

**РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ ЖИВОТНЫХ / BREEDING, SELECTION, GENETICS AND BIOTECHNOLOGY OF ANIMALS**

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2024.150.48>

**МТДНК В РАЗЛИЧНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ КУР**

Научная статья

**Ларкина Т.А.<sup>1,\*</sup>, Дементьева Н.В.<sup>2</sup>, Рябова А.Е.<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>ORCID : 0000-0003-4574-4639;

<sup>2</sup>ORCID : 0000-0003-0210-9344;

<sup>1,2,3</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального исследовательского центра животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Пушкин, Российская Федерация

\* Корреспондирующий автор (tanya.larkina2015[at]yandex.ru)

**Аннотация**

Домашняя курица (*Gallus gallus domesticus*) имеет самое большое географическое распространение среди одомашненных видов и долгий путь адаптации к условиям обитания. Изучение центров происхождения и генетического разнообразия, а также истории формирования пород домашних кур тесно связано с внедрением методов, основанных на применении филогенетических ДНК-маркеров. К числу наиболее популярных методов изучения одомашнивания сельскохозяйственных животных, в том числе кур, относится анализ полиморфизма митохондриальной ДНК (мтДНК). В соответствии с этим целью данного исследования стало изучение и систематизация накопленных данных о количестве материнских линий, участвовавших в формировании пород кур по всему миру, оценка их географического происхождения, а также выявление предполагаемых диких предковых форм. Полученные знания станут основой для последующих селекционных программ с целью развития отрасли отечественного птицеводства.

**Ключевые слова:** курица, митохондриальный геном, мтДНК, domestикация, локальные породы.

**MTDNA IN DIFFERENT POPULATIONS OF CHICKENS**

Research article

**Larkina T.A.<sup>1,\*</sup>, Dementeva N.V.<sup>2</sup>, Ryabova A.Y.<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>ORCID : 0000-0003-4574-4639;

<sup>2</sup>ORCID : 0000-0003-0210-9344;

<sup>1,2,3</sup>Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Pushkino, Russian Federation

\* Corresponding author (tanya.larkina2015[at]yandex.ru)

**Abstract**

The domestic chicken (*Gallus gallus domesticus*) has the largest geographical distribution among domesticated species and a long path of adaptation to habitat conditions. The study of centres of origin and genetic diversity, as well as the history of the formation of domestic chicken breeds, is closely related to the introduction of methods based on the use of phylogenetic DNA markers. Among the most popular methods for researching the domestication of farm animals, including chickens, is the analysis of mitochondrial DNA (mtDNA) polymorphism. Accordingly, the aim of this study was to examine and systematize the accumulated data on the number of maternal lines involved in the formation of chicken breeds worldwide, evaluate their geographical origin, and identify putative wild ancestral forms. The knowledge gained will form the basis for subsequent breeding programmes to develop the domestic poultry industry.

**Keywords:** chicken, mitochondrial genome, mtDNA, domestication, local breeds.

**Введение**

Домашняя курица – уникальный генетический ресурс для решения проблем продовольственной безопасности в мире, который легко адаптируется под изменения климатических условий. Процессы ее одомашнивания и расселения сопровождались давлением человека и естественного отбора, что повысило приспособляемость к окружающей среде. Современные молекулярно-генетические исследования выявляют данные на различные геномы кур по всему миру и помогают реконструировать их эволюционную историю [1]. К числу наиболее популярных методов изучения доместикикации кур относится анализ полиморфизма последовательностей митохондриальной ДНК (мтДНК), некодирующей контрольной области (D-петли), а также полных митохондриальных геномов. Использование подобных маркеров позволяет определять дикие предковые формы, послужившие основой для последующей селекции, а именно количество материнских линий, участвовавших в формировании породы [2]. МтДНК представлена в клетках большим числом копий и легко выделяется из биологических образцов. Гены мтДНК эволюционируют быстрее ядерных, при этом различные участки митохондриального генома изменяются с разной скоростью [3].

**Методы и принципы исследования**

Методологической основой исследований явились научные публикации о полиморфизме D-петли мтДНК представителей современного мирового генофонда кур. В процессе написания обзора использовались общие методы

научного познания: наблюдение, анализ, сравнение. Обобщение знаний о происхождении и истории формирования разнообразия особей расширяет наши представления об истории установления эволюционных связей между породами кур.

### Основные результаты

Desjardins et al. подробно исследовали мтДНК кур породы белый леггорн с помощью клонирования и секвенирования. Геном птицы состоящий из 16 775 пар оснований кодирует тот же набор генов (13 белков, 2 рРНК и 22 тРНК), организован очень похожим образом, что и другие мтДНК позвоночных. Но несмотря на эти высококонсервативные особенности, митохондриальный геном курицы обладает двумя отличительными характеристиками. Во-первых, он демонстрирует новый порядок генов: соседние гены тРНК(глутамат) и ND6 расположены рядом с генами тРНК(пролин), тРНК(треонин) и цитохрома b, которые граничат с областью D-петли. Этот порядок генов сохраняется только у кур. Во-вторых, в геноме курицы отсутствует начало репликации лёгкой цепи, эквивалентное консервативной последовательности, обнаруженной во всех митохондриальных геномах позвоночных, секвенированных на сегодняшний день. Эти исследования актуальны для изучения филогенетических связей на более высоком таксономическом уровне [4]. D-петля (D-loop, control region, CR) мтДНК курицы представляет собой некодирующую область длиной 1231/1232 п.о. Здесь располагаются сайт инициации репликации и гипервариабельный домен размером 591 п.о. Возникшие в гипервариабельном домене нейтральные мутации позволяют получать эволюционные схемы максимально коррелирующие со временем дивергенции [5]. Исследование вклада материнской генетической составляющей в формирование межпородного разнообразия кур широко используется в молекулярной генетике. Данные оригинальных исследований свидетельствуют о том, что многие современные породы кур созданы с использованием нескольких, иногда значительно отличающихся друг от друга, материнских форм, что находит свое подтверждение в разнообразии мтДНК [6]. Предками домашних кур считаются дикие курицы, обитающие в джунглях Индии, Индокитая и близлежащих островов. Это четыре вида рода *Gallus*, которые не встречаются нигде более на земле. *Gallus bankiva* – банкивская курица (*syn. G. gallus, G. ferruginetis*), или красная кустарниковая курица — «Red Jungle Fowl». *G. Stanley* (*syn. G. tafayetty*) обитает лишь на Цейлоне. *G. Sonnerati* распространен в Юго- Западной Индии, где известен под названием каркающего петуха из-за своего надломленного голоса. *G. varius* (*syn. G. furcatus*) живет на острове Ява и на близлежащих островах к нему [7].

### Обсуждение

Процесс одомашнивания кур происходил по принципу комменсализма, когда дикие птицы кормились в районах, близких к поселениям людей. Полногеномные исследования подтверждают одомашнивание в эпоху неолита ~8000 лет назад (интервал: 7014–8768). Основная причина одомашнивания остаётся неясной. Первобытные люди не только употребляли в пищу мясо и яйца кур, а также использовали их в развлекательных целях [8]. Родоналичниками домашних кур считаются дикие банкивские куры. Эксперименты по скрещиванию домашних кур с дикими показали, что в первую очередь *G. bankiva*, но также и три остальных вида этого рода могут давать с домашними курами гибридное потомство. Поэтому нельзя исключать варианты участия также и других видов *Gallus* в формировании исходных групп одомашненных кур [9]. Начиная с 2000-х годов маркеры на основе мтДНК активно используются для изучения генетического разнообразия и истории происхождения современных пород кур. Особенно интенсивно исследуются популяции кур Юго-Восточной Азии, где располагались центры первоначального одомашнивания [10]. В настоящее время изучено генетическое разнообразие кур по всему миру на основе анализа полиморфизма гипервариабельной области D-петли мтДНК. Все существующие гаплотипы мтДНК кур согласно их генетическому сходству были объединены в 13 основных гаплогрупп. Около 5000 секвенированных последовательностей D-петли в базе данных GenBank представляют ценный ресурс для детального изучения происхождения популяций кур из различных регионов мира [11]. Группа Kanginakudru et al. проанализировали распространение гаплогрупп в мировом сообществе, и выяснили, что E была наиболее распространённой, доминирующей в Европе, на Ближнем Востоке и в Индии. Для других гаплогрупп наблюдалось региональное распространение. A и B были в основном распространены в Южном Китае и Японии; C была обнаружена в основном у кур из Японии и Юго-Восточного Китая; F и G были обнаружены только в северной части Юго-Восточного Китая (провинция Юньнань). D может быть связана с распространением бойцовых кур, используемых для петушиных боев, была наиболее частой у красных джунглевых птиц. H была обнаружена только у красных джунглевых птиц, а I в основном присутствовала во Вьетнаме [12]. Закономерности распространения и признаки экспансии подтвердили теорию множественного происхождения одомашнивания в Южной и Юго-Восточной Азии. Дополнительные данные подтвердили, что доместикация происходила независимо в разных регионах Азии, включая Индию [13]. Исследование Sessobelli et al. выявило, что три породы кур Ancona, Livornese, Valdanese Bianca по географии их распространения и близости к породе леггорн должны иметь сходное происхождение и сходные генофонды, но они значительно различались по набору гаплотипов мтДНК. Только представители породы Ancona обладали единственным гаплотипом в гаплогруппе E. У пород Livornese и Valdanese Bianca число гаплотипов варьировало от трех до пяти, и они относились к трем разным гаплогруппам. Таким образом, у всех итальянских пород 90% кур носители гаплогруппы оказалась E, а частота особей с гаплогруппами A и B составила от 4-6% [14]. У локальных пород кур Венгрии [15] и Испании [16] доминирующей гаплогруппой также была гаплогруппа E, хотя во всех изученных породах присутствовали гаплотипы, относящиеся и к другим гаплогруппам. Многими годами ранее Akishinomiya et al. на основе результатов по анализу полигипервариабельного фрагмента размером 400 п.о. D-петли мтДНК пришли к выводу, что все домашние породы кур произошли в Таиланде от одного подвида [17]. Однако, в последующем их исследовании [18] изучался нуклеотидный полиморфизм всей D-петли и авторы указали совершенно другие данные и подтверждение, что не все подвиды вида *Gallus gallus* были ими изучены. В некоторых регионах все еще может происходить обмен генами между дикими джунглевыми и локальными курами [19]. У пород кур Японии, Китая и Вьетнама при анализе полиморфизма

контрольного региона D-петли мтДНК [20], [11], [21] число гаплотипов на породу варьировало от 1 до 25, у многих пород было найдено более двух гаплогрупп [20]. По данным результатам Prum et al. предпринял попытки установления эволюционных связей между породами изучаемых кур [22]. В самом обширном на сегодняшний день исследовании Malomane et al. сравнивалось разнообразие 3235 особей из 162 популяций кур Африки, Южной Америки, Азии и Европы и 12 коммерческих чистопородных линий бройлеров, а также двух популяций красной джунглевой птицы (*G. g. gallus* и *G. g. spadiceus*) с использованием SNP-сканирования, включающего 580К. Результаты показали, что более 50% генетического разнообразия предков кур было утрачено в коммерческих линиях по сравнению с дикими курами и локальными породами. Все эти данные доказывают, что процесс искусственного отбора приводит к значительной потере генетического разнообразия кур [23].

### Заключение

Птицеводство является эффективной отраслью животноводства, а домашняя курица (*Gallus gallus*) – самым популярным видом сельскохозяйственных животных. В процессе длительного одомашнивания птицы были выведены породы, значительно различающиеся как на морфологическом, так и на генетическом уровне по живой массе, экстерьеру и интерьеру. Породы кур имеют сложное происхождение, включая геномы многих пород. Все эти обстоятельства должны учитываться при проведении исследований и анализе результатов по мтДНК, чтоб полнее оценить внутривидовой полиморфизм пород и более четко ответить на вопрос об их происхождении. Это даст возможность получить дополнительные сведения о генетическом разнообразии пород кур по всему миру, а также в фундаментальном плане понять, насколько изучаемый полиморфизм мтДНК и техника его определения позволяют оценивать эволюционные связи между породами и их дикими предками.

### Финансирование

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ по теме № 124020200114-7.

### Конфликт интересов

Не указан.

### Рецензия

Все статьи проходят рецензирование. Но рецензент или автор статьи предпочли не публиковать рецензию к этой статье в открытом доступе. Рецензия может быть предоставлена компетентным органам по запросу.

### Funding

The work was carried out with the financial support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation on the topic No. 124020200114-7.

### Conflict of Interest

None declared.

### Review

All articles are peer-reviewed. But the reviewer or the author of the article chose not to publish a review of this article in the public domain. The review can be provided to the competent authorities upon request.

### Список литературы / References

1. Lawal R.A. Domestic chicken diversity: Origin, distribution, and adaptation / R.A. Lawal, O. Hanotte // *Anim Genet.* — 2021. — № 52 (4). — P. 385–394 — DOI: 10.1111/age.13091.
2. Демин А.Г. Анализ полиморфизма D-петли митохондриальной ДНК для оценки популяционного разнообразия кур породы павловская / А.Г. Демин, М.И. Данилова, С.А. Галкина // *Экологическая генетика.* — 2015. — № 4. — С. 68–75.
3. Lynch M. The origins of genome architecture / M. Lynch — Sunderland, MA : Sinauer Associates, Inc. Publishers, 2007. — 389 p.
4. Desjardins P. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome. A novel gene order in higher vertebrates / P. Desjardins, R. Morais // *J Mol Biol.* — 1990. — № 212(4). — P. 599–634. — DOI: 10.1016/0022-2836(90)90225-B.
5. Hoque M.R. Phylogenetic analysis of a privately-owned Korean native chicken populations using mtDNA D-loop variations / M.R. Hoque, N.R. Choi, H. Sultana [et al.] // *Asian-Australas J Anim Sci.* — 2013. — № 26 (2). — P. 157–162. — DOI: 10.5713/ajas.2012.12459.
6. Akishinomiya F. One subspecies of the red jungle fowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds / F. Akishinomiya, M. Tetsuo, S. Shin-ichiro // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* — 1994. — № 91. — P. 12505–12509.
7. Макарова А.В. Использование генофондных пород кур для создания аутосексных популяций и продуктивных гибридов. : дис. ... канд. : 06.02.07 : защищена 2020-01-21 : утв. 2020-07-07 / А.В. Макарова. — Подольск: 2020.— 135 с.
8. Barton L. The earliest farmers of Northwest China exploited grain-fed pheasants not chickens / L. Barton, B. Bingham, K. Sankaranarayanan // *Scientific Reports.* — 2020. — № 10. — P. 2556–2570.
9. Коган З.М. Признаки экстерьера и интерьера у кур / З.М. Коган. — Новосибирск : Наука, 1979. — 295 с.
10. Fumihito A. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls / A. Fumihito, T. Miyake, M. Takada // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* — 1996. — № 93 (13). — P. 6792–6795.
11. Miao Y.W. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles / Y.W. Miao, M.S. Peng, G.S. Wu [et al.] // *Mol. Phylogenet. Evol.* — 2006. — № 38. — P. 12–19.
12. Kanginakudru S. Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken / S. Kanginakudru, M. Metta, R.D. Jakati [et al.] // *BMC Evol. Biol.* — 2008. — № 8. — P. 174. — DOI: 10.1186/1471-2148-8-174.

13. Berthouly-Salazar C. Michaux Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity / C. Berthouly-Salazar, X. Rognon, T. Nhu Van [et al.] // *BMC Genet.* — 2010. — № 11. — P. 53. — DOI: 10.1186/1471-2156-11-53.
14. Ceccobelli S. Phylogeny, genetic relationships and population structure of five Italian local chicken breeds / S. Ceccobelli, P. Di Lorenzo, H. Lancioni // *Ital. J. Animal Sci.* — 2013. — № 12 (3). — P. 410–417. — DOI: 10.4081/ijas.2013.e66.
15. Revay T. Origin of Hungarian indigenous chicken breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop sequences / T. Revay, N. Bodzsar, V.E. Mobegi [et al.] // *Anim Genet.* — 2010. — № 41 (5). — P. 548–550. — DOI: 10.1111/j.1365-2052.2010.02041.x.
16. Grimal A. Posible origen materno común de dos poblaciones de gallinas: resultados preliminares del análisis del ADN mitochondrial / A. Grimal, M.P. Viudes de Castro, E.A. Gómez // *Proc. 14th Nat. Congr. AIDA on Animal Production.* — 2011. — № 14. — P. 482–484.
17. Akishinomiya F. One subspecies of the red jungle fowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds / F. Akishinomiya, M. Tetsuo, S. Shin-ichiro // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* — 1994. — № 91. — P. 12505–12509.
18. Akishinomiya F. Mono phyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowl / F. Akishinomiya, M. Tetsuo, T. Masaru // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* — 1996. — № 93. — P. 6792–6795.
19. Berthouly C. Genetic analysis of local Vietnamese chickens provides evidence of gene flow from wild to domestic populations / C. Berthouly, G. Leroy, T.N. Van [et al.] // *BMC Genet.* — 2009. — № 10 (1). — DOI: 10.1186/1471-2156-10-1.
20. Liu Y.P. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles / Y.P. Liu, G.S. Wu, Y.G. Yao // *Mol. Phylogenet. Evol.* — 2006. — № 38 (1). — P. 12–19. — DOI: 10.1016/j.ympev.2005.09.014.
21. Berthouly Salazar C. Viet nameese chickens: a gate towards Asian genetic diversity / C. Berthouly Salazar, X. Rognon, T.N. Van // *BMC Genetics.* — 2010. — № 11. — P. 11–53. — DOI: 10.1186/1471-2156-11-53.
22. Pramual P. Genetic diversity of the Thai Native chicken inferred from mitochondrial DNA sequences / P. Pramual, K. Meeyen, K. Wongpakam [et al.] // *Tropical Natural History.* — 2013. — № 13 (2). — P. 97–106.
23. Malomane D.K. The SYNBREED chicken diversity panel: a global resource to assess chicken diversity at high genomic resolution / D.K. Malomane, H. Simianer, A. Weigend [et al.] // *BMC Genomics.* — 2019. — № 20 (1). — P. 345. — DOI: 10.1186/s12864-019-5727-9.

#### Список литературы на английском языке / References in English

1. Lawal R.A. Domestic chicken diversity: Origin, distribution, and adaptation / R.A. Lawal, O. Hanotte // *Anim Genet.* — 2021. — № 52 (4). — P. 385–394 — DOI: 10.1111/age.13091.
2. Demin A.G. Analiz polimorfizma D-petli mitochondrial'noj DNK dlja otsenki populjatsionnogo raznoobrazija kur porody pavlovskaja [Mitochondrial DNA D-loop polymorphism analysis for estimation of diversity in chicken flocks of Pavlov breed] / A.G. Demin, M.I. Danilova, S.A. Galkina // *Ecological Genetics.* — 2015. — № 4. — P. 68–75. [in Russian]
3. Lynch M. The origins of genome architecture / M. Lynch — Sunderland, MA : Sinauer Associates, Inc. Publishers, 2007. — 389 p.
4. Desjardins P. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome. A novel gene order in higher vertebrates / P. Desjardins, R. Morais // *J Mol Biol.* — 1990. — № 212(4). — P. 599–634. — DOI: 10.1016/0022-2836(90)90225-B.
5. Hoque M.R. Phylogenetic analysis of a privately-owned Korean native chicken populations using mtDNA D-loop variations / M.R. Hoque, N.R. Choi, H. Sultana [et al.] // *Asian-Australas J Anim Sci.* — 2013. — № 26 (2). — P. 157–162. — DOI: 10.5713/ajas.2012.12459.
6. Akishinomiya F. One subspecies of the red jungle fowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds / F. Akishinomiya, M. Tetsuo, S. Shin-ichiro // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* — 1994. — № 91. — P. 12505–12509.
7. Makarova A.V. Ispol'zovanie genofondnyh porod kur dlja sozdaniya avtoseksnyh populjatsij i produktivnyh gibridov. [Using gene pool breeds of chickens to create autosex populations and productive hybrids] : dis...of PhD in Agriculture : 06.02.07 : defense of the thesis 2020-01-21 : approved 2020-07-07 / A.V. Makarova — Podol'sk, 2020. — 135 p. [in Russian]
8. Barton L. The earliest farmers of Northwest China exploited grain-fed pheasants not chickens / L. Barton, B. Bingham, K. Sankaranarayanan // *Scientific Reports.* — 2020. — № 10. — P. 2556–2570.
9. Kogan Z.M. Priznaki ekster'era i inter'era u kur [Signs of exterior and interior in chickens] / Z.M. Kogan — Novosibirsk : Nauka, 1979. — 295 p. [in Russian]
10. Fumihito A. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls / A. Fumihito, T. Miyake, M. Takada // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* — 1996. — № 93 (13). — P. 6792–6795.
11. Miao Y.W. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles / Y.W. Miao, M.S. Peng, G.S. Wu [et al.] // *Mol. Phylogenet. Evol.* — 2006. — № 38. — P. 12–19.
12. Kanginakudru S. Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken / S. Kanginakudru, M. Metta, R.D. Jakati [et al.] // *BMC Evol. Biol.* — 2008. — № 8. — P. 174. — DOI: 10.1186/1471-2148-8-174.
13. Berthouly-Salazar C. Michaux Vietnamese chickens: a gate towards Asian genetic diversity / C. Berthouly-Salazar, X. Rognon, T. Nhu Van [et al.] // *BMC Genet.* — 2010. — № 11. — P. 53. — DOI: 10.1186/1471-2156-11-53.
14. Ceccobelli S. Phylogeny, genetic relationships and population structure of five Italian local chicken breeds / S. Ceccobelli, P. Di Lorenzo, H. Lancioni // *Ital. J. Animal Sci.* — 2013. — № 12 (3). — P. 410–417. — DOI: 10.4081/ijas.2013.e66.

15. Revay T. Origin of Hungarian indigenous chicken breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop sequences / T. Revay, N. Bodzsar, V.E. Mobegi [et al.] // *Anim Genet.* — 2010. — № 41 (5). — P. 548–550. — DOI: 10.1111/j.1365-2052.2010.02041.x.
16. Grimal A. Posible origen materno común de dos poblaciones de gallinas: resultados preliminares del análisis del ADN mitochondrial / A. Grimal, M.P. Viudes de Castro, E.A. Gómez // *Proc. 14th Nat. Congr. AIDA on Animal Production.* — 2011. — № 14. — P. 482–484.
17. Akishinomiya F. One subspecies of the red jungle fowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds / F. Akishinomiya, M. Tetsuo, S. Shin-ichiro // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* — 1994. — № 91. — P. 12505–12509.
18. Akishinomiya F. Mono phyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowl / F. Akishinomiya, M. Tetsuo, T. Masaru // *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* — 1996. — № 93. — P. 6792–6795.
19. Berthouly C. Genetic analysis of local Vietnamese chickens provides evidence of gene flow from wild to domestic populations / C. Berthouly, G. Leroy, T.N. Van [et al.] // *BMC Genet.* — 2009. — № 10 (1). — DOI: 10.1186/1471-2156-10-1.
20. Liu Y.P. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles / Y.P. Liu, G.S. Wu, Y.G. Yao // *Mol. Phylogenet. Evol.* — 2006. — № 38 (1). — P. 12–19. — DOI: 10.1016/j.ympev.2005.09.014.
21. Berthouly Salazar C. Viet nameese chickens: a gate towards Asian genetic diversity / C. Berthouly Salazar, X. Rognon, T.N. Van // *BMC Genetics.* — 2010. — № 11. — P. 11–53. — DOI: 10.1186/1471-2156-11-53.
22. Pramual P. Genetic diversity of the Thai Native chicken inferred from mitochondrial DNA sequences / P. Pramual, K. Meeyen, K. Wongpakam [et al.] // *Tropical Natural History.* — 2013. — № 13 (2). — P. 97–106.
23. Malomane D.K. The SYNBREED chicken diversity panel: a global resource to assess chicken diversity at high genomic resolution / D.K. Malomane, H. Simianer, A. Weigend [et al.] // *BMC Genomics.* — 2019. — № 20 (1). — P. 345. — DOI: 10.1186/s12864-019-5727-9.