

УДК 575.174.4

Аспекты изучения доместикиции и селекции пород кур

Рябова А.Е.¹, Азовцева А.И.¹,
Дементьева Н.В.¹, Денискова Т.Е.²

¹ ВНИИГРЖ — филиал ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,
Санкт-Петербург, Россия

² ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,
Московская обл. Россия

Аннотация. Современные исследования генетического разнообразия домашних кур (*Gallus gallus domesticus*) имеют ключевое значение для понимания процессов доместикиции и селекции пород кур для сохранения генетического разнообразия вида. В обзоре рассмотрены современные молекулярные подходы к изучению доместикиции и селекции сельскохозяйственных пород кур, основанные на анализе генетического разнообразия с помощью анонимных и микросателлитных маркеров, а также изменчивости однонуклеотидных полиморфизмов в ядерном и митохондриальном геноме. Особое внимание уделено применению молекулярно-генетических подходов, включая использование современных методов оценки биоразнообразия с помощью биоинформационного статистического анализа данных, таких как расчет пробега гомозиготности (ROH), кластерный анализ (Admixture), анализ главных компонент (PCA) и построение филогенетического дерева. Также рассмотрены методы анализа однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), используемые для выявления структуры популяций и уровня внутривидовой изменчивости у кур различных пород. Сведения о генетическом разнообразии и особенностях генома кур, полученные благодаря этим подходам, позволят оптимизировать программы селекции и сформировать основу стратегии сохранения уникальных генетических ресурсов в области птицеводства.

Ключевые слова: доместикиция, селекция, генетическое разнообразие, кластерный анализ Admixture, SNP

Для цитирования: Рябова А.Е., Азовцева А.И., Дементьева Н.В., Денискова Т.Е. Аспекты изучения доместикиции и селекции пород кур // Успехи наук о животных. 2025. № 4. С. 32—45. doi: 10.25687/3034-493X.2025.5.4.003

Aspects of studying domestication and selection of chicken breeds

A.E. Ryabova¹, A.I. Azovtseva¹,
N.V. Dementieva¹, T.E. Deniskova²

¹ All-Russian Research Institute of Genetics and Farm Animal
Breeding, Branch of L.K. Ernst Federal Research Center for
Animal Husbandry
Saint Petersburg, Russia

² L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry
Moscow Region, Russia

Abstract. Modern research on the genetic diversity of domestic hens (*Gallus gallus domesticus*) is key to understanding the processes of domestication and selection in poultry breeds for preserving the genetic diversity of the species. The review examined modern molecular approaches to study domestication and selective breeding of chickens based on the analysis of genetic diversity using anonymous and microsatellite markers, as well as the variability of single nucleotide polymorphisms in nuclear and mitochondrial genome. Special attention is given to the application of molecular-genetic approaches used to identify population structure and to address the level of intraspecific variability in chickens of different breeds. In addition, this review summarizes modern methods for statistical processing of bioinformatic data, such as the runs of homozygosity (ROH), cluster analysis (Admixture), Principal Component Analysis (PCA) and phylogenetic tree construction and other methods of analysis of single nucleotide polymorphisms (SNP) for biodiversity assessment. Knowledge of the genetic diversity and characteristics of the chicken genome obtained through these approaches will optimize breeding programs and create the base for a strategy to conserve unique poultry genetic resources.

Keywords: domestication, selection, genetic diversity, Admixture cluster analysis, SNP

For citation: Ryabova AE, Azovtseva AI, Dementieva NV, Deniskova TE. Aspects of studying domestication and selection of chicken breeds. Ernst Journal of Animal Science. 2025. 4: 32—45. Russian. doi: 10.25687/3034-493X.2025.5.4.003

Введение. Происходящее повсеместно сокращение биоразнообразия захватывает все виды живых организмов как на территории России, так и за рубежом. Настоящая тенденция обусловлена интенсивным использованием высокопродуктивных пород, составляющих меньшинство от мирового породного разнообразия, что приводит к сокращению численности автохтонных пород. Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста активно разрабатывает научно обоснованные стратегии сохранения местных популяций сельскохозяйственных животных. Программы сохранения включают генетический мониторинг с использованием новейших молекулярно-генетических методов, включающих анализ существующих популяций, а также музейных и архивных образцов [1].

Среди всего многообразия сельскохозяйственных животных куры являются самым распространенным видом. Породное разнообразие этого вида обусловлено искусственным отбором, направленным как на закрепление бойцовских или декоративных признаков, так и на увеличение производства животноводческой продукции. В связи с этим изучение генома кур является одним из ключевых инструментов для изучения генетической изменчивости в различных популяциях.

Развитие ДНК-технологий открыло широкий спектр методов детальной оценки особенностей генетического разнообразия домашней курицы (*Gallus gallus domesticus*). Внедрение таких технологий, как секвенирование и генотипирование с использованием ДНК-микрочипов позволило устанавливать породоспецифические генетические детерминанты.

Настоящий обзор направлен на объединение и анализ информации по изучению генетической изменчивости генома кур, что является необходимым шагом для сохранения биоразнообразия вида.

Исторические предпосылки процессов породообразования. Разнообразие пород кур в наше время задает направление для изучения вопросов о происхождении сельскохозяйственной птицы. В ходе исторического развития под воздействием факторов окружающей среды происходили изменения генофонда вида *Gallus gallus domesticus*. Под воздействием антропогенных факторов центры одомашнивания возникали повсеместно, что привело к образованию отдельных популяций и пород [2, 3]. Со временем процессы доместикиции приобрели направленный характер, который был ориентирован на удовлетворение потребностей человека в питательных веществах. Это стадо предпосылкой к образованию пород различных направлений продуктивности. Мясное направление, наравне с яичным, стало одним из первых, так как основной проблемой на ранних этапах развития человечества являлось добывание пищи [4]. Впоследствии для повышения экономической эффективности за счет снижения затрат на содержание двух разных направлений продуктивности был сформирован мясо-яичный тип кур в качестве недорогого источника белка. С улучшением условий жизни появились разнообразные направления продуктивности. Среди них можно отметить декоративное направление, объединяющее как уникальные вариации оперения, так и продолжительность и качество пения петухов. Позже возникло и бойцовое направление, представители которого разводились не для получения продуктов питания, а для использования в петушиных боях. Таким образом, искусственный отбор привел к дивергенции первоначально близких групп птиц, что повлекло за собой увеличение генетических расстояний между географически удаленными породами [5]. Межпородное скрещивание, в свою очередь, увеличило фенотипическое разнообразие новых популяций [6]. Благодаря селекции по хозяйственно-полезным признакам произошло увеличение числа пород кур, что привело к формированию значительных генетических различий между популяциями. Кроме того, расширение ареала домашних кур способствовало расхождению их адаптационных особенностей в зависимости от

климатических условий [7]. В настоящее время сокращение популяций сельскохозяйственной птицы вызывает серьезные опасения, поскольку инбридинг и/или дрейф генов способны привести к снижению жизнеспособности кур и значительному сокращению генетического разнообразия [8, 9]. В результате интенсификации отрасли птицеводства в последние десятилетия происходит вытеснение генофонда местных пород, что влечет за собой утрату ценных полиморфизмов, которые являются источником генетического материала для улучшения коммерческих линий [10, 11]. Рациональное управление процессами отбора сельскохозяйственных животных позволит не только решить вопросы продовольственной безопасности, но и расширить генетический потенциал пород. На фоне этого возрастает актуальность изучения генома сельскохозяйственной птицы.

Современные методы генотипирования открыли возможность для проведения детальной оценки изменчивости и изучения проблемы генетического разнообразия и результатов селекции на молекулярном уровне [12]. Генетическая оценка современных автохтонных пород позволит идентифицировать уникальные участки генома, обнаруживая новые молекулярно-генетические маркеры, способствующие сохранению генетического разнообразия и развитию птицеводства в целом. Эти исследования необходимы для прогнозирования селекционного эффекта и понимания особенностей пород и адаптационных механизмов [13].

Gallus gallus (*Gallus bankiva*) принято считать основным предком современных популяций кур, однако степень родства с дикими подвидами птиц остается открытым вопросом [14]. Основной проблемой изучения филогении кур является широкий ареал их обитания и многочисленность пород. Большинство современных исследований сосредоточены на изучении местных популяций или коммерческих пород [15, 16], но для полного понимания механизмов доместикации необходимо изучение особенностей генома как диких предков, так и одомашненных популяций красной джунглевой курицы.

Молекулярные подходы к оценке генетического разнообразия. Генетическое разнообразие играет главную роль в выживании как индивидуумов, так и популяции в целом. Из-за низкого уровня генетической изменчивости популяция становится неустойчивой к действию различных факторов окружающей среды и снижает способность к эволюции. Молекулярные подходы играют важнейшую роль в оценке генетического разнообразия вида и позволяют увидеть точные данные, необходимые для управления популяциями и сохранения генетических ресурсов. ДНК-маркеры позволяют определять уровень гетерозиготности, который напрямую отражает генетическое разнообразие внутри популяции. Уровень гетерозиготности непосредственно связан с показателями генетической изменчивости в популяции. Это особенно важно для неразличимых на фенотипическом уровне пород, которые могут нести в себе ценные генетические варианты. При оценке генетического разнообразия обычно речь идет о полиморфизме нуклеотидных последовательностей дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК). Лocus принято считать полиморфным в том случае, когда в популяции обнаружено наличие двух и более вариантов гена (аллелей) [17]. Развитие молекулярно-генетических технологий открыло «двери» для создания таких инструментов, как генотипирование животных с использованием микрочипов или секвенирование целых геномов, благодаря которым появилась возможность определять как генофонд популяции, так и индивидуальные генотипы. Основными молекулярными маркерами, используемыми для оценки генетического разнообразия кур, являются короткие tandemные повторы (STR/SSR), однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) и анализ митохондриальной ДНК (mtDNA). Информация, которую можно получить, анализируя данные молекулярные маркеры, может быть использована для разработки стратегий селекции, направленных на сохранение и увеличение генетического

разнообразия пород. Кроме того, знания о генетическом разнообразии позволяют эффективно бороться с болезнями и повышать устойчивость популяций к тем или иным климатическим условиям окружающей среды.

Анонимные локусы в исследованиях гетерогенности генома. Около трети генома сельскохозяйственных животных состоит из анонимных повторяющихся участков ДНК (локусов). Эти локусы являются высокоинформативным источником данных для оценки генетического разнообразия популяций благодаря своему высокому уровню полиморфности [18]. Изучение этих локусов у сельскохозяйственных животных позволяет получить ценную информацию об их происхождении, адаптации к различным условиям содержания и резистентности к заболеваниям. Количество копий отдельных последовательностей ДНК может достигать миллиона. Несмотря на это, у птиц, особенно у кур, количество кодирующих последовательностей не уступает другим позвоночным, и составляет около 23 тысяч [19]. Уменьшение размера генома птиц произошло за счет сокращения повторяющихся элементов, в особенности сателлитов, что затрудняет их идентификацию [20, 21, 22].

Значительная часть генома эукариот составляют повторяющиеся консолидированные последовательности (сателлитная ДНК), являющиеся одним из наиболее изученных типов последовательностей. Эти элементы преимущественно локализованы в центромерах и теломерах и формируют основу гетерохроматина [23]. Сателлитная ДНК характеризуется высокой скоростью изменчивости, что приводит к различиям в её количестве даже у близкородственных видов.

Одной из разновидностей сателлитной ДНК являются минисателлиты, достигающие в длину нескольких тысяч пар оснований [24]. Благодаря этому минисателлиты используются для изучения популяционно-генетических характеристик различных видов животных [25, 26]. Другим примечательным повторяющимся элементом является Alu-последовательность, относящаяся к классу SINE-повторов и представляющая собой короткие перемежающиеся элементы [27]. У птиц в геноме широко распространен длинный повторяющийся элемент – ретротранспозон CR1 [28, 22]. Этот элемент может перемещаться внутри генома [29]. Каждое перемещение (транспозиция) может привести к мутации, которая либо проявляется фенотипически, либо остается «незамеченной». Поэтому существует мнение, что транспозоны также играют роль в эволюции организмов [30]. Однако идентификация процессов дивергенции с использованием анонимных локусов представляет определенные трудности, в особенности между породами.

Долгое время одним из достаточно точных методов оценки уровня генетической изменчивости популяции и мониторинга дивергенции был мультилокусный ДНК-фингерпринтинг [31]. Этот метод был основан на выявлении полиморфизма длин рестрикционных фрагментов ДНК (RFPL) с помощью минисателлитных зондов [32]. Однако с помощью этого метода можно идентифицировать только анонимные локусы и нет возможности получить столько информации, сколько можно узнать с помощью генотипирования однонуклеотидных полиморфизмов [33]. Данные, полученные с использованием RFLP-маркеров, могут быть использованы для контроля динамики популяционной изменчивости путем сравнения результатов предыдущих исследований с новой информацией, полученной с помощью SNP.

Определение генетического разнообразия с использованием микросателлитных маркеров. Микросателлитные маркеры широко используются для установления генетического разнообразия. Микросателлиты, они же простые повторяющиеся последовательности (SSR/STR), представляют собой короткие участки ДНК, состоящие из повторяющихся нуклеотидных мотивов длиной 1-7 п.н. в избытке встречаются в геномах эукариот [34]. В сравнении с другими сегментами ДНК

микросателлиты отличаются высокой полиморфностью, видовой специфичностью и кодоминантным характером наследования относительно других генетических маркеров, что делает их ценным инструментом генетического анализа [35]. Благодаря значительному аллельному разнообразию и высокой гетерозиготности микросателлитные локусы являются эффективным инструментом для исследования микроэволюционных процессов [36], анализа генетической структуры популяций и изучения взаимодействий между ними [37]. Широкое применение микросателлитов началось с исследований, которые были напрямую связаны с местными популяциями животных и аквакультурой [38, 39, 40, 41]. Они также играют важную роль в анализе генетического разнообразия домашней птицы и истории происхождения [42].

Анализ генетической изменчивости мтДНК. Незаменимую роль в производстве энергии (АТФ), регуляции обмена кальция, апоптозе и метаболизме веществ играют жизненно важные органеллы – митохондрии, которые несут в себе собственную кольцевую митохондриальную ДНК (мтДНК) [43, 44].

Изучение структуры мтДНК служит надежным инструментом для идентификации и эволюции видов благодаря своим особенностям строения, отсутствию рекомбинации и наследованию по материнской линии [45, 46]. Молекулярно-генетические методы, с помощью которых проводят анализ нуклеотидной последовательности мтДНК, дают возможность для поиска предковых форм, установления географического происхождения и количества материнских линий в различных популяциях птиц [47, 48]. В последнее десятилетие маркеры мтДНК нашли широкое применение в исследованиях генетического разнообразия и филогении местных пород кур [49-52]. Анализ полиморфизмов мтДНК, особенно ее не кодирующей области или митогенома в целом, является актуальным методом изучения процессов одомашнивания. Вариативность D-петли позволяет углубиться в исследование процессов дивергенции в популяциях птиц, эволюционных связей, истории одомашнивания и выстраивать генеалогию материнских линий [53, 54]. Использование расшифрованных полногеномных данных митогенома, полученных с помощью NGS, повышает точность популяционно-генетических исследований [55]. Высокие темпы развития животноводческой отрасли сельского хозяйства усиливает актуальность изучения генетического разнообразия животных на основе маркеров мтДНК.

Изменчивость однонуклеотидных полиморфизмов в геноме. Наиболее часто встречаемым типом генетических вариаций является однонуклеотидный полиморфизм (SNP, single nucleotide polymorphism) [56]. Появление полимеразной цепной реакции (ПЦР, PCR) позволило разработать широкий спектр методов анализа SNP. Одним из первых методов был анализ полиморфизма длины рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ, PRC-RFLP), позволяющий выявлять известные замены оснований в молекуле ДНК с использованием эндонуклеаз рестрикции [57]. После развитие получили методы, основанные на гибридизации. Поскольку SNP характеризуются высокой плотностью расположения в геноме, это делает их полезными для молекулярного типирования, изучения генетического разнообразия и филогенетического родства популяций. Изучение генетической изменчивости по нескольким локусам SNP позволяет идентифицировать кандидатные гены, функции которых могут быть связаны с экономически важными признаками [58]. Последнее, в свою очередь, позволит повысить эффективность селекционного процесса и увеличить экономическую выгоду животноводства. Идентификация генов, ассоциированных с продуктивностью, специфической и неспецифической резистентностью и качеством продукции, становится ключевым фактором успеха в современном селекционном птицеводстве.

Применение ДНК-маркеров типа SNP дает новые возможности для геномной оценки животных, которая позволяет повысить точность прогнозирования племенной ценности

особи. Это значительно ускоряет процесс отбора и позволяет выбирать более перспективных животных для разведения еще до момента проявления необходимых признаков.

С развитием геномных технологий появилась возможность проводить генотипирование на микрочипах разной плотности для обнаружения как известных, так и новых SNP в геноме, а также проводить высокопроизводительное полногеномное секвенирование [59]. Для изучения генетического разнообразия пород *Gallus gallus domesticus* в последнее десятилетие стал широко востребован анализ SNP [60, 61]. Обнаруженные вариации генома позволяют сформировать основу для анализа дивергенции и филогении пород кур, чему в последние годы уделяется особое внимание исследователей [59, 61, 62]. Использование чипов с высокой плотностью в полногеномных ассоциативных исследованиях (GWAS) показало, что варианты SNP-локусов могут эффективно использоваться в качестве генетических маркеров для таких признаков кур, как масса тела, яйценоскость, окраска оперения и пигментация кожных покровов [63, 64]. Изучение генетической изменчивости является необходимым шагом для успешного прогнозирования племенной ценности [65] и понимания механизмов адаптации и формирования уникальных породных особенностей [66]. С появлением технологии SNP также появилась возможность проводить анализ локусов количественных признаков (QTL), которые могут быть использованы для идентификации генов, ответственных за экономически полезные признаки как в мясном, так и в яичном производстве [67].

Поиск SNPs также служит основой для выявления следов селекции той или иной породы [68]. Так, например, группой исследователей из Всероссийского научно-исследовательского института генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиала Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» был осуществлен филогенетический анализ пород кур с применением чипа 60K SNP Chicken (Illumina Inc.), который позволил определить геномную структуру разнообразия 49 пород, уточнить модель эволюции генофонда и оценить возможности их применения в селекции [69]. Благодаря проведению такого рода исследований уровень знаний о генетических ресурсах, в том числе российского птицеводства, значительно увеличился. Таким образом, работы по полногеномной оценке генетической изменчивости различных пород и популяций кур обеспечивают основу для дальнейшего применения результатов в программах сохранения генетических ресурсов животных.

Анализ происхождения пород кур с помощью статистических инструментов.

С точки зрения сохранения мирового биоразнообразия птиц большой интерес представляют работы по изучению генетического разнообразия многочисленных пород кур. Поэтому важным аспектом является многомерный анализ фенотипических и генотипических различий с использованием соответствующих методов и моделей. Естественный и искусственный отбор, дрейф генов, мутации, а также другие эволюционные факторы играют важную роль в формировании внутривидовых и межвидовых генетических различий. Современные достижения систематики и филогенетики позволяют исследовать родственные связи, определять эволюционные линии и реконструировать филогенетические деревья на основе статистического анализа генетических данных. В современной генетике животных филогенетические методы находят широкое применение для решения фундаментальных и прикладных задач. Знание генетической архитектуры и ее уникальных особенностей, наследуемых от поколения к поколению, является ключом к сохранению генетического разнообразия вида. Благодаря процессу дивергенции происходит расхождение признаков у родственных индивидуумов, что в конечном итоге приводит к изменению и формированию новой уникальной генетической структуры.

Генетическое сходство между близкими популяциями в этом случае стремится к нулю, а новый вид фенотипически отличается от предкового.

Первые методы филогенетического анализа основывались на оценке генетических дистанций (FST) между нуклеотидными последовательностями, отражающих различия между популяциями [70]. Расчет FST базируется на анализе распределения частот аллелей между популяциями. Например, породы, подвергавшиеся интенсивному селекционному давлению, характеризуются большим показателем генетической дистанции и меньшим показателем генетического разнообразия в сравнении с другими популяциями. Таким образом, расчет генетических дистанций позволяет определить родство и оценить скорость накопления изменений в геноме между различными породами сельскохозяйственных животных.

Изучение биоразнообразия. Для анализа биоразнообразия применяют широкий спектр статистических методов, среди которых выделяются F-статистика и расчет ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности. Гетерозиготность отражает уровень полиморфизма внутри популяции, а ее дефицит может указывать на инбридинг [71]. Поэтому изучение генетической структуры популяций занимает центральное место в исследованиях по эволюционной генетике. Генетическая вариативность в популяциях, как правило, определяется через разнообразие генов, основываясь на частотах аллелей. М. Ней показал, что данные о количестве гетерозиготных аллелей отражают историю изменения численности популяции [72]. Таким образом, генетическое разнообразие играет важную роль для принятия решений о сохранении пород, а также для оптимизации программ разведения [73]. Знание генетической структуры позволит выявлять популяции, находящиеся под селекционным давлением, что, в свою очередь, позволяет принимать своевременные меры по предотвращению негативных последствий. Применение статистических методов в сочетании с передовыми геномными технологиями открывает новые перспективы для понимания эволюционных процессов и разработки эффективных программ сохранения биоразнообразия.

Метод главных компонент. Метод главных компонент (Principal Component Analysis, PCA, анализ главных компонент) – это статистический прием, позволяющий выявить основные направления вариации данных. В генетике PCA используется для определения структуры популяции, установления связей между образцами и визуализации их генетических сходств и различий.

Этот метод является мощным инструментом для изучения генетической и фенотипической изменчивости внутри и между популяциями. Метод PCA позволяет уменьшить размерность данных, а это особенно важно при анализе длинных последовательностей генома. Также PCA позволяет оценить различия в геноме как у отдельных особей, так и между группами животных. Метод главных компонент был известен уже в середине прошлого века [74]. Визуализация сравнения попарных генетических дистанций позволяет сделать обоснованный выбор при идентификации породной принадлежности и анализе результатов промышленного скрещивания. Важность этого метода оправдана возможностью визуализировать наличие либо отсутствие эффекта гетерозиса при оптимизации схемы скрещивания, а также возможностью проанализировать уровень инбридинга внутри породы для сохранения и поддержания генетического разнообразия. В наших исследованиях использован метод главных компонент для сравнения результатов анализа интрогрессии геномов среди 11 пород кур [3]. Использование PCA в исследовании 2024 года позволило выявить генетические различия и обнаружить высокий уровень генетического разнообразия между коммерческими и местными породами кур Ганы [75]. Сравнение вариантов изменчивости по нескольким

векторам расширяет возможности изучения структуры популяций и определения уровня генетической консолидации пород.

Кластерный анализ. Сравнительные характеристики геномной архитектуры имеют решающее значение для изучения изменчивости и исторических корней популяций и пород. Анализ геномных последовательностей становится ключевым инструментом в получении информации о вариациях, которые существуют внутри и между отдельными популяциями. С помощью этих данных можно обнаружить информацию о происхождении или эволюции различных групп организмов.

Кластерный анализ, реализованный в программе STRUCTURE, является инструментом для определения генетического происхождения популяций на основе известных SNP [76]. Admixture представляет собой более развитую модель STRUCTURE, которая позволяет оценивать пропорции предкового компонента (K, ancestral component) у каждого образца на основе данных генотипирования. Модель Admixture широко используется в популяционной генетике для анализа структурных особенностей популяций. В основе алгоритма лежат байесовские методы, позволяющие оценить вклад различных популяций в формирование исследуемой группы [77]. Admixture служит полезным инструментом для изучения исторического происхождения пород, оценки уровня генетической изменчивости и выявления интрогрессии геномов, что важно для понимания селекционного давления в процессах пороодообразования и адаптации к условиям обитания [68]. Admixture позволяет проводить эволюционные исследования, изучая процессы исторического разделения и смешения популяций кур, что способствует пониманию механизмов дивергенции и адаптации [78]. Примером использования Admixture является анализ генетических данных пород кур для выявления общих предков. Исследования показали, что некоторые породы проявляют более высокий уровень генетического смешения, что свидетельствует о более поздней истории их разведения [68]. В частности, K-статистика использовалась для изучения интрогрессии геномов европейских и североамериканских пород кур в геном местной китайской породы [79]. Также Admixture применялся в исследованиях по анализу механизмов адаптации кур к различным условиям окружающей среды [75, 80, 81].

Филогенетическое дерево. Определение и изучение эволюционных связей между популяциями осуществляется с помощью визуализации генетических дистанций благодаря использованию индекса фиксации (FST). FST является статистической мерой, которую используют в популяционной генетике для оценки уровня генетической дифференциации между популяциями, и показывает различие в частотах аллелей между группами. FST принимает значение от 0 до 1: 0 – популяции считаются идентичными, в них отсутствует дифференциация; 1 – популяции полностью разделены. Этот подход широко используется при исследовании ключевых эволюционных механизмов, включая процессы видообразования [82], взаимодействие фенотипических признаков и дивергенцию между породами [83], а также для воссоздания предковых линий [84] и в сравнительной филогенетике [85]. Традиционные методы филогенетического анализа основываются на измерении генетических дистанций между нуклеотидными последовательностями. Наиболее популярным способом визуализации информации является построение филогенетического дерева, которое является схематическим изображением, отражающим генетические связи между видами, породами или популяциями [86, 87].

Гомозиготные регионы (ROH). Оценка геномного разнообразия играет важную роль в сохранении генетических ресурсов и поддержании эффективности разведения коммерческих популяций. Сравнительная генетическая оценка популяций различного происхождения, включающая степени гомозиготности, является важным источником информации об уровне генетической изменчивости генома. Уровень гомозиготности

особенно важен при разведении малочисленных групп для анализа результатов скрещивания или инбридинга. Одним из подходов к изучению генетической структуры популяций является анализ гаплотипов, в частности, исследование участков гомозиготности (runs of homozygosity, ROH) – протяженных гомозиготных сегментов хромосом. Длина ROH регионов в геноме конкретного животного в конечном итоге зависит от отбора, дрейфа генов и размера стада исходной популяции [88]. Эти участки позволяют оценивать уровень инбридинга как у отдельных особей, так и в популяции в целом. При мониторинге генетической структуры небольшие чистопородные популяции будут иметь больше длинных регионов гомозиготности, по сравнению с гибридами первого поколения (F1), которые могут служить маркером для выявления потенциальных случайных событий гибридизации. С их помощью также можно реконструировать демографическую историю популяций [89, 90]. Появление ROH регионов в геноме может быть вызвано искусственным отбором или инбридингом. Длина гомозиготного участка обратно пропорциональна удаленности от общего предка, поэтому длинные ROH указывают на недавний инбридинг, тем самым отражая историческое развитие популяции [91]. Длинные ROH типичны для инбредных особей, поскольку гаплотипы, унаследованные от общего предка, не укорачиваются во время рекомбинации. В свою очередь, короткие ROH регионы могут служить основой для исследований менее выраженного инбридинга, присущего гетерогенным животным [92]. Одним из основных подходов к оценке гомозиготности генома является метод анализа FROH, с помощью которого можно определить индивидуальные значения геномного инбридинга [93]. Это значение отражает степень аутозиготности генома и определяется как доля аутосомного генома, расположенного в гомозиготных регионах определенного размера, по отношению к общему размеру генома [94]. Согласно результатам исследования Г. Сильва с соавт. точность обнаружения ROH напрямую зависит от демографической истории популяции [95]. А. Хьюит с соавт. также подтвердили, что в малочисленных популяциях наблюдается большая погрешность в оценках FROH [96]. Поэтому необходимо с осторожностью интерпретировать результаты этих исследований при изучении истории популяций. Так, можно сделать вывод, что демографические факторы существенно влияют на распределение гомозиготности в геноме.

Заключение. Взгляд на решение проблемы доместикировки кур и генетического разнообразия пород менялся в результате совершенствования подходов к анализу и методике исследования. В настоящем обзоре представлены методические подходы к оценке биологического разнообразия животных на примере изучения *Gallus gallus domesticus*. Предложенные исследовательские стратегии, как мы считаем, станут ценным ресурсом для разработки программ сохранения локальных генетических ресурсов, адаптированных к различным климатическим условиям России. Генетический мониторинг популяций с использованием современных молекулярно-генетических технологий и биоинформационных ресурсов позволит провести всесторонний анализ генетического разнообразия домашней курицы с применением различных ДНК-маркеров.

В настоящее время информация о генетической структуре российских популяций кур непрерывно пополняется новыми исследованиями, что способствует расширению знаний о филогении пород и выявлению генов-кандидатов, играющих важную роль в селекции. В заключение следует подчеркнуть, что консолидация информации по изучению генетического разнообразия является ключевым этапом для обеспечения сохранения генетических ресурсов.

Литература

1. Zinovieva N.A., Deniskova T.E., Kharzinova V.R., Bagirov V.A., Romanov M.N., Volkova V.V., Grishina D.S., Abdelmanova A.S., Gusev I.V., Shchukin I.M., Trukhachev V.I., Boronetskaya O.I. Conservation

- of Native Livestock Breeds in Russia: Current State and Promising Prospects // *Animals (Basel)*. 2025. Vol. 15. № 21. e:3103. DOI: 10.3390/ani15213103
2. Моисеева И.Г. Орловская порода кур. История, современное состояние, научные исследования // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2016. № 1. С. 78-96.
 3. Vakhrameev A.B., Narushin V.G., Larkina T.A., Barkova O.Y., Peglivanyan G.K., Dysin A.P., Dementieva N.V., Makarova A.V., Shcherbakov Y.S., Pozovnikova M.V., Bondarenko Y.V., Griffin D.K., Romanov M.N. Disentangling clustering configuration intricacies for divergently selected chicken breeds // *Sci Rep*. 2023. Vol. 13. № 1. e:3319. DOI: 10.1038/s41598-023-28651-8.
 4. Курская Ю.А., Зайцева З.Ф. Птицеводство Часть 1: методическое пособие для занятий семинарского типа // Смоленск: ФГБОУ ВО Смоленская ГСХА. 2022. – 193 с.
 5. Momen M., Ayatollahi M.A., Amiri R.M., Kranis A., Mercuri P.R., Valente B.D., Morota G., Rosa G.J.M., Gianola D. Including Phenotypic Causal Networks in Genome-Wide Association Studies Using Mixed Effects Structural Equation Models // *Front Genet*. 2018. № 9. e:455. DOI: 10.3389/fgene.2018.00455.
 6. Restoux G., Rognon X., Vieaud A., Guemene D., Petitjean F., Rouger R., Brard-Fudulea S., Lubac-Paye S., Chiron G., Tixier-Boichard M. Managing genetic diversity in breeding programs of small populations: the case of French local chicken breeds // *Genet Sel Evol*. 2022. Vol. 54. № 1. e:56. DOI: 10.1186/s12711-022-00746-2.
 7. Zhang J., Nie C., Li X., Ning Z., Chen Y., Jia Y., Han J., Wang L., Lv X., Yang W., Qu L. Genome-wide population genetic analysis of commercial, indigenous, game, and wild chickens using 600K SNP microarray data // *Frontiers in genetics*. 2020. Vol. 11. e:543294.
 8. Rege J.E.O., Gibson J.P. Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation // *Ecological Economics*. 2003. Vol. 45. № 3. P. 319-330. DOI: 10.1016/S0921-8009(03)00087-9
 9. Woelders H., Zuidberg C.A., Hiemstra S.J. Animal Genetic Resources Conservation in the Netherlands and Europe: Poultry Perspective // *Poultry Science*. 2006. Vol. 85. № 2. P. 216-222. DOI: 10.1093/ps/85.2.216.
 10. Bosse M. No "doom" in chicken domestication? // *PLoS Genet*. 2019. Vol. 30. № 15. e:1008089. DOI: 10.1371/journal.pgen.1008089.
 11. Roh H.J., Kim S.C., Cho C.Y., Lee J., Jeon D., Kim D.K., Kim K.W., Afrin F., Ko Y.G., Lee J.H., Batsaikhan S., Susanti T., Hegay S., Kongvongxay S., Gorkhali N.A., Thi L.A.N., Thao T.T.T., Manikku L. Estimating genetic diversity and population structure of 22 chicken breeds in Asia using microsatellite markers // *Asian-Australas J Anim Sci*. 2020. Vol. 33. № 12. P.1896-1904. DOI: 10.5713/ajas.19.0958.
 12. Sanchez-Martin J., Keller B. Contribution of recent technological advances to future resistance breeding // *Theor Appl Genet*. 2019. Vol. 132. № 3. P. 713-732. DOI: 10.1007/s00122-019-03297-1.
 13. Hoban S., Archer F.I., Bertola L.D., Bragg J.G., Breed M.F., Bruford M.W., Coleman M.A., Ekblom R., Funk W.C., Grueber C.E., Hand B.K., Jaffé R., Jensen E., Johnson J.S., Kershaw F., Liggins L., MacDonald A.J., Mergeay J., Miller J.M., Muller-Karger F., O'Brien D., Paz-Vinas I., Potter K.M., Razgour O., Vernesi C., Hunter M.E. Global genetic diversity status and trends: towards a suite of Essential Biodiversity Variables (EBVs) for genetic composition // *Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society*. 2022. Vol. 97. No 4. P. 1511-1538. DOI: 10.1111/brv.12852.
 14. Michèle T.-B., Bertrand B., Xavier R. Chicken domestication: From archeology to genomics // *Comptes Rendus Biologies*. 2011. Vol. 334. № 3. P. 197-204. DOI: 10.1016/j.crv.2010.12.012.
 15. Wang M.S., Li Y., Peng M.S., Zhong L., Wang Z.J., Li Q.Y., Tu X.L., Dong Y., Zhu C.L., Wang L., Yang M.M., Wu S.F., Miao Y.W., Liu J.P., Irwin D.M., Wang W., Wu D.D., Zhang Y.P. Genomic Analyses Reveal Potential Independent Adaptation to High Altitude in Tibetan Chickens // *Molecular Biology and Evolution*. 2015. Vol. 32. № 7. P. 1880-1889. DOI: 10.1093/molbev/msv071.
 16. Wang M.S., Otecko N.O., Wang S., Wu D.D., Yang M.M., Xu Y.L., Murphy R.W., Peng M.S., Zhang Y.P. An Evolutionary Genomic Perspective on the Breeding of Dwarf Chickens // *Mol Biol Evol*. 2017. Vol. 34. № 12. P.3081-3088. DOI: 10.1093/molbev/msx227.
 17. Wen-Hsiung Li. Dynamics of genes in populations // In: *Molecular Evolution*. Sunderland MA, Sinauer Associates Inc. 1997. P. 456.
 18. Селионова М.И., Гладырь Е.А., Антоненко Т.И., Бурылова С.С. Молекулярно-генетические маркеры в селекционной работе с разными видами сельскохозяйственных животных // *Аграрный вестник Северного Кавказа*. 2012. №2. С. 30-35.
 19. Kapusta A., Suh A. Evolution of bird genomes — a transposon's-eye view // *Annals of the New York Academy of Sciences*. 2017. Vol. 1389. № 1. P. 164-185. DOI: 10.1111/nyas.13295.
 20. Сайфитдинова А.Ф. Организация некодирующих элементов в геномах птиц // *Интегративная физиология*. 2022. Т. 3. №. 2. С. 185-203.

21. Warren W.C., Hillier L.W., Tomlinson C., Minx P., Kremitzki M., Graves T., Markovic C., Bouk N., Pruitt K.D., Thibaud-Nissen F., Schneider V., Mansour T.A., Brown C.T., Zimin A., Hawken R., Abrahamnes M., Pyrkosz A.B., Morisson M., Fillon V., Vignal A., Chow W., Howe K., Fulton J.E., Miller M.M., Lovell P., Mello C.V., Wirthlin M., Mason A.S., Kuo R., Burt D.W., Dodgson J.B., Cheng H.H. A New Chicken Genome Assembly Provides Insight into Avian Genome Structure // *G3 (Bethesda)*. 2017. Vol. 7. № 1. P. 109-117. DOI: 10.1534/g3.116.035923.
22. Zhang G., Jarvis E.D., Gilbert M.T. Avian genomes. A flock of genomes // *Science*. 2014. Vol. 346. № 6215. P. 1308-1309. DOI: 10.1126/science.2014.346.6215.346_1308.
23. DeWoody J.A., Avise J.C. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals // *Journal of fish biology*. 2000. Vol. 56. № 3. P. 461-473. DOI: 10.1111/j.1095-8649.2000.tb00748.x.
24. Marzieh E.R., Hernández Y., Drinan S.D. Genome-wide characterization of human minisatellite VNTRs: population-specific alleles and gene expression differences // *Nucleic Acids Research*. 2021. Vol. 49. № 8. P. 4308–4324. DOI: 10.1093/nar/gkab2249.
25. Терлецкий, В. П. Анализ генетической структуры семи генофондных популяций кур // *Journal of Agriculture and Environment*. 2022. № 3. DOI: 10.23649/jae.2022.3.23.08.
26. Тыщенко В.И. Молекулярно-генетический анализ внутривидового разнообразия в генофондной Павловской породе кур // *Исследования в области естественных наук*. 2015. № 6 [Электронный ресурс]. URL: <https://science.snauka.ru/2015/06/10140> (дата обращения: 29.11.2025).
27. Witherspoon D.J., Watkins W.S., Zhang Y., Xing J., Tolpinrud W.L., Hedges D.J., Batzer M.A., Jord L.B. Alu repeats increase local recombination rates // *BMC Genomics*. 2009. Vol. 10. ID: 530. DOI: 10.1186/1471-2164-10-530.
28. Watanabe M., Nikaido M., Tsuda T.T., Inoko H., Mindell D.P., Murata K., Okada N. The rise and fall of the CR1 subfamily in the lineage leading to penguins // *Gene*. 2006. Vol. 365. P. 57-66. DOI: 10.1016/j.gene.2005.09.042.
29. Мустафин Р.Н. Роль транспозонов в структурной эволюции геномов эукариот // *Гены и Клетки*. 2021. Т. 16. № 2. с. 23-30. DOI: 10.23868/202107001.
30. Sela N., Kim E., Ast G. The role of transposable elements in the evolution of non-mammalian vertebrates and invertebrates // *Genome Biology*. 2010. Vol. 11. № 6. ID: R59. DOI: 10.1186/gb-2010-11-6-r59/.
31. Lynch M. DNA Fingerprinting: Approaches and Applications // Birkhauser Verlag; Basel, Switzerland. 1991. P. 113–126.
32. Ponsuksili S., Wimmers K., Schmoll F., Horst P., Schellander K. Comparison of multilocus DNA fingerprints and microsatellites in an estimate of genetic distance in chicken // *J. Hered.* 1999. Vol. 90. P. 656–659. DOI: 10.1093/jhered/90.6.656.
33. Haberfeld A., Cahaner A., Yoffe O., Plotsky Y., Hillel J. DNA fingerprints of farm animals generated by microsatellite and minisatellite DNA probes // *Anim. Genet.* 1991. Vol. 22. P. 299–305. DOI: 10.1111/j.1365-2052.1991.tb00681.x.
34. Litt M., Luty J.A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene // *The American Journal of Human Genetics*. 1989. Vol. 44. № 3. P. 397-401.
35. Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers // *Nucleic Acids Research*. 1989. Vol. 17. p. 6463-6471. DOI: 10.1093/nar/17.16.6463.
36. Bowcock A.M., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J., Minch E., Kidd J.R., Cavalli-Sforza L.L. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites // *Nature*. 1994. Vol. 368. № 6470. P. 455-457. DOI: 10.1038/368455a0.
37. Jarne P., Lagoda P.J. Microsatellites, from molecules to populations and back // *Trends in Ecology & Evolution*. 1996. Vol. 11. № 11. P. 424-429. DOI: 10.1016/0169-5347(96)10049-5.
38. Askari G., Shabani A., Miandare H.K. Application of molecular markers in fisheries and aquaculture // *Scientific Journal of Animal Science*. 2013. Vol. 2. № 4. P. 82-88. DOI:10.1007/978-981-99-2981-8_7.
39. Khatei A., Tripathy P.S., Parhi J., Pandey P.K., Parhi J. *Advances in Fisheries Biotechnology. Molecular Markers in Aquaculture*. Singapore // Singapore: Springer Nature Singapore. 2021. P.165. DOI: 10.1007/978-981-16-3215-0.
40. Qiu B, Fang S., Ikhwanuddin M., Wong L., Ma H. Genome survey and development of polymorphic microsatellite loci for *Sillago sihama* based on Illumina sequencing technology // *Molecular Biology Reports*. 2020. Vol. 47. № 4. P. 3011-3017. DOI: 10.1007/s11033-020-05348-z.

41. Xu P., Lu C., Sun Z., Kuang Y., Cao D., Huo T., Li C., Jin H., Zheng X. In Silico Screening and Development of Microsatellite Markers for Genetic Analysis in *Perca fluviatilis* // *Animals (Basel)*. 2022. Vol. 12. ID: 1809. DOI: 10.3390/ani12141809.
42. Zhuang Z., Zhao L., Zong W., Guo Q., Li X., Bi Y., Wang Z., Jiang Y., Chen G., Li B., Chang G., Bai H. Genetic diversity and breed identification of Chinese and Vietnamese local chicken breeds based on microsatellite analysis // *Journal of Animal Science*. 2023. Vol. 101. ID: skad182. DOI: 10.1093/jas/skad182.
43. Zaidi A.A., Makova K.D. Investigating mitonuclear interactions in human admixed populations // *Nature Ecology & Evolution*. 2019. Vol. 3. № 2. P. 213-222. DOI: 10.1038/s41559-018-0766-1.
44. Белослудцев К.Н., Дубинин М. В., Белослудцева Н. В., Миронова Г. Д. Транспорт ионов Ca²⁺ митохондриями: механизмы, молекулярные структуры и значение для клетки // *Биохимия*. 2019. Т. 84. № 6. с. 759-775. DOI: 10.1134/S0320972519060022.
45. Frantz L.A.F., Bradley D.G., Larson G., Orlando L. Animal domestication in the era of ancient genomics // *Nature Reviews Genetics*. 2020. Vol. 21. № 8. P. 449-460. DOI: 10.1038/s41576-020-0225-0.
46. Jain K., Panigrahi M., Nayak S.S., Rajawat D., Sharma A., Sahoo S.P., Bhushan B., Dutt T. The evolution of contemporary livestock species: Insights from mitochondrial genome // *Gene*. 2024. Vol 9. №27. e:148728. DOI: 10.1016/j.gene.2024.148728.
47. Демин А.Г., Данилова М.И., Галкина С.А. Анализ полиморфизма D-петли митохондриальной ДНК для оценки популяционного разнообразия кур породы Павловская // *Экологическая генетика*. 2015 Т. 13. № 4. с. 68-75. DOI: 10.17816/ecogen13468-75.
48. Zhou T., Shen X., Irwin D.M., Shen Y., Zhang Y. Mitogenomic analyses propose positive selection in mitochondrial genes for high-altitude adaptation in galliform birds // *Mitochondrion*. 2014. № 18. P. 70-75. DOI: 10.1016/j.mito.2014.07.012.
49. Liu Z.G., Lei C.Z., Luo J., Ding C., Chen G.H., Chang H., Wang K.H., Liu X.X., Zhang X.Y., Xiao X.J., Wu S.L. Genetic variability of mtDNA sequences in Chinese native chicken breeds // *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2004. Vol. 17. № 7. P. 903-907. DOI: 10.5713/ajas.2004.903.
50. Larson G., Piperno D.R., Allaby R.G., Purugganan M.D., Andersson L., Arroyo-Kalin M., Barton L., Climer Vigueira C., Denham T., Dobney K., Doust A.N., Gepts P., Gilbert M.T., Gremillion K.J., Lucas L., Lukens L., Marshall F.B., Olsen K.M., Pires J.C., Richerson P.J., Rubio de Casas R., Sanjur O.I., Thomas M.G., Fuller D.Q. Current perspectives and the future of domestication studies. *Animal Domestication: A Brief Overview* // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 2014. Vol. 111. № 17. P. 6139-6146. DOI: 10.1073/pnas.1323964111.
51. Altshuler D.L., Dudley R. The physiology and biomechanics of avian flight at high altitude // *Integrative and Comparative Biology*. 2006. Vol. 46. № 1. P. 62-71. DOI: 10.1093/icb/icj008.
52. Niu D., Fu Y., Luo J., Ruan H., Yu X.P., Chen G., Zhang Y.P. The origin and genetic diversity of Chinese native chicken breeds // *Biochemical Genetics*. 2002. Vol. 40. № 5-6. P.163-174. DOI: 10.1023/a:1015832108669.
53. Melton T. Mitochondrial DNA Heteroplasmy // *Forensic Science Review*. 2004. Vol. 16. № 1. P. 1-20.
54. Godinez C.J.P., Layos J.K.N., Yamamoto Y., Kunieda T., Duangjinda M., Liao L.M., Huang X.H., Nishibori M. Unveiling new perspective of phylogeography, genetic diversity, and population dynamics of Southeast Asian and Pacific chickens // *Scientific Reports*. 2022. Vol. 12. № 1. ID: 14609. DOI: 10.1038/s41598-022-18904-3.
55. Naderi S., Rezaei H.R., Taberlet P., Zundel S., Rafat S.A., Naghash H.R., Barody M.A., Ertugrul O., Pompanon F. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity // *PLoS One*. 2007. Vol. 2. № 10. ID: e1012. DOI: 10.1371/journal.pone.0001012.
56. Chanock S. Candidate genes and single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the study of human disease // *Disease Markers*. 2001. Vol. 17. № 2. P. 89-98. DOI: 10.1155/2001/858760.
57. Brookes A. J. The essence of SNPs // *Gene*. 1999. Vol. 234. № 2. P. 177-186. DOI: 10.1016/s0378-1119(99)00219-x.
58. Christensen O.F., Lund M.S. Genomic prediction when some animals are not genotyped // *Genet Sel Evol*. 2010. Vol 42. № 2. DOI: 10.1186/1297-9686-42-2.
59. Ghosh M., Sharma N., Singh A.K., Gera M., Pulicherla K.K., Jeong D.K. Transformation of animal genomics by next-generation sequencing technologies: a decade of challenges and their impact on genetic architecture // *Critical Reviews in Biotechnology*. 2018. Vol. 38. № 8. P. 1157-1175. DOI: 10.1080/07388551.2018.1451819.
60. Manjula P., Bed'Hom B., Hoque M.R., Cho S., Seo D., Chazara O., Lee S.H., Lee J.H. Genetic diversity of MHC-B in 12 chicken populations in Korea revealed by single-nucleotide polymorphisms // *Immunogenetics*. 2020. Vol. 72. № 6-7. P. 367-379. DOI: 10.1007/s00251-020-01176-4.

61. Feng J., Zhu W., Shi H., Peng D., Zang L., Wang Y., ZhaXi L., BaiMa J., Amevor F.K., Wang X., Ma X., Zhao X. Analysis of the Selection Signal of the Tibetan Black Chicken Genome Based on Whole-Genome Sequencing // *Genes (Basel)*. 2023. Vol.14. № 9. ID: 1672. DOI: 10.3390/genes14091672.
62. Rostamzadeh Mahdabi E., Esmailzadeh A., Ayatollahi Mehrgardi A., Asadi Fozi M. A genome-wide scan to identify signatures of selection in two Iranian indigenous chicken ecotypes // *Genetics Selection Evolution*. 2022. Vol. 54. № 1. ID: 28. DOI: 10.1186/s12711-022-00720-y.
63. Romé H., Varenne A., Hérault F. GWAS analyses reveal QTL in egg layers that differ in response to diet differences // *Genet Sel Evol*. 2015. Vol 47. P. 83. DOI: 10.1186/s12711-015-0160-2.
64. Kudinov A.A., Dementieva N.V., Mitrofanova O.V. Genome-wide association studies targeting the yield of extraembryonic fluid and production traits in Russian White chickens // *BMC Genomics*. 2019. Vol 20. P. 270. DOI: 10.1186/s12864-019-5605-5.
65. Pocrnic I., Obšteter J., Gaynor R.C. Assessment of long-term trends in genetic mean and variance after the introduction of genomic selection in layers: a simulation study // *Front Genet*. 2023. Vol. 14. e: 1168212. DOI: 10.3389/fgene.2023.116821.
66. Abdelmanova A.S., Dotsev A.V., Romanov M.N. Unveiling comparative genomic trajectories of selection and key candidate genes in egg-type Russian White and meat-type White Cornish chickens // *Biology*. 2021. Vol 10. №9. P. 876. DOI: 10.3390/biology1009087.
67. Ou J.H., Rönneburg T., Carlborg Ö., Honaker C.F., Siegel P.B., Rubin C.J. Complex genetic architecture of the chicken Growth1 QTL region // *PLoS One*. 2024. Vol 19. №5. e:0295109. DOI: 10.1371/journal.pone.0295109.
68. Dementieva N.V., Shcherbakov Y.S., Stanishevskaya O.I., Vakhrameev A.B., Larkina T.A., Dysin A.P., Nikolaeva O.A., Ryabova A.E., Azovtseva A.I., Mitrofanova O.V., Peglivanyan G.K., Reinbach N.R., Griffin D.K., Romanov M.N. Large-scale genome-wide SNP analysis reveals the rugged (and ragged) landscape of global ancestry, phylogeny, and demographic history in chicken breeds // *J Zhejiang Univ Sci B*. 2024. Vol. 25. № 4. P. 324-340. DOI: 10.1631/jzus.B2300443.
69. Romanov M.N., Abdelmanova A.S., Fisinin V.I., Gladyr E.A., Volkova N.A., Anshakov D.V., Stanishevskaya O.I., Vakhrameev A.B., Dotsev A.V., Griffin D.K., Zinovieva N.A. Whole Genome Screening Procures a Holistic Hold of the Russian Chicken Gene Pool Heritage and Demographic History // *Biology (Basel)*. 2023. Vol. 12. № 7. P. 979. DOI: 10.3390/biology12070979.
70. Holsinger K.E., Weir B.S. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting FST // *Nature Review Genetics*. 2009. Vol. 10. № 9. P. 639-650. DOI: 10.1038/nrg2611.
71. Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А., Косян Д.Б., Волкова В.В, Гончаренкоб Г.М. Солошенко В.А., Карпов А.П., Эрнст Л.К., Брем Г. Характеристика аллелофонда крупного рогатого скота некоторых мясных пород, разводимых на территории Южного Урала и Западной Сибири // *Достижения науки и техники АПК*. 2013. № 3. С. 61-63.
72. Nei M. Genetic distance between populations // *The American Naturalist*. 1972. Vol. 106. № 949. P. 283–292. DOI: 10.1086/282771.
73. Dementieva N.V., Shcherbakov Y.S., Tyshchenko V.I., Terletsky V.P., Vakhrameev A.B., Nikolaeva O.A., Ryabova A.E., Azovtseva A.I., Mitrofanova O.V., Peglivanyan G.K., Reinbah N.R., Griffin D.K., Romanov M.N. Comparative Analysis of Molecular RFLP and SNP Markers in Assessing and Understanding the Genetic Diversity of Various Chicken Breeds // *Genes (Basel)*. 2022. Vol. 13. №10. 1876. DOI:10.3390/genes13101876.
74. Jolliffe I.T., Cadima J. Principal component analysis: a review and recent developments / I.T. Jolliffe, // *Philosophical Transactions: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*. 2016. Vol. 374. № 2065. ID: 20150202. DOI: 10.1098/rsta.2015.0202.
75. Sovi S.A, Adomako K., Kyei B., Kena A.W., Olympio O.S., Aggrey S.E. Comparative study of population structure and genetic diversity of commercial and indigenous chickens from different agro-ecological zones in Ghana using SilicoDArT and SNP markers // *Gene*. 2024. Vol. 929. № 1. P. 148823. DOI: 10.1016/j.gene.2024.148823.
76. Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data // *Genetics*. 2000. Vol. 155. № 2. P. 945-959. DOI: 10.1093/genetics/155.2.945.
77. Atramentova L.A. Bayesian statistics in human genetics // *Faktori eksperimental'noi evolucii organizmiv*. 2020. Vol. 26. P. 316-319. DOI: 10.7124/FEEO.v26.1286.
78. Yuan J., Li S., Sheng Z., Zhang M., Liu X., Yuan Z., Yang N., Chen J. Genome-wide run of homozygosity analysis reveals candidate genomic regions associated with environmental adaptations of Tibetan native chickens // *BMC Genomics*. 2022. Vol.23. № 1. P. 91. DOI: 10.1186/s12864-021-08280-z.
79. Nie C., Almeida P., Jia Y., Bao H., Ning Z., Qu L. Genome-Wide Single-Nucleotide Polymorphism Data Unveil Admixture of Chinese Indigenous Chicken Breeds with Commercial Breeds // *Genome Biology and Evolution*. 2019. Vol. 11. № 7. P. 1847-1856. DOI: 10.1093/gbe/evz128.

80. Adomako K., Sovi S., Kyei B., Hamidu J.A., Olympio O.S., Aggrey S.E. Phenotypic characterization and analysis of genetic diversity between commercial crossbred and indigenous chickens from three different agro-ecological zones using DArT-Seq technology // *PLoS One*. 2024. Vol. 19. № 5. ID: e0297643. DOI: 10.1371/journal.pone.0297643.
81. Дементьева Н.В., Романов М.Н., Кудинов А.А., Митрофанова О.В., Станишевская О.И., Терлецкий В.П., Федорова Е.С., Никиткина Е.В., Племяшов К.В. Изучение структуры генофондной популяции русской белой породы кур методом геномного SNP-сканирования // *Сельскохозяйственная биология*. 2017. Т. 52. № 6. С. 1166-1174. DOI: 10.15389/agrobiol.2017.6.1166rus.
82. Boudali S.F., Al-Jumaili A.S., Bouandas A., Mahammi F.Z., Tabet Aoul N., Hanotte O., Gaouar S.B.S. Maternal origin and genetic diversity of Algerian domestic chicken (*Gallus gallus domesticus*) from North-Western Africa based on mitochondrial DNA analysis // *Animal Biotechnology*. 2022. Vol. 33. № 3. P. 457-467. DOI: 10.1080/10495398.2020.1803892.
83. Kanakachari M., Chatterjee R.N., Reddy M.R., Dange M., Bhattacharya T.K. Indian Red Jungle fowl reveals a genetic relationship with South East Asian Red Jungle fowl and Indian native chicken breeds as evidenced through whole mitochondrial genome sequences // *Frontiers in Genetics*. 2023. № 14. ID: 1083976. DOI: 10.3389/fgene.2023.1083976.
84. Ren X, Guan Z., Li H., Zhang L., Wen J., Zhao X., Wang G., Zhang X., Wang H., Yu F., Chen Z., Qu L. Phylogenetic analysis reveals multiple origins of Chinese gamecocks // *Poultry Science*. 2023. Vol. 102. № 12. ID: 103068. DOI: 10.1016/j.psj.2023.103068.
85. Al-Jumaili A.S., Hanotte O. The usefulness of maternally inherited genetic markers for phylogeographic studies in village chicken // *Animal Biotechnology*. 2023. Vol. 34. № 4. P. 863-881. DOI: 10.1080/10495398.2021.200042.
86. Page R.D. TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers // *Computer Applications in the Biosciences*. 1996. Vol. 12. № 4. P. 357-358. DOI: 10.1093/bioinformatics/12.4.357.
87. Kirin M., McQuillan R., Franklin C.S., Campbell H., McKeigue P.M., Wilson J.F. Genomic runs of homozygosity record population history and consanguinity // *PLoS ONE*. 2010. Vol. 5. e:13996. DOI: 10.1371/journal.pone.0013996.
88. Letunic I., Bork P. Tree Of Life (iTOL) v4: recent updates and new developments // *Nucleic Acids Research*. 2019. Vol. 47. № W1. P. W256-259. DOI: 10.1093/nar/gkz239.
89. Velasco V.V., Tsudzuki M., Hashimoto N., Goto N., Ishikawa A. Genetic Diversity, Runs of Homozygosity, and Selection Signatures in Native Japanese Chickens: Insights from Single-Nucleotide Polymorphisms // *Animals (Basel)*. 2024. Vol. 14. № 22. ID: 3341. DOI: 10.3390/ani14223341.
90. Tan X., Liu L., Dong J., Huang M., Zhang J., Li Q., Wang H., Bai L., Cui M., Zhou Z., Wu D., Xiang Y., Li W., Wang D. Genome-wide detections for runs of homozygosity and selective signatures reveal novel candidate genes under domestication in chickens // *BMC Genomics*. 2024. Vol. 25. № 1. P. 485. DOI: 10.1186/s12864-024-10349-4.
91. Недашковский И.С., Сермягин А.А., Костюнина О.В., Янчуков И.Н., Зиновьева Н.А. Влияние уровня геномного инбридинга, оцененного по ROH-паттернам, на воспроизводительные качества и молочную продуктивность дочерей, а также спермопродукцию голштинских быков-производителей // *Достижения науки и техники АПК*. 2021. № 3. С. 148-154. DOI: 10.24411/0235-2451-2021-10307.
92. F.C., Joshi P.K., Clark D.W., Ramsay M., Wilson J.F. Runs of Homozygosity: Windows Into Population History and Trait Architecture // *Nature Reviews Genetics*. 2018. Vol. 19. № 4. P. 220-234. DOI: 10.1038/nrg.2017.109.
93. Foote A.D., Hooper R., Alexander A., Baird R.W., Baker C.S., Ballance L., Barlow J., Brownlow A., Collins T., Constantine R., Dalla Rosa L., Davison N.J., Durban J.W., Esteban R., Excoffier L., Martin S.L.F., Forney K.A., Gerrodette T., Gilbert M.T.P., Guinet C., Hanson M.B., Li S., Martin M.D., Robertson K.M., Samarra F.I.P., de Stephanis R., Tavares S.B., Tixier P., Totterdell J.A., Wade P., Wolf J.B.W., Fan G., Zhang Y., Morin P.A. Runs of Homozygosity in Killer Whale Genomes Provide a Global Record of Demographic Histories // *Molecular Ecology*. 2021. Vol. 30. № 23. P. 6162-6177. DOI: 10.1111/mec.16137.
94. McQuillan R., Leutenegger A.L., Abdel-Rahman R., Franklin C.S., Pericic M., Barac-Lauc L., Smolej-Narancic N., Janicijevic B., Polasek O., Tenesa A., Macleod A.K., Farrington S.M., Rudan P., Hayward C., Vitart V., Rudan I., Wild S.H., Dunlop M.G., Wright A.F., Campbell H., Wilson J.F. Runs of homozygosity in European populations // *The American Journal of Human Genetics*. 2008. Vol. 83. № 5. ID: 658. DOI: 10.1016/j.ajhg.2008.08.007.
95. Silva G.A., Harder A.M., Kirksey K.B., Mathur S., Willoughby J.R. Detectability of Runs of Homozygosity Is Influenced by Analysis Parameters and Population-Specific Demographic History // *PLOS Computational Biology*. 2024. Vol. 20. № 10. ID: e1012566. DOI: 10.1101/2022.09.29.510155.
96. Hewett A.M., Stoffel M.A., Peters L., Johnston S.E., Pemberton J.M. Selection, Recombination and Population History Effects on Runs of Homozygosity (ROH) in Wild Red Deer (*Cervus elaphus*) // *Heredity*. 2023. Vol. 130. № 4. P. 242-250. DOI: 10.1038/s41437-023-00602-z.