

УДК 636.5.034:575.174.015.3

А.В. ШЕЛЬОВ, кандидат сільськогосподарських наук,
К.В. КОПИЛОВ, доктор сільськогосподарських наук, професор,
 Інститут розведення і генетики тварин ім. М.В. Зубця, НААН,

Н.П. ПРОКОПЕНКО, доктор сільськогосподарських наук, професор,
 Національний університет біоресурсів і природокористування України,

С.С. КРАМАРЕНКО, доктор біологічних наук, професор,
О.С. КРАМАРЕНКО, кандидат сільськогосподарських наук,
 Миколаївський національний аграрний університет

E-mail: shelyov@gmail.com

Генотипова структура яєчних курей за мікросателітами ДНК

Анотація. Проаналізовано характер генотипового поліморфізму п'яти промислових кросів курей яєчного напрямку продуктивності за п'ятьма мікросателітними локусами ДНК. За дослідженими локусами визначено 157 різних генотипових варіантів. Промислові кроси свійської курки *Gallus domesticus* вірогідно відрізнялись за розподілом генотипів по всіх досліджених локусах мікросателітів ($P < 0,001$). Найбільшу кількість генотипів виявлено у коричневих кросів. За локусами ADL268 та LEI094 найполіморфнішими були особини кросу «Хайсекс коричневий», а за рештою – «Ломанн коричневий». Найпоширенішим серед досліджуваних птахів є генотип MCW0248^{213/213} (відмічено у 129 особин). Цей же генотип є наймасовішим у кросу «Ломанн білий» (77 особин). У птиці кросів «Ломанн коричневий» та «Хай-Лайн W-98» наймасовішим є алель MCW0248^{213/217} (23 та 10 особин відповідно), у «Хайсекс білий» – MCW0248^{215/219} (42 особини), а у «Хайсекс коричневий» найчастіше зустрічаються генотипи MCW0248^{215/221} та MCW0248^{221/221} (у 13 особин кожен). Рідкісні генотипи було виявлено в усіх досліджених кросах, за виключенням генотипів, які зустрічались лише раз (Ng) у кросу «Хайсекс білий». Зі 136 таких генотипів 73 зустрічались лише раз, а 63 – 2 рази. Найбільшу кількість рідкісних генотипів було зафіксовано у коричневих кросів за локусами LEI094 та MCW0248. Загалом, у досліджених кросів було виявлено 92 унікальних генотипи. З них 5 – зареєстровано за локусом ADL268 лише у кросу «Хайсекс коричневий». За локусом MCW0216 було виявлено 14 унікальних генотипів: серед курей кросу «Хайсекс коричневий» – 7, «Ломанн коричневий» – 5, «Ломанн білий» та «Хай-Лайн W-98» – по одному такому генотипу, серед особин кросу «Хайсекс білий» – жодного. Унікальні генотипи за локусом LEI094 було виявлено 31 раз. Серед особин кросів «Ломанн коричневий» та «Хайсекс коричневий» було відмічено по 12 таких генотипів, а серед курей кросу «Ломанн білий» – 4. Крос «Ломанн білий» виявив високий рівень консолідованості за певними генотипами по кожному з досліджених мікросателітних локусів. Так, генотип ADL0278^{108/114} зустрічався у 40% випадків, ADL0268^{108/110} – 50%, LEI094^{259/259} – 58%, MCW0248^{213/213} – 77% і MCW216^{137/137} – 84%. Причому останні 3 – гомозиготні.

Ключові слова: кури, мікросателіти, поліморфізм, ДНК, унікальні генотипи

Досягнення та ефективність птахівничої галузі базуються значною мірою на використанні сучасних інструментів селекційної роботи, що поєднують у собі досягнення молекулярної і прикладної генетики. Все більшого значення набувають молекулярно-генетичні дослідження, зокрема використання мікросателітів ДНК, які останніми роками активно застосовують для вивчення генетичного різноманіття та мікроеволюційних процесів в популяціях свійської птиці (Chen et al., 2008; Новгородова и др., 2016; Maharani et al., 2017).

Застосування ДНК-технологій дозволило вивести селекцію сільськогосподарської птиці на принципово новому рівні, оскільки з'явилися нові можливості роботи зі спадковим матеріалом.

На жаль, методи, що базуються на фенотиповій оцінці рівня генетичної мінливості, не можуть повною мірою відобразити істинну картину, що багато в чому перешкоджає ефективному впровадженню селекційних програм, в тому числі у птахівництві. Виходячи з зазначеного, дослідження генетичної структури популяцій за використання

різних типів ДНК-маркерів відносяться до найактуальніших завдань вітчизняного птахівництва та мають суттєве теоретичне й практичне значення.

Мета дослідження – аналіз генотипового різноманіття мікросателітних локусів ДНК курей яєчного напрямку продуктивності п'яти промислових кросів.

Матеріали і методи досліджень. В умовах промислових господарств відібрано для дослідження зразки покривного пір'я зі спини у 408 курей (від однієї особини – не менше 6 пір'їн із пір'яними фолікулами (Бородай та ін., 2012) різних промислових стад яєчних кросів, а саме: «Ломанн ЛСЛ» (100 голів), «Ломанн коричневий» (83 голови), «Хайсекс білий» (122 голови), «Хай-Лайн W-98» (22 голови), «Хайсекс коричневий» (81 голова). Виділення ДНК зі зразків здійснювали з використанням набору «ДНК-сорб-В» (Амплісенс, Росія), згідно рекомендацій виробника. ПЛР проводили на ампліфікаторі AB 2720 Thermal Cycler (Applied Biosystems, США). Реакційну суміш для ПЛР готували відповідно протоколу (Бородай та ін., 2012). Ампліфіковану ДНК розділяли методом капілярного гель-електрофорезу на генетичному аналізаторі ABI Prism 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США).

Документування отриманих графічних результатів здійснювалось за допомогою програм «Run 3130 Data Collection v.3.0» (Applied Biosystems, США) та «GeneMapper 3.7» (Applied Biosystems, США). Мікросателітний аналіз проводили за п'ятьма мікросателітними локусами (ADL0268, ADL0278, MCW0248, LEI0094 та MCW0216), що входять до переліку, рекомендованого FAO (FAO, 2011).

Генотипове різноманіття досліджуваних кросів оцінювали за кількістю виявлених генотипів (Ng), рідкісних генотипів (Ng_1 , Ng_2), унікальних генотипів (Ng_{unic}), розрахованими за використання програми GenAlEx v. 6.5 (Peakall et al., 2012) Для оцінки достовірності результатів порівняння вибірок у цілому відносно показників генотипового різноманіття було використано критерій Хі-квадрат К. Пірсона. Для адекватного порівняння вибірок різного розміру було застосовано спеціальний метод, що дозволяє оцінити потенційне різноманіття (за умови, що обсяг вибірки, яка аналізується, прагне до нескінченності), а саме – непараметричний метод А. Чао (Chao A., 1984).

Результати досліджень. За 5 дослідженими мікросателітними локусами було визначено 157 різних генотипових варіантів (табл. 1). Різні промислові кроси



свійської курки *Gallus domesticus* достовірно відрізнялись за розподілом генотипів по всіх досліджених локусах мікросателітів ($P < 0,001$).

Найбільшу кількість генотипів виявлено у коричневих кросів. За локусами ADL268 та LEI094 найполіморфнішими були особини кросу «Хайсекс коричневий», а за рештою – «Ломанн коричневий», серед білих кросів у всіх випадках найбільший рівень генотипового різноманіття зафіксовано у кросу «Хайсекс білий», а за локусом ADL268 найбільшу кількість генотипів – у кросу «Ломанн білий» (табл. 1).

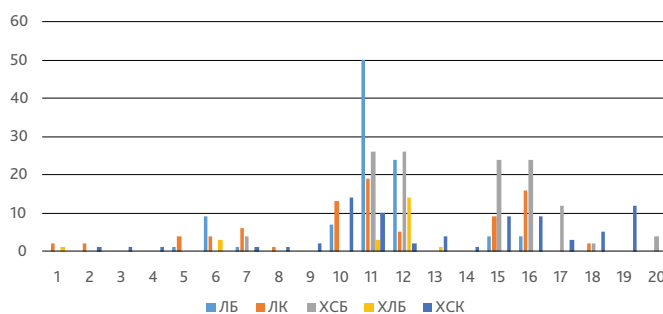


Рис.1. Генотипові спектри різних кросів курей за локусом ADL268. (На цьому рисунку і надалі ЛБ – «Ломанн білий», ЛК – «Ломанн коричневий», ХСБ – «Хайсекс білий», ХЛБ – «Хай-Лайн W-98», ХСК – «Хайсекс коричневий»)

1. Кількість виявлених генотипів (Ng)

Локус	Крос					Загалом	У середньому
	Ломанн білий	Ломанн коричневий	Хайсекс білий	Хай-Лайн W-98	Хайсекс коричневий		
ADL268	8	12	8	5	17	20	11,67
MCW0216	4	12	7	5	9	20	9,50
LEI094	11	27	19	8	32	55	25,33
ADL0278	8	22	13	10	21	36	18,33
MCW0248	4	21	8	4	14	26	12,83
Середнє	7	18,8	11	6,4	18,6	31,4	15,533

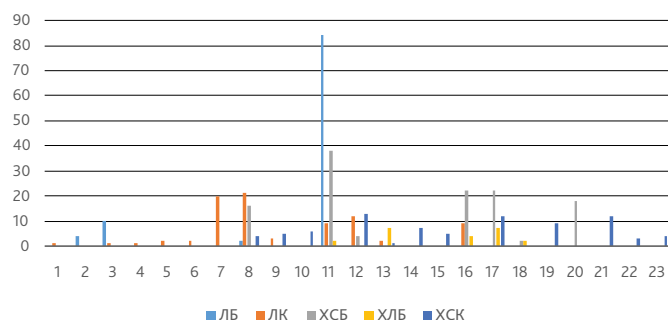


Рис.2. Генотипові спектри різних кросів курей за локусом MCW0216

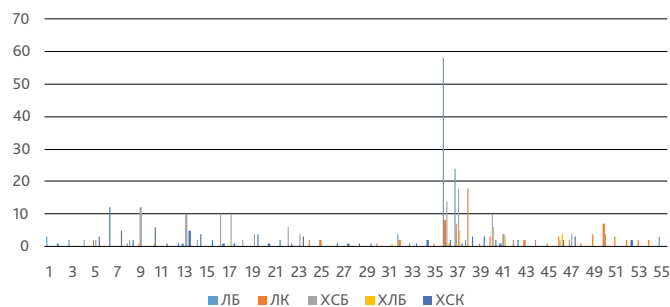


Рис.3. Генотипові спектри різних кросів курей за локусом LEI094

Всі мікросателітні локуси характеризувались середньою кількістю виявлених генотипових варіантів. Загальна їхня кількість у особин різних кросів коливалась від 20 (за локусами MCW216 та ADL0268) до 55 (за локусом LEI094). Найвищий рівень генотипового поліморфізму було зафіксовано за локусом LEI094 у особин

кросу «Хайсекс коричневий» (32 варіанти). Найменш поліморфним виявились локуси MCW216 у птахів кросу «Ломанн білий» та MCW216 – у «Ломанн білий» та «Хай-Лайн W-98» (4 варіанти).

За локусом ADL268 виявлено 20 різних генотипових варіантів (рис. 1), 5 – у «Хай-Лайн W-98», по 8 – у

2. Кількість рідкісних генотипів

Локус	Крос					Загалом	У середньому
	Ломанн білий	Ломанн коричневий	Хайсекс білий	Хай-Лайн W-98	Хайсекс коричневий		
Кількість генотипів, що зустрічались лише раз (Ng ₁)							
ADL268	2	1	0	2	6	5	2,67
MCW0216	0	3	0	0	1	0	0,67
LEI094	4	8	0	4	12	13	6,83
ADL0278	0	6	0	4	6	4	3,33
MCW0248	1	11	0	1	1	6	3,33
Середнє	1,4	5,8	0	2,2	5,2	5,6	2,920
Кількість генотипів, що зустрічались 2 рази (Ng ₂)							
ADL268	0	3	1	0	2	1	1,17
MCW0216	1	3	1	2	0	1	1,33
LEI094	2	11	6	0	9	13	6,83
ADL0278	0	4	4	3	3	5	3,17
MCW0248	1	3	1	1	2	4	2,00
Середнє	0,8	4,8	2,6	1,2	3,2	4,8	2,52

3. Кількість унікальних генотипів (Ng_{unik})

Локус	Крос					Загалом	У середньому
	Ломанн білий	Ломанн коричневий	Хайсекс білий	Хай-Лайн W-98	Хайсекс коричневий		
ADL268	0	0	0	5	7	12	2,4
MCW0216	1	5	1	0	7	14	2,8
LEI094	4	12	2	1	12	31	6,2
ADL0278	0	5	2	9	7	23	4,6
MCW0248	0	8	0	0	4	12	2,4
Середнє	1	6	1	3	7,4	18,4	3,68

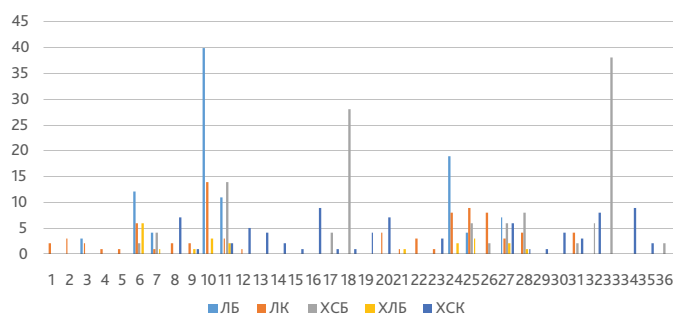


Рис.4. Генотипові спектри різних кросів курей за локусом ADL0278

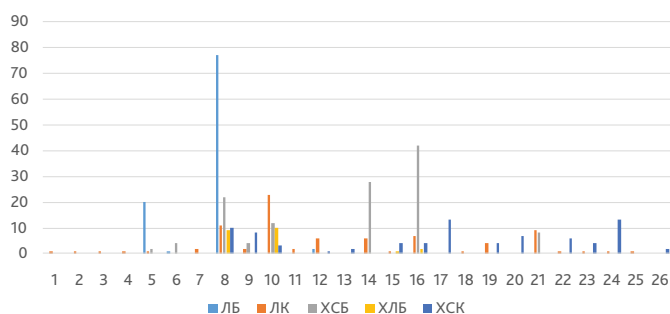


Рис.5. Генотипові спектри різних кросів курей за локусом MCW0248

птиці кросів «Ломанн білий» та «Хайсекс білий», 12 – у «Ломанн коричневий» та 17 – у «Хайсекс коричневий». Деякі з них широко представлені серед досліджуваних тварин – генотип ADL268^{108/110} (відмічено у 108 особин). Він же є найпоширенішим у кросах «Ломанн коричневий» (19 особин), «Хайсекс білий» (26 особин) та «Ломанн білий» (50 особин). У кросах «Хайсекс коричневий» та «Хай-Лайн W-98» найбільше поширення (по 14 особин) мають генотипи ADL268^{108/108} та ADL268^{108/112} відповідно.

За локусом MCW0216 виявлено 20 різних генотипових варіантів; у птиці кросу «Ломанн коричневий» – 12, «Хайсекс коричневий» – 9, «Хайсекс білий» – 7, «Хай-Лайн W-98» – 5 та 4 – у «Ломанн білий» (рис. 2). Найпоширенішим серед досліджуваних тварин є генотип MCW0216^{137/137} (відмічено у 133 особин, 32,6%). Цей же генотип є наймасовішим у кросах «Ломанн білий» (84 особини) та «Хайсекс білий» (38 особин). У птиці кросу «Ломанн коричневий» наймасовішим є алель MCW0216^{135/137} (21 особина), у «Хай-Лайн W-98» – MCW0216^{137/141} та MCW0216^{139/141} (по 7 особин кожен), а у «Хайсекс коричневий» найчастіше зустрічається генотип – MCW0216^{137/139} (у 13 особин).

За локусом LEI094 виявлено 55 різних генотипових варіантів, у особин, що належать до кросу «Хайсекс коричневий» – 32, «Ломанн коричневий» – 27, «Хайсекс білий» – 19, «Ломанн білий» – 11 та «Хай-Лайн W-98» – 8 (рис. 3). Найпоширенішим серед досліджуваних тварин є генотип LEI094^{259/259} (відмічено у 83 особин). Цей самий генотип є наймасовішим і в кросі «Ломанн білий» (58 особин). У особин кросу «Ломанн коричневий» найчастіше зустрічається генотип – LEI094^{259/263} (у 18 особин), у «Хайсекс білий» – LEI094^{259/261} (також 18 особин),

у «Хай-Лайн W-98» – LEI094^{261/261} (у 6 особин), а у «Хайсекс коричневий» – генотип LEI094^{245/247} (12 особин).

За локусом ADL0278 виявлено 36 різних генотипових варіантів, у особин, що належать до кросу «Ломанн коричневий» – 22, «Хайсекс коричневий» – 21, «Хайсекс білий» – 13, «Хай-Лайн W-98» – 10 та «Ломанн білий» – 8 (рис. 4). Найпоширенішим серед досліджуваних тварин є генотип ADL0278^{108/114} (відмічено у 57 особин). Цей самий генотип є наймасовішим і в кросах «Ломанн білий» (40 особин) та «Ломанн коричневий» (14 особин). У особин кросу «Хайсекс білий» найчастіше зустрічається генотип – ADL0278^{120/120} (у 38 особин), у «Хай-Лайн W-98» – ADL0278^{106/114} (у 6 особин), а у «Хайсекс коричневий» птиці – генотипи ADL0278^{110/116} та ADL0278^{120/122} (по 9 особин кожен).

За локусом MCW0248 виявлено 26 різних генотипових варіантів, у птиці кросу «Ломанн коричневий» – 21, «Хайсекс коричневий» – 14, «Хайсекс білий» – 8, «Ломанн білий» та «Хай-Лайн W-98» – 4 (рис. 5).

Найпоширенішим серед досліджуваних тварин є генотип MCW0248^{213/213} (відмічено у 129 особин). Цей же генотип є наймасовішим у кросу «Ломанн білий» (77 особин). У птиці кросів «Ломанн коричневий» та «Хай-Лайн W-98» наймасовішим є алель MCW0248^{213/217} (23 та 10 особин відповідно), у «Хайсекс білий» – MCW0248^{215/219} (42 особини), а у «Хайсекс коричневий» найчастіше зустрічаються генотипи MCW0248^{215/221} та MCW0248^{221/221} (у 13 особин кожен).

Рідкісні генотипи було виявлено в усіх досліджених кросах, за виключенням генотипів, які зустрічались лише раз (Ng_i) у кросу «Хайсекс білий». Загалом, таких генотипів було виявлено 136, з них 73 генотипи зустрічались лише раз та 63 генотипи, які зустрічались 2 рази. Найбільшу кількість рідкісних генотипів було зафіксовано у коричневих кросів за локусами LEI094 та MCW0248 (табл. 2).

У досліджених кросів було виявлено 92 унікальних генотипи. З них 5 генотипів було зареєстровано за локусом ADL268 лише в кросу «Хайсекс коричневий», а серед особин решти кросів таких генотипів за даним локусом виявлено не було. За локусом MCW0216 було виявлено 14 унікальних генотипів: серед представників кросу «Хайсекс коричневий» – 7, «Ломанн коричневий» – 5, «Ломанн білий» та «Хай-Лайн W-98» – по одному



такому генотипу, серед особин кросу «Хайсекс білий» – жодного. Унікальні генотипи за локусом LEI094 було виявлено 31 раз. Серед особин кросів «Ломанн коричневий» та «Хайсекс коричневий» було відмічено по 12 таких генотипів, а серед представників кросу «Ломанн білий» – 4 (табл. 3).

Відмінності між досліджуваними кросами за кількістю виявлених генотипових варіантів були достовірними. Розрахунки одержані за допомогою непараметричного методу А. Чао, використання якого дозволяє більш коректно здійснити порівняння популяцій різного розміру, підтверджують адекватність результатів безпосереднього аналізу.

ВИСНОВКИ

У результаті аналізу генотипового поліморфізму різних промислових кросів яєчних курей визначено рівень генотипового різноманіття. Найбільша кількість виявлених генотипів (Ng), рідкісних (Ng_1 , Ng_2) та унікальних генотипів (Ng_{unic}) за всіма дослідженими локусами встановлено у коричневих кросів. Водночас, виявлено суттєвий рівень подібності між дослідженими кросами за розмахом спектрів генотипового поліморфізму та його відмінності за характером розподілу виявлених генотипів, кількістю виявлених (Ng), рідкісних (Ng_1 , Ng_2) та унікальних генотипів (Ng_{unic}). Крос «Ломанн білий» виявив високий рівень консолідованості за певними генотипами по кожному з досліджених мікросателітних локусів.

Перспективи подальших досліджень полягають у застосуванні нових сучасних методів математичного аналізу результатів генотипування свійської птиці за мікросателітними локусами ДНК, з метою аналізу популяційно-генетичних та мікроеволюційних процесів в популяціях. ■

**А.В. ШЕЛЁВ, К.В. КОПЫЛОВ,
Н.П. ПРОКОПЕНКО, С.С. КРАМАРЕНКО,
А.С. КРАМАРЕНКО**

Генотипическая структура яичных кур по микросателлитам ДНК

Аннотация. Проанализирован характер генотипического полиморфизма пяти промышленных кроссов кур яичного направления продуктивности по пяти микросателлитным локусам ДНК. По исследованным локусам выявлено 157 разных генотипических вариантов. Промышленные кроссы домашней курицы *Gallus domesticus* достоверно отличались по распределению генотипов по всем исследованным локусам микросателлитов ($P < 0,001$). Наибольшее количество генотипов выявлено у коричневых кроссов. По локусам ADL268 и LEI094 наиболее полиморфными были особи

кросса «Хайсекс коричневый», по другим – «Ломанн коричневый». Наиболее частым среди исследуемой птицы является генотип MCW0248^{213/213} (выявлен у 129 особей). Этот же генотип наиболее часто встречается у кросса «Ломанн белый» (77 особей). У птицы кроссов «Ломанн коричневый» и «Хай-Лайн W-98» более всего представлен аллель MCW0248^{213/217} (23 и 10 особей соответственно), у «Хайсекс белый» – MCW0248^{215/219} (42 особи), а у «Хайсекс коричневый» наиболее часто встречаются генотипы MCW0248^{215/221} и MCW0248^{221/221} (у 13 особей каждый). Редкие генотипы были выявлены у всех исследованных кроссов, за исключением генотипов, которые встречались только раз (Ng_1) у кросса «Хайсекс белый». Из 136 таких генотипов 73 встречались только раз, а 63 – 2 раза. Наибольшее количество редких генотипов было зафиксировано у коричневых кроссов по локусам LEI094 и MCW0248. В целом, у исследованных кроссов было выявлено 92 уникальных генотипа. Из них 5 – зарегистрировано по локусу ADL268 только у кросса «Хайсекс коричневый». По локусу MCW0216 было выявлено 14 уникальных генотипа: среди кур кросса «Хайсекс коричневый» – 7, «Ломанн коричневый» – 5, «Ломанн белый» и «Хай-Лайн W-98» – по одному такому генотипу, среди особей кросса «Хайсекс белый» – не выявлено. Уникальные генотипы по локусу LEI094 были установлены 31 раз. Среди особей кроссов «Ломанн коричневый» и «Хайсекс коричневый» было отмечено по 12 таких генотипов, а среди кур кросса «Ломанн белый» – 4. Кросс «Ломанн белый» показал высокий уровень консолидации по определенным генотипам по каждому из исследованных микросателлитных локусов. Так, генотип ADL0278^{108/114} встречался в 40% случаев, ADL0268^{108/110} – 50%, LEI094^{259/259} – 58%, MCW248^{213/213} – 77% и MCW216^{137/137} – 84%. При этом, последние 3 – гомозиготные.

Ключевые слова: куры, микросателлиты, полиморфизм, ДНК, уникальные генотипы

A.V. SHELYOV, Candidate of Agricultural Sciences, **K.V. KOPYLOV**, Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Institute of Animal Breeding and Genetics NAAS, **N.P. PROKOPENKO**, Doctor of Agricultural Sciences, Professor, National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, **S.S. KRAMARENKO**, Doctor of Biological Sciences, Professor, **A.S. KRAMARENKO**, Candidate of Agricultural Sciences, Mykolayiv National Agrarian University
E-mail: shelyov@gmail.com

Genotypical structure of egg hens by DNA microsatellites

Abstract. The character of genotypic polymorphism of five industrial egg crosses of hens for five microsatellite DNA loci was analyzed. For the studied loci, 157 different genotypic variants were identified. Industrial crosses of domestic chicken *Gallus domesticus* significantly differed in the distribution of genotypes for all studied microsatellite loci ($P < 0.001$). The largest number of genotypes was found in brown crosses. For loci ADL268 and LEI094, individuals of the Hisex Brown cross were the most polymorphic, while for others, Lohmann Brown. The most common among the studied birds is the genotype MCW0248^{213/213} (found in 129 individuals). The same genotype is most often found in the Lohmann White cross (77 individuals). In the bird of the Lohmann Brown and Hi-Line W-98 crosses, the MCW0248^{213/217} allele is most represented (23 and 10 individuals, respectively), in the Hisex White - MCW0248^{215/219} (42 individuals). Hisex Brown has the most represented genotypes MCW0248^{215/221} and MCW0248^{221/221} (in 13 individuals each). Rare genotypes were found in all of the studied crosses, with the exception of genotypes, which occurred only once (Ng.) in the Hisex white cross. Out of 136 such genotypes, 73 occurred only once, and 63 met 2 times. The largest number of rare genotypes

was recorded in brown crosses at the LEI094 and MCW0248 loci. In general, 92 unique genotypes were identified in the studied crosses. Of these, 5 were registered at the ADL268 locus only in the Hisex Brown cross. At the locus MCW0216, 14 unique genotypes were identified: among hens of the Hisex brown cross – 7, Lohmann brown – 5, Lohmann white and Hy-Line W-98 – one such genotype, among individuals of the Hisex cross white - not detected. Unique genotypes for the LEI094 locus were identified 31 times. Among the individuals of the Lohmann brown and Hisex brown crosses, 12 such genotypes were recorded, and among the hens of the Lohmann white cross – 4. The Lohmann White cross showed a high level of consolidation for certain genotypes for each of the studied microsatellite loci. Thus, the ADL0278^{108/114} genotype was found in 40% of cases, ADL0268^{108/110} – 50%, LEI094^{259/259} – 58%, MCW248^{213/213} – 77% and MCW216^{137/137} – 84%. Moreover, the last 3 are homozygous.

Key words: chicken, microsatellites, polymorphism, DNA, unique genotypes

Література

- Бородай В.П., Пономаренко Н.П., Мельник В.В., Шельов А.В., Спиридонов В.Г., Мельничук С.Д. Рекомендації щодо проведення генетичної оцінки популяцій курей спеціалізованих яєчних кросів із застосуванням ДНК-маркерів. Київ.: ТОВ «Аграр Медіа Груп». 2012. 41 с.
- Новгородова И. П., Зиновьева Н. А., Гладырь Е. А., Фисинин В. Е. Анализ генетического разнообразия декоративных пород кур на основе микросателлитных маркеров. *Достижения науки и техники АПК*. 2016. Том 30, № 1. С. 69–71.
- Chao A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scandinavian Journal of Statistics*. 1984. V. 11. P. 265–270.
- Chen G., Bao W., Shu J., Ji C., Wang M., Eding H. Assessment of population structure and genetic diversity of 15 Chinese indigenous chicken breeds using microsatellite markers. *Asian-Aust J AnimSci*. 2008. Vol. 21, № 3. P. 331–339.
- FAO, 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. Food and Agriculture Organization of the United Nations Publ., Rome, Italy.
- Maharani D., Hariyono D. N. H., Cho S., Manjula P., Seo D., Choi N., Sidadolog J. H. P., Lee J. H. Genetic diversity among Indonesian local duck populations in Java Island assessed by microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genomics*. 2017. Vol. 1, № 2. P. 136–142.
- Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*. 2012. Vol. 28. P. 2537–2539.

References

- Borodai, V.P., Ponomarenko, N.P., Melnyk, V.V., Shelov, A.V., Spyrydonov, V.H. & Melnychuk, S.D. (2012). Rekomendatsii shchodo provedennia henetychnoi otsinky populiatsii kurei spetsializovanykh yaiechnykh krosiv iz zastosuvanniam DNK-markeiriv [Recommendations for genetic assessment of populations of chickens specialized egg crosses using DNA markers]. Kyiv.: TOV «Ahrar Media Hrup». [in Ukrainian].
- Chao, A. (1984). Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scandinavian Journal of Statistics*, 11. 265–270. [in English].
- Chen, G., Bao, W., Shu, J., Ji, C., Wang, M. & Eding H. (2008). Assessment of population structure and genetic diversity of 15 Chinese indigenous chicken breeds using microsatellite markers. *Asian-Aust J Anim. Sci.*, 21 (3), 331–339.
- FAO, 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. Food and Agriculture Organization of the United Nations Publ., Rome, Italy. [in English].
- Maharani, D., Hariyono, D. N. H., Cho, S., Manjula, P., Seo, D., Choi, N., Sidadolog, J. H. P. & Lee, J. H. (2017). Genetic diversity among Indonesian local duck populations in Java Island assessed by microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genomics*, 1 (2), 136–142. [in English].
- Novgorodova, I. P., Zinoveva, N. A., Gladyr, E. A. & Fisinin, V. I. (2016). Analiz geneticheskogo raznoobrazija dekorativnykh porod kur na osnove mikrosatelitnykh markerov [Analysis of the genetic diversity of ornamental chicken breeds based on microsatellite markers]. *Dostizheniya nauki i tehniki APK [Achievements of science and technology of the agro-industrial complex]*, 30 (1), 69–71. [in Russian].
- Peakall, R., Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*, 28, 2537–2539.