



# Дивергенция пород кур, основанная на полногеномной информации

**Дементьева Наталья Викторовна**

*dementevan@mail.ru*

*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» (ВНИИГРЖ)*

**Данное исследование выполнено в рамках ГЗ FGGN-2024-0015**



# «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур»

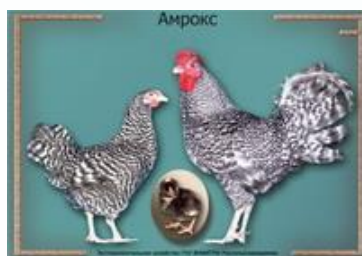
## Отечественные породы кур





# «Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур»

## Зарубежные породы кур



# Система хранения образцов

## Использование FreezerPro для каталогизации образцов



Главная страница | Box 1 | Типы образцов | Все Образцы | Все группы образцов | Все Коробки | Все Источники Образцов

Холодильники и коробки | Действия | Поиск: Для поиска введите минимум два символа.

123 | 12345 | Freezer 1 | Холодильник 1 | Полка 1 | Стеллаж 1 | Ряд 1 | **Box 1** | Box 2 | Box 3 | Box 4 | Box 5 | Box 6 | Box 7 | Ряд 2 | Ряд 3 | Ряд 4

Образцы, группы и источники | Отчеты и аудит | Установки и настройки

LV2006483458 ID: 74

Изменить коробку

Название коробки:

Описание:

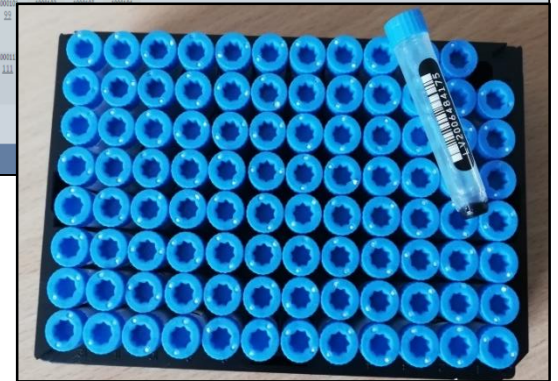
Тип коробки: 96 (12 x 8) Well Plate

Штриховой код:

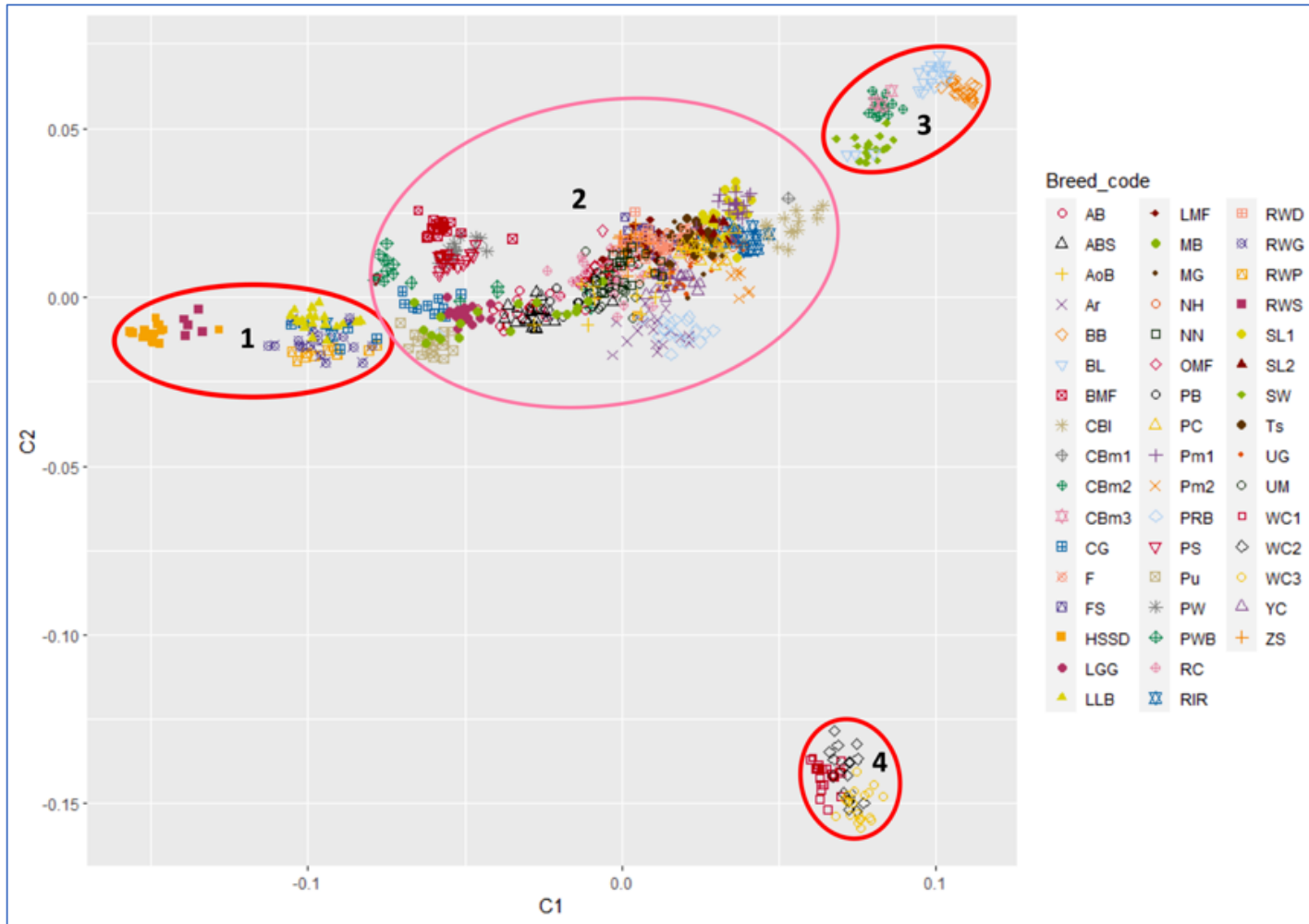
Сохранить | Отмена

96 пробирок в 96 ячейках

-> Холодильник 1 > Полка 1 > Стеллаж 1 > Ряд 1 > Box 1

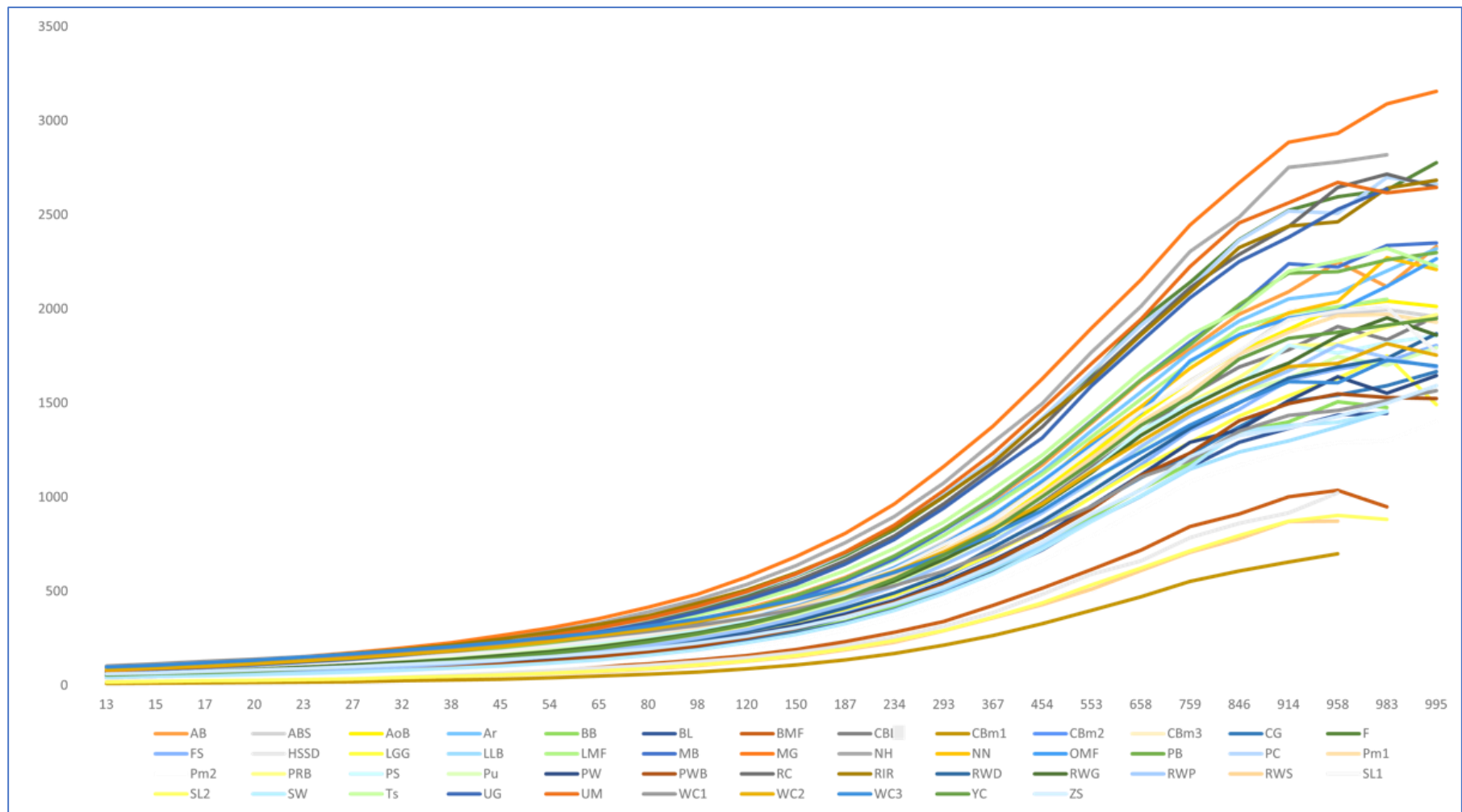


# Полногеномная кластеризация популяций методом многомерного масштабирования (MDS) в 49 породах и субпопуляциях



1. Европейские куры яичного типа и родственные породы легкого типа: RWG, RWS, RWP, LLB, CG и HSSD.
2. Породы мясояичного типа или близкие к ним.
3. Азиатские породы (субпопуляции): BL, BB, CBm2, CBm3 и SW.
4. Куры европейского тяжелого типа (т.е. мясного типа), относящиеся к WC (субпопуляции WC1, WC2 и WC3), образующие четвертый кластер в правом нижнем углу.

# Эффективная численность поголовья во всех 49 популяциях кур





# Заключение

---

**Для планирования стратегии разведения, а также для сохранения пород (особенно редких и мелких) мы рекомендуем использовать SNP-сканирование и кластерный анализ для сравнения их тонкой структуры, гомозиготности и примесей с целью выявления связей между ними и важных событий в демографической истории.**



**Спасибо  
за внимание!**

**Выражаю благодарность  
коллегам, участвующим в этом  
исследовании : Щербакову Ю.С.,  
Азовцевой А.И., Рябовой А.Е.,  
Дысину А.П.**