УДК 636.5:577.21

Л.В. ШУЛІКА, кандидат сільськогосподарських наук,
науковий співробітник, Інститут тваринництва НААН,

Р.О. КУЛІБАБА, доктор сільськогосподарських наук,
Національний університет біоресурсів і природокористування України,

Ю.В. ЛЯШЕНКО, кандидат сільськогосподарських наук,
Інститут тваринництва НААН,

Г.І. САХАЦЬКИЙ, кандидат сільськогосподарських наук, доцент,
Приазовський державний технічний університет,
E-mail: shulika.lyubov.vl@gmail.com

Особливості генетико-популяційних параметрів українських локальних порід курей за локусом TLR4

Анотація. Раціональне використання генетичних ресурсів локальних порід сільськогосподарських тварин у межах концепції сталого розвитку неможливе без попереднього їх аналізу. Наразі для оцінки генетичних особливостей порід, ліній та популяцій широко використовують ДНК-маркери господарськи корисних ознак. Використання у якості ДНК-маркерів мутацій цільових генів, окрім безпосередньої оцінки генетичних ресурсів, дає підґрунтя для маркер-асоційованої селекції. Одним із перспективних цільових генів, що може розглядатися у контексті підвищення резистентності курей до бактеріальних захворювань, є ген Toll-подібного рецептора TLR4.

Проаналізовано особливості генетико-популяційних параметрів локальних українських порід курей (бірківська барвіста і полтавська глиняста) за локусом TLR4, а саме, за мутацією G3954C, з використанням методу ПЛР-ПДРФ. У результаті в дослідних популяціях виявлено обидва альтернативні алелі – А і В, та всі можливі варіанти генотипів. В обох породах за частотою переважав алель В (0,90 – для бірківської барвісти; 0,63 – для полтавської глинястої). Частота алеля А склала для породи бірківська барвіста 0,10; для полтавської глинястої – 0,37. Частота генотипів АА, АВ і ВВ виявилась наступною: 0,02; 0,16 і 0,82 для бірківської барвісти; 0,12; 0,50 і 0,38 для полтавської глинястої, відповідно. З'ясовані відмінності між породами за частотами генотипів та алелів статистично достовірні ($P \leq 0,01$). Обидві дослідні популяції курей за локусом TLR4 перебувають у стані генетичної рівноваги. Для породи полтавська глиняста виявилися характерними високі рівні фіксованості та очікуваної гетерозиготності, тоді як для бірківської барвісти дані показники були значно нижчими. Рівні індексу фіксації Райта були невисокими для обох порід, але у випадку бірківської барвісти вони вказували на незначний дефіцит гетерозигот, а у випадку полтавської глинястої, навпаки, на їх "надлишок". Значення показника ефективного числа алелів становили 1,22 (бірківська барвіста) і 1,87 (полтавська глиняста). Виявлені особливості генетико-популяційних показників дослідних порід можуть бути обумовлені різницею їхнього походження та напряму продуктивності.

Ключові слова: поліморфізм, ДНК-маркери, TLR4, кури, локальні породи, бірківська барвіста, полтавська глиняста

Аналіз генетичних ресурсів локальних порід сільськогосподарських тварин є одним із "ключів" до раціонального їх використання у межах концепції сталого розвитку. Найбільш ефективно та об'єктивно оцінити генетичні особливості тих чи інших порід, ліній та популяцій можна застосовуючи ДНК-технології, зокрема, молекулярно-генетичні методи досліджень, що базуються

на ДНК-маркерах господарськи корисних ознак. Такі дослідження важливі не лише з точки зору збереження унікальних місцевих генетичних ресурсів тварин – їх можна розглядати також як підґрунтя для маркер-асоційованої селекції, що дає можливість поліпшувати господарськи корисні ознаки тварин (продуктивність, резистентність до захворювань, споживчі якості тощо). Найбільш пер-

Рис.1. Частоти генотипів та алелів за локусом TLR4 у популяції курей породи бірківська барвіста

спективними для вивчення з метою подальшого використання у маркерній селекції є внутрішньогенні маркери – мутації цільових генів (*The State of...*, 2007; *Копилов та ін.*, 2016; *Fulton*, 2012; *Хлесткина*, 2013).

Одним з таких перспективних для вивчення є ген Toll-подібного рецептора 4 (TLR4). За інформацією бази даних GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/417241>), у курей даний ген локалізований на 17 хромосомі, має три екзони, та два інтрони. Продукт гену складається з 843 амінокислотних залишків. Основна функція Toll-подібного рецептора 4 полягає у розпізнаванні ліпополісахаридів грам-негативних бактерій та передачі сигналу всередину клітини для активації імунної відповіді. Тому різні алельні варіанти гену TLR4 потенційно можуть відповідати за підвищену або знижену резистентність організму до бактеріальних захворювань, наприклад, до сальмонельозу (*Li et al.*, 2013). У курей локус TLR4 характеризується високим ступенем поліморфізму, причому з роками дослідники відкривають все більше нових мутацій, наприклад, ще у 2010 році було виявлено близько 36 SNP (*Song et al.*, 2010). На сьогодні, за інформацією бази даних Ensembl (<https://www.ensembl.org/>), у цьому гені налічується вже щонайменше 400 SNP.

З урахуванням літературних даних, особливу цікавість для вивчення представляє трансверсія G3954C у другому інтроні гену TLR4, що пов'язана з бактеріальним навантаженням на селезінку курей у деяких порід, зокрема у

комерційних лініях (*Malek et al.*, 2004). Для таких локальних українських порід курей як бірківська барвіста та полтавська глиняста особливості генетико-популяційних параметрів за локусом TLR4 невідомі, що і визначає актуальність дослідження.

Виходячи з цього, **мета дослідження** – з'ясувати особливості генетико-популяційних параметрів порід курей бірківська барвіста і полтавська глиняста за локусом TLR4.

Матеріали і методи дослідження. Дослідження виконано на птиці порід бірківська барвіста (лінія А) та полтавська глиняста (лінія 14). Для кожної породи обсяг вибірки становив по 50 особин. Дослідні групи утримували у віварії Державної дослідної станції птахівництва НААН. Від кожної особини індивідуально отримували біологічний матеріал (кров). ДНК виділяли із зразків біологічного матеріалу, використовуючи комерційний набір "ДНК-сорб В" (AmpliSens, RF).

Визначення генотипів курей виконували методом ПЛР-ПДРФ (Полімеразна Ланцюгова Реакція – Поліморфізм Довжин Рестрикційних Фрагментів). Постановку ПЛР здійснювали із застосуванням набору реагентів DreamTaq PCR Master Mix (Thermo Scientific, США). Для ампліфікації дослідного фрагменту гену TLR4 (257 п.н.), в якому локалізована мутація G3954C, використовували праймери 5'-cttgacttgagcctcag-3' і 5'-ggactgaaagctgcacatc-3' (*Malek et al.*, 2004), з кінцевою концентрацією у реакційній суміші 0,2 мкМ. Протокол ампліфікації виглядав наступним чином: 1 цикл – 94 °C/5 хв; 35 циклів – 94 °C/30 с, 62 °C/30 с, 72 °C/30 с; 1 цикл – 72 °C/5 хв. Рестрикцію проводили за використанням Sau96I (Thermo Fischer Scientific, USA) згідно протоколу виробника. Рестрикційні фрагменти розділяли у 1,5 % агарозному гелі з додаванням бромистого етидіуму, їх розмір визначали з допомогою маркера молекулярних мас М-50. Під час аналізу електрофореграм генотип AA представлений фрагментами довжиною 128, 119, 10 п.н., генотип BB – 119, 89, 39, 10 п.н., AB – 128, 119, 89, 39, 10 п.н.

Для оцінки особливостей генетико-популяційних параметрів обох порід розраховували частоти генотипів і алелів, ступінь фактичної (Ho) й очікуваної (He) гетерозиготності, індекс фіксації Райта (Fis), ефективне число алелів (ne), відповідність розподілу генотипів стану генетичної рівноваги за допомогою критерію χ^2 (*Меркурьєва*, 1977; *Кузнецов*, 2014). Відмінності між популяціями оцінювали за допомогою t-критерію (*Лакін*, 1990).

Результати досліджень. За результатами досліджень визначено частоти генотипів та алелів за локусом TLR4 у дослідних популяціях курей. В обох випадках було виявлено обидва із альтернативних алелів і по три варіанти генотипів, але їх частоти відрізнялися. Співвідношення частот генотипів та алелів для породи бірківська барвіста наведено на *рисунку 1*.

Як видно із *рисунку 1*, у дослідній популяції за частотами істотно переважають алель В і генотип BB, відповідно. Натомість частота особин з генотипом AA дуже низька (0,02), тобто, фактично виявлена лише одна тварина з даним генотипом. Частота особин з гетерозиготним генотипом AB теж порівняно невисока (0,16).

Особливості розподілу частот алелів та генотипів у дослідній популяції курей породи полтавська глиняста представлено на *рисунку 2*.

У випадку породи полтавська глиняста за локусом TLR4 спостерігається дещо інша картина, що можна відмітити навіть при суто візуальному порівнянні профілів співвідношення генотипів та алелів двох порід, представлених на *рисунках 1 і 2*. Зокрема, це переважання особин з гетерозиготним генотипом, яких було виявлено 50% від всіх генотипованих тварин, та, відповідно, значно нижчі частоти генотипу BB й алеля В порівняно із породою бірківська барвиста. В той же час є й подібності, наприклад, в обох породах алель В за частотою переважає альтернативний. Також, незважаючи на те, що у популяції курей породи полтавська глиняста абсолютне значення частоти генотипу AA дещо вище (0,12), даний генотип, як і в породі бірківська барвиста, залишається найменш розповсюдженим. Порівняння генетичної структури дослідних популяцій із використанням статистичних методів підтверджує високий рівень достовірності спостережуваних відмінностей ($P \leq 0,01$). Незважаючи на суттєву різницю за частотами генотипів та алелів, обидві дослідні популяції курей за локусом TLR4 перебувають у стані генетичної рівноваги. Це підтверджується розрахованими значеннями критерію χ^2 , які становили 0,62 для популяції курей бірківська барвиста та 0,26 – для полтавської глинястої.

Окрім частот генотипів та алелів важливими генетико-популяційними показниками, що характеризують особливості порід, ліній та популяцій, є фактична та очікувана гетерозиготність, індекс фіксації Райта та ефективне число алелів. Значення даних показників для порід бірківська барвиста і полтавська глиняста наведено у *таблиці 1*.

Виходячи із отриманих даних, дослідна популяція курей породи полтавська глиняста характеризується високим рівнем як фактичної, так і очікуваної гетерозиготності, тоді як породі бірківська барвиста на момент дослідження був притаманний середній рівень обох цих показників. Абсолютні значення фактичної гетерозиготності в обох випадках майже не відрізняються від значень H_e , що узгоджується зі станом генетичної рівноваги.

Що стосується індексу фіксації Райта, в обох дослідних популяціях цей показник має невисокі значення. При цьому в популяції курей породи бірківська барвиста спостерігається незначний дефіцит гетерозигот (близько 11%) порівняно із очікуваним, тоді як у популяції курей породи полтавська глиняста є несуттєвий "надлишок" гетерозиготних особин. Показник ефективного числа алелів дозволяє оцінити рівень поліморфності за конкретним локусом у дослідних популяціях. У даному випадку за локусом TLR4 порода полтавська глиняста показує високий рівень поліморфності, тоді як бірківська барвиста – знач-

1. Генетико-популяційні показники дослідних порід за локусом TLR4

Порода	H_o	H_e	F_{is}	n_e
Бірківська барвиста	0,16	0,18	0,11	1,22
Полтавська глиняста	0,50	0,47	-0,07	1,87

Рис.2. Частоти генотипів та алелів за локусом TLR4 у популяції курей породи полтавська глиняста

но нижчий. У цілому рівень поліморфності та особливості розподілу частот генотипів уможливають подальші дослідження щодо асоціацій даного локусу з господарськи корисними ознаками курей стосовно обох порід.

Слід зазначити, що полтавська глиняста – це аборигенна українська порода курей яєчно-м'ясного напрямку продуктивності, селекціонована на базі місцевих глинястих курей. Бірківська барвиста – локальна яєчна порода курей, створена порівняно нещодавно на основі українських ліній леггорнів (*Каталог, 2006; Шуплик та ін., 2013*). Існуючі молекулярно-генетичні дослідження даних порід показують їх особливості за низкою ДНК-маркерів продуктивних ознак (*Kulibaba & Podstreshnyi, 2012; Kulibaba, 2015*). Як виявлено у даному дослідженні, за локусом TLR4 зазначені породи також характеризуються чітко вираженими особливостями генетико-популяційних показників, що можна пояснити відмінностями у їхньому походженні та різним напрямом продуктивності.

ВИСНОВКИ

Порода бірківська барвиста за локусом TLR4 характеризується істотним переважанням частоти алеля В (0,90) і генотипу BB (0,82). Для породи полтавська глиняста характерною є доволі висока частота алеля В (0,63) при переважанні частоти генотипу AB (0,50) у дослідній популяції. Відмінності між дослідними породами є статистично достовірними, а виявлені особливості їх генетико-по-

пуляційних показників можуть бути обумовлені різницею походження та напряму продуктивності.

Перспективи подальших досліджень. Оскільки досліджений ген за обраним маркером виявився поліморфним в обох породах, у подальших дослідженнях перспективним є вивчення зв'язків різних алельних варіантів гену TLR4 з господарськи корисними ознаками курей порід бірківська барвіста і полтавська глиниста. ■

Л.В. Шулика, Р.А. Кулибаба,
Ю.В. Ляшенко, Г.И. Сахацкий

Особенности генетико-популяционных параметров украинских локальных пород кур по локусу TLR4

Аннотация. Рациональное использование генетических ресурсов локальных пород сельскохозяйственных животных в рамках концепции устойчивого развития невозможно без предварительного их анализа. Сейчас для оценки генетических особенностей пород, линий и популяций широко используют разнообразные ДНК-технологии, в том числе, ДНК-маркеры хозяйственно-полезных признаков. Использование в качестве ДНК-маркеров мутаций целевых генов, кроме непосредственно оценки генетических ресурсов, предоставляет почву для маркер-ассоциированной селекции. Одним из перспективных целевых генов, которые могут рассматриваться в контексте повышения резистентности кур к бактериальным заболеваниям, является ген Toll-подобного рецептора TLR4.

Проанализировано особенности генетико-популяционных параметров локальных украинских пород кур (борковская барвистая и полтавская глинистая) по локусу TLR4, а именно, по мутации G3954C, с использованием метода ПЦР-ПДРФ. В результате в опытных популяциях выявлено оба альтернативных аллеля – A і B, и все возможные варианты генотипов. В обеих породах по частоте преобладал аллель B (0,90 – для борковской барвистой; 0,63 – для полтавской глинистой). Частота аллеля A составила для породы борковская барвистая 0,10; для полтавской глинистой – 0,37. Частота генотипов AA, AB і BB оказалась следующей: 0,02; 0,16 і 0,82 для борковской барвистой; 0,12; 0,50 і 0,38 для полтавской глинистой, соответственно. Определенные отличия между породами по частотам генотипов и аллелей статистически достоверны ($P \leq 0,01$). Обе опытные популяции кур по локусу TLR4 находятся в состоянии генетического равновесия. Для породы полтавская глинистая оказались характерными высокие уровни

фактической и ожидаемой гетерозиготности, тогда как для борковской барвистой данные показатели были существенно более низкими. Уровни индекса фиксации Райта были невысокими для обеих пород, но в случае борковской барвистой они указывали на незначительный дефицит гетерозигот, в случае полтавской глинистой, наоборот, на их "избыток". Значения показателя эффективного числа аллелей составили 1,22 (борковская барвистая) і 1,87 (полтавская глинистая). Выявленные особенности генетико-популяционных показателей исследуемых пород могут быть обусловлены разницей их происхождения и направления продуктивности.

Ключевые слова: полиморфизм, ДНК-маркеры, TLR4, куры, локальные породы, борковская барвистая, полтавская глинистая

L.V. SHULIKA, Candidate of Agricultural Sciences, Researcher Fellow, Institute of Animal NAAS,

R.O. KULIBABA, Doctor of Agricultural Sciences, National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine,

Yu.V. LIASHENKO, Candidate of Agricultural Sciences, Institute of Animal NAAS,

G.I. SAKHATSKY, Candidate of Agricultural Sciences, Associated Professor, Pryazovskyi State Technical University, E-mail: shulika.lyubov.vl@gmail.com

Features of genetic population parameters of Ukrainian local chicken breeds on TLR4 locus

Abstract. The rational use of the genetic resources of local breeds of farm animals in the framework of the concept of sustainable development is impossible without prior analysis. Now, to assess the genetic characteristics of breeds, lines, and populations, various DNA technologies are widely used, including DNA markers of economically useful traits. The use of target gene mutations as DNA markers, in addition to directly assessing genetic resources, provides the basis for marker-associated selection. One of the promising target genes that can be considered in the context of increasing chicken resistance to bacterial diseases is the toll-like TLR4 receptor gene.

The features of the genetic-population parameters of local Ukrainian chicken breeds (Birkivska barvysta and Poltava clay) by the TLR4 locus, namely, by the G3954C mutation, were analyzed using the PCR-RFLP method. As a result, both alternative alleles, A і B, and all possible variants of genotypes were revealed in the experimental populations. In both breeds, the allele B prevailed in frequency (0.90 for the Birkivskaya barvysta; 0.63 for the Poltava clay). The frequency

of the allele A was 0.10 for the Birkivskaya barvysta breed; for Poltava clay – 0.37. The frequency of genotypes AA, AB, and BB was as follows: 0.02; 0.16 and 0.82 for the Birkivskaya barvysta; 0.12; 0.50 and 0.38 for Poltava clay, respectively. Certain differences between the breeds in the frequencies of genotypes and alleles are statistically significant ($P \leq 0.01$). Both experimental chicken populations at the TLR4 locus are in a state of genetic equilibrium. The Poltava clay breed was characterized by high levels of observed and expected heterozygosity, while for the Birkivska barvysta, these indicators were significantly lower.

The levels of the Wright fixation index were low for both breeds, but in the case of the Birkivska barvysta, they indicated a slight deficit of heterozygotes, in the case of the Poltava clay, on the contrary, their "excess". The values of the indicator of the effective number of alleles were 1.22 (Birkivska barvysta) and 1.87 (Poltava clay). The revealed features of the genetic-population indicators of the studied breeds may be due to the difference in their origin and productivity direction.

Key words: polymorphism, DNA-markers, TLR4, chicken, local breeds, Birkivska barvysta, Poltava clay

Література

- Каталог племянних ресурсів сільськогосподарської птиці України / за ред. Ю. О. Рябоконя. Київ: Атмосфера. 2006. 80 с.
- Копилов К.В., Метлицька О.І., Мохначова Н.Б., Супрович Т.М. Молекулярно-генетичний моніторинг у системі збереження генетичних ресурсів тварин. *Вісник аграрної науки*. 2016. № 6. С. 43–47. DOI:10.31073/agroviznyk201606-09
- Кузнецов В.М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация. *Проблемы биологии продуктивных животных*. Боровск: РАСХН, ГНУ ВНИИФБиП с.-х. животных. 2014. № 4. С. 80–104.
- Лакін Г.Ф. Биометрия: учеб. пособ. для биол. спец. вузов. Москва: Высш. шк., 1990. 352 с.
- Меркур'єва Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве. Москва: Колос, 1977. 240 с.
- Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2013. Т.17. №2. С. 1044–1054.
- Шуплик В.В., Савчук О.В., Гузев І.В., Федорович В.В., Любинський О.І., Федорович Є.І. Генофонд порід сільськогосподарських тварин України. Кам'янець-Подільський: ПП Зволейко Д.Г., 2013. 352 с.
- Fulton J.E. Genomic selection for poultry breeding. *Animal Frontiers*. 2012. Vol. 2. № 1. P. 30–36. DOI: 10.2527/af.2011-0028.
- Kulibaba R.A., Podstreshnyi A.P. Prolactin and growth hormone gene polymorphisms in chicken lines of Ukrainian selection. *Cytology and Genetics*. 2012. V. 46, № 6. P. 390–395. DOI: 10.3103/S0095452712060060
- Kulibaba R.A. Polymorphism of growth hormone, growth hormone receptor, prolactin and prolactin receptor genes in connection with egg production in Poltava Clay chicken. *Agricultural Biology*. 2015. V. 50. № 2. P. 198–207. DOI:10.15389/agrobiology.2015.2.198eng
- Li H. F., Hu Y., Hu H., Song C., Shu J.T., Zhu C.H. et al. Genetic differ in TLR4 gene polymorphisms and expression involved in Salmonella natural and artificial infection respectively in Chinese native chicken breeds. *Mol Biol Rep*. 2013. V. 40. P. 5005–5012. DOI: 10.1007/s11033-013-2601-8
- Malek M., Hasenstein J.R., Lamont S.J. Analysis of chicken TLR4, CD28, MIF, MD-2, and LITAF genes in a Salmonella enteritidis resource population. *Poultry Science*. 2004. Vol. 83. P. 544–549. DOI: 10.1093/ps/83.4.544.
- Song Y.M., Pang J.J., Zhao G.P., Liu R.R., Li P., Zhao X.W. et al. Identification of single nucleotide polymorphisms of TLR4 and evaluation of the population genetic variance in Chinese and overseas chickens. *Chinese Agricultural Science Bulletin*. 2010. V. 16. P. 1–7.
- The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture / eds. B. Rischkowsky, D. Pilling. Rome, Italy: FAO, 2007. 512 p.

References

- Fulton, J.E. (2012). Genomic selection for poultry breeding. *Animal Frontiers*, 2 (1), 30–36. DOI: 10.2527/af.2011-0028. [in English].
- Hlestkina, E.K. (2013). Molekularnye markery v geneticheskikh issledovaniyakh i v selekcii [Molecular markers in genetic studies and in selection]. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i selekcii* [Vavilov Journal of Genetics and Selection], 17 (4/2), 1044–1054 [in Russian].
- Kopylov, K., Metlitska, O., Mohnachova, N., Suprovych, T. (2016). Molekuliarno-henetychnyi monitorynh u systemi zberezhenia henetychnykh resursiv tvaryn [Molecular-genetic monitoring in system of preservation of genetic resources of animals]. *Visnyk ahraryoi nauky* [News of agrarian sciences], 6, 43–47 [in Ukrainian].
- Kulibaba, R.A., Podstreshnyi, A.P. (2012). Prolactin and growth hormone gene polymorphisms in chicken lines of Ukrainian selection. *Cytology and Genetics*, 46 (6), 390–395. DOI: 10.3103/S0095452712060060. [in English].
- Kulibaba, R.A. (2015). Polymorphism of growth hormone, growth hormone receptor, prolactin and prolactin receptor genes in connection with egg production in Poltava Clay chicken. *Agricultural Biology*, 50 (2), 198–207. DOI:10.15389/agrobiology.2015.2.198eng. [in English].
- Kuznetsov, V.M. (2014). F-statistiki Rajta: ocenka i interpretacija [Wright's F-statistics: evaluation and interpretation]. *Problemy biologii produktivnykh zhivotnykh* [The problems of the biology of productive animals]. 4. 80–104. [in Russian].
- Lakin, G.F. (1990). Biometrija [Biometrics] (4th ed, rev.). Moscow: Vysshaja shkola, 352 [in Russian].
- Li, H.F., Hu, Y., Hu, H., Song, C., Shu, J.T., Zhu, C.H., Zhang, S.J., Fan, J.H., Chen, W.W. (2013). Genetic differ in TLR4 gene polymorphisms and expression involved in Salmonella natural and artificial infection respectively in Chinese native chicken breeds. *Mol Biol Rep*, 40, 5005–5012. DOI: 10.1007/s11033-013-2601-8. [in English].
- Malek, M., Hasenstein, J.R., Lamont, S.J. (2004). Analysis of chicken TLR4, CD28, MIF, MD-2, and LITAF genes in a Salmonella enteritidis resource population. *Poultry Science*, 83, 544–549. [in English].
- Merkur'eva, E.K. (1977). Geneticheskie osnovy selekcii v skotovodstve [Genetic basis of selection in cattle breeding]. Moscow: Kolos, 240 [in Russian].
- Riabokon, Yu.O. (Ed.). (2006). Katalog plemnykh resursiv silskohospodarskoi ptitsi Ukrainy [Catalog of breeding resources of poultry]. Kyiv: Atmosfera, 80 [in Ukrainian].
- Rischkowsky, B. & Pilling, D. (Eds.). (2007). The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome, Italy: FAO, 512 [in English].
- Shuplyk, V.V., Savchuk, O.V., Huziev, I.V., Fedorovych, V.V., Liubynskiy, O.I., Fedorovych, Ye.I. (2013). Henofond porid silskohospodarskykh tvaryn Ukrainy [Gene pool of farm animals breeds of Ukraine]. Kamianets-Podilskyi, PP Zvoileiko D.H., 352 [in Ukrainian].
- Song, Y.M., Pang, J.J., Zhao, G.P., Liu, R.R., Li, P., Zhao, X.W., Zheng, M.Q., Wen, J. (2010). Identification of single nucleotide polymorphisms of TLR4 and evaluation of the population genetic variance in Chinese and overseas chickens. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 16, 1–7. [in Chinese].