

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ОТДЕЛЬНЫХ ЛИНИЙ ПТИЦ ОТРЯДА КУРЕОБРАЗНЫХ (GALLIFORMES)

Аниолас Сруога¹, Робертас Юодка², Елена Мозалене¹, Далюс Буткаускас¹

¹Институт экологии, Академийос 2, 2600 Вильнюс, Литва, e-mail: igl@eko.lt, тел.: 729287

²Институт животноводства Литовской ветеринарной академии, Байсогала, Радвилишский рай., Литва, e-mail: lgi@mail.lgi.lt

Резюме. В настоящее время достаточно полно исследованы морфофизиологические, репродуктивные и другие показатели линий кур кросса "Lohmann White LSL", принадлежащих отцовскому сочетанию (линии А, В) и материнскому сочетанию (линии С, D). Однако генетические особенности данных линий ещё недостаточно исследованы. Поэтому нашей задачей было, используя метод электрофоретического анализа сывороточных белков в полиакриламидном геле определить уровень генетического разнообразия линий, определить величину генетического сходства и генетических расстояний, а также влияние естественного и искусственного отбора на генетическую структуру линий. Электрофоретический анализ показал, что исследованные линии значительно различаются по частоте аллелей отдельных сывороточных белков. Все восемь исследованных локусов (*PreAl-1*, *PreAl-2*, *Al*, *PostAl*, *PreTf*, *PostTf*, *Mc*, *Tf*) оказались полиморфными. Исследованные линии отличались между собой по частоте тех или иных аллелей. Так линия С материнского сочетания статистически достоверно отличалась от трёх других линий по частоте аллелей четырёх (*PreAl-1*, *Al*, *PreTf*, *Tf*) локусов. Вторая же линия материнского сочетания (D линия) отличается от других линий по частоте четырёх аллелей двух локусов (*Al*, *Tf*). Линия А отцовского сочетания отличается от остальных линий по частоте трёх аллелей двух полиморфных локусов (*PreTf*, *Tf*). Вторая линия В данного сочетания отличалась по частоте пяти аллелей трёх полиморфных локусов (*PreAl-1*, *PostAl*, *Tf*). Во всех исследованных линиях выявлен дефицит гетерозигот, а средняя наблюдаемая гетерозиготность достоверно ниже теоретически ожидаемой гетерозиготности. Анализ генетического сходства (I) и генетических дистанций (D) показал, что наиболее близкими в генетическом отношении являются линия В отцовского сочетания и линия D материнского сочетания (I=0,991), а наибольшая генетическая дистанция установлена между линиями С и D материнского сочетания (D=0,027).

Ключевые слова: линии кур, электрофорез, полиморфизм, аллели.

GENETIC DIFFERENTIATION OF PURE CHICKEN LINES OF "LOHMAN WHITE LSL" CROSS

Summary. Variation in the protein mobility during electrophoresis allows to be detected alleles of a corresponding gene. By means of the data of such biochemical markers as common proteins it is possible to evaluate genetic differences between lines and strains. Our aim was to describe initial chicken lines A and B (sire combination) and C and D (dam combination) of "Lohman White LSL" cross according to a genetic structure of common proteins and to evaluate genetic differences and similarities between lines. Blood sera proteins were investigated by means of polyacrilamide gel electrophoresis. Such parameters as the allele frequency, heterozygosity, genetic similarity were calculated with their help of computer program Biosys-2 (Swoffard, Selander, 1997). Eight loci of common proteins (*PreAl-1*, *PreAl-2*, *Al*, *PostAl*, *PreTf*, *PostTf*, *Mc*, *Tf*) were separated during electrophoresis. All the loci studied were polymorphic and frequencies of alleles were different for each chicken line. The most profound differences were obtained in C line of the dam combination. Eight alleles with original frequencies in loci *Pre-1*, *Al*, *PreTf*, *Tf* were detected among the individuals of that line. Two loci (*Al* or *Tf*) with the original frequency of alleles were detected in the second line of the dam composition - line D. Three alleles in loci (*PreTf* and *Tf*) and five alleles in loci (*PreAl-1*, *PostAl*, *Tf*) prevailed between lines of sire composition A and B respectively. Pronounced deficiency of heterozygotes was detected among all the lines investigated. The average heterozygosity observed was lower than expected. The genetic identity (I) and genetic distance (D) were calculated according to Nei (1972) and Wright (1978). On the basis of the data obtained phylogenetic analysis of four chicken lines was carried out. The highest genetic identity was detected between lines B and D (I=0.991) and the highest genetic distance was determined between lines C and D. According to the cluster analysis, lines B and D formed one cluster, whereas line C formed a separate branch. Line A formed an intermediate branch in the dendrogram.

Keywords: chicken lines, electrophoresis, polymorphism, alleles.

Введение. В последнее время, наряду с использованием биохимических маркёров для анализа генетических процессов, происходящих при выведении отдельных пород и линий всё чаще используются молекулярные генетические маркёры

ДНК (Семёнова С. К. и др., 1996). Однако и использование биохимических маркёров не потеряло своего значения (Сува-Бенко К. *et al.*, 1994; Inafuku К. *et al.*, 1998). Тем более, что генетические белковые маркёры отличаются повышенной стабильностью и

консервативностью, что даёт возможность определить не только межлинейные генетические различия, но и оценить степень внутрилинейного генетического разнообразия, а также определить степень генетического сходства между линиями. (Sruoga A. *et.al.*, 1999; Tubelytė V. *et.al.*, 2000). Аллельные варианты белков, выявляемые методом электрофореза, как правило, являются непосредственными продуктами определённых генов, что позволяет определить генетические различия между отдельными особями, популяциями и линиями, а также исследовать влияние естественного и искусственного отбора на генетические процессы, происходящие в линиях и популяциях - дрейф генов, поток генов и др. (Kuznetsov S. B., 1995). Анализируемые А,В,С,Д линии кур созданы немецкой фирмой „Lohmann Tier zucht“ обладают специфическими комбинационными способностями, которые используются для создания гетерозисных кроссов птиц.

Гетерозисные птицы превосходят по продуктивным качествам аналогичные показатели исходных родительских линий (Злочевская К. О., 1991; Juodka R., Medkauskas Č., 1998; Januđonis S., 2001). Среди исследованных четырёх линий А-линия является отцовского сочетания отцовской линией, В-линия - отцовского сочетания материнской линией, С-линия - материнского сочетания материнской линией, Д-линия - материнского сочетания отцовской линией. В настоящее время достаточно полно исследованы морфофизиологические, репродуктивные качества и показатели продуктивности родительских линий, однако генетические особенности данных линий, используя биохимические генетические маркёры, ещё недостаточно исследованы. Поэтому нашей задачей было: исследовать генетический полиморфизм сывороточных белков родительских линий, определить генетическое сходство и генетические расстояния между линиями. На основании данных генетического сходства и генетических расстояний построить дендрограмму генетического взаиморасположения линий.

Материал и методы исследования. Для исследования генетического разнообразия использовали сыворотку крови кур четырёх родительских линий А,В,С,Д кросса Lohmann White LSL.

Образцы крови получены путём забора крови из вены крыла. В общей сложности исследовано 45 образцов крови А-линии, 44-В-линии, 38-С-линии и 44-Д-линии. Кровь обрабатывали путём центрифугирования в течение 10 минут при 3000 об/мин. при 4°С температуры. Таким образом были удалены эритроциты, а сыворотку использовали для дальнейших исследований. До использования сыворотку хранили при -20°С. Электрофорез сывороточных белков проводили в многослойной системе полиакриламидного геля (ПАГ) по методике Brewger (1970) с некоторой модификацией. Для приготовления ПАГ и электрофоретического

разделения белков использовали трис-глициновую буферную систему (Davis B.J., 1964). Время электрофореза - 5-6 часов при напряжении тока от 3.5 до 6.9 mA/cm. Фиксацию, окраску белковых фракций, а также удаление избытка красителя проводили по методике Brewger (1970). Расположение белковых фракций после электрофореза оценивали по относительной подвижности белков в электрическом поле от катода к аноду. Аллели обозначали в зависимости от относительной подвижности белковых фракций: А - быстро мигрирующая фракция, В - медленно мигрирующая фракция. Для характеристики биохимического полиморфизма использовали следующие показатели: частоту аллелей и частоту генотипов, фактически наблюдаемую (H_o) и теоретически ожидаемую (H_e) гетерозиготность, среднюю гетерозиготность, дефицит гетерозигот. С целью анализа генетического сходства между линиями использованы два показателя: коэффициент генетического сходства (I) по Нею (Nei M., 1972) и Райту (Wright S., 1978) и показатель генетических дистанций D. Для оценки биохимического полиморфизма использовали компьютерную программу Biosys-2 (Swofford D.L., Selander R.B., 1997).

Научные исследования проведены руководствуясь законом Литовской Республики Nr8-500 "О содержании, использовании и охране животных" ("Вальстибес жинёс", 1997.11.28, Nr 108), а также подзаконными актами - приказами Государственной Ветеринарной службы - По соблюдению ветеринарных требований по уходу, разведению, содержанию и транспортировке лабораторных животных (1998.12.31, Nr 4-361) и "Об использовании лабораторных животных в научных целях" (1999.01.18, Nr 4-16).

Результаты и обсуждение. При анализе генетического разнообразия в методической части указанных А,В,С,Д линий кросса "Lohmann White LSL" обнаружено не только значительное сходство между исследованными линиями, но и некоторые статистически достоверные межлинейные генетические различия. В общей сложности в сыворотке крови исследованных линий обнаружено от 10 до 16 белковых фракций, обладающих различной электрофоретической подвижностью. Частота аллелей исследованных линий представлена в таблице 1.

Из данных первой таблицы видно, что наибольшее отличие по частоте аллелей выявлено между линией С и другими тремя А,В,Д линиями. В линии С наибольшей частотой встречаемости обладала быстрая аллель преальбуминового локуса *PreAl-1^A*, частота которого составляла 0,671. В то же время частота данного аллеля в В линии составляла всего 0,489. Достоверные различия между линиями С и В выявлены и по частоте встречаемости медленного аллеля преальбуминового локуса *PreAl-1^B*, соответственно, частота которого 0,329 и 0,511.

Таблица 1. Частота аллелей линий кур А, В, С и D кросса "Lohmann White"

Аллели	Линии кур			
	A(n=45)	B(n=44)	C(n=38)	D(n=44)
<i>PreAl-1^A</i>	0,578	0,489	0,671	0,534
<i>PreAl-1^B</i>	0,422	0,511	0,329	0,466
<i>PreAl-2^A</i>	0,611	0,557	0,553	0,602
<i>PreAl-2^B</i>	0,389	0,443	0,447	0,398
<i>Al^A</i>	0,478	0,398	0,553	0,295
<i>Al^B</i>	0,522	0,602	0,447	0,705
<i>PostAl^A</i>	0,489	0,568	0,500	0,455
<i>PostAl^B</i>	0,511	0,432	0,500	0,545
<i>PreTf^A</i>	0,567	0,466	0,408	0,489
<i>PreTf^B</i>	0,433	0,534	0,592	0,511
<i>PostTf^A</i>	0,433	0,443	0,474	0,477
<i>PostTf^B</i>	0,567	0,557	0,526	0,523
<i>Mc^A</i>	0,444	0,443	0,434	0,409
<i>Mc^B</i>	0,556	0,557	0,566	0,591
<i>Tf^A</i>	0,322	0,375	0,303	0,330
<i>Tf^B</i>	0,267	0,307	0,368	0,384
<i>Tf^C</i>	0,189	0,170	0,263	0,227
<i>Tf^D</i>	0,200	0,148	0,066	0,159
<i>Tf^E</i>	0,022	0,000	0,000	0,000

Различий по частоте аллелей данного локуса между С линией и остальными (А и D) линиями не обнаружено. Статистически достоверные отличия выявлены между линиями по частоте аллелей альбуминового локуса (*Al*). Та же материнского сочетания С линия отличается от В линии отцовского сочетания по частоте встречаемости обеих аллелей альбуминового локуса. Кроме того С линия отличается и от того же материнского сочетания D линии по частоте тех же аллелей альбуминового локуса. D линия кур обладает высокой частотой медленного *Al^B* аллеля альбуминового локуса. Материнского сочетания С линия достоверно отличается от А линии отцовского сочетания по частоте А и В аллелей другого двухаллельного претрансферинного локуса *PreTf*. Частота данных аллелей в С линии составляет 0,408 и 0,592, а частота в линии А составляет, соответственно, 0,567 и 0,433. По частоте встречаемости аллелей посттрансферинного и макроглобулинового локусов достоверных различий между линиями не обнаружено. Анализ частоты встречаемости аллелей полиаллельного трансферинного локуса (*Tf*) показал, что линии отличаются по частоте редкой *Tf^E* аллели, которая выявлена лишь в линии А отцовского сочетания с частотой 0,022. Другая аллель трансферинного локуса *Tf^D* с низкой частотой встречаемости в С линии (0,066), однако обладает значительной частотой в других (А,В,Д) линиях и с частотой встречаемости, соответственно, 0,200, 0,148 и 0,159. Отцовского сочетания А и материнского сочетания D линии также достоверно разнятся и по частоте *Tf^C* аллели. Частота её встречаемости в линиях отцовского сочетания была от 0,189 до 0,170, а в линиях материнского сочетания от 0,263 в линии С до 0,227 в линии D.

Данные представленные в таблице 2 показывают, что фактически наблюдаемая гетерозиготность семи полиморфных двухаллельных локусов изученных линий значительно ниже теоретически ожидаемой гетерозиготности. Исключением является полиаллельная генетическая система трансферинного локуса, где фактически наблюдаемая и теоретически ожидаемая гетерозиготность достоверно не отличаются. Подобная тенденция в исследованных линиях сохраняется и относительно средней гетерозиготности. Наблюдаемая средняя гетерозиготность всех исследованных локусов достоверно ниже теоретически наблюдаемой средней гетерозиготности.

То, что фактически наблюдаемая гетерозиготность, а также фактически наблюдаемая средняя гетерозиготность ниже теоретически ожидаемых соответственных средних показателей подтверждается и дефицитом гетерозигот в исследованных линиях. Показатель дефицита гетерозигот (D) по всем восьми полиморфным локусам всех исследованных линий обладает отрицательным значением, хотя нарушение генетического равновесия не во всех исследуемых локусах и линиях статистически достоверно. Особенно чётко выражено нарушение генетического равновесия в линии В отцовского сочетания, где равновесие нарушено в шести исследованных локусах (Р составляет от 0,001 до 0,0334). В линии А того же сочетания нарушение генетического равновесия установлено в четырёх из восьми полиморфных локусов. В общей сложности в линиях С и D материнского сочетания нарушение генетического равновесия наблюдается в семи из восьми исследованных локусов. Наименьшее нарушение генного равновесия установлено в линии D, где статистически достоверно нарушено равновесие в трёх из восьми локусов. Это *PreAl-1*, *PreAl-2* и *Tf* локусы. (Р составляет от 0,0001 до 0,0303). Снижение гетерозиготности, дефицит гетерозигот, нарушение генного равновесия обусловлено разведением в замкнутых популяциях, которое ограничивает приток генов из других популяций и линий (Алтухов Ю.П., 1983; Имашева А.Г., 1998). Кроме того, как показывает данные других авторов (Cheng K.M. *et al.*, 1992) на исследуемые процессы может влиять инбридинг, т.е. родственное разведение, которое используется на начальных стадиях выделения отдельных линий птиц, искусственный отбор по морфофизиологическим признакам и показателям продуктивности, а также селекционный процесс, направленный на отбор наиболее сочетаемых линий (Mazumder N.K. *et al.*, 1990; Флок Д.К., 1992; Яцкунас К. *et al.*, 1983; Janušonis S.J., 2001; Asal S., 1993; Rybanska M. *et al.*, 2001).

Таблица 2. Гетерозиготность, дефицит гетерозигот и нарушение генного равновесия (χ^2) в А, В, С, D линиях кур

Локусы	Гетерозиготность (H)		Средняя гетерозиготность (H)		Дефицит гетерозигот (D)	χ^2	P
	Фактически наблюдаемая (H _о)	Теоретически ожидаемая (H _{ex})	(\bar{H}_o)	(\bar{H}_{ex})			
А линия							
<i>PreAl-1</i>	0,400	0,488			-0,189	1,65	0,199
<i>PreAl-2</i>	0,244	0,475			-0,491	11,11	0,009
<i>Al</i>	0,467	0,499			-0,075	0,26	0,609
<i>PostAl</i>	0,400	0,500			-0,208	2,00	0,157
<i>PreTf</i>	0,289	0,491			-0,418	8,05	0,0045
<i>PostTf</i>	0,422	0,491			-0,150	1,03	0,3095
<i>Mc</i>	0,311	0,494			-0,377	6,54	0,0105
<i>Tf</i>	0,956	0,749			0,262	9,84	0,0017
			0,436	0,523			
В линия							
<i>PreAl-1</i>	0,295	0,500			-0,416	7,77	0,0053
<i>PreAl-2</i>	0,295	0,494			-0,408	7,56	0,0062
<i>Al</i>	0,432	0,479			-0,109	0,53	0,465
<i>PostAl</i>	0,227	0,491			-0,542	13,23	0,0003
<i>PreTf</i>	0,341	0,498			-0,323	4,69	0,0303
<i>PostTf</i>	0,523	0,494			0,047	0,10	0,752
<i>Mc</i>	0,341	0,494			-0,317	4,53	0,0334
<i>Tf</i>	0,977	0,714			0,352	15,21	0,0001
			0,429	0,520			
С линия							
<i>PreAl-1</i>	0,289	0,411			-0,353	4,86	0,0275
<i>PreAl-2</i>	0,263	0,494			-0,475	8,80	0,003
<i>Al</i>	0,368	0,494			-0,265	2,73	0,098
<i>PostAl</i>	0,368	0,500			-0,273	2,91	0,088
<i>PreTf</i>	0,447	0,483			-0,086	0,29	0,591
<i>PostTf</i>	0,368	0,499			-0,271	2,86	0,090
<i>Mc</i>	0,342	0,491			-0,313	3,82	0,0506
<i>Tf</i>	1,000	0,699			0,412	16,24	0,0001
			0,431	0,513			
D линия							
<i>PreAl-1</i>	0,341	0,498			-0,323	4,69	0,0303
<i>PreAl-2</i>	0,250	0,479			-0,484	10,55	0,0012
<i>Al</i>	0,364	0,416			-0,136	0,84	0,3598
<i>PostAl</i>	0,364	0,496			-0,275	3,40	0,065
<i>PreTf</i>	0,432	0,500			-0,146	0,96	0,328
<i>PostTf</i>	0,364	0,499			-0,280	3,52	0,0607
<i>Mc</i>	0,364	0,483			-0,256	2,96	0,085
<i>Tf</i>	1,000	0,734			0,347	15,54	0,0001
			0,435	0,513			

Таблица 3. Генетическое сходство* и расстояние** по Nei (1972)

Линии	А	В	С	D
А	***	0.010	0.016	0.012
В	0.990	***	0.020	0.009
С	0.984	0.980	***	0.027
D	0.988	0.991	0.973	***

* под диагональю

** над диагональю

Данные по генетическому сходству и генетическим дистанциям между исследованными линиями по Хею представлены в 3 таблице. В данной

таблице под диагональю указано генетическое сходство (I), а поверх диагонали-генетические дистанции (D) между исследованными линиями. Наибольшее генетическое расстояние (0,027) найдено между линиями С и D материнского сочетания. В то же время генетическое расстояние между линиями А и В отцовского сочетания составляет всего 0,010. В общей сложности расстояние между линиями отцовского и материнского сочетаний довольно разнятся. Расстояние между А линией отцовского сочетания и линиями С и D материнского сочетания составляет 0,016 и 0,012. В то время как расстояние между В линией отцовского сочетания и С и D линиями материнского сочетания составляет 0,020 и 0,009. Отсюда следует, что наиболее удалена в

генетическом отношении В линия отцовского сочетания от С линии материнского сочетания (0,020). Аналогичные данные получены и при анализе генетического сходства между линиями по Райту (табл.4).

Таблица 4. Генетическое сходство* и генетические расстояния** по Rogers (1978)

Линии	A	B	C	D
A	***	0.000	0.003	0.000
B	1.000	***	0.007	0.000
C	0.997	0.993	***	0.014
D	1.000	1.000	0.986	***

* под диагональю

**над диагональю

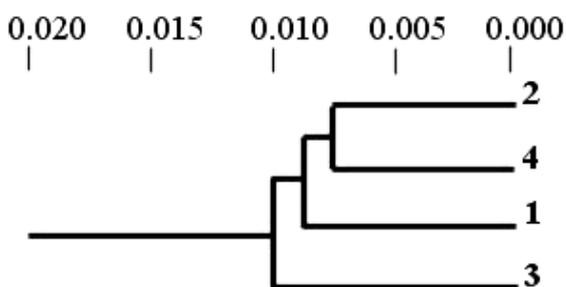


Рис 1. Данные кластерного анализа при использовании коэффициента Rogers (1978)

1 - А линия, 2 - В линия, 3 - С линия, 4 - D линия

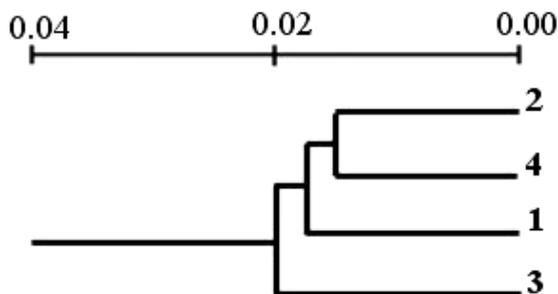


Рис 2. Данные кластерного анализа при использовании Nei (1972) коэффициента

1 - А линия, 2 - В линия, 3 - С линия, 4 - D линия

Данные кластерного анализа, полученные с использованием коэффициентов генетического сходства (Wright S., 1978) и генетических расстояний (Nei M., 1972) представлены в форме дендрограмм (рис.1 и рис.2) показывают, что С линия образует на дендрограмме отдельный кластер, который расположен на значительном расстоянии не только от линий А и В отцовского сочетания, но и от D линии того же материнского сочетания. В то же время линии А и В отцовского сочетания на дендрограмме образуют несколько отличающийся кластер по сравнению с кластерами, которые образуют В линия отцовского и D линия материнского сочетаний.

Данные две линии (В и D) образуют отдельный общий кластер. Как следует из дендрограмм, построенных на основании разных коэффициентов генетического сходства фактически получены аналогичные данные. Используя комбинационные способности и различную сочетаемость исходных линий получают гетерозиготное потомство, превосходящее по продуктивности родительские линии, что обусловлено неадитивным взаимодействием генов, и подтверждается данными генетического анализа и чётко выраженными дендрограммами.

Выводы. 1. Линии кур кросса "Lohmann White LSL" отцовского и материнского сочетаний значительно отличаются по частоте аллелей сывороточных белков. Особо выделяется линия С материнского сочетания, которая отличается от других линий по частоте аллелей четырёх (*PreAl-1*, *Al*, *PreTf*, *Tf*) локусов. D линия отцовского сочетания отличается от других линий по частоте четырёх аллелей двух локусов (*Al*, *Tf*). Линия А отцовского сочетания отличается от остальных линий по частоте трёх аллелей двух полиморфных локусов (*PreTf*, *Tf*).

2. Искусственный отбор по количественным признакам и разведение в закрытых популяциях привёл к значительному снижению гетерозиготности и увеличению дефицита гетерозигот в исследованных линиях.

3. На основании данных кластерного анализа и генетического сходства показано, что линия В отцовского сочетания и линия D материнского сочетания являются генетически наиболее близкими, в то время как линии С и D материнского сочетания генетически наиболее удалены.

Литература

1. Asal S. Egg white protein polymorphism in fowles (*Gallus gallus* L.) and Japanese quails (*Coturnix coturnix japonica*). *Turk-Zooloji-Dergisi*, 1993. Vol. 17. P.259-266.
2. Brewer G.J. An introduction to isozyme technique. New York: Academic press, 1970. 120p.
3. Brodacki A., Zieba G., Cywa-Benko K. Genetic distance between selected breeds and lines of laying hens. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, Animal Husbandry*, 2001. Vol. 4(2).
4. Cheng K.M., Kimura M., Fujii S. A comparison of genetic variability in strains of Japanese quail selected for heavy body weight. *Journal of Heredity*, 1992. Vol.83. P.31-35.
5. Cywa-Benko K., Brodacki A., Szwaczkowski T. Comparative study of blood serum protein polymorphism in three breeds of hens. *Rocz. Nauk. Zootech*, 1994. Vol. 21(1-2). P.41-49.
6. Davis B.J. Disc electrophoresis - 11: Method and application to human serum proteins. *Ann. N. Y. Academy of Sciences*, 1964. Vol.121. P.404-427.
7. Infuku K., Maeda Y., Okamoto S., Ardinarsasi S.M., Hashiguchi T. Polymorphism of egg white proteins in native chickens in Indonesia. *Japan Poultry Science*, 1998. Vol. 35(5). P.278-284.
8. Janušonis S.J. Heterozės esmė ir įtaka produktyvumui. Vilnius, 2001. 186p.
9. Juodka R., Medkauskas Č. A genetic study of four pure lines of laying hens. *Biologija*, 2000. Vol.3. P.40-41.
10. Kuznetsov S.B. Polymorphism of blood plasma proteins in the geese of *Anser* and *Branta* genera. *Biochemical Genetics*, 1995. Vol.33. N. 3/4. P.123-135.
11. Mazumder N.K., Mazumder A. Genetic heterogeneity and comparative alactophoretic mobility of serum albumin types in chicken and quails. *Indian Journal of Animal Science*, 1990. Vol. 60. P. 591-593.

12. Nei M. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 1972. Vol.106. P.183-292.
13. Rybanska M., Baumgartner J., Koncekova Z. Analysis of blood serum polymorphic proteins in Japanese quail. *Acta fytotechnica et zootechnica*, 2001. Vol. 4. P.205-208.
14. Sruoga A., Paulauskas A., Mozalienė E. Genetic variability of proteins in the Anseriformes order of Waterfowl. *Acta Zoologica Lituanica*, 1999. Vol.9(4), a monograph: 83 p.
15. Swofford D.L., Selander R.B. BIOSYS-2: A computer program for the analysis of allelic variation in population genetic and biochemical systematics. Colorado state University: Illinois Natural History survey, Champaign; Black C.W, 1997.
16. Tubelytė V., Butkauskas D., Paulauskas A., Sruoga A. Variability of blood serum protein in the Japanese Quail (*Coturnix coturnix japonica*) breeds and hybrids. *Acta Zoologica Lituanica*, 2000. Vol.10(4). P.106-110.
17. Wright S. Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations. 4. Chicago: University Chicago Press, 1978.
18. Žvykas E. Dėsliosios vištos Lietuvoje. *Žemės ūkis*, 1995. Nr.6. P.21-22.
19. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Наука, 1983. 150 с.
20. Злочевская К.О. О состоянии племенного птицеводства. *Птицеводство*. 1991. Nr.12, с.7-10.
21. Флок Д.К. Вклад селекции в эффективность производства яиц. *Птицеводство*, 1992. Nr.1. с.30-34.
22. Имашева А.Г. Генетическая изменчивость в популяциях. Исследования на дрозофиле как модели. *Успехи современной биологии*, 1998. Т.118. Nr.4. с.402-414.
23. Яцкунас К., Янушонис С., Мамяншикенė И. Генетический анализ исходных линий кур кроса "Заря"¹⁷ при ускоренной селекции. *Научные труды Прибалтийской зональной опытной станции по птицеводству*, 1980. Nr.8. с.14-18.
24. Семенова С.К., Филенко А.Л., Васильев В.А., Просняк М.И., Севастьянова А.А., Рысков А.П. Использование полиморфных маркеров ДНК для дифференциации пород кур различного происхождения. *Генетика*, 1996. Т.32. Nr. 6. с.795-803.