



Науковий вісник Львівського національного університету
ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького

Scientific Messenger of Lviv National University
of Veterinary Medicine and Biotechnologies

ISSN 2519–2698 print
ISSN 2518–1327 online

doi: 10.15421/nvlvet8427
<http://nvlvet.com.ua/>

UDC 636.597.034:57.017

Shaoxing breed duck polymorphism by microsatellite loci

A.M. Chepiha, S.O. Kostenko, M.S. Doroshenko, P.V. Korol¹, O.M. Konoval², Lu Lizhi³,
Huang Xuetao³, Li Liumeng⁴

National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine

¹Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M. V. Zubets of National Academy of Agrarian Science of Ukraine, Chubyns'ke, Ukraine

²Laboratory of quality and safety of agricultural products of the National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine

³Institute of Animal Husbandry and Veterinary Science Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou, Zhejiang, China

⁴Zhejiang Generation Biological Science and Technology Co., Ltd., Wangjiajing, Zhuji, Zhejiang, China

Article info

Received 13.02.2018
Received in revised form
09.03.2018
Accepted 13.03.2018

National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Geroiv Oborony Str., 15, Kyiv, 03041, Ukraine.
Tel.: +38-095-309-34-46
E-mail: alenachepiga@ukr.net

Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V. Zubets of National Academy of Agrarian Science of Ukraine, Pohrebniaka Str., 1, Chubyns'ke, 08321, Ukraine.

Laboratory of quality and safety of agricultural products of the National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Geroiv Oborony Str., 15, Kyiv, 03041, Ukraine.

Institute of Animal Husbandry and Veterinary Science Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, 198 Shiqiao Road, Hangzhou, Zhejiang, 310021, China.

Zhejiang Generation Biological Science and Technology Co., Ltd. 1 Gujing Road, Wangjiajing, Zhuji, Zhejiang, 31181, China.

Chepiha A.M., Kostenko S.O., Doroshenko M.S., Korol P.V., Konoval O.M., Lizhi Lu, Xuetao Huang, Liumeng Li (2018). Efficiency of use technological feed additive. Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies. 20(84), 148–153. doi: 10.15421/nvlvet8427

Microsatellite markers are now been widely used for the detection and description of micropopulation processes occurring in the populations of domestic animals for the effects of various factors of breeding pressure. Microsatellite loci distributed throughout eukaryotic genomes, making them the preferred genetic marker for high resolution genetic mapping. In recent years, rapid advances have been made in the development of molecular genetic maps. High-density linkage maps are now available for many farm animals, such as cattle, pigs, and goats. In contrast, mapping studies in avian species are much less advanced except in the chicken. According to FAO about 70% of ducks are bred in China. This country is a leader in growing ducks. The Shaoxing breed is one of the three major duck breeds in China. Ducks of this breed are characterized by high performance. According to the Bureau of Product Quality, the age of maturity (the beginning of egg laying) in these birds occurs at 130–140 days. The characteristics of the Shaoxing breed include the fact that the peak period of laying eggs lasts from eight to ten months. On average, one duck in 500 days gives from 290 to 310 eggs, which is one of the highest rates for egg breeds. That is why the purpose of our study was the microsatellite analysis of two populations of Shaoxing breed with 9 locuses was conducted. The selection of birds for the study were carried out on a duck farms in Zhejiang Generation Biological Science and Technology Co., Ltd. and Zhuji Guowei Poultry Development Co, Ltd., and at the laboratory of the Zhejiang Academy of Sciences Institute. Samples collection and DNA preparation: Venous blood samples were collected from 480 ducks (240 ducks of population I and 240 ducks of population II of the Shaoxing breeds) of both populations into 3 ml tubes containing EDTA as anticoagulant agent. In total of 9 investigated loci in the Shaoxing breed population, only one locus was monomorphic (SMO10). The number of different alleles (N_a) for each polymorphic locus ranged from 2 (SMO12) to 13 (APL79, CMO11) in population I and from 2 (APL78, SMO12) to 7 (APL79) in population II. On average, one locus had 5.889 alleles in population I and 3.889 of alleles in the population II. The effective number of alleles (N_e) was 1.735 in population I and 1.599 in population II. The number of alleles and the expected heterozygosity (H_{exp}) values can provide important information for the discrimination of individuals and breeds. The index of expected heterozygosity in population I was 0.336 and 0.307 in population II. The information index (I) was 0,702 in population I and 0,576 in population II. For each population was found private alleles, in population I 6 alleles and in population II just 4 alleles. The results show high level of polymorphism of the studied populations of ducks. The obtained results can be used in the creation of new lines of ducks.

Key words: *Anas platyrhynchos*, polymorphism, Shaoxing breed, microsatellite loci, populations of ducks.

Поліморфізм качок породи shaoxing за мікросателітними локусами

А.М. Чепіга, С.О. Костенко, М.С. Дорошенко, П.В. Король¹, О.М. Коновал², Лу Ліжи³, Хуанг Цзюянцяо³, Лі Ліуменг⁴

Національний університет біоресурсів і природокористування України, Київ, Україна

¹Інститут розведення і генетики тварин імені М. В. Зубця Національної академії аграрних наук України, Чубинське, Україна

²Лабораторія якості і безпеки продукції АПК НУБіП України, Чабани, Україна

³Інститут тваринництва і ветеринарії Чжецзянської Академії Аграрних Наук, Китайська Народна Республіка

⁴Компанія Чжужі Гоувей Полтри Девелопмент, Китайська Народна Республіка

У статті наведені результати досліджень генетичної структури двох популяцій качок породи шаосінь за використання дев'яти мікросателітних локусів. Птицю досліджували на качиних фермах компанії Zhejiang Generation Biological Science and Technology Co., Ltd. та Zhuji Guowei Poultry Development Co., Ltd. за підтримки лабораторії Poultry Genetics Laboratory of the Zhejiang Academy of Sciences (Zhejiang Province, PRC). Було встановлено, що середнє число ефективних алелів (N_e) на локус у популяції I складало 1,735, а для популяції II – 1,599. Показники інформаційного індексу становили 0,702 (популяція I) та 0,576 (популяція II). Фактична гетерозиготність у популяції I була 0,298, а у популяції II – 0,269. У результаті нашого дослідження для кожної популяції були виявлені приватні алелі. З 9 досліджених локусів, у популяції I було виявлено 6 приватних алелів, в той час, коли популяція II мала лише 4 локуси. Загалом у популяції I виявлено 23 приватних алелів, а у популяції II – 5. Найбільша кількість приватних алелів була в локусі SMO11 (9), а найменша – 1 алель у локусі SMO7 та SMO10 в популяції I. Популяція II була бідніша на приватні алелі, так у локусі APL79 було 2 та по 1 у SMO11, SMO7, SMO10. Отримані результати свідчать про високий рівень внутрішньопородного поліморфізму шаосінь, що дозволяє розробку стратегій збереження та використання генетичних ресурсів качки за використання аналізу поліморфних локусів мікросателітів.

Ключові слова. *Anas platyrhynchos*, поліморфізм, порода шаосінь, мікросателітні локуси, популяції качок.

Вступ

Качка – один з найбільш економічно важливих видів свійської водоплавної птиці, оскільки слугує джерелом для отримання якісного м'яса, яєць та пір'я (Huang et al., 2013; Purwantini et al., 2013; Zhao et al., 2015; Ren et al., 2017). Близько 70% качок розводять у Китаї (Tunca et al., 2015; Zeng et al., 2016), за даними ФАО (2015) ця країна є лідером з вирощування молодняку качок. Окрім далекосхідних країн (В'єтнам, Малайзія, Індонезія та ін.) також розводять качок деякі європейські країни (Франція, Румунія, Польща, Україна та ін.) (FAO, 2015).

Протягом останніх десятиліть, найбільш актуальними були дослідження генетичних особливостей та різноманіття великої рогатої худоби, свиней та курей. Качки залишаються недостатньо вивченими серед свійських тварин, тому актуальним є вивчення їх генетичного поліморфізму (Seo et al., 2016; Klenovickij et al., 2016).

Мікросателітні маркери є корисним інструментом для дослідження генетичної різноманітності видів, тому що вони більш поліморфні, ніж інші генетичні маркери (Seo et al., 2016). Їх використання дозволяє значно пришвидшити процес селекції (Hlestkina, 2013). Пріоритетність використання мікросателітних маркерів у генетичних дослідженнях обумовлена тим, що їх поліморфізм настільки високий, що дозволяє відслідковувати передачу хромосом у поколіннях (Tao et al., 2016; Fisinin et al., 2017).

Характеристика генетичного різноманіття качок за допомогою використання молекулярних маркерів є необхідною умовою у розвитку стратегій націлених на збереження та використання генетичних ресурсів популяцій (Veeramani et al., 2016). Дослідження аборигенних порід качок є важливим питанням для дос-

лідження генетичних ресурсів птиці, підтримки генетичного різноманіття і покращення господарсько корисних ознак (Seo et al., 2016).

Метою роботи було дослідити поліморфізм качок породи Shaoxing (шаосінь) за 9 мікросателітними локусами, оскільки ця порода належить до основних яєчних порід Китаю і характеризується високими показниками яєчної продуктивності. Вік зрілості (початок яйцекладки) у цієї птиці настає на 130–140 день. До особливостей породи Shaoxing відносять і те, що піковий період закладки яєць триває від восьми до десяти місяців. У середньому одна качка за 500 днів дає від 290 до 310 яєць, що є одним з найвищих показників для птиці яєчних порід (Shaoxing Ducks, 2012).

Для досягнення поставленої мети нами були виділені наступні завдання:

1. Провести аналіз поліморфізму двох популяцій качок породи шаосінь за 9 мікросателітними локусами.
2. Визначити особливості генетичного поліморфізму для досліджених популяцій.
3. Виявити наявність приватних алелів у досліджуваних популяціях.

Матеріал та методи досліджень

Птицю досліджували на качиних фермах компанії Zhejiang Generation Biological Science and Technology Co., Ltd. та Zhuji Guowei Poultry Development Co., Ltd. за підтримки лабораторії Poultry Genetics Laboratory of the Zhejiang Academy of Sciences (Zhejiang Province, PRC).

Зразки венозної крові були відібрані від двох популяцій качок (по 240 проб з кожної популяції) породи шаосінь (птиця з ферми Zhejiang Generation Biological Science and Technology Co., Ltd. – популяція I, з

Zhuji Guowei Poultry Development Co, Ltd – популяція II) в пробірці, що містили ЕДТА, ємністю 3 мл.

Мікросателітний аналіз за 9 локусами здійснювали в лабораторії компанії Genery Biotechnology. Опис

нуклеотидних послідовностей використаних для аналізу мікросателітів праймерів наведено у таблиці 1.

Таблиця 1

Опис праймерів мікросателітних локусів

№	Праймер	Нуклеотидна послідовність праймера	Мотив
1	APL79	S1-F CATCCACTAGAACACAGACATT	(TTCC) ₁₈
		S1-R ACATCTTTGGCATTTTGA	
2	APL78	S2-F GAACACAACCTGCTTTGCTA	(GT) ₉ (AT) ₅
		S2-R AACCAAGACAGAATAATCCTTA	
3	APL77	S3-F GTATGACAGCAGACACGGTAA	(GT) ₁₀
		S3-R TCACTTGCTCTTCACTTTCTTT	
4	SMO11	S4-F CATCTTTGGCATTTTGAAG	(GGAA) ₁₃ (GGGA) ₁₅
		S4-R CTCCACTAGAACACAGACATT	
5	SMO7	S5-F GATTCAAATTTGCCGACAGGATTA	(GT) ₁₂
		S5-R TTTTCACCCAGTTCACTTCAGCC	
6	SMO10	S6-F CATTGTTTCATTGTTTCTTCTCA	(TG) ₃₁
		S6-R TCCTAGCGACAGCAATTCTAATG	
7	SMO11	S7-F GCAGTTGTTTTGGAGGACAGACA	(TG) ₁₂ GA(G) ₁₃ (AG) ₅
		S7-R AAATCAACCAAGAGGCATAGCC	
8	SMO12	S8-F TGTTCATCAAAAGCAGAGAGGGG	(TG) ₉ T ₁₁
		S8-R CCTGGTGGGATAGGTTTAAAAATG	
9	SMO13	S9-F GGGCTTGAGGCATACACTCCCTA	(TG) ₁₃ (AC) ₂ (TG) ₂
		S9-R ACCATCTTCCTTTCCTCCAACC	

Генетичний поліморфізм мікросателітних локусів у качок породи шаосінь визначали за допомогою показників, що розраховували за формулами:

N_a – загальна кількість алелей,
 N_e – ефективні алелі,

$$N_e = \frac{1}{1 - N_e}$$

За допомогою даної формули можна вирахувати оцінку кількості частоти алелей в ідеальній популяції. Дозволяє проводити коректне порівняння алельного різноманіття локусів з різними частотами розподілу алелей.

I – інформаційний індекс,

$$I = \sum p_i \ln p_i$$

Де \ln – натуральний логарифм і p_i - частота алелю i .

H_{obs} – спостережувана гетерозиготність,

$$H_o = \frac{N_o - Hets}{N}$$

Кількість гетерозигот визначається шляхом прямого підрахунку, де N – розмір вибірки.

H_e – очікувана гетерозиготність,

$$H_e = 1 - \sum p_i^2$$

Генетичне різноманіття в межах популяції розраховується як 1 мінус сума квадратів частот алелей p_i^2

H_{exp} – об’єктивна гетерозиготність,

$$uH_e = \frac{2n}{2n-1} (1 - \sum p_i^2)$$

де p_i – частота алелю i , а n – розмір вибірки.

PIC – зміст поліморфної інформації,

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - 2 \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n p_i^2 p_j^2$$

Де n число алелей, p_i частота алелю i , p_j частота алелю j .

F – Індекс фіксації.

$$F = \frac{H_e - H_o}{H_e}$$

Показники загального числа алелів (N_a), ефективних алелів (N_e), інформаційного індексу (I), спостережувана гетерозиготність (H_{obs}), очікувана гетерозиготність (H_{exp}), та індекс фіксації (F) були розраховані за використання програмного забезпечення програми Genalex 6.5 (Peakall and Smouse, 2012). Показник поліморфізму локусів (PIC) був розрахований за допомогою програми Cervus версії 3.0.7 (Kalinowski et al., 2007).

Результати та їх обговорення

У таблиці 2 наведені результати аналізу двох популяцій качок породи шаосінь за 9 мікросателітними локусами.

Серед 9 досліджених локусів у двох популяціях качок, мономорфним виявився лише один локус - SMO10. Кількість алелів (N_a) у поліморфних локусах коливалася від 2 (SMO12) до 13 (APL79, SMO11) в популяції I, і від 2 (APL78, SMO12) до 7 (APL79) в популяції II. У середньому на один локус у популяції I приходилось 5,889 (від 1 до 13) алелів, а у популяції II – 3,889 (від 1 до 7) алелів. Ефективне число алелів (N_e) було 1,735 (від 1,000 до 2,725) у популяції I та – 1,599 (від 1,000 до 2,483) у популяції II.

Таблиця 2

Показники генетичного поліморфізму двох популяцій качок породи шаосінь

Pop	Locus	N	Na	Ne	I	Hobs	Hexp	PIС	F
Pop1	APL79	240	13	2,032	1,212	0,408	0,509	0,486	0,196
Pop2		240	7	1,906	0,949	0,383	0,476	0,443	0,194
Pop1	APL78	240	4	1,083	0,201	0,079	0,077	0,076	-0,030
Pop2		240	2	1,004	0,015	0,004	0,004	0,004	-0,002
Pop1	APL77	240	4	2,725	1,111	0,563	0,634	0,560	0,111
Pop2		240	4	2,483	1,037	0,617	0,599	0,514	-0,032
Pop1	CMO11	240	13	2,102	1,259	0,438	0,525	0,503	0,165
Pop2		240	5	1,869	0,915	0,388	0,466	0,435	0,167
Pop1	SMO7	240	5	2,021	0,904	0,529	0,506	0,435	-0,048
Pop2		240	5	2,006	0,820	0,492	0,502	0,407	0,019
Pop1	SMO10	240	1	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Pop2		240	1	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Pop1	SMO11	240	8	2,456	1,220	0,558	0,594	0,546	0,058
Pop2		240	6	1,764	0,885	0,446	0,434	0,404	-0,030
Pop1	SMO12	240	2	1,096	0,186	0,067	0,088	0,084	0,238
Pop2		240	2	1,047	0,109	0,046	0,045	0,044	-0,023
Pop1	SMO13	240	3	1,102	0,223	0,038	0,092	0,090	0,594
Pop2		240	3	1,309	0,450	0,042	0,236	0,216	0,823

Примітка: Na – число алелів у локусі, Ne – ефективні алелі, I – інформаційний індекс, Hobs – фактична гетерозиготність, Hexp – очікувана гетерозиготність, F – індекс фіксації, PIС – індекс поліморфності локусу.

Інформаційний індекс (I) у середньому був 0,702 у популяції I та 0,576 у популяції II. Фактична гетерозиготність (Hobs) у популяції I була – 0,298 (від 0,038 до 0,563), а у популяції II цей показник становив 0,269 (від 0,004 до 0,617).

Очікувана гетерозиготність (Hexp) у популяції I була 0,336 (від 0,077 до 0,634), а у популяції II – 0,307 (від 0,004 до 0,599).

Індекс фіксації Райта (F) свідчить про незначний надлишок гетерозигот за локусами у популяції I (APL78, SMO7) та у популяції II (APL77, APL78, SMO11, SMO12). У середньому по популяції I Індекс фіксації Райта становив 0,161 (від 0,048 до 0,594), а у популяції II – 0,139 (від -0,032 до 0,823).

Відповідно до даних отриманих Yinhuа H. (2005) з досліджуваних 35 праймерів у пекінської качки, 28 локусів були поліморфними, а 7 мономорфними. У цілому спостерігали 117 алелів. Частоти цих алелів варіювали від 0,02 до 0,98. Поліморфізм інформаційного змісту (PIС) за 28 локусами варіював від 0,004 до 0,88 (0,42 в середньому) (Yinhuа et al., 2005).

Корінні породи качок мають важливе значення з точки зору генетичного різноманіття і потенційно цінних господарських ознак. Дослідження 24 мікросателітних локусів показав, що поліморфізм інформаційного змісту (PIС) становив 0,584. Всі маркери були поліморфні. Серед 24 мікросателітних локусів число алелів варіювало від 3 до 29 (9,38 середнє значення). Показники Hobs та Hexp становили 0,492 та 0,623, відповідно (Seo et al., 2016).

Дослідження 9 мікросателітних локусів у пекінської та мускусної порід качок показали, що 3 маркери були мономорфними і 6 поліморфними. Спостережуване число алелів у кожному локусі варіювало від 1 до 4. Число ефективних алелів коливалось від 1 до 3,78. Маркери SMO1 і SMO12 не були ампліфіковані ні в одній з досліджуваних популяцій. Маркери SMO7, SMO8 і SMO13 були мономорфними для обох популяцій. Показник загальної гетерозиготності для пекінської породи качок становив 0,53, а для мускусної 0,44 (Khan Ahmadi et al., 2007).

Дослідження 15 мікросателітних локусів у породи шаосінь у місті Чуцзі показало, що середнє число алелів становило 5,93, а у пекінської породи 5,73. Очікувана та спостережувана гетерозиготність була 0,5609 та 0,4691 відповідно. Поліморфізм інформаційного змісту (PIС) становив 0,5540 (Qu et al., 2009).

Відповідно до даних отриманих Li Hui-Fang у качок породи шаосінь знайшли 177 алелів. Всі досліджені мікросателітні локуси були поліморфні, середній PIС становив 0,634. Кількість алелів на локус коливалась від 3 (APH11, APH14 and APL82) до 10 (APL80, SMO11 та SMO12), а середнє число алелів на локус становило 6,1. Для кожного маркеру були досліджені спостережувана та очікувана гетерозиготність. Локус APH07 мав найнижчу очікувану гетерозиготність 0,144, а локус SMO12 показав найвищу – 0,867 (Hui-Fang et al., 2010).

Таблиця 3

Середні показники статистичної варіабельності популяцій качок породи шаосінь

Pop		N	Na	Ne	I	Hobs	Hexp	PIС	F
Pop1	Mean	240	5,889	1,735	0,702	0,298	0,336	0,308	0,161
	SE	0,000	1,495	0,223	0,178	0,082	0,087	0,081	0,068
Pop2	Mean	240	3,889	1,599	0,576	0,269	0,307	0,274	0,139
	SE	0,000	0,676	0,177	0,144	0,081	0,079	0,072	0,097
Total	Mean	240	4,889	1,667	0,639	0,283	0,322	0,291	0,150
	SE	0,000	0,832	0,139	0,112	0,056	0,057	0,053	0,057

Таблиця 4

Приватні алелі популяцій качок породи шаосінь

Локус	Алелі	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Популяція 1										
СМО11	9	220	224	260	264	268	272	276	280	284
APL79	8	219	223	258	262	265	273	277	281	
APL78	2	211	218							
СМО11	2	182	208							
СМО7	1	188								
СМО10	1	96								
Популяція 2										
APL79	2	243	261							
СМО11	1	244								
СМО7	1	180								
СМО10	1	94								

Відповідно до досліджень Тао Zheng-Rong (2016), 11 мікросателітних локусів були проаналізовані у 7 порід качок. У породи шаосінь в результаті аналізу було знайдено всього в середньому ефективних алелів 12,821, середня очікувана гетерозиготність становила 0,856, показник (PIC) був 0,845. Всі локуси були помірно або високополіморфними і виявилися придатними для оцінки генетичної різноманітності качок. Висока генетична різноманітність була виявлена у 7 популяціях, а їх PIC становив від 0,310 до 0,960. F-статистичний аналіз показав, що F усіх ділянок склав від 0,047 до 0,499, середній F становив 0,171, що свідчить про значну велику генетичну різницю між популяціями (Fisinin et al., 2017).

У результаті нашого дослідження для кожної популяції були виявлені приватні алелі. З 9 досліджених локусів, у популяції I було виявлено 6 приватних алелів, в той час, коли популяція II мала лише 4 локуси. Загалом у популяції I виявлено 23 приватних алелів а у популяції II – 5 (таблиця 4). Найбільша кількість приватних алелів була в локусі СМО11 (9), а найменша – 1 алель у локусі СМО7 та СМО10 в популяції I. Популяція II була бідніша на приватні алелі, так у локусі APL79 було 2 та по 1 у СМО11, СМО7, СМО10.

Висновки

Таким чином, в результаті проведеного аналізу генетичного поліморфізму двох популяцій підтвердився його високий рівень використаних нами мікросателітних локусів у качок породи шаосінь.

Показники фактичної гетерозиготності коливались від 0,225 до 0,825 у популяції I та від 0,367 до 0,804 у популяції II. У ході дослідження були виявлені приватні алелі для обох популяцій, що вказує на відокремленість цих популяцій і, як результат, можливість створення окремих ліній з метою їх подальшого використання для селекції.

Вдячності. This study was supported by the Ear-marked Fund for National Waterfowl-industry Technology Research System (CARS-42-06) and the Zhejiang Major Scientific and Technological Project of Agricultural (livestock’s) Breeding (grant number 2016C02054-12).

References

Ren, J., Du, X., Zeng, T., Chen, L., Shen, J., Lu, L., & Hu, J. (2017). Divergently expressed gene identification and interaction prediction of long noncoding RNA and mRNA involved in duck reproduction. *Animal Reproduction Science*. 185, 8–17. doi: 10.1016/j.anireprosci.2017.07.012.

- Huang, Y., Li, Y., Burt, D.W., Chen, H., Zhang, Y. et al. (2013). The duck genome and transcriptome provide insight into an avian influenza virus reservoir species. *Nature GeNetics*. 45(7), 776–783. doi: 10.1038/ng.2657.
- Purwantini, D., Yuwanta, T., Hartatik, T., & Ismoyowati (2013). Polymorphism of D-Loop Mitochondrial DNA Region and Phylogenetic in Five Indonesian Native Duck Population. *International Journal of Poultry Science*. 12(1), 55–63. doi: 10.3923/ijps.2013.55.63.
- Zhao, N.N., Lin, S., Wang, Z.Q., & Zhang, T.J. (2015). VLDLR gene polymorphism associated with abdominal fat in Gaoyou domestic duck breed. *J. Anim. Sci.* 60(4), 178–184. doi: 10.17221/8132-CJAS.
- Zeng, T., Chen, L., Du, X., Lai, S.J., Huang, S.P., Liu, Y.L., & Lu, L.Z. (2016). Association analysis between feed efficiency studies and expression of hypothalamic neuropeptide genes in laying ducks. *Stichting International Foundation for Animal Genetics*. 47(5), 606–609. doi: 10.1111/age.12457.
- Tunca, R.I., Taskin, A., & Buyuk, M. (2015). Genetic Analyses of Some Central Anatolian Domestic Duck Populations with Inter Simple Sequence Repeat (ISSR): A Preliminary Study. *Pakistan J. Zool.* 47(6), 1709–1714. [http://zsp.com.pk/pdf47/1709-1714%20\(27\)%20QPJZ-0205-2015%204-9-15%202_revised.pdf](http://zsp.com.pk/pdf47/1709-1714%20(27)%20QPJZ-0205-2015%204-9-15%202_revised.pdf).
- FAO (2015). FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. <http://faostat.fao.org/site/573/default.aspx#ancor>
- Seo, D., Bhuiyan, M.S.A., Sultana, H., Heo, J.M., & Lee, J.H. (2016). Genetic Diversity Analysis of South and East Asian Duck Populations Using Highly Polymorphic Microsatellite Markers. *Asian Australas. J. Anim. Sci.* 29(4), 471–478. doi: 10.5713/ajas.15.0915.
- Klenovickij, P.M., Volkova, L.A., Volkova, N.A., Larionova, P.V., Zinov'eva, N.A., & Nikishov, A.A. (2016). Citogeneticheskaia harakteristika muskusnoj utki (CAIRINA MOSCHATA L.). *Vestnik RUDN. Agronomija i zhivotnovodstvo*. 1, 52–60 (in Russian).
- Hlestkina, E.K. (2013). Molekuljarnye markery v geneticheskikh issledovanijah i v selekcii. *Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii*. 17(4/2), 1044–1054 (in Russian).
- Tao, Z.-R., Xu, X.-Q., Shen, J.-D., Li, L., Zeng, T., Du, X., Dong, S.-H., & Lu, L.-Z (2016). Analysis of Genetic Diversity and Relationship Among 6 Wild Duck breeds and Shaoxing Partridge Duck (*Anas platyrhynchos* domestic). *Journal of Agricultural Biotechnology*. 24(8), 1173–1180. doi: 10.3969/j.issn.1674-7968.2016.08.008.
- Fisinin, V.I., Selionov, M.I., Shinkarenko, L.A., Shherbakova, N.G., & Kononova, L.V. (2017). Issledovanie mikrosatellitnyh lokusov v porodah indeek rossijskoj selekcii. *Sel'skohozjajstvennaja biologija*. 52, 739–748. doi: 10.15389/agrobiology.2017.4.739rus (in Russian).
- Veeramani, P., Prabakaran, R., Sivaselvam, S.N., Sivakumar, T., Selvan, S.T., & Karthickeyan, S.M.K. (2016). Phylogenetic analysis of six duck populations. *Indian J. Anim. Res.* 50(4), 626–628. doi:10.18805/ijar.9301.
- Shaoxing Ducks (2012). *Zhuji: Zhuji Quality and Technique Supervision Bureau*. (National Standard of China). [S]: DB 33068/T 02.1.- P.40.
- 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. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460.
- Kalinowski, S.T., Taper, M.L., & Marshall, T.C. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*. 16, 1099–1106. doi: 10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x.
- Yinhua, H., Jianfeng, T., Xuebo, C., Bo, T., Xiaoxiang, H., Zhaoliang, L., Jidong, F., Yankun, L., Li, L., Ke, X., Yulong, Z., & Ning, L. (2005). Characterization of 35 novel microsatellite DNA markers from the duck (*Anas platyrhynchos*) genome and cross-amplification in other birds. *Genet. Sel. E.* 37, 455–472. doi: 10.1186/1297-9686-37-5-455.
- Khan Ahmadi, A., Rahimi, G., Vafaei, A., & Sayyazadeh, H. (2007). Microsatellite Analysis of Genetic Diversity in Pekin (*Anas platyrhynchos*) and Muscovy (*Cairina moschata*) Duck Populations. *International Journal of Poultry Science*. 6(5), 378–382. doi:10.3923/ijps.2007.378.382.
- Qu, L.J., Liu, W., Yang, F.X., Hou, Z.C., Zheng, J.X., Xu, G.Y. & Yang, N. (2009). Origin and domestication history of Peking ducks determined through microsatellite and mitochondrial marker analysis. *Sci China Ser C-Life Sci.- Nov.* 52(11), 1030–1035. doi: 10.1007/s11427-009-0145-x.
- Hui-Fang, L., Wei-Tao, S., Jing-Ting, S., Kuan-Wei, C., Wen-Qi, Z., Wei, H., & Wen-Juan, X. (2010). Genetic diversity and population structure of 10 Chinese indigenous egg-type duck breeds assessed by microsatellite polymorphism. *Journal of Genetics*. 89(1), 65–72. doi: 10.1007/s12041-010-0012-3.