

**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

# Алельний поліморфізм мікросателітних локусів ДНК яєчних курей

**Анотація.** Проаналізовано алельний поліморфізм п'яти промислових кросів курей яєчного напрямку продуктивності за п'ятьма мікросателітними локусами ДНК (ADL0268, MCW216, LEI0094, ADL0278 та MCW248), які було відібрано відповідно до рекомендацій Міжнародного товариства генетики тварин (ISAG). За результатами математико-статистичної обробки та аналізу одержаних даних визначено спектри та частоти алельної мінливості, особливості алелофондів, виявлено унікальні алелі. Загалом по виду *Gallus gallus* має місце специфічний характер алельних спектрів за всіма дослідженими мікросателітними локусами ДНК ( $P < 0,001$ ). Найвищі показники алельної мінливості було зафіксовано в коричневих кросах "Ломанн коричневий" та "Хайсекс коричневий" (відповідно  $N_a(LimNa) = (9,2 (5-17))$  та  $7,4 (6-11)$ ). Досліджені кроси характеризувались зсуном алельних спектрів у бік зменшення довжин фрагментів. "Ломанн білий" вирізняється серед птиці інших кросів високою консолідованістю за окремими алелями по всіх досліджених мікросателітах (від ADL278114 – 0,343 та ADL268108 – 0,485 до LEI094259 – 0,720, MCW0248213 – 0,785 та MCW0216137 – 0,920). Унікальні алелі з найбільшою частотою виявлялись у курей коричневих кросів, а у птиці кросу "Хай-Лайн W-98" були відсутні. Кількість виявлених унікальних алелів коливалась від 1 ("Хайсекс білий") до 11 ("Ломанн коричневий"). Найполіморфнішим за кількістю унікальних алелів виявився локус LEI094 – за ним було виявлено 10 таких алельних варіантів. За локусом ADL0268 унікальні алелі були відсутні. Отримані оцінки критерію  $\chi^2$  К. Пірсона свідчать про достовірні відмінності за розподілом алелів за частотами по всіх досліджених локусах. За використання програмного забезпечення MICROSATELLITE ANALYSER встановлено, що характер мінливості досліджених мікросателітних локусів ДНК у п'яти промислових кросів курей яєчного напрямку продуктивності, як відносно кількості виявлених алелів, так і характеру їх розподілу, відповідав покроковій мутаційній моделі (SMM).

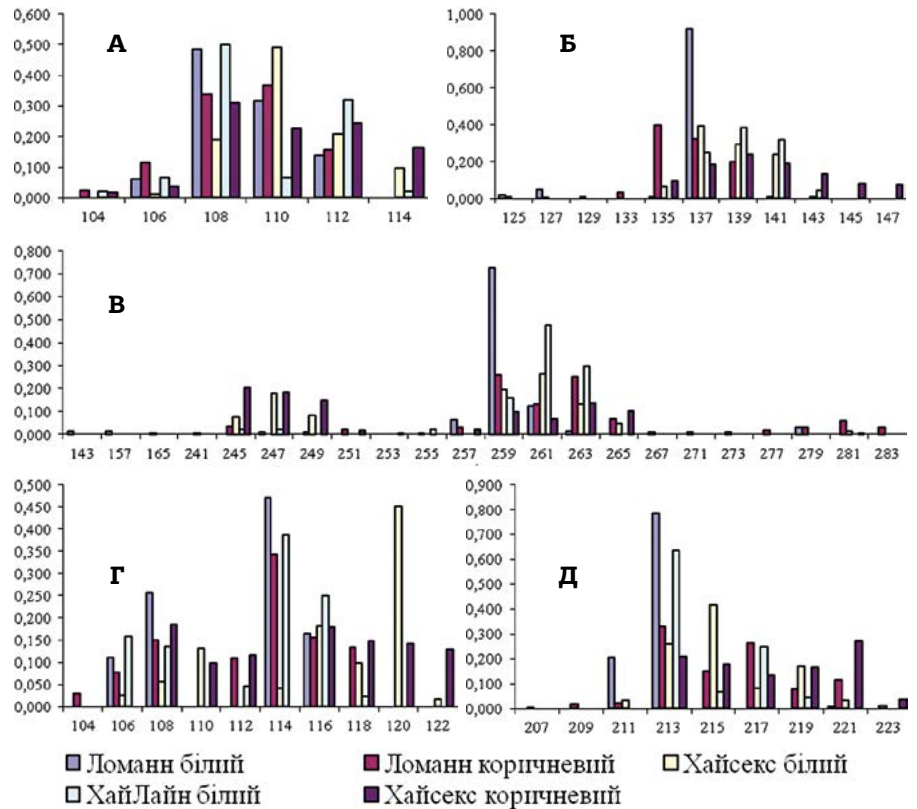
**Ключові слова:** кури, крос, мікросателіти, поліморфізм, ДНК, унікальні алелі

**В**ивчення алелофондів курей різних порід за використання мікросателітів ДНК є актуальним для птахівництва в усьому світі. Сучасні молекулярно-генетичні методи оцінки генетичної структури популяцій тварин на рівні ДНК дають можливість використовувати їх при плануванні селекційної роботи. При цьому, важливого значення набуває розуміння та можливість обґрунтовано прогнозувати мікроеволюційні процеси незалежно від того, чи це панміктична популяція чи локальна, новостворена порода чи фінальний промисловий крос.

Мікросателіти ДНК застосовують для вирішення найрізноманітніших завдань у птахівництві (Новгородова і др., 2016; Gholizadeh et al., 2007); в останні роки мікросателіти почали активно застосовувати для вивчення генетичного різноманіття та мікроеволюційних процесів у популяціях свійської птиці (Chen et al., 2008; Maharani et al., 2017). Мікросателіти часто використовують для здійснення філогенетичного аналізу (Romanov et al., 2001; Hariyono et al., 2019), дослідження молекулярно-генетичної еволюції (Agatep et al., 2016). Проведення досліджень генетичної структури з використан-

ням ДНК-маркерів зумовлює більш вірогідну ідентифікацію породної належності тварин порівняно з методами, що ґрунтуються на оцінці за фенотипом. Використання монолокусних та мультилокусних молекулярно-генетичних маркерів у генетико-популяційних дослідженнях дає змогу визначити спектр унікальних алелів, властивих тільки конкретній породі, що, у свою чергу, сприяє їх безпосередній ідентифікації (Duran et al., 2009; Wakchaure et al., 2015). Відзначено високий рівень достовірності результатів за використання мікросателітів для ідентифікації породної належності у курки (Sung Soo Choi et al., 2019). Так, середнє значення вірогідності віднесення особин до певної породи за використання 16-и мікросателітних локусів у різних популяціях було на рівні 96,0%, за використання восьми маркерів – 89,0%. У деяких породах вірогідність віднесення особини до певної популяції за результатами мікросателітного типування досягала 100% (Новгородова і др., 2015). У свійської птиці активно ведуться роботи з пошуку мікросателітних локусів, пов'язаних із проявом кількісних ознак (Wardecka et al., 2002; Loyuyck et al., 2008).

**Мета дослідження** – аналіз алельного різноманіття мікросате-



**Рис. 1.** Алельні спектри різних промислових кросів за мікросателітними локусами ДНК: А – ADL268, Б – MCW0216, В – LEI094, Г – ADL0278, Д – MCW0248.

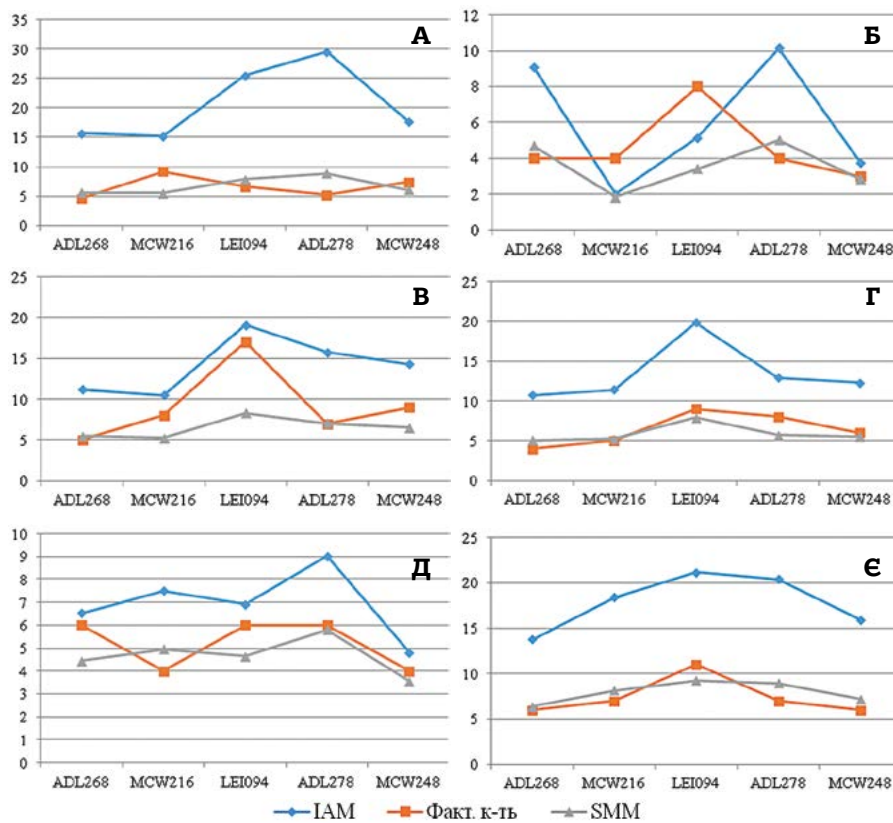
літних локусів ДНК п'яти промислових кросів курей яєчного напрямку продуктивності.

**Матеріали і методи дослідження.** Для дослідження відібрали проби покривного пір'я зі спини у 408

курей різних промислових стад яєчних кросів, а саме: "Ломан ЛСЛ" (100 голів), "Ломан коричневий" (83 голови), "Хайсекс білий" (122 голови), "Хай-Лайн W-98" (22 голови), "Хайсекс коричневий" (81 голова).

### 1. Частоти унікальних алелів

Локус	Крос							
	Ломан білий		Ломан коричневий		Хайсекс білий		Хайсекс коричневий	
	алель	частота	алель	частота	алель	частота	алель	частота
MCW216	-	-	129	0,012	-	-	145	0,080
MCW216	-	-	133	0,036	-	-	147	0,074
LEI094	143	0,015	165	0,006	241	0,008	253	0,006
LEI094	157	0,015	267	0,012	-	-	-	-
LEI094	-	-	271	0,012	-	-	-	-
LEI094	-	-	273	0,012	-	-	-	-
LEI094	-	-	277	0,018	-	-	-	-
LEI094	-	-	283	0,030	-	-	-	-
ADL0278	-	-	104	0,030	-	-	-	-
MCW0248	-	-	207	0,006	-	-	-	-
MCW0248	-	-	209	0,018	-	-	-	-
В цілому	2	0,015	11	0,018±0,003	1	0,008	3	0,053±0,024



**Рис. 2.** Кількість виявлених алелів за мікросателітними локусами ДНК: А – загальна, Б – крос "Ломанн білий", В – "Ломанн коричневий", Г – "Хайсекс білий", Д – "Хай-Лайн W-98", Е – "Хайсекс коричневий".

Геномну ДНК ізолювали з пульпи покривних пір'їн, використовуючи набори "ДНК-Сорб Б" (Амплісенс, Росія) згідно інструкції виробника. П'ять мікросателітних локусів (ADL0268, MCW216, LEI0094, ADL0278 та MCW248) було відібрано відповідно до рекомендацій Міжнародного товариства генетики тварин (ISAG). Полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) застосовували для ампліфікації мікросателітних локусів птиці в стандартних умовах (Бородай та ін., 2012). Продукти ПЛР денатурували формамідом (Sigma) та розділяли

методом капілярного електрофорузу на генетичному аналізаторі „ABI Prizm 3130” Genetic Analyzer (Applied Biosystem, США). Розміри алелей визначали за використання програмного забезпечення "Gene Mapper 3.7" (Applied Biosystem, США) із використанням стандарту "Genescan-ROX 500" (Applied Biosystem, США).

Для оцінки алельного різноманіття було використано: кількість виявлених алелів (Na) та унікальних алелів (N<sub>unic</sub>), розраховані за допомогою програми GenAEx v. 6.5 (Peakall et al., 2012). Ступінь відмін-

ностей між птицею різних кросів за частотами алелів було розраховано за використання критерію  $\chi^2$  К. Пірсона із застосуванням програми PAST (Hammer et al., 2001). З метою оцінки відповідності характеру розподілу виявлених алелів певній мутаційній моделі, теоретичну кількість алелів для різних мікросателітних локусів було розраховано за моделями SMM та IAM за використання програмного забезпечення MICROSATELLITE ANALYSER (Kimura et al., 1975; Ewens, 1972; Ohta, 1973).

**Результати дослідження.** У результаті математико-статистичної обробки та аналізу одержаних даних для п'яти промислових кросів курей встановлено специфічний характер алельних спектрів за всіма дослідженими мікросателітними локусами ДНК ( $P < 0,001$ ). Найвищим рівнем алельної мінливості характеризувались коричневі кроси "Ломанн коричневий" й "Хайсекс коричневий", в яких кількість виявлених алелів (Бородай та ін., 2012) та їхній розмах становив відповідно 9,2 (5-17) й 7,4 (6-11). Кроси "Ломанн" характеризуються зсувом алельних спектрів у бік зменшення довжин фрагментів. "Ломанн білий" вирізняється серед птиці інших кросів надзвичайною консолідованістю за окремими алелями по всіх досліджених мікросателітних локусах (від ADL278114 – 0,343 та ADL268108 – 0,485 до LEI094259 – 0,720, MCW0248213 – 0,785 та MCW0216137 – 0,920) (рис. 1).

Унікальні алелі зареєстровано у всіх кросів, крім "Хай-Лайн W-98" (табл. 1). Кількість виявлених унікальних алелів коливалась від 1 ("Хайсекс білий") до 11 ("Ломанн коричневий"). Найполіморфнішим за кількістю унікальних алелів виявився локус LEI094 – за ним було виявлено 10 таких алельних варіантів. За локусом ADL0268 унікальні алелі були відсутні.

Незважаючи на різну кількість алелів (у т.ч. унікальних), що було відмічено у птиці окремих кросів, отримані оцінки критерію  $\chi^2$  К. Пірсона (табл. 2) свідчать про достовірні відмінності у

**2. Ступінь генетичної диференціації кросів за розподілом частот алелів**

Локус	df	$\chi^2$	p
ADL268	20	173,89	0,0001
MCW216	40	651,32	0,0001
LEI094	84	595,42	0,0001
ADL278	36	617,32	0,0001
MCW248	32	517,8	0,0001





їхньому розподілі за частотами по всіх досліджених локусах.

З метою аналізу характеру розподілу алелів мікросателітної ДНК було застосовано дві основні мутаційні моделі – модель нескінченної кількості алелів (IAM) та покрокова мутаційна модель (SMM). Модель IAM значно завищує фактичні величини як по виду в цілому (рис. 2 А), так і по кожному кросу зокрема (рис. 2 В, Г), крім кросу "Ломанн білий" (рис. 2 Б). Для досліджених кросів модель SMM була більш адекватною для апроксимації рівня алельного різноманіття, ніж модель IAM.

### ВИСНОВКИ

Для промислових кросів яєчних курей встановлено специфічний характер алельних спектрів за всіма дослідженими мікросателітними локусами ДНК ( $P < 0,001$ ). Найвищими показниками алельної мінливості характеризувались коричневі кроси "Ломанн коричневий" та "Хайсекс коричневий" (відповідно,  $N_a (LimNa) = 9,2 (5-17)$  та  $7,4 (6-11)$ ). Кроси "Ломанн" характеризуються зсувом алельних спектрів у бік зменшення довжин фрагментів. "Ломанн білий" вирізняється серед птиці інших кросів надзвичайною консолидованістю за окремими алелями по всіх досліджених мікросателітах (від  $ADL278114 - 0,343$  та  $ADL268108 - 0,485$  до  $LEI094259 - 0,720$ ,  $MCW0248213 - 0,785$  та  $MCW0216137 - 0,920$ ). Унікальні алелі з найбільшою частотою виявлялись у птиці коричневих кросів "Ломанн коричневий" – 11 та "Хайсекс коричневий" – 3, на відміну від білих – "Ломанн білий" – 2, "Хайсекс білий" – 1 та "Хай-Лайн W-98" – 0.

Характер мінливості досліджених мікросателітних локусів ДНК у п'яти промислових кросів курей яєчного напрямку продуктивності як відносно кількості виявлених алелів, так і характеру їх розподілу, відповідав покроковій мутаційній моделі (SMM).

**Перспективи подальших досліджень** полягають у розширенні спектру математичних методів обчислення одержаних результатів з метою аналізу ефективності застосування мікросателітів ДНК для дослідження генетичного різноманіття популяцій курей. ■

А.В. Шелёв, К.В. Копылов, Н.П. Прокопенко,  
С.С. Крамаренко, А.С. Крамаренко

DOI: <https://dx.doi.org/10.31548/poultry2020.09-10.022>

## Алельный полиморфизм микросателлитных локусов ДНК яичных кур

**Аннотация.** Проведен анализ алельного полиморфизма пяти промышленных кроссов кур яичного направления продуктивности по пяти микросателлитным локусам ДНК ( $ADL0268$ ,  $MCW216$ ,  $LEI0094$ ,  $ADL0278$  и  $MCW248$ ), которые были отобраны в соответствии с рекомендациями Международного общества генетики животных (ISAG). По результатам математико-статистической обработки и анализа данных определены спектры и частоты алельной изменчивости, особенности аллофондов, выявлены уникальные алелли. В целом для вида *Gallus gallus* характерен специфический характер алельных спектров по всем исследованным микросателлитным локусам ДНК ( $P < 0,001$ ). Самые высокие показатели алельной изменчивости были зафиксированы у коричневых кроссов "Ломанн коричневый" и "Хайсекс коричневый" (соответственно  $N_a (LimNa) = 9,2 (5-17)$  и  $7,4 (6-11)$ ). Исследованные кроссы характеризовались смещением алельных спектров в сторону уменьшения длины фрагментов. "Ломанн белый" выделяется среди птицы других кроссов высокой консолидированностью по отдельным алелям по всем исследованным микросателлитам (от  $ADL278114 - 0,343$  и  $ADL268108 - 0,485$  до  $LEI094259 - 0,720$ ,  $MCW0248213 - 0,785$  и  $MCW0216137 - 0,920$ ). Уникальные алелли с наибольшей частотой выявлены у кур коричневых кроссов, а у птицы кросса "Хай-Лайн W-98" отсутствовали. Количество выявленных уникальных алеллей варьировало от 1 ("Хайсекс белый") до 11 ("Ломанн коричневый"). Наиболее полиморфным по количеству уникальных алеллей оказался локус  $LEI094$  – по нему было выявлено 10 таких алельных вариантов. По локусу  $ADL0268$  уникальные алелли отсутствовали. Полученные оценки критерия хи-квадрат ( $\chi^2$ ) К. Пирсона свидетельствуют о достоверных различиях по распределению алеллей по частотам по всем исследованным локусам. При использовании программного обеспечения **MICROSATELLITE ANALYSER** установлено, что характер изменчивости исследованных микросателлитных локусів ДНК у пяти

промышленных кроссов кур яичного направления продуктивности как по количеству выявленных аллелей, так и по характеру их распределения, соответствовал пошаговой мутационной модели (SMM).

**Ключевые слова:** куры, кросс, микросателлиты, полиморфизм, ДНК, уникальные аллели

**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

<https://dx.doi.org/10.31548/poultry2020.09-10.022>

## Allelic polymorphism of microsatellite DNA loci of egg chickens

**Abstract.** The analysis of allelic polymorphism of five industrial egg crosses of chickens by five microsatellite DNA loci (ADL0268, MCW216, LEI0094, ADL0278, and MCW248) was carried out. DNA loci were chosen according to the recommendations of the International Society for Animal Genetics (ISAG). Based on the results of mathematical-statistical processing and data analysis, the spectra and frequencies of allelic

variability, the peculiarities of allele pools, were identified, and unique alleles were identified. In general, the species *Gallus gallus* is characterized by a specific character of allelic spectra for all investigated microsatellite DNA loci ( $P < 0.001$ ). The highest rates of allelic variability were recorded in brown crosses "Lohmann brown" and "Hisex brown" ( $N_a(LimNa) = (9.2(5-17) \text{ and } 7.4(6-11)$ , respectively). The studied crosses were characterized by a shift in allelic spectra towards a decrease in the fragment length. "Lohmann white" stands out among the birds of other crosses by high consolidation for individual alleles for all studied microsatellites (from ADL278114 – 0.343 and ADL268108 – 0.485 to LEI094259 – 0.720, MCW0248213 – 0.785 and MCW0216137 – 0.920). Unique alleles with the highest frequency were found in brown cross chickens, and in the "Hy-Line W-98" bird, they were not found. The number of unique alleles identified varied from 1 ("Hisex white") to 11 ("Lohmann brown"). Locus LEI094 turned out to be the most polymorphic in terms of the number of unique alleles – 10 such allelic variants were identified for it. No unique alleles were identified at the ADL0268 locus. The obtained estimates criterion  $\chi^2$  of K. Pearson indicate significant differences in the frequency distribution of alleles for all studied loci. When using the MICROSATELLITE ANALYSER software, it was found that the nature of the variability of the studied microsatellite DNA loci in five industrial crosses of the egg chickens, both in the number of identified alleles and in the nature of their distribution, corresponded to the stepwise mutation model (SMM).

**Key words:** chicken, cross, microsatellites, polymorphism, DNA, unique alleles

## Література

- Бородай В.П., Пономаренко Н.П., Мельник В.В., Шельов А.В., Спиридонов В.Г. Інформаційна база даних (каталог) показників генетичної структури популяцій курей спеціалізованих яєчних кросів, які використовують в Україні. К.: ТОВ "Аграр Медіа Груп". 2012. 20 с.
- 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., Гладырь Е.А., Фисинин В.И., Зиновьева Н.А. (2015). Идентификация породной принадлежности кур на основе микросателлитного анализа. *Достижения науки и техники АПК*. 2015. Том 29, № 11. С. 88-90.
- 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.
- Agatep R.C., Lambio A.L., Vega R.S.A., Capitan S.S., Mendiolo M.S., Yebron M.G.N. Microsatellite-based genetic diversity and relationship analyses of three genetic groups of domesticated Mallard ducks (*Anas Platyrhynchos Domesticus* L). *Philipp J Vet Anim Sci*. 2016. Vol. 42, № 2. P. 102 – 111.
- 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.
- Duran C., Appleby N., Edwards D., Batley J. Molecular genetic markers: discovery, applications, data storage and visualization. *Current bioinformatics*. 2009. Vol. 4. P. 16-27.
- Ewens W.J. The sampling theory of selectively neutral alleles. *Theoretical Population Biology*. 1972. V. 3. P. 87-112.

- Gholizadeh M., Mianji G. R.** Use of microsatellite markers in poultry research. *International Journal of Poultry Science*. 2007. Vol. 6 (2). P. 145–153.
- Hammer O., Harper D.A.T., Ryan P.D.** PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*. 2001. V. 4. P. 1-9.
- Hariyono D.N.H., Maharani D., Cho S., Manjula P., Seo D., Choi N., Sidadolog J.H.P., Lee J.H.** Genetic diversity and phylogenetic relationship analyzed by microsatellite markers in eight Indonesian local duck populations. *Asian-Australas J Anim Sci*. 2019. Vol. 32. P31 – 37.
- Kimura M., Ohta T.** Distribution of allelic frequencies in a finite population under stepwise production of neutral alleles. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 1975. Vol. 72.P. 2761-2764.
- Loywyck V., Bed'hom B., Pinard-van der Laan M.H., Pitel F., Verrier E., Bijma P.** Evolution of the polymorphism at molecular markers in QTL and non-QTL regions in selected chicken lines. *Genet. Sel. Evol.* 2008. Vol. 40. P. 639–661.
- 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.
- Ohta T., Kimura M.** A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population. *Genetical Research*. 1973. Vol. 22. P. 201-204.
- 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
- Romanov M.N., Weigend S.** Analysis of genetic relationships between various populations of domestic and Jungle fowl using microsatellite markers. *Poult Sci*. 2001. Vol. 80. P. 1057 – 1063.
- Sung Soo Choi, Joo Hee Seo, Jung-Min Han, Jiyeon Seong, Jun Heon Lee and Hong Sik Kong.** The Development of Multiplex PCR Microsatellite Marker Sets for Korean Chicken Breeds. *International Journal of Poultry Science*. 2019. Vol. 18. 492-498. doi: 10.3923/ijps.2019.492.498
- Wakchaure R., Ganguly S., Para P.A., Praveen P.K., Qadri K.** Molecular Markers and their Applications in Farm Animals: A Review. *International Journal of Recent Biotechnology*. 2015. Vol. 3 (3). P. 23–29.
- Wardecka B., Olszewski R., Jaszczak K., Zieba G., Pierzchala M., Wicinska K.** Relationship between microsatellite marker alleles on chromosomes 1-5 originating from the Rhode Island Red and Green-legged Partridge breeds and egg production and quality traits in F2 mapping population. *J. Appl. Genet.* 2002. Vol. 43 (3). P. 319–329.

## References

- Agatep, R. C., Lambio, A. L., Vega, R. S. A., Capitan, S. S., Mendioro, M. S. & Yebron, M. G. N.** (2016). Microsatellite-based genetic diversity and relationship analyses of three genetic groups of domesticated Mallard ducks (*Anas Platyrhynchos Domesticus* L). *Philipp J Vet Anim Sci.*, 42 (2), 102-111. [in English].
- Borodai, V.P., Ponomarenko, N.P., Melnyk, V.V., Shelov, A.V. & Spirydonov, V.H. & Melnychuk, S.D.** (2012). Informatsiina baza danykh (kataloh) pokaznykiv henetychnoi struktury populatsii kurei spetsializovanykh yaiechnykh krosiv, yaki vykorystovuyut v Ukraini [Information database (catalog) of indicators of genetic structure of populations of chickens of specialized egg crosses used in Ukraine]. K.: TOV "Ahrar Media Hrup", 20. [in Ukrainian].
- Borodai, V.P., Ponomarenko, N.P., Melnyk, V.V., Shelov, A.V., Spirydonov, V.H. & Melnychuk, S.D.** (2012). *Rekomendatsii shchodo provedennia henetychnoi otsinky populatsii kurei spetsializovanykh yaiechnykh krosiv iz zastosuvanniam DNK-markeriv* [Recommendations for genetic assessment of populations of chickens specialized egg crosses using DNA markers]. Kyiv.: TOV "Ahrar Media Hrup", 41. [in Ukrainian].
- 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 AnimSci.*, 21 (3), 331-339.
- Duran, C., Appleby, N., Edwards, D., & Batley J.** (2009). Molecular genetic markers: discovery, applications, data storage and visualization. *Current bioinformatics*, 4, 16-27. [in English].
- Ewens, W. J.** (1972). The sampling theory of selectively neutral alleles. *Theoretical Population Biology*, 3, 87-112. [in English].
- Gholizadeh, M., Mianji, G. R.** (2007). Use of microsatellite markers in poultry research. *International Journal of Poultry Science*, 6 (2), 145-153.
- Hammer, O., Harper, D. A. T. & Ryan, P. D.** (2001). PAST: Paleontological statistics software package for education and data. *Palaeontologia Electronica*, 4. 1-9. [in English].
- Hariyono, D.N.H., Maharani, D., Cho, S., Manjula, P., Seo, D., Choi, N., Sidadolog, J.H.P. & Lee, J. H.** (2019). Genetic diversity and phylogenetic relationship analyzed by microsatellite markers in eight Indonesian local duck populations. *Asian-Australas J Anim Sci.*, 32, 31-37. [in English].
- Kimura, M., Ohta, T.** (1975). Distribution of allelic frequencies in a finite population under stepwise production of neutral alleles. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 72, 2761-2764. [in English].
- Loywyck, V., Bed'hom, B., Pinard-van der Laan, M.H., Pitel, F., Verrier, E. & Bijma, P.** (2008). Evolution of the polymorphism at molecular markers in QTL and non-QTL regions in selected chicken lines. *Genet. Sel. Evol.*, 40, 639-661. [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., Gladyr', E.A., Fisinin, V.I., & Zinov'eva N.A.** (2015). Identifikacija porodnoj prinalozhnosti kur na osnove mikrosatelitnogo analiza [Identification of the breed of chickens based on microsatellite analysis]. *Dostizheniya nauki i tehniki APK* [Achievements of science and technology of the agro-industrial complex], 29 (11), 88-90. [in Russian].
- Novgorodova, I.P., Zinov'eva, N.A., Gladyr', E.A. & Fisinin, V.I.** (2016). Analiz geneticheskogo raznobraziya 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].
- Ohta, T., Kimura, M.** (1973). A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population. *Genetical Research.*, 22, 201-204. [in English].
- 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. [in English].
- Romanov, M.N., Weigend, S.** (2001). Analysis of genetic relationships between various populations of domestic and Jungle fowl using microsatellite markers. *Poult Sci.*, 80, 1057-1063. [in English].
- Sung Soo Choi, Joo Hee Seo, Jung-Min Han, Jiyeon Seong, Jun Heon Lee & Hong Sik Kong** (2019). The Development of Multiplex PCR Microsatellite Marker Sets for Korean Chicken Breeds. *International Journal of Poultry Science*, 18: 492-498. doi: 10.3923/ijps.2019.492.498. [in English].
- Wakchaure, R., Ganguly, S., Para, P.A., Praveen, P. K. & Qadri, K.** (2015). Molecular Markers and their Applications in Farm Animals: A Review. *International Journal of Recent Biotechnology*, 3 (3), 23-29. [in English].
- Wardecka, B., Olszewski, R., Jaszczak, K., Zieba, G., Pierzchala, M. & Wicinska K.** (2002). Relationship between microsatellite marker alleles on chromosomes 1-5 originating from the Rhode Island Red and Green-legged Partridge breeds and egg production and quality traits in F2 mapping population. *J. Appl. Genet.*, 43 (3), 319-329. [in English].