

2. Для получения чистого генетического материала, свободного от носительства наследственных мутаций и аномалий, проведение анализа птицы по полногеномным ассоциациям (*Genome Wide Associations Study, GWAS*) посредством биочипов Illumina 60K или Affimetrix 600K. Цель этапа — изучение сопряженности по ряду количественных

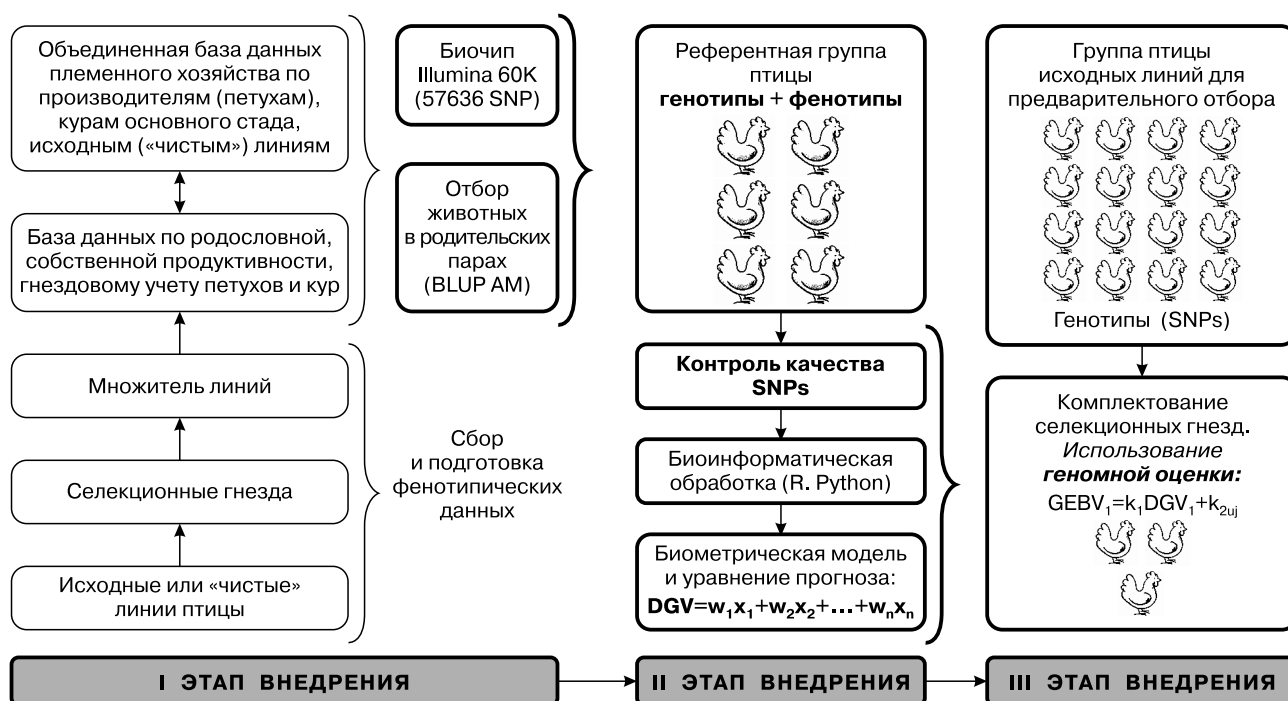


Рис. 1. Схема системы геномной селекции и формирования референтной популяции птицы в племенном птицеводческом хозяйстве

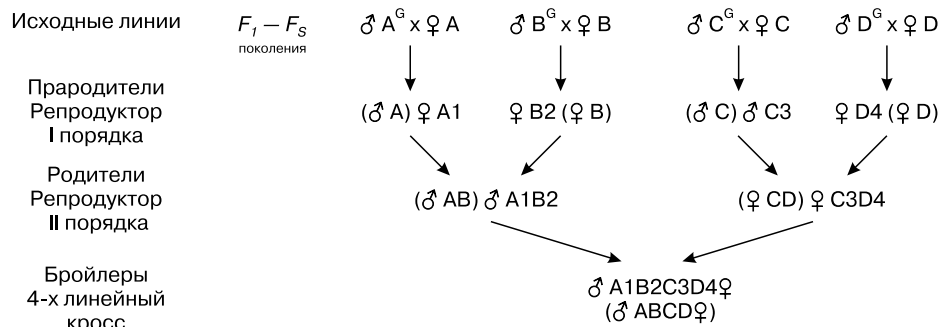


Рис. 2. Схема системы геномной селекции и формирования референтной популяции птицы в племенном птицеводческом хозяйстве

(рост и развитие птицы, убойные качества, конверсия корма, репродуктивные способности) и качественных (оперяемость цыплят в суточном возрасте, резистентность к заболеваниям, зрелость мяса) показателей для поиска локусов количественных признаков (*Quantitative Trait Loci, QTL*) и локусов, находящихся под давлением отбора (*следы отбора*).

3. Разработка и апробация модели уравнения оценки племенной ценности по методу BLUP AM, учитывающей ряд средовых факторов, таких как возраст, пол, неделя вывода птицы, материнский эффект, а также информацию по родословной за не менее чем 10–15 рядов предков.

4. Создание внутризаводской референтной популяции исходных линий петухов отцовской и материнской родительских форм на основе генотипирования (технология биочипов) для не менее 600 гол. с целью получения оценок геномной племенной ценности (*Genomic Enhanced Breeding Value, GEV*) по методу ssGBLUP, позволяющему подключать информацию также и для не генотипированных особей. Предполагается, что, благодаря этому, для петушков уже в возрасте 35 дней к моменту формирования селекционных групп будут получены геномные оценки с достоверностью, превышающей оценку по родословной и собственной продуктивности на 15–20%.

5. С помощью популяционно-генетических параметров и оценки генотипа птицы по качеству потомства и геному необходимо разработать селекционные индексы по комплексу признаков для заводских линий пород, которые могут повысить эффективность отбора по мясным качествам кур при сохранении высокой воспроизводительной способности.

6. Для валидации получаемых оценок должны быть сформированы контрольная (традиционная оценка по BLUP AM, EBV) и опытная (геномная оценка по ssGBLUP, GEV) группы птицы для проведения экспериментальных исследований.

Закрепление в плане подбора родительских пар осуществляется в исходных линиях для получения новых форм стада прародителей с формированием не менее 15 селекционных гнезд по отцовской ($n=390$ гол.) и 10 по материнской ($n=260$ гол.) формам линий с целью получения на одного петуха от 280 до 330 потомков, а для курицы 24–25 цыплят. Основными селекционными критериями при отборе подопытной птицы должны являться отрицательный тест на носительство генетических мутаций, выход грудных мышц (белое мясо) не менее 19%, конверсия корма не более 1,85 кг на 1 кг прироста, оплодотворенность яиц не ниже 87%, яйценоскость кур исходной линий материнской формы свыше 135 шт. (за 60 недель жизни).

7. Закладка микролиний по заданным параметрам мясной продуктивности и репродуктивным качествам с одновременным разведением «в себе» пяти поколений птицы, оцененной по геному, для достижения однородности племенного материала, в т.ч. за счет использования умеренных степеней инбридинга до 12,5%.

8. Для оценки и отбора лучших кросс-линейных сочетаний в родительском стаде (2-х линейные гибриды) и для гибридных форм бройлеров (4-х линейные формы) проводится изучение качеств мясной продуктивности птицы с использованием метода реципрокного скрещивания. По результатам исследований определяются лучшие экспериментальные группы с последующим включением полученного племенного материала в процесс воспроизводства.

Таким образом, были рассмотрены элементы системы генетической и геномной оценок для использования в процессе воспроизводства на примере бройлерного птицеводства. Предлагаемый план организационных мероприятий и шагов является дискуссионным и выносится на обсуждение специалистов отрасли. Имеющийся задел отечествен-

ного птицеводства (в частности мясных кроссов) исчерпаем при существующей системе оценки племенных характеристик петушков и курочек, отборе особей и подборе родительских пар. В этой связи разработка новых методических подходов

по оценке главных селекционных признаков с одновременным обновлением структуры племенной документации, бонитировочных сведений должно позволить отрасли выйти на более высокий уровень экономического самообеспечения.

Исследования проведены при поддержке ФАНО России, регистрационный номер темы №АААА-А18-118021590134-3

Литература

1. Тучемский Л. И., Злочевская К. В., Фисинин В. И., Гладкова Г. В. Селекция мясных кур госплемзавода «Смена». Сергиев Посад, 2002. 308 с.
2. Племенная работа в птицеводстве / [Я.С. Ройтер и др.]. Минсельхоз РФ [и др.]. Сергиев Посад: ГНУ ВНИТИП Россельхозакадемии, 2011. 255 с.
3. Сермягин А. А. Валидация геномного прогноза племенной ценности быков-производителей по признакам молочной продуктивности дочерей на примере популяции черно-пестрого и голштинского скота / А. А. Сермягин, А. А. Белоус, А. Ф. Контэ, А. А. Филиппченко, А. Н. Ермилов, И. Н. Янчуков, К. В. Племяшов, Г. Брем, Н. А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. — 2017. — том 52. — № 6. — С. 1148-1156. doi:10.15389/agrobiology.2017.6.1148rus.
4. Гальперн И. Л. Селекционно-генетические проблемы развития яичного и мясного птицеводства в XXI веке / И. Л. Гальперн // Генетика и разведение животных. — 2015. — № 3. — С. 22–29.
5. Szwaczkowski T. Use of Mixed Model Methodology in Poultry Breeding: Estimation of Genetic Parameters / T. Szwaczkowski // Book of Poultry genetics, breeding and biotechnology / edited by W.M. Muir and S.E. Aggrey. CABI Publishing: Wallingford, 2003. pp. 165–202.
6. Wezyk S., Jankowski J. Application of Mixed Model Methodology in Breeding Strategies for Meat-type Birds // Book of Poultry genetics, breeding and biotechnology / edited by W. M. Muir and S. E. Aggrey. CABI Publishing: Wallingford, 2003. pp. 147–164.
7. Pribylova J. Analysis of selection program in meat poultry by means of Animal Model / J. Pribylova, J. Pribyl, Z. Soukupova, M. Tyller // Zivocisna Vyroba. — 1997. — № 42, С. (7): 289–292.
8. Misztal I. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production / I. Misztal, S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, D. H. Lee // Montpellier, Communication. — 2002. — No. 28–27. — V. 28. — P. 21–22.
9. Панькова С.Н. Оценка племенной ценности птицы с использованием BLUP // Материалы XVIII Международной конференции ВНАП. Сергиев Посад, 2015. С. 77–79.
10. Meuwissen T. H. Prediction of identity by descent probabilities from marker-haplotypes / T. H. Meuwissen, M. E. Goddard // Genetics Selection Evolution: GSE 33. — 2001. — С. 605–634.
11. Meuwissen, T.H., Hayes, B.J., and Goddard, M.E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps / T. H. Meuwissen, B. J. Hayes, M. E. Goddard // Genetics. — 2001. — № 157. — С. 1819–1829.
12. Яковлев А. Ф. Использование геномных данных в селекции птицы / А. Ф. Яковлев, Н. В. Дементьева // Вавиловский журнал генетики и селекции. — 2017. — № 21(7). — С.: 770–777. doi: 10.18699/VJ17.298.
13. Chen C. Y. Genome-wide marker-assisted selection combining all pedigree phenotypic information with genotypic data in one step: An example using broiler chickens / C. Y. Chen, I. Misztal, I. Aguilar, S. Tsuruta, T. H. E. Meuwissen, S. E. Aggrey, T. Wing, W. M. Muir // J. Anim. Sci. — 2011. № 89. С. — 23-28.
14. Legarra A., Aguilar I., Misztal I. Single Step Methods with a View towards Poultry Breeding // Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. 2014. 6 p.
15. Simeone R. Evaluation of the utility of diagonal elements of the genomic relationship matrix as a diagnostic tool to detect mislabeled genotyped animals in a broiler chicken population / R. Simeone, I. Misztal, I. Aguilar, A. Legarra // J. Anim. Breed. Genet. — 2011. — С. 1–8.
16. Lourenco D. A. L. Accuracy of estimated breeding values with genomic information on males, females, or both: an example on broiler chicken / D. A. L. Lourenco, B. O. Fragomeni, S. Tsuruta, I. Aguilar, B. Zumbach, R. J. Hawken, A. Legarra, I. Misztal // Genetics Selection Evolution. — 2015. — С. 47–56.

17. Groenen M. A. M., The development and characterization of a 60K SNP chip for chicken / M. A. M. Groenen, H.-J. Megens, Y. Zare, W. C. Warren, LaD. W. Hillier, R. P. M. A. Crooijmans, A. Vereijken, R. Okimoto, W. M. Muir, H. H. Cheng // BMC Genomics. — 2011. — №12. — с. 274.
18. Дементьева Н. В., Изучение структуры генофондной популяции русской белой породы кур методом геномного SNP-сканирования / Н. В. Дементьева, М. Н. Романов, А. А. Кудинов, О. В. Митрофанова, О. И. Станишевская, В. П. Терлецкий, Е. С. Федорова, Е. В. Никиткина, К. В. Племяшов // Сельскохозяйственная биология. — 2017. — том 52. — № 6. — С. 1166-1174. doi: 10.15389/agrobology.2017.6.1167rus.

Sermyagin A., Zinovieva N.

Perspectives for using the estimated breeding value in Russian broiler chicken to improve economically important traits (review)

Abstract. *In the review are discussing perspectives and possibilities for the switchover from the traditional assessment of the meat-oriented poultry in Russia (class rating) to the determination of genetic value using BLUP methods and genomic selection. Taking into account the minimum of the environmental effects the equation of the mixed-type model to estimate the prediction of the poultry production traits were generalized. The selection effectiveness compared with the phenotype estimation by BLUP method is higher for reproduction features than for the body weight. Under the literature sources review, the directions of genomic analysis for increasing the accuracy estimates of broilers' economically important traits as well as molecular genetic methods in poultry breeding are shown. The accuracy increasing on average for genomic evaluations depending on the parent lines of the chicken (paternal and maternal breeds) can be range from 8 to 23%. For economic traits with the low heritability, genomic prediction reveals a great difference in the accuracy of the estimates. For the successful elaboration into the poultry breeding practice genetic evaluations were determined a number of management steps on the breeding farm: the creation of a database for individual records in breeding nests (families); collection of basic and additional measurements, reflecting economically important traits; obtaining a sufficient number of offspring for an objective evaluation of cocks and chickens; ensuring the selection intensity in the breeding groups. The use of genomic selection methods will make it possible to intensify the process of early pre-selection of individuals by an increase in its rigidity. For this, it is necessary to get high homogeneity in the pure lines to obtain three- and four-way crosses with the genetic potential realization of ancestral forms (parents, grandparents) in them. Some of the steps for using genomic analysis tools in broiler breeding is proposed, which can also be tested on egg-laying chickens.*

Key words: estimated breeding value, meat-type production, broiler chickens, pure line, cross, BLUP, accuracy, genomic selection.

Authors:

Sermyagin A. — PhD (Biol. Sci.), Head of Population Genetics and Animal Breeding Laboratory; e-mail: alex_sermyagin85@mail.ru;

Zinovieva N. — Dr. Habil. (Biol. Sci.), Professor, Member of the Russian Academy of Science, Director of L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry; e-mail: n_zinovieva@mail.ru.

L. K. Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, 142132, Russia, Podolsk, Dubrovitsy 60.

Supported by Federal Agency of Scientific Organizations, №AAAA-A18-118021590134-3

References

1. Tuchemsky L. I., Zlochevskaya K. V., Fisinin V. I., Gladkova G. V. Selection of meat chickens of the state breeding farm «Smena». Sergiev Posad, 2002. 308 p.
2. Breeding work in poultry farming / [Ya. S. Reuter et al.]. Ministry of Agriculture of the Russian Federation [and others]. Sergiev Posad: GNU VNITIP Rosselkhozakademii, 2011. 255 p.
3. Sermyagin A. A. Genomic evaluation of bulls for daughters' milk traits in Russian Black-and-White and Holstein cattle population through the validation procedure / A. A. Sermyagin, A. A. Belous, A. F. Conte, A. A. Filipchenko, A. N. Ermilov, I. N. Yanchukov, K. V. Plemyashov, G. Brem, N. A. Zinovieva // *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*, 2017, V. 52, № 6, P. 1148–1156. doi: 10.15389/agrobiology.2017.6.1148e.
4. Galpern I. L. Selection-genetic problems of development of egg and meat-type poultry production in XXI century / I. L. Galpern // *Genetika i razvedenie zhivotnyh*. № 3. 2015. P. 22–29.
5. Szwaczkowski T. Use of Mixed Model Methodology in Poultry Breeding: Estimation of Genetic Parameters / T. Szwaczkowski // *Book of Poultry genetics, breeding and biotechnology* / edited by W. M. Muir and S.E. Aggrey. CABI Publishing: Wallingford, 2003. P. 165–202.
6. Wezyk S., Jankowski J. Application of Mixed Model Methodology in Breeding Strategies for Meat-type Birds // *Book of Poultry genetics, breeding and biotechnology* / edited by W. M. Muir and S. E. Aggrey. CABI Publishing: Wallingford, 2003. P. 147–164.
7. Pribylova J. Analysis of selection program in meat poultry by means of Animal Model / J. Pribylova, J. Pribyl, Z. Soukupova, M. Tyller // *Zivocisna Vyroba*. — 1997. — № 42, P. (7): 289–292.
8. Misztal I. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production / I. Misztal, S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, D. H. Lee // *Montpellier, Communication*. — 2002. — No. 28–27. — V. 28. — P. 21–22.
9. Pankova S. N. Evaluation of birds breeding value using BLUP // *Materials of the XVIII International Conference of VNAP*. Sergiev Posad, 2015. P. 77–79.
10. Meuwissen T. H. Prediction of identity by descent probabilities from marker-haplotypes / T. H. Meuwissen, M. E. Goddard // *Genetics Selection Evolution: GSE* 33. — 2001. — P. 605–634.
11. Meuwissen, T. H., Hayes, B. J., and Goddard, M.E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps / T. H. Meuwissen, B. J. Hayes, M. E. Goddard // *Genetics*. — 2001. — № 157. — P. 1819–1829.
12. Yakovlev A. F. Evaluation of the genome in bird breeding / A. F. Yakovlev, N. V. Dement'eva // *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. — 2017. — № 21(7). — 770–777. doi: 10.18699/VJ17.298 (in Russian).
13. Chen C. Y. Genome-wide marker-assisted selection combining all pedigree phenotypic information with genotypic data in one step: An example using broiler chickens / C. Y. Chen, I. Misztal, I. Aguilar, S. Tsuruta, T. H. E. Meuwissen, S. E. Aggrey, T. Wing, W. M. Muir // *J. Anim. Sci.* — 2011. № 89. P. 23–28.
14. Legarra A., Aguilar I., Misztal I. Single Step Methods with a View towards Poultry Breeding // *Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*. 2014. 6 p.
15. Simeone R. Evaluation of the utility of diagonal elements of the genomic relationship matrix as a diagnostic tool to detect mislabeled genotyped animals in a broiler chicken population / R. Simeone, I. Misztal, I. Aguilar, A. Legarra // *J. Anim. Breed. Genet.* — 2011. — P. 1–8.
16. Lourenco D. A. L. Accuracy of estimated breeding values with genomic information on males, females, or both: an example on broiler chicken / D. A. L. Lourenco, B. O. Fragomeni, S. Tsuruta, I. Aguilar, B. Zumbach, R. J. Hawken, A. Legarra, I. Misztal // *Genetics Selection Evolution*. — 2015. — P. 47–56.
17. Groenen M. A. M., The development and characterization of a 60K SNP chip for chicken / M. A. M. Groenen, H.-J. Megens, Y. Zare, W. C. Warren, LaD. W. Hillier, R. P. M. A. Crooijmans, A. Vereijken, R. Okimoto, W. M. Muir, H. H. Cheng // *BMC Genomics*. — 2011. — № 12. — P. 274.
18. Dementeva N. V. Studying the structure of a gene pool population of the Russian white chicken breed by genome-wide SNP scan / N. V. Dementeva, M. N. Romanov, A. A. Kudinov, O. V. Mitrofanova, O. I. Stanishevskaya, V. P. Terletsky, E. S. Fedorova, E. V. Nikitkina, K. V. Plemyashov // *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*. — 2017. — V. 52. — № 6. — P. 1166–1174. doi: 10.15389/agrobiology.2017.6.1166eng.