

Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 2. С. 133-144.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2026. Vol. 109. No. 2. P. 133-144.

Научная статья

УДК. 636.5:575.1

doi: 10.33284/2658-3135-109-2-133

Ассоциация однонуклеотидной замены rs73924131 гена *INTS6* с мясной продуктивностью кур породы царскосельская

Ольга Юрьевна Баркова¹, Анастасия Ивановна Азовцева²

^{1,2}Всероссийский 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, Россия

¹barkoffws@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0963-905X>

²ase4ica15@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2963-378X>

Аннотация. Современное промышленное птицеводство достигло высокой продуктивности благодаря интенсивной генетической селекции мясных пород кур и использованию технологии полногеномных ассоциативных исследований (GWAS), которые позволяют выявлять генетические участки (QTL), связанные с ростом и массой тушки. В ходе таких исследований было обнаружено, что ген *INTS6* оказывает значительное влияние на массу курицы. Однако связь аллельных вариантов с массой тела остаются неизученными. Целью данной работы является ассоциативный анализ однонуклеотидной замены rs73924131 гена *INTS6* с массой тела кур породы царскосельская и анализ взаимосвязи между транскрипционной активностью данного гена в мышечной ткани с генотипом, массой тела и возрастом птиц. В результате работы выявлена достоверная ассоциация rs73924131 (A/G) гена *INTS6* у породы царскосельская с признаком масса птицы и достоверный эффект замещения аллелей AA-GG и AG-GG. Наибольшие показатели по массе тела наблюдались у кур с генотипами AA по мононуклеотидным заменам rs73924131 (A/G) гена *INTS6*. Установлена достоверная корреляция между уровнем экспрессии гена *INTS6* в грудной мышце и такими признаками как: живая масса, масса товарной тушки, масса голени, длина бедренной кости, обхват груди, глубина груди с помощью анализа корреляционных связей Спирмена.

Ключевые слова: сельскохозяйственная птица, *Gallus gallus domesticus*, уровень относительной экспрессии, *INTS6*, масса тела, анализ корреляционных связей Спирмена

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР на 2024-2026 гг. ВНИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им Л.К.Эрнста (№ 124020200114).

Для цитирования: Баркова О.Ю., Азовцева А.И. Ассоциация однонуклеотидной замены rs73924131 гена *INTS6* с мясной продуктивностью кур породы царскосельская // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 2. С. 133-144. [Barkova OYu, Azovtseva AI. Association of the single-nucleotide substitution rs73924131 of the *INTS6* gene with meat productivity in chickens of Tsarskosel'skaya breed. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(2):133-144. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-2-133>

Original article

Association of the single-nucleotide substitution rs73924131 of the *INTS6* gene with meat productivity in chickens of Tsarskosel'skaya breed

Olga Yu Barkova¹, Anastasia I Azovtseva²

^{1,2} Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the LK Ernst Federal Science Center for Animal Husbandry, Pushkin, Russia

¹barkoffws@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0963-905X>

²ase4ica15@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2963-378X>

Abstract. Modern industrial poultry farming has achieved high productivity due to intensive genetic selection of meat chicken breeds and the use of genome-wide association studies (GWAS), which enable the identification of genetic regions (QTLs) associated with growth and carcass weight. These studies revealed that the *INTS6* gene has a significant impact on chicken weight. However, the association of allelic variants with body weight remains unexplored. The aim of this study is to analyze the association of the single nucleotide substitution rs73924131 of the *INTS6* gene with body weight in chickens of Tsarskosel'skaya breed and to analyze the relationship between the transcriptional activity of this gene in muscle tissue and the genotype, body weight, and age of the birds. The study revealed a significant association between rs73924131 (A/G) of the *INTS6* gene and the bird weight trait in the Tsarskosel'skaya breed, as well as a significant substitution effect for the AA-GG and AG-GG alleles. The highest body weight indicators were observed in chickens with the AA genotype for mononucleotide substitutions of rs73924131 (A/G) of the *INTS6* gene. A significant correlation was established between the *INTS6* gene expression level in the pectoral muscle and such traits as live weight, marketable carcass weight, drumstick weight, femur length, chest girth, and chest depth using Spearman's correlation analysis.

Keywords: farm poultry, *Gallus gallus domesticus*, relative expression level, *INTS6*, body weight, Spearman's correlation analysis

Acknowledgments: the work was supported in accordance to the plan of research works for 2024-2026 RRIFAGB (No. 124020200114).

For citation: Barkova OYu, Azovtseva AI. Association of the single-nucleotide substitution rs73924131 of the *INTS6* gene with meat productivity in chickens of Tsarskosel'skaya breed. Animal Husbandry and Forage Production. 2026;109(2):133-144. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-2-133>

Введение.

Современное промышленное птицеводство, являясь ключевым поставщиком животного белка, достигло беспрецедентной эффективности во многом благодаря интенсивной генетической селекции кур мясных пород. За последние десятилетия селекционные программы, сфокусированные на таких количественных признаках, как скорость набора массы, конверсия корма и, в особенности, выход грудной мышцы, привели к созданию высокопродуктивных бройлерных кроссов (Hudson NJ et al., 2017; Li W et al., 2021). Учитывая, что признаки продуктивности, такие как вес грудной мышцы или общая масса тела, являются полигенными, их фенотипическая изменчивость в популяции определяется совокупным эффектом множества генетических локусов, каждый из которых вносит небольшой вклад, имеет смысл вести селекцию по мажорным каузальным QTL (локусам количественных признаков). Для расшифровки сложной генетической архитектуры этих количественных признаков традиционных подходов, основанных на анализе отдельных генов-кандидатов, уже недостаточно. В этом контексте полногеномные ассоциативные исследования (GWAS) стали мощнейшим инструментом (Visscher PM et al., 2017), а применение GWAS у кур мясных пород уже позволило идентифицировать множество локусов количественных признаков (QTL), связанных с ростом, весом тела и компонентным составом тушки (Visscher PM et al., 2017; Zhang H et al., 2020). Таким образом, интеграция данных GWAS с функциональным анализом ге-

нов-кандидатов является приоритетным направлением для обеспечения устойчивого генетического прогресса в мясном птицеводстве, поскольку углубляет понимание молекулярных механизмов, определяющих гипертрофию и гиперплазию мышечных волокон у птиц (Kim M et al., 2023) и открывает путь к разработке более точных инструментов геномной селекции (Genomic Selection), позволяющих прогнозировать племенную ценность животных с высокой точностью на ранних этапах онтогенеза (Meuwissen TH et al., 2016).

При проведении нескольких масштабных GWAS анализов была выявлена одна и та же мононуклеотидная замена в гене *INTS6*, достоверно оказывающая сильное влияние на признак масса курицы в разных возрастах и разных породных группах (Xie L et al., 2012; Abdalhag MA et al., 2015; Wang WH et al., 2019).

Субъединица 6 интеграторного комплекса (*INTS6*), ранее известная как ген *DICE1* (deleted in cancer cells 1), была впервые идентифицирована в хромосомном регионе 13q14 при немелкоклеточном раке легких (Wieland I et al., 1999). Поскольку этот регион поражен аллельными делециями во многих солидных опухолях, *INTS6* широко изучался как предполагаемый ген-супрессор опухолей у человека (Wieland I et al., 1999; Yin Z et al., 1999; Chen H et al., 2018). В последние два десятилетия сообщалось, что этот белок является одной из субъединиц интеграторного комплекса (INT), компонента транскрипционного механизма, опосредованного РНК-полимеразой II и участвующего в 3'-концевой обработке мРНК. В настоящее время общепринято, что основная роль *INTS6* в INT заключается в облегчении сборки протеинфосфатазы 2A (PP2A) в интеграторно-PP2A комплекса (INTAC), который способствует транскрипционному подавлению целевого гена (Shiozaki M et al., 2024).

Однако у кур функция этого гена не была изучена и не был проведен ассоциативный анализ аллельных вариантов гена *INTS6* на признаки массы курицы.

Цель исследования.

Изучить влияние гена-кандидата *INTS6* на массу тела кур породы царскосельская. Оценить связь транскрипционной активности в мышечной ткани в зависимости от генотипа, массы тела и возраста у кур породы царскосельская.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Курицы породы царскосельская.

Все эксперименты с животными проводили в соответствии с Хельсинкской декларацией 2013 года и были одобрены Комиссией по этике Российского научно-исследовательского института генетики и селекции сельскохозяйственных животных – филиала ФГБНУ ФНЦ животноводства им. Л.К. Эрнста (протокол № 2020-4 от 03.03.2020).

Схема эксперимента. Комплексные исследования были проведены на базе лаборатории молекулярной генетики Всероссийского научно-исследовательского института генетики и разведения сельскохозяйственных животных. Для проведения генотипирования использовано 157 кур породы царскосельская, содержащихся на базе биоресурсной коллекции ВНИИГРЖ «Генетическая коллекция редких исчезающих пород кур» (г. Пушкин, Санкт-Петербург, Россия). У вышеперечисленных кур отобрана кровь для выделения ДНК, измерена масса тела. Для выделения матричной РНК использованы свежие ткани грудной мышцы у 28 кур в возрасте 365 дней из 157 генотипированных, с контрастным проявлением признака масса тела и разными генотипами и у 25 кур – в возрасте 35 дней.

У исследуемой птицы были измерены масса тела, признаки экстерьера и интерьера. В возрасте 35 и 365 дней жизни кур проводили индивидуальный замер промеров тела с использованием измерительного метра (ГОСТ 7502-80). Измерялись следующие параметры в см: обхват груди, обхват плюсны, длина корпуса, длина корпус+шея, длина киля, длина бедра, длина голени, длина плюсны, глубина груди, ширина плеч, ширина таза, угол груди в градусах.

Взвешивание проводили на ручных электронных весах (WeiHeng S-45, Китай), класс точности высокий – II. Измерялись следующие параметры в г: масса абдоминального жира, живая масса, масса тушки товарной, масса бедра+голень, масса грудной мышцы, масса сердца, масса печени.

Дизайн праймеров для генотипирования мононуклеотидной замены rs73924131 гена *INTS6* проводился на основании информации базы данных сети интернет (www.nlm.ncbi.nih.gov) при помощи компьютерной программы PRIMER_3 (http://bioinfo.ut.ee/cgi-bin/primer3-0.4.0/primer3_results.cgi).

Выделение матричной РНК проводился с помощью набора реактивов выделения РНК на колонках набором «RNA solo» (Евроген, Россия).

Синтез кДНК. Синтез односторонней кДНК проводили при помощи обратной транскриптазы Mint (Евроген, Россия) тщательно следуя указаниям производителя. Реакцию проводили в объеме 20 мкл. В пробирку добавляли следующие компоненты: тотальная РНК 1-2 мкг; по 2 мкл специфического праймера (10 мкМ); 10 мкл воды для ПЦР. Смесь прогревали 2 мин при +70 °С и переносили образцы в лед. После чего добавляли 8 мкл предварительно подготовленной смеси: 4 мкл 5x MINT буфера, 2 мкл смеси dNTPs, 2 мкл DTT (20 мМ). В перемешанную смесь добавляли 2 мкл MINT-ревертазы и инкубировали 2 часа при +42 °С.

ПЦР в реальном времени. Анализ экспрессии РНК, полученных из свежих тканей грудной мышцы кур, проводили с помощью олигонуклеотидов-праймеров. Полученную смесь односторонней кДНК использовали для амплификации с использованием 5x реакционной смеси qPCRmix-HS SYBR (Евроген, Россия), предназначенной для ПЦР в реальном времени с интеркалирующим красителем SYBR Green I в соответствии с рекомендациями производителя. Компоненты реакции смешали в следующей последовательности: стерильная вода до 25 мкл; qPCRmix-HS SYBR 5 мкл 1X, ПЦР праймер по 0,4 мкМ, ДНК-матрица (1 мкл на реакцию).

Реакции проводили на амплификаторе в реальном времени CFX96 Touch (Bio-Rad, США) в следующем режиме: амплификация кДНК и детекция сигнала (40 циклов): +95 °С – 5 мин; +95 °С – 15 с; +59 °С – 15 с; +72 °С – 20 с (этап сбора данных). Для анализа экспрессии и были сконструированы следующие праймеры, в том числе и 8 референсных, на основании информации базы данных сети интернет (www.nlm.ncbi.nih.gov) при помощи компьютерной программы PRIMER_3 (http://bioinfo.ut.ee/cgi-bin/primer3-0.4.0/primer3_results.cgi).

1. *INTS6* F: CCATCGCAGATCCAATCAGGT; R: AGGTGACAGTTTTGAAGGTTAGAAT
2. *BETA ACTIN*: F: TTGGCGCTTGACTCAGGATT; R: CCCCCACATACTGGCACTTT
3. *GAPDH*: F: CTATCTTCCAGGAGCGTGACC; R: TTTCCCCACAGCCTTAGCAG
4. *MPPI*: F: GGCCAAGCACAGCTCAATTT; R: AGAGCGTTCTTGATGTGGCT
5. *TBPI*: F: TAGCCCGATGATGCCGTAT; R: GTTCCCTGTGTGCGCTTGC
6. *HMBS*: F: GGCTGGGAGAATCGCATAGG; R: TCCTGCAGGGCAGATACCAT
7. *ADA*: F: TATCAACACCGATGACCCCC; R: GCTGGACTGAGCTGCATTGA
8. *RPL52*: F: CTTGACTTCTCTCTTGGGTTTCT; R: AATATAACGCCTGATGGGATGG
9. *MRPS272*: F: CTCCTCAATGCGGTGACCT; R: ATCACCTGCAAGGCTCTATTT

В качестве реферативных генов из 8 генов домашнего хозяйства были отобран ген *ADA* и *GAPDH* поскольку его экспрессия имела близкое значение к уровню экспрессии изучаемых генов, что имеет существенное значение для получения достоверных результатов анализа уровня экспрессии.

Реакции ПЦР в реальном времени для каждого образца проводили в трех повторениях. Для последующих расчетов использовали среднее арифметическое значение. Расчет изменений экспрессии отдельных молекул РНК выполняли методом -2dCt (delta Cycle threshold).

Генотипирование. В работе использован 161 образец ДНК кур породы царскосельская. Для генотипирования кур по аллелям rs73924131 гена *INTS6* были применены аллелеспецифические праймеры с флуоресцентными зондами на основании информации баз данных сети Интернет (www.idtdna.com/page):

F: GATTGGTGATGGTGGTCCTT; R: AAAGGCGTCGGTGTATGTC;

Probe_G: TCACAAGTGGAGGAGTTTGTGGTC, краситель FAM;

Probe_A: TCACAAGTGGAGGAATTTGTGGTC, краситель R6G; гаситель BHQ-1.

Смесь для амплификации включала: 100 нг ДНК-матрицы, 12,5 мкл биомастера HS-qPCR (2x) (Биолабмикс, Россия), 11,2 мкл деионизированной воды и 0,2 мкл 10 мкМ раствора каждого праймера. Конечный объем реакционной смеси равен 25 мкл. Реакции проводили на амплификаторе в реальном времени CFX96 Touch (Bio-Rad, США) в следующем режиме: амплификация кДНК и детекция сигнала (40 циклов): + 95 °C – 5 мин; +95 °C – 15 с; +59 °C – 15 с; +72 °C – 20 с (этап сбора данных).

Оборудование и технические средства. Амплификатор в реальном времени CFX96 Touch (Bio-Rad, США).

Статистическая обработка. Статистическую обработку данных проводили в программе SIGMAPLOT 14 (SYSTAT Software), с применением ANOVA by ranks и критерия Крускала–Уоллиса, который предназначен для проверки равенства медиан нескольких выборок, при ненормальном распределении показателей признака. Анализ корреляционных связей уровня экспрессии с признаками интерьера и экстерьера кур проводили с помощью коэффициента Спирмена в статистической программе SIGMAPLOT 14.

Результаты исследования.

Анализ распределения частот генотипов по замене rs73924131 гена *INTS6* у кур породы царскосельская показал преобладание гетерозиготного генотипа AG. Частота аллеля G преобладала над A (табл. 1).

Таблица 1. Частота генотипов полиморфного варианта rs73924131 гена *INTS6* у кур породы царскосельская

Table 1. Genotype frequency of the polymorphic variant rs73924131 of the *INTS6* gene in chickens of Tsarskosel'skaya breed

Полиморфизм/ <i>Polymorphism</i>	Генотип/ <i>Genotype</i>	N	Частота генотипов/ <i>Genotype frequency</i>	Частота аллелей / <i>Allele frequency</i>	
rs73924131 гена <i>INTS6</i> / <i>rs73924131 of the INTS6 gene</i>	AG	81	0,516	A	0,398
	AA	22	0,140		
	GG	54	0,344	G	0,602

При статистической обработке получены достоверные различия по трем генотипам замены rs73924131 (A/G) гена *INTS6* у кур по признаку масса птицы ($P=0,01$) (табл. 2). При проведении дисперсионного анализа данных для расчета эффекта замещения аллелей маркера мононуклеотидной замены rs73924131 (A/G) было выявлено достоверное различие при замещении аллелей AA-GG 112,62 г ($P=0,012$) и AG-GG – 103,85 г ($P=0,01$) для признака «масса птицы» (табл. 2). Наибольшие показатели по массе тела наблюдались у кур с генотипом AA.

Таблица 2. Ассоциация rs73924131 гена *INTS6* с признаком масса птицы кур породы царскосельская

Table 2. Association of rs73924131 of the *INTS6* gene with the weight trait in chickens of Tsarskosel'skaya breed

Признак/ <i>Traits</i>	Гено- тип/ <i>Geno- type</i>	N	Среднее значение массы±ошибка среднего (г) / <i>Mean mass ± standard error (g)</i>	Медиана <i>/Median</i>	Стан- дарт- ное от- клоне- ние/ <i>Sta ndard devia- tion</i>	Эффект замеще- ния ал- лелей <i>/Allelic substitu- tion effect</i>	P
rs73924131 гена <i>INTS6</i> / <i>rs73924131 of the INTS6 gene</i>							
Масса птицы Holm- Sidak method P=0,010 / <i>Bird weight Holm-Sidak method P=0.010</i>	AG	81	1537,272±18,327	1493,00	164,94	AG-AA	0,819
	AA	22	1546,045±34,260	1502,00	160,69	AA-GG 112,62 г.	0,012
	GG	54	1433,426±20,396	1414,00	149,87	AG-GG 103,85г	0,01

Получены достоверные различия по трем генотипам замены rs73924131 (A/G) гена *INTS6* у кур для признаков: живая масса (P=0,038), масса тушки товарной (P<0,045), масса бедра и голени (P=0,014), масса грудной мышцы (P=0,029), масса печени (P=0,040). Для некоторых вышеперечисленных признаков получен достоверный эффект замещения аллелей AG/GG, AG/GG, AA/GG (табл. 3).

При проведении анализа экспрессии гена *INTS6*, в тканях грудной мышцы у 28 кур (365 дней) и 25 кур (35 дней) наибольший уровень экспрессии был зафиксирован для генотипа AA, а наименьший – для генотипа GG по среднему значению признака, по медиане наименьшими были гетерозиготные особи в обоих возрастных группах. (табл. 4). Слишком разные значения уровней экспрессии в исследуемых образцах дали высокую ошибку среднего и стандартного отклонений. Недостоверные данные подтверждаются фенотипом особей, поскольку куры с генотипом AA и AG имели наибольшую массу тела по сравнению с гомозиготами GG в выборке 28 кур (365 дней) и выборке 157 кур (89 дней) (табл. 4, 5). Данные уровня экспрессии положительно согласовывались с результатами оценки фенотипа, где куры с генотипом AA имели более высокие показатели по массе тела (табл. 2, 3). Куры с генотипом AA в 35 дней также имели наибольшую экспрессию по среднему значению признака в сравнении с гетерозиготами AG и гомозиготами GG (табл. 4). При сравнении уровня экспрессии кур в 35 дней и 365 дней, вторые имели более высокий уровень экспрессии у кур с генотипом AA, гетерозиготы AG и гомозиготы GG в обеих группах отличались незначительно. При сравнении уровня экспрессии в разных возрастных группах (35 и 365 дней) установлена повышенная экспрессия в группе птиц в возрасте 365 дней, где птицы с генотипом AA имели в 2,7 раз и с генотипом AG – в 3,683 раза выше уровень экспрессии (по среднему значению признака), с генотипом GG – в 2,33 раза, чем птицы с теми же генотипами в возрасте 35 дней.

Таблица 3. Ассоциация rs73924131 гена *INTS6* с признаками птицы кур породы царскосельская
 Table 3. Association of rs73924131 of the *INTS6* gene with traits in chickens of Tsarskosel'skaya breed

Признак /Traits	Генотип/ Geno- type	N	Среднее значение массы±ошибка среднего (г)/ Mean mass ± standard error (g)	Медиа на / Median	Стандартное отклонение / Standard deviation	Эффект замещения аллелей (г)/ Allelic substitution effect (g)	P
Масса абдоминально го жира, г P=0,184/ <i>Abdominal fat weight, g P=0.184</i>	AA	4	182,00±29,33	160,25	92,754	GG-AA.	0,16
	GG	10	162,75±14,98	161,00	29,968	AG-GG	0,04
	AG	15	259,91±38,03	263,50	142,30	AG-AA	0,25
Живая масса, г P=0,038/ <i>Live weight, g P=0.038</i>	AA	4	2788,50±76,68	2790,00	242,49	GG-AA.	0,17
	GG	10	2496,25±159,79	2515,00	319,59	AG-GG	0,04
	AG	15	3012,86±110,12	2992,50	412,03	AG-AA	0,25
Масса тушки товарной, г P=0,045/ <i>Marketable carcass weight, g P=0.045</i>	AA	4	1587,70 ±37,76	1448,00	119,42	AG-GG	0,06
	GG	10	1439,50±91,48	1195,00	182,96	AG-AA	0,17
	AG	15	1684,57±57,72	1307,00	215,98	AA-GG	0,19
Масса бедр+голень, г P=0,014/ <i>Thigh and lower leg weight, g P=0.014</i>	AA	4	267,44±6,905	267,00	20,71	AA-GG	0,01
	GG	10	221,25±11,15	215,50	22,31	AG-AA	0,04
	AG	15	277,33±9,63	273,00	37,29	AG-GG	0,46
Масса грудной мышцы, г P=0,029/ <i>Pectoral muscle weight, g P=0.029</i>	AA	4	337,20±11,15	334,00	35,27	AG-GG	0,02
	GG	10	288,62±19,81	285,25	39,62	AG-AA	0,38
	AG	15	277,33±9,63	348,500	37,29	AA-GG.	0,08
Масса сердца, г P=0,699/ <i>Heart weight, g P=0.699</i>	AA	4	13,62±0,48	13,350	1,53	AG-GG	0,55
	GG	10	12,88±1,14	12,700	2,28	AG-AA	0,86
	AG	15	13,75± 0,49	13,020	1,85	AA-GG.	0,48
Масса печени, г P=0,040/ <i>Liver weight, g P=0.040</i>	AA	4	50,27± 2,37	50,305	7,48	AG-GG	1,00
	GG	10	40,17±2,53	41,150	5,05	AG-AA	0,03
	AG	15	55,73±4,01	51,875	15,02	AA-GG	0,16

Таблица 4. Различия уровня экспрессии кур с генотипами замен rs73924131 гена *INTS6* в тканях грудной мышцы у кур породы царскосельская в возрасте 35 дней и 365 дней
Table 4. Differences in the expression level of chickens with genotypes of rs73924131 substitutions of the *INTS6* gene in the tissues of the pectoral muscle in chickens of Tsarskosel'skaya breed at the age of 35 days and 365 days

Генотип/ <i>Genotype</i>	N	Среднее значение уровня экспрессии $\pm$ ошибка среднего, усл. ед. / <i>Mean expression level $\pm$ standard error, con. u.</i>	Стандартное отклонение/ <i>Standard deviation</i>	Медиана/ <i>Median</i>	P
Уровень экспрессии гена <i>INTS</i> 6 кур в 365 дней/ <i>The expression level of the INTS6 gene in chickens at 365 days</i>					
AG	14	2,00 $\pm$ 1,16	3,67	0,80	0,88
GG	10	0,80 $\pm$ 0,21	0,10	0,86	
AA	4	10,88 $\pm$ 2,90	3,80	5,64	
Уровень экспрессии гена <i>INTS</i> 6 кур в 35 дней/ <i>The expression level of the INTS6 gene in chickens at 35 days</i>					
AG	12	0,54 $\pm$ 0,26	0,66	0,30	0,64
GG	8	0,34 $\pm$ 0,32	0,46	0,34	
AA	5	4.00 $\pm$ 2.60	6.88	0.50	

При проведении анализа корреляционных связей зависимости между уровнем экспрессии гена *INTS6* в мышечной ткани и признаками продуктивности кур установлена достоверная слабая положительная направленность связи с признаками живая масса, масса тушки без крови, масса тушки товарной без шеи, масса кости голени у кур в возрасте 365 дней (табл. 5). При анализе корреляционных связей уровня относительной экспрессии гена *INTS6* с признаками экстерьера кур в возрасте 365 дней получена средняя положительная корреляция на достоверном уровне для признаков: обхват груди, глубина груди и ширина таза (табл. 6). В группе 35-дневных птиц была получена положительная достоверная корреляция с признаками: масса желудка мышечного, масса желудка железистого, масса голени, длина бедренной кости, масса зоба, обхват груди, глубина груди (табл. 5, 6).

Таблица 5. Анализ корреляционных связей уровня относительной экспрессии гена *INTS6* с признаками кур породы царскосельская
Table 5. Analysis of correlations between the level of relative expression of the *INTS6* gene and the traits in chickens of Tsarskosel'skaya breed

Признаки / <i>Traits</i>	Экспрессия в 35 дней / <i>Expression in 35 days</i>		Экспрессия в 365 дней / <i>Expression in 365 days</i>	
	R, Спирмена / <i>R, Spearman</i>	P	R, Спирмена / <i>R, Spearman</i>	P
1	2	3	4	5
Живая масса, г / <i>Live weight, g</i>	0,09	0,67	0,31	0,02
Масса тушки товарной, г / <i>Marketable carcass weight, g</i>	0,10	0,64	0,25	0,07
Масса сердца, г / <i>Heart weight, g</i>	0,13	0,54	0,12	0,54
Масса печени, г / <i>Liver weight, g</i>	0,13	0,55	0,13	0,44
Масса селезенки, г / <i>Spleen weight, g</i>	-0,13	0,54	-0,21	0,28

Продолжение таблицы 5

1	2	3	4	5
Масса желудка железистого, г/ <i>Weight of glandular stomach, g</i>	0,34	0,11	-0,15	0,44
Масса желудка мышечного, г / <i>Weight of muscular stomach, g</i>	0,43	0,03	-0,33	0,08
Масса бедра+голень, г / <i>Weight of thigh and lower leg, g</i>	0,21	0,33	0,09	0,64
Масса шеи, г / <i>Neck weight, g</i>	0,195	0,36	0,30	0,11
Масса бедра, г / <i>Thigh weight, g</i>	0,170	0,43	0,07	0,70
Масса голени, г / <i>Weight of lower leg, g</i>	0,319	0,03	0,01	0,94
Масса грудной мышцы, г/ <i>Pectoral muscle weight, g</i>	0,136	0,53	0,10	0,56
Масса кости бедренной, г / <i>Femur bone weight, g</i>	0,179	0,40	-0,13	0,52
Масса кости голени, г / <i>Weight of tibia bone, g</i>	0,104	0,63	-0,36	0,05
Масса плюсны в сборе, г / <i>Weight of the metatarsus assembly, g</i>	0,116	0,59	0,09	0,63
Масса грудной кости, г / <i>Weight of sternum, g</i>	0,145	0,50	-0,07	0,72
Длина бедренной кости, см / <i>Femur length, cm</i>	0,355	0,03	0,15	0,43
Длина кости голени, см / <i>Length of the tibia bone, cm</i>	0,080	0,68	0,18	0,36
Длина кости плюсны, см / <i>Length of metatarsal bone, cm</i>	0,019	0,92	0,13	0,50
Длина киля, см / <i>Sternum length, cm</i>	0,039	0,85	0,19	0,33
Масса зоба, г / <i>Goiter weight, g</i>	0,371	0,49	0,22	0,25
Масса абдоминального жира, г / <i>Abdominal fat weight, g</i>	Нет жира у птиц / <i>Birds have no fat</i>		0,25	0,19

Таблица 6. Анализ корреляционных связей уровня относительной экспрессии гена *INTS6* с признаками экстерьера кур породы царскосельскаяTable 6. Analysis of correlations between the level of relative expression of the *INTS6* gene and the exterior traits in chickens of Tsarskosel'skaya breed

Признаки / <i>Traits</i>	Экспрессия в 35 дней / <i>Expression in 35 days</i>		Экспрессия в 365 дней / <i>Expression in 365 days</i>	
	R, Спирмена / <i>R, Spearman</i>	P	R, Спирмена / <i>R, Spearman</i>	P
1	2	3	4	5
Обхват груди, см / <i>Chest circumference, cm</i>	0,31	0,01	0,54	0,003
Обхват голени, см / <i>Shin circumference, cm</i>	-0,12	0,40	0,20	0,62
Длина корпуса, см / <i>Body length, cm</i>	0,07	0,74	0,10	0,61
Косая длина туловища, см / <i>Oblique body length, cm</i>	0,21	0,32	0,20	0,30
Длина киля, см / <i>Sternum length, cm</i>	0,39	0,85	0,26	0,17

Продолжение таблицы 6

1	2	3	4	5
Длина бедра, см/ <i>Thigh length, cm</i>	0,35	0,09	0,15	0,43
Длина голени, см / <i>Shin length, cm</i>	0,08	0,70	0,15	0,44
Длина плюсны, см / <i>Metatarsus length, cm</i>	0,01	0,94	0,06	0,74
Обхват плюсны, мм / <i>Metatarsal circumference, mm</i>	0,14	0,50	0,17	0,38
Плюсна, мм/ <i>Metatarsus, mm</i>	0,36	0,08	0,11	0,57
Глубина груди, см / <i>Chest depth, cm</i>	0,39	0,01	0,36	0,05
Ширина плеча, см / <i>Shoulder width, cm</i>	0,15	0,51	0,19	0,33
Ширина таза, см / <i>Pelvis width, cm</i>	0,22	0,31	0,34	0,07
Угол груди / <i>Chest angle</i>	-0,12	0,58	0,11	0,59
Масса абдоминального жира, г/ <i>Abdominal fat weight, g</i>	Нет жира у птиц / <i>Birds have no fat</i>		-0,24	0,21

Обсуждение полученных результатов.

В настоящем исследовании была выявлена достоверная ассоциация однонуклеотидной замены rs73924131 (A/G) в гене *INTS6* с массой тела у кур породы царскосельская. Установлено, что генотип AA по данному полиморфизму коррелирует с наибольшими показателями живой массы и интенсивности роста. Эти данные подтверждаются результатами анализа экспрессии: у птиц с генотипом AA зафиксирован максимальный уровень мРНК *INTS6* в грудной мышце в возрасте 35 и 365 дней.

Ген *INTS6* (Integrator complex subunit 6) кодирует одну из ключевых субъединиц интеграторного комплекса – эволюционно консервативного мультибелкового аппарата, ассоциированного с С-концевым доменом (CTD) РНК-полимеразы II. Основная биологическая роль этого комплекса заключается в терминеции транскрипции в промотор-проксимальной области генов, а также в процессинге 3'-конца малых ядерных РНК (snRNA) (Fianu I et al., 2024). Современные исследования показывают, что субъединица *INTS6* играет критическую роль в «настройке» эффективности терминеции транскрипции. В частности, *INTS6* взаимодействует с фосфатазным модулем (PP2A), обеспечивая дефосфорилирование РНК-полимеразы II, что необходимо для своевременной остановки транскрипции и предотвращения образования нефункциональных РНК-продуктов (Fujiwara R et al., 2023). В контексте мышечного роста это может означать, что высокий уровень экспрессии *INTS6* (как у генотипа AA) способствует более эффективному контролю транскрипционного цикла в миоцитах, оптимизируя синтез белков, необходимых для гипертрофии мышечных волокон.

Ассоциация *INTS6* с массой тела у кур ранее отмечалась в ряде полногеномных исследований (GWAS). Wang W с соавторами (2019) идентифицировали *INTS6* как один из наиболее значимых локусов, влияющих на динамику роста у кур породы Jinghai Yellow (Wang W et al., 2019). Аналогичные данные были получены и у других ученых, которые подчеркнули, что полиморфизмы в этом гене могут служить надежными маркерами для селекции по массе тела (Xie L et al., 2012; Abdalhag M et al., 2015).

Биологическое влияние *INTS6* на массу тела может быть реализовано через регуляцию клеточного цикла. Известно, что *INTS6* участвует в контроле перехода клеток из фазы G1 в S-фазу. Снижение экспрессии этого гена часто приводит к приостановке клеточного цикла, что в случае мышечной ткани может ограничивать пролиферацию клеток-сателлитов и, как следствие, замедлять регенерацию и рост мышц (Yonezawa S et al., 2025). Таким образом, зафиксированный нами высокий уровень экспрессии *INTS6* у кур с генотипом AA может обеспечивать более интенсивную пролиферацию миогенных клеток, что выражается в увеличении обхвата и глубины груди, а также общей массы тушки.

Установленная нами положительная корреляция уровня экспрессии *INTS6* с массой костей голени и длиной бедренной кости у 35-дневных цыплят указывает на участие этого гена не только

в миогенезе, но и возможно, в остеогенезе. Это согласуется с данными о том, что интеграторный комплекс необходим для нормального эмбрионального развития и формирования скелета у позвоночных (Kapp LD et al., 2013).

Средняя положительная корреляция с промерами груди (обхват, глубина) и шириной таза у взрослых кур (365 дней) подтверждает, что влияние гена сохраняется на протяжении всей жизни птицы, определяя ее экстерьерные особенности и мясную продуктивность. Тот факт, что экспрессия *INTS6* положительно коррелирует с массой внутренних органов (желудок, зоб) у молодняка, может свидетельствовать об общем стимулирующем влиянии гена на развитие висцеральных систем, обеспечивающих эффективное усвоение питательных веществ и быстрый метаболизм.

Заключение.

Результаты исследования позволяют рассматривать полиморфизм rs73924131 гена *INTS6* как функционально значимый маркер. Преимущество генотипа AA по показателям массы и уровню экспрессии делает его приоритетным объектом для маркер-ассоциированной селекции (MAS) в мясном птицеводстве. Внедрение генотипирования по данному локусу в селекционные программы породы царскосельская позволит проводить ранний отбор наиболее продуктивных особей, что существенно повысит экономическую эффективность разведения.

Список источников / References

1. Abdalhag MA, Zhang T, Fan QC, Zhang XQ, Zhang GX, Wang JY, Wei Y, Wang YJ. Single nucleotide polymorphisms associated with growth traits in Jinghai yellow chickens. *Genet Mol Res.* 2015;14(4):16169-16177. doi: 10.4238/2015.December.8.6
2. Chen H, Shen H X, Lin YW, Mao Y Q, Liu B, Xie L P. Small RNA-induced *INTS6* gene up-regulation suppresses castration-resistant prostate cancer cells by regulating β -catenin signaling. *Cell cycle (Georgetown, Tex.)*. 2018;17(13): 1602-1613. doi: 10.1080/15384101.2018.1475825
3. Fianu I, Ochmann M, Walshe JL, Dybkov O, Cruz JN, Urlaub H, Cramer P. Structural basis of Integrator-dependent RNA polymerase II termination. *Nature*. 2024;629(8010):219-227. doi: 10.1038/s41586-024-07269-4
4. Fujiwara R, Zhai SN, Liang D, Shah AP, Tracey M, Ma XK, Fields CJ, Mendoza-Figueroa MS, Meline MC, Tatomer DC, Yang L, Wilusz JE. *IntS6* and the Integrator phosphatase module tune the efficiency of select premature transcription termination events. *Mol Cell*. 2023;83(24):4445-4460.e7. doi: 10.1016/j.molcel.2023.10.035
5. Hudson NJ, Hawken RJ, Okimoto R, Sapp RL, Reverter A. Data compression can discriminate broilers by selection line, detect haplotypes, and estimate genetic potential for complex phenotypes. *Poult Sci.* 2017;96(9):3031-3038. doi: 10.3382/ps/pex151
6. Kapp LD, Abrams EW, Marlow FL, Mullins MC. The integrator complex subunit 6 (*Ints6*) confines the dorsal organizer in vertebrate embryogenesis. *PLoS Genet.* 2013;9(10):e1003822. doi: 10.1371/journal.pgen.1003822
7. Kim M, Cho E, Munyaneza JP, et al. Genome-wide association study for the free amino acid and nucleotide components of breast meat in an F₂ crossbred chicken population. *J Anim Sci Technol.* 2023;65(1):57-68. doi: 10.5187/jast.2022.e96
8. Li W, Zheng M, Zhao G, Wang J, Liu J, Wang S, Feng F, Liu D, Zhu D, Li Q, Guo L, Guo Y, Liu R, Wen J. Identification of QTL regions and candidate genes for growth and feed efficiency in broilers. *Genet Sel Evol.* 2021;53(1):13. doi: 10.1186/s12711-021-00608-3
9. Meuwissen THE, Hayes B J, Goddard M E. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers.* 2016;6(1):6-14. doi: 10.2527/af.2016-0002

10. Shiozaki M, Kanno K, Yonezawa S, Otani Y, Shigenobu Y, Haratake D, Murakami E, Oka S, Ito M. Integrator complex subunit 6 promotes hepatocellular steatosis via β -catenin-PPAR γ axis. *Biochim Biophys Acta Mol Cell Biol Lipids*. 2024;1869(7):159532. doi: 10.1016/j.bbalip.2024.159532
11. Visscher PM, Wray N R, Zhang Q, Sklar P, McCarthy M I, Brown M A, Yang J. 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation. *The American Journal of Human Genetics*. 2017;101(1):5-22. doi: 10.1016/j.ajhg.2017.06.005
12. Wang WH, Wang JY, Zhang T, Wang Y, Zhang Y, Han K. Genome-wide association study of growth traits in Jinghai Yellow chicken hens using SLAF-seq technology. *Anim Genet*. 2019;50(2):175-176. doi: 10.1111/age.12346
13. Wieland I, Arden KC, Michels DI, Klein-Hitpass L, Böhm M, Viars CS, Weidle UH. Isolation of DICE1: a gene frequently affected by LOH and downregulated in lung carcinomas. *Oncogene*. 1999;18(32):4530-4537. doi: 10.1038/sj.onc.1202806
14. Xie L, Luo C, Zhang C, Zhang R, Tang J, Nie Q, Ma L, Hu X, Li N, Da Y, Zhang X. Genome-wide association study identified a narrow chromosome 1 region associated with chicken growth traits. *PLoS One*. 2012;7(2):e30910. doi: 10.1371/journal.pone.0030910
15. Yin Z, Spitz MR, Babaian RJ, et al. Limiting the location of a putative human prostate cancer tumor suppressor gene at chromosome 13q14.3. *Oncogene*. 1999;18(52):7576-7583. doi: 10.1038/sj.onc.1203203
16. Yonezawa S, Kanno K, Shiozaki M, Sugiyama M, Ito M. Integrator complex subunit 6 regulates biological nature of hepatocellular carcinoma by modulating epithelial-mesenchymal transition. *Curr Issues Mol Biol*. 2025;47(9):733. doi: 10.3390/cimb47090733
17. Zhang H, Shen LY, Xu ZC, et al. Haplotype-based genome-wide association studies for carcass and growth traits in chicken. *Poult Sci*. 2020;99(5):2349-2361. doi: 10.1016/j.psj.2020.01.009

Информация об авторах:

Ольга Юрьевна Баркова, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных - филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196601, г. Санкт-Петербург, г. Пушкин, Московское шоссе, д. 55а, тел.: 89646116482.

Анастасия Ивановна Азовцева, аспирант, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных - филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196601, г. Санкт-Петербург, г. Пушкин, Московское шоссе, д. 55а, тел.: 89817288692.

Information about the authors:

Olga Yu Barkova, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher at the Laboratory of Molecular Genetics, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, St. Petersburg, Pushkin, Moskovskoe shosse, 55a, 196601, tel.: 89646116482.

Anastasia I Azovtseva, postgraduate student, Junior Researcher at the Laboratory of Molecular Genetics, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, St. Petersburg, Pushkin, Moskovskoe shosse, 55a, 196601, tel.: 89817288692.

Статья поступила в редакцию 13.02.2026; одобрена после рецензирования 20.04.2026; принята к публикации 15.06.2026.

The article was submitted 13.02.2026; approved after reviewing 20.04.2026; accepted for publication 15.06.2026.