

ПОЛІМОРФІЗМ ЛОКУСІВ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК У РЕЗЕРВНІЙ ПОПУЛЯЦІЇ КУРЕЙ КОМБІНОВАНОГО НАПРЯМУ ПРОДУКТИВНОСТІ

Л. В. Шуліка

shulika.lyubov.vl@gmail.com

Інститут тваринництва НААН,
вул. Тваринників, 1А, м. Харків, 61026, Україна

Вивчення ДНК-поліморфізму локусів кількісних ознак резервних популяцій курей має важливе значення для виявлення і збереження селекційно цінних алелів та генотипів у генфонді курей України та їх подальшого використання у маркер-асоційованій селекції. Тому метою роботи було проаналізувати генетичну структуру популяції курей лінії 02 породи Род-айленд червоний за мутаціями G2109A гену міостатину та T+3737C і A+3971G локусу інсуліну.

Генотипи визначали методом PCR-RFLP. За результатами досліджень у дослідній популяції курей локуси міостатину та інсуліну виявились поліморфними. Частоти алелів у лінії 02 становили: для MSTN G2109A — A=0,16; G=0,84; для INS T+3737C — C=0,74; T=0,26; для INS A+3971G — A=0,22; G=0,78. За мутацією MSTN G2109A у дослідній популяції були виявлені лише особини з генотипами AG і GG. Для обох мутацій в локусі інсуліну спостерігалась присутність всіх трьох можливих варіантів генотипів. Лінія 02 перебувала у стані генетичної рівноваги за усіма дослідженими мутаціями. Показники гетерозиготності H_o і H_e мали середні значення. Індекс фіксації Райта вказував на ексцес гетерозигот за мутаціями MSTN G2109A та INS T+3737C на рівні 19 і 5 % відповідно і на дефіцит гетерозигот на рівні 18 % у випадку мутації INS A+3971G. Лінія 02 характеризувалась середнім рівнем поліморфності за досліджуваними локусами. При цьому середнє значення показника ефективного числа алелів для трьох мутацій становило 1,51. За порівняння особливостей розподілу частот алелів у лініях 02 та 38 породи Род-айленд червоний вірогідної різниці між лініями не виявлено за всіма досліджуваними мутаціями.

Ключові слова: ЛОКУСИ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК, ГЕН МІОСТАТИНУ, ГЕН ІНСУЛІНУ, ПОЛІМОРФІЗМ, МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ МАРКЕР, РЕСТРИКЦІЯ, ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА, ПОПУЛЯЦІЯ, КУРИ

QUANTITATIVE TRAIT LOCI POLYMORPHISM IN THE RESERVE POPULATION OF DUAL-PURPOSE CHICKENS

L. V. Shulika

shulika.lyubov.vl@gmail.com

Institute of Animal Science NAAS,
1A Tvarynnikiv str., Kharkiv 61026, Ukraine

Studying of quantitative trait loci DNA-polymorphism of reserve chicken population is interesting for detection and preserving of selection valuable alleles and genotypes in Ukrainian chicken gene pool for the next using of them in marker-assisted selection. Thus, the aim of the study was to analyze population genetic structure of line 02 of Rhode Island Red chicken breed on mutations G2109A of myostatin gene and T+3737C and A+3971G of insulin locus.

Genotypes were determined by PCR-RFLP method. In the results of the study myostatin and insulin loci was polymorphic in investigated chicken population. In line 02 allele frequencies were: for MSTN G2109A — A=0.16, G=0.84; for INS T+3737C — C=0.74, T=0.26; for INS A+3971G — A=0.22, G=0.78. Only individuals with AG and GG genotypes were revealed in studied population on MSTN G2109A mutation. There was presence of all three possible genotypes for both mutations in insulin locus. Line 02 was in the genetic equilibrium on all investigated mutations. Heterozygosity indexes H_o and H_e had average values. Wright's fixation index was point to excess of heterozygotes on MSTN G2109A and INS T+3737C mutations on levels 19 and 5 %, respectively, and to deficiency of heterozygotes on the level 18 % in the case of INS A+3971G mutation. Line 02 was characterized by average polymorphic level on studied loci. Wherein, effective allele number mean value was 1.51 for all three mutations. When compared allele frequencies distribution features in lines 02 and 38 of Rhode Island Red breed there was no reliability differences between lines on all investigated mutations.

Keywords: QUANTITATIVE TRAIT LOCI, MYOSTATIN GENE, INSULIN GENE, POLYMORPHISM, MOLECULAR GENETIC MARKER, RESTRICTION, GENETIC STRUCTURE, POPULATION, CHICKEN

ПОЛИМОРФИЗМ ЛОКУСОВ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ В РЕЗЕРВНОЙ ПОПУЛЯЦИИ КУР КОМБИНИРОВАННОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ

Л. В. Шулика

shulika.lyubov.vl@gmail.com

Институт животноводства НААН,
ул. Животноводов, 1А, г. Харьков, 61026, Украина

Изучение ДНК-полиморфизма локусов количественных признаков резервных популяций кур имеет большое значение для выявления и сохранения селекционно-ценных аллелей и генотипов в генофонде кур Украины для их дальнейшего использования в маркер-ассоциированной селекции. Поэтому целью работы было проанализировать генетическую структуру популяции кур линии 02 породы Род-айленд красный по мутациям G2109A гена миостатина и T+3737C и A+3971G локуса инсулина.

Генотипы определяли методом PCR-RFLP. По результатам исследований в опытной популяции кур локусы миостатина и инсулина оказались полиморфными. Частоты аллелей в линии 02 составляли: для MSTN G2109A — A=0,16; G=0,84; для INS T+3737C — C=0,74; T=0,26; для INS A+3971G — A=0,22; G=0,78. По мутации MSTN G2109A в опытной популяции были выявлены только особи с генотипами AG и GG. Для обеих мутаций в локусе инсулина наблюдалось присутствие всех трех возможных генотипов. Линия 02 находилась в состоянии генетического равновесия по всем исследуемым мутациям. Показатели гетерозиготности H_o и H_e имели средние значения. Индекс фиксации Райта указывал на эксцесс гетерозигот по мутациям MSTN G2109A и INS T+3737C на уровне 19 и 5 % соответственно и на дефицит гетерозигот на уровне 18 % в случае мутации INS A+3971G. Линия 02 характеризовалась средним уровнем полиморфности по исследуемым локусам. При этом среднее значение показателя эффективного числа аллелей для трех мутаций составляло 1,51. При сравнении особенностей распределения частот аллелей в линиях 02 и 38 породы Род-айленд красный достоверных различий между линиями не выявлено по всем исследуемым мутациям.

Ключевые слова: ЛОКУСЫ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ, ГЕН МИОСТАТИНА, ГЕН ИНСУЛИНА, ПОЛИМОРФИЗМ, МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МАРКЕР, РЕСТРИКЦИЯ, ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА, ПОПУЛЯЦИЯ, КУРЫ

На сьогодні нагальним питанням світового масштабу є збереження біорізноманіття, що в контексті сільського господарства означає збереження та раціональне використання генетичних ресурсів свійських тварин. З іншого боку, одним з основних завдань сільського господарства завжди було і залишається забезпечення продовольчої безпеки людства, що в умовах постійного зростання кількості населення означає безперервну інтенсифікацію виробництва сільськогосподарської продукції, у тому числі завдяки підвищенню продуктивного та генетичного потенціалу сільськогосподарських тварин. «Вузловим пунктом» вирішення зазначених проблем можна вважати оцінку генетич-

них ресурсів сільськогосподарських тварин, що забезпечує наукове обґрунтування як збереження, так і поліпшення генофонду системою селекційно-плеємних заходів [3].

Поряд з оцінкою генетичних ресурсів на основі оцінки мінливості тварин за фенотипом, а також за цито-, імуногенетичними та біохімічними маркерами, останнім часом широко використовується підхід, який передбачає оцінку генетичного поліморфізму із застосуванням ДНК-маркерів [19]. Головною його перевагою є аналіз безпосередньо нуклеотидної послідовності ДНК, що гарантує успадкування певних алелів, а разом з ними і бажаних ознак. Особливим видом селекції з використанням ДНК-

маркерів є MAS (маркер-асоційована селекція), що дозволяє проводити оцінку селекційної цінності тварин якомога раніше, значно пришвидшуючи селекційний процес [2]. З використанням MAS зазвичай досліджують функціональний ДНК-поліморфізм локусів кількісних ознак (QTL), до яких найчастіше належать гени, які кодують різноманітні гормони та регуляторні фактори [6].

Птахівництво є однією з провідних галузей сільського господарства України [1], проте, на жаль, стан збереження і поліпшення місцевого генофонду птиці важко назвати задовільним [17]. Враховуючи необхідність підвищення продуктивності курей (*Gallus gallus domesticus*) вітчизняної селекції, слід звернути увагу на резервний генофонд кращих зарубіжних поліпшувальних порід, який можна використовувати в породотворному процесі для покращення продуктивних якостей тварин [3]. До таких поліпшувальних порід належить порода курей Род-айленд червоний, до структури якої входить резервна лінія 02 комбінованого напрямку продуктивності [12]. На сьогодні ДНК-поліморфізм зазначеної лінії оцінено лише за мікросателітною мінливістю [5], тоді як не менш важливою є мінливість в межах QTL, особливо з огляду на можливу наявність селекційно цінних алелів та генотипів у генофонді породи, які необхідно зберегти.

До QTL, пов'язаних з продуктивними ознаками курей, належать гени інсуліну (*INS*) та міостатину (*MSTN*). У літературних джерелах є інформація про наявність низки мутацій у цих локусах, які в деяких породах курей асоційовані з певними показниками м'ясної продуктивності. Серед них — мутації T+3737C і A+3971G, розташовані, відповідно, у другому інтроні та 3'UTR гену інсуліну [13], а також G2109A, локалізована у першому екзоні гену міостатину [18]. Генетична структура лінії 02 за вказаними мутаціями до цього часу не вивчалась.

Враховуючи вищенаведене, метою досліджень було проаналізувати генетичну структуру популяції курей лінії 02 породи Род-айленд червоний за мутаціями G2109A гену міостатину та T+3737C і A+3971G локусу інсуліну.

Матеріали і методи

Об'єктом досліджень слугувала популяція курей лінії 02 породи Род-айленд червоний. Дослідна група сформована з 50 особин. ДНК виділяли з індивідуальних зразків біологічного матеріалу (кров/очини пера) з допомогою комерційного набору «ДНК-Сорб Б» (*Amplisens*, RF) за рекомендаціями виробника. Визначення генотипів проводили методом PCR-RFLP (*Polymerase Chain Reaction — Restriction Fragment Length Polymorphism*) у лабораторії молекулярно-генетичних і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві Інституту тваринництва НААН у 2016 р. Для отримання цільових фрагментів генів використовували олігонуклеотиди 5'-aaccaatcgctcggtttgac-3' і 5'-cggtctctgtgggctgacta-3' для *MSTN* G2109A [18]; 5'-ctccatgtggctccctgta-3' і 5'-ggctcttggctagttgcagt-3' для *INS* T+3737C, а також 5'-ggatatcgaagcgggtctc-3' і 5'-aatgctttgaaggcgatag-3' для *INS* A+3971G [13]. Концентрація олігонуклеотидів у суміші становила 0,2 мкМ. Для ампліфікації використовували *DreamTaq Green DNA Polymerase* (*ThermoScientific*, Литва) відповідно до рекомендацій виробника. Загальний об'єм реакційної суміші становив 20 мкл. Параметри ампліфікації були такими: 1 цикл — денатурація 94 °C/5 хв; 35 циклів — денатурація 94 °C/30 с, відпал 60 °C (*MSTN* G2109A) або 58 °C (*INS* T+3737C і A+3971G)/30 с, елонгація 72 °C/30 с; фінальна елонгація — 72 °C/10 хв.

Після ампліфікації проводили рестрикційний аналіз. Ампліфікат обробляли рестриктазою *MspI* (*SibEnzyme*, RF) згідно з вимогами виробника. Отриману суміш інкубували у термостаті при 37 °C протягом 4 год. Для розподілу рестрикційних фрагментів здійснювали електрофорез у 1,5–3 % агарозних гелях з додаванням бромистого етидіуму як барвника. Для візуалізації результату використовували УФ-транслюмінатор з довжиною хвилі 312 нм.

Визначення індивідуальних генотипів тварин здійснювали відповідно до отриманих патернів рестрикції (комбінацій рестрикційних фрагментів). Для мутації G2109A локусу міостатину генотипу AA відповідає фрагмент розміром 298 п.н., генотипу AG — комбінація фрагментів 298, 259 і 39 п.н.; GG — 259 і 39 п.н.

Стосовно поліморфізму T+3737C у межах гену інсуліну генотипам відповідали такі патерни рестрикції: CC — 234 і 137 п.н., CT — 370, 234 і 137 п.н., TT — 370 п.н. Для мутації A+3971G гену інсуліну генотипу AA відповідає фрагмент 281 п.н., AG — патерн 281, 232 та 49 п.н., GG — 232 і 49 п.н.

За результатами генотипування загальноприйнятими біометричними методами з урахуванням рекомендацій Меркур'євої [9] та Кузнецова [7] було визначено частоти генотипів та алелів у дослідній популяції, оцінено відповідність розподілу частот генотипів стану генетичної рівноваги згідно з рівнянням Харді-Вайнберга методом χ -квадрат, фактичну (H_o) та очікувану (H_e) гетерозиготність, ефективне число алелів (n_e), індекс фіксації Райта (F_{is}). Вірогідність різниці частот алелів обчислювали за Лакінім [8]. Розрахунки здійснювали у середовищі програми *MS Excel 2007*.

Результати й обговорення

У результаті аналізу отриманих даних виявлено, що в дослідній популяції курей спостерігався поліморфізм за усіма досліджуваними мутаціями, оскільки частота мінорного алеля щоразу перевищувала порогове значення, що дорівнює 0,05. При цьому за обома мутаціями у локусі інсуліну виявлено всі три можливі генотипи, а у разі мутації G2109A у гені міостатину — лише два (AG і GG). Що стосується розподілу частот алелів, у кожному випадку показано істотне переважання частот одного з алелів над іншим (~у 3–5 разів залежно від мутації). Найнижчою виявилась частота алеля A за мутацією *MSTN* G2109A, до того ж цей алель зустрічався лише у гетерозиготному стані. Враховуючи низьку частоту алеля A та відсутність гомозигот за цим алелем, слід наголосити на необхідності вжиття заходів щодо його збереження у популяції, адже лінія 02 характеризується невисокою чисельністю поголів'я, що підвищує можливість втрати алеля за рахунок дрейфу генів.

Точні значення частот алелів та генотипів наведено у табл. 1. Значення критерію χ -квадрат для дослідної популяції становили 1,814 за мутацією G2109A гену міостатину;

0,078 та 1,696 за мутаціями T+3737C і A+3971G локусу інсуліну відповідно. Таким чином, популяція була у стані генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом за усіма дослідженими мутаціями, оскільки в жодному випадку розраховане значення χ -квадрат не перевищувало критичного ($\chi^2_{кр.} = 3,840$ для двоалельної системи). Отримані величини свідчать про відсутність дії впливу добору в дослідній популяції протягом періоду спостереження.

За показниками гетерозиготності (H_o і H_e) лінія 02 характеризується середніми значеннями, що досягали найвищого рівня за мутацією T+3737C локусу інсуліну (табл. 2). Різниця між фактичними та теоретично розрахованими величинами гетерозиготності за кожною з мутацій невелика та не має статистичної вірогідності. У середньому за трьома мутаціями H_o і H_e рівні між собою та становлять 0,33.

Кількісно оцінити рівень відхилень між показниками фактичної та теоретично розрахованої гетерозиготності дозволяє індекс фіксації Райта. Необхідно зазначити, що найнижче значення цього індексу (за модулем) відмічено для мутації *INS* T+3737C, де спостерігається надлишок гетерозигот на рівні 5 %, тоді як для іншої мутації цього ж локусу F_{is} вказує, навпаки, на дефіцит гетерозигот, який становив близько 18 %. Стосовно мутації G2109A гену міостатину популяція характеризувалася експесом гетерозиготних особин на рівні 19 %. Таким чином, в межах стану генетичної рівноваги дослідної популяції можуть відбуватися деякі коливання частот гомо- і гетерозиготних особин щодо їх теоретично розрахованих величин.

Показник ефективного числа алелів вказує на середній рівень поліморфності досліджених локусів у популяції курей породи Род-айленд червоний. Найнижче значення n_e спостерігалось для локусу міостатину; дещо вищими були його величини у локусі інсуліну. Середнє значення для трьох мутацій становило 1,51.

Окрім резервної лінії 02 до породи курей Род-айленд червоний входить яєчно-м'ясна лінія 38. Це синтетична лінія української селекції, затверджена у 1996 р., яка використовується як батьківська для кросу «Борки-кологор» і вважається лідером породи за продуктивними якостями серед ліній української селекції [12, 16]. З огля-

Таблиця 1

Частоти генотипів та алелів за мутаціями G2109A локусу міостатину та T+3737C і A+3971G локусу інсуліну в межах лінії 02 курей породи Род-айленд червоний (n=50, 2016)
Genotype and allele frequencies on mutations G2109A of myostatin locus and T+3737C and A+3971G of insulin locus within line 02 of Rhode Island Red chicken breed (n=50, 2016)

Ген Gene	Мутація Mutation	Генотип Genotype	Частота генотипу Genotype frequency	Алель Allele	Частота алеля Allele frequency
MSTN	G2109A	AA	0,00	A	0,16
		AG	0,32		
		GG	0,68	G	0,84
INS	T+3737C	CC	0,54	C	0,74
		CT	0,40		
		TT	0,06	T	0,26
	A+3971G	AA	0,08	A	0,22
		AG	0,28		
		GG	0,64	G	0,78

Таблиця 2

Основні генетико-популяційні показники лінії 02 породи Род-айленд червоний (n=50, 2016)
Basic genetic population parameters of line 02 Rhode Island Red breed (n=50, 2016)

Ген Gene	Мутація Mutation	H _o	H _e	F _{is}	n _e
MSTN	G2109A	0,32	0,27	-0,19	1,37
INS	T+3737C	0,40	0,38	-0,05	1,63
	A+3971G	0,28	0,34	0,18	1,52

ду на призначення цих ліній можна припустити, що селекційний тиск на них має відрізнятися, а це, своєю чергою, може відобразитися на частотах алелів та генотипів за окремими мутаціями. Щоб перевірити це припущення, було проведено порівняння генетичної структури двох ліній. Генетичну структуру лінії 38 досліджено нами раніше [14, 15], ці дані наведені для порівняння на поданих нижче графіках (рис.).

Обидві лінії були у стані генетичної рівноваги. Лінія 02 характеризувалась дещо вищими рівнями фактичної та очікуваної гетерозиготності порівняно з лінією 38 за мутацією G2109A локусу міостатину. За обома мутаціями у гені інсуліну спостерігається зворотна картина. Окрім того, лінії 02 в середньому були притаманні вищі значення індексу фіксації Райта, при цьому у лінії 38 дефіцит гетерозигот спостерігався за всіма дослідженими мутаціями, тоді як у лінії 02 — лише за мутацією INS A+3971G (рис., А), що можна пояснити меншим тиском добору. Стосовно розподілу алелів двох ліній за досліджуваними мутаціями, слід відмітити його подібність — за порівняння частот алелів методом кутової трансформації Фішера віро-

гідної різниці не виявлено (рис. В). Цей факт узгоджується зі спільним походженням та напрямом продуктивності дослідних популяцій. Таким чином, проведене порівняння спростовує висловлене вище припущення, принаймні, стосовно саме досліджених мутацій. Якщо при такому порівнянні буде розглядатися поліморфізм інших генів, результати можуть відрізнятися від отриманих.

Якщо ж порівнювати генетичну структуру дослідженої лінії курей та популяцій закордонної селекції, дані про які є у літературних джерелах, можна зазначити, що за мутацією G2109A у першому екзоні гену MSTN лінія 02 відрізняється від ліній китайської селекції, в яких спостерігається переважання алеля А над G [18] і, навпаки, дещо подібна до Пушкінської та Юрловської голосистої порід курей, хоча в останніх частота алеля А нижча і трапляються гомозиготи AA [10, 11]. Також є відмінності дослідної популяції від нативних в'єтнамських порід Noi і Tau Vang, де частота алеля Т за мутацією INS T+3737C та алеля А за мутацією INS A+3971G значно вища [4].

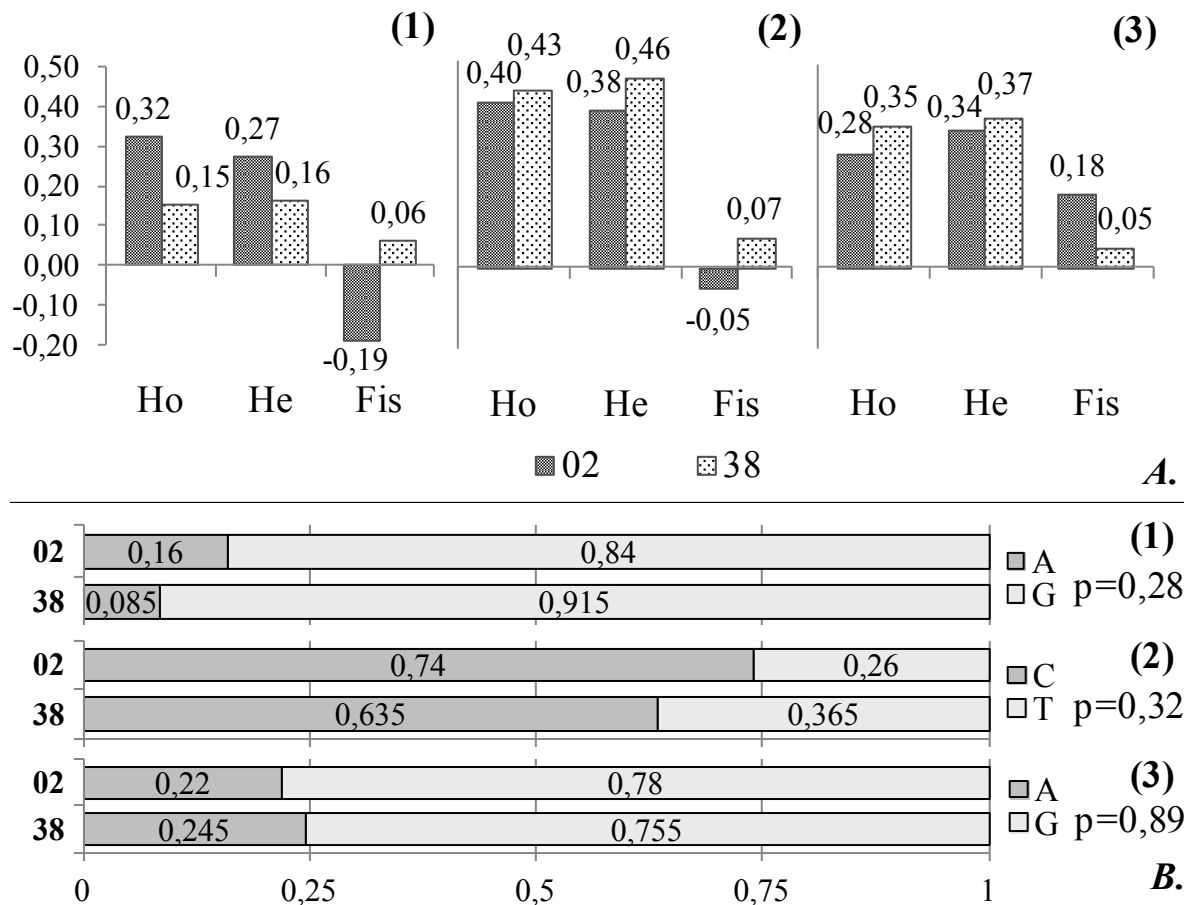


Рис. Порівняльна характеристика ліній 38 і 02 породи Род-айленд червоний за мутаціями *MSTN* G2109A (1), *INS* T+3737C (2), *INS* A+3971G (3).
 А. Порівняння за рівнями гетерозиготності (Ho, He) та індексом фіксації Райта (Fis).
 Б. Порівняння за частотами алелів.

Fig. Comparative characteristics of 38 and 02 lines of Rhode Island Red breed on *MSTN* G2109A (1), *INS* T+3737C (2), *INS* A+3971G (3) mutations.
 A. Comparison by heterozygosity levels (Ho, He) and Write's fixation index (Fis).
 B. Comparison by allele frequencies.

Висновки

1. У популяції курей лінії 02 породи Род-айленд червоний локус міостатину за мутацією G2109A та локус інсуліну за мутаціями T+3737C і A+3971G є поліморфними.

2. Лінія 02 перебуває у стані генетичної рівноваги за усіма дослідженими мутаціями.

3. Досліджена популяція характеризується середніми значеннями гетерозиготності та ефективного числа алелів за мутаціями *MSTN* G2109A, *INS* T+3737C і *INS* A+3971G.

4. Для ліній 02 і 38 породи Род-айленд червоний частоти алелів за дослідженими мутаціями вірогідно не відрізняються.

Перспективи подальших досліджень. Дослідити зв'язок алельних варіантів виявле-

них поліморфних локусів міостатину та інсуліну з продуктивними ознаками курей породи Род-айленд червоний. Проводити спостереження за динамікою генетичної структури лінії 02 за локусами міостатину та інсуліну.

1. Bovsunovskiy V. V. Features of livestock production market development in Ukraine. *Scientific and technical bulletin of Institute of Animal Science NAAS*, 2012, vol. 108, рз. 29–36. (in Ukrainian)

2. Fulton J. E. Molecular genetics in a modern poultry breeding organization. *World's Poultry Science Journal*, 2008, vol. 64, issue 2, pp. 171–176. DOI: 10.1017/S0043933907001778.

3. Hladii M. V., Polupan Yu. P. (Eds.). *Selection, genetic and biotechnological methods for improving and preserving the gene pool of breeds of farm animals*. Poltava, Techservice, 2018, 791 p. (in Ukrainian)

4. Khoa D. V. A., Khang N. T. K., Ngu N. T., Matey J., Loan H. T. P., Thuy N. T. D. Single nucleotide poly-

morphisms in GH, GHR, GHSR and insulin candidate genes in chicken breeds of Vietnam. *Greener Journal of Agricultural Sciences*, 2013, vol. 3, no. 10, pp. 716–725. DOI: 10.15580/GJAS.2013.3.042613589.

5. Kulibaba R. O. The population genetic structure of line 02 of Rhode Island Red chicken breed by microsatellite DNA polymorphism. *Taurian scientific messenger*, 2018, vol. 100, no. 1, pp. 167–172. (in Ukrainian)

6. Kulibaba R. O., Liashenko Yu. V., Yurko P. S. *Use of different types of molecular genetic markers (PCR-RFLP, Indel) in breeding work with poultry of Poltavskaya Clay and Birkivskaya colourful breeds*. Birky, SPRS NAAS, 2015. 18 p. (in Ukrainian)

7. Kuznetsov V. M. Wright's F-statistics: evaluation and interpretation. *The problems of the biology of productive animals*, 2014, vol. 4, pp. 80–104. (in Russian)

8. Lakin G. F. *Biometrics*. Moscow, Vysshaya shkola, 1990, 352 p. (in Russian)

9. Merkureva E. K. *Genetic basis of selection in cattle breeding*. Moscow, Kolos, 1977, 240 p. (in Russian)

10. Mitrofanova O. V., Dementeva N. V., Tyshhenko V. I., Yurchenko O. P., Vakhrameev A. B. Relationship between genotypes with single nucleotide changes in myostatin and weight in Pushkin breed chickens. *Animal genetics and breeding*, 2014, vol. 4, pp. 25–28. (in Russian)

11. Mitrofanova O. V., Dementeva N. V., Tyshhenko V. I., Yurchenko O. P., Vakhrameev A. B. Relationship of SNP genotypes in myostatin gene with carcass weight trait in Yurlov chicken breed. *Animal genetics and breeding*, 2015, vol. 1, pp. 39–42. (in Russian)

12. Pabat V. O., Mykytiuk D. M., Frolov V. V., Bilous O. V., Riabokon Yu. O., Katerynych O. O., Bondarenko Yu. V., Mosiakina T. V., Kovalenko H. T., Hadiuchko O. T., Hrytsenko D. M., Bohatyr V. P., Liutyi Yu. S. *Catalog of breeding resources of poultry*. Kyiv, Atmosfera, 2006. 80 p. (in Ukrainian)

13. Qiu F. F., Nie Q. H., Luo C. L., Zhang D. X., Lin S. M., Zhang X. Q. Association of Single Nucleotide Polymorphisms of the Insulin Gene with Chicken Early Growth and Fat Deposition. *Poultry Science*, 2006, vol. 85, issue 6, pp. 980–985. DOI: 10.1093/ps/85.6.980.

14. Shulika L. V. The genetic structure dynamics of Rhode Island Red and White Plymouth Rock chicken breeds populations for G2109A mutation of myostatin locus. *Scientific and technical bulletin of Institute of Animal Science NAAS*, 2017, vol. 118, pp. 208–217. (in Ukrainian)

15. Shulika L. V., Kulibaba R. O. Genetic structure of Rhode-Island Red chicken breed population on PRL and INS loci. Associations between genotype and chicken productivity. Proceedings of 14th International Symposium of Animal Biology and Nutrition, Bucharest (Romania), 2017, p. 33.

16. Shuplyk V. V., Savchuk O. V., Huziev I. V., Fedorovych V. V., Liubynskyi O. I., Fedorovych Ye. I. *Gene pool of farm animals breeds of Ukraine*. Kamianets-Podilsky, Zvoleiko D. H., 2013, 352 p. (in Ukrainian)

17. Vertichuk A. I. The state of breeding work in the poultry industry of Ukraine. *Technology of production and processing of livestock products*, 2010, vol. 3, no. 72, pp. 149–152. (in Ukrainian)

18. Ye X., Brown S. R., Nones K., Coutinho L. L., Dekkers J. C. M., Lamont S. J. Associations of myostatin gene polymorphisms with performance and mortality traits in broiler chickens. *Genetics Selection Evolution*, 2007, vol. 39, pp. 73–89. DOI: 10.1186/1297-9686-39-1-73.

19. Zinoveva N. A., Klenovickiy P. M., Gladyr E. A., Nikishov A. A. *Modern methods of genetic control of breeding processes and certification of pedigree material in animal husbandry*. Moscow, RUDN, 2008, 329 p. (in Russian)