

УДК 575.113:636.92

ГЕНОМНА ТА BLUP ОЦІНКА КРОЛІВ НОВОЗЕЛАНДСЬКОЇ БІЛОЇ ПОРОДИ В РОЗРІЗІ ЛІНІЙНОЇ НАЛЕЖНОСТІ

Є. А. Шевченко, К. В. Копилов
shevchenko.e.a.ser@gmail.com

Інститут розведення і генетики тварин НААН, вул. Погребняка 1,
с. Чубинське, Україна

У статті наведено результати досліджень міжлінійної диференціації кролів новозеландської білої породи за поліморфізмами C34T гену міостатину та G2464A гену прогестеронового рецептора. Найбільшу частоту алеля C за геном міостатину мали нащадки самця Імператора (0,551). Частота алеля T у цій вибірці тварин становила 0,449. Для кролів лінії Білаша було відмічено вищі значення алеля G за геном прогестеронового рецептора (0,488) за рахунок переваги гомозиготних тварин. Встановлений розподіл ефективного числа алелей кролів (N_e) за поліморфними варіантами гену міостатину і прогестеронового рецептора. Визначені показники генного різноманіття, проаналізована матриця генетичних дистанцій та індексів спорідненості в розрізі лінійної належності досліджених тварин. Запропонована методологія проведення відбору кролів різних ліній за поліморфними варіантами гену міостатину та значеннями індексу племінної цінності згідно з алгоритмами найкращого незміщеного лінійного прогнозу. За результатами BLUP-оцінки за якістю нащадків кролів різних генотипів новозеландської білої породи встановлено, що найвищі значення індексу мали самці лінії Назара (+0,199), Байкала (+0,357) та Каспера (+0,046). Їм відповідали значення відносної племінної цінності: 101,0 % 100,0 % та 100,5% відповідно. Аналіз BLUP-оцінки племінної цінності кролів новозеландської білої породи за репродуктивними ознаками (дочок) показав, що найвищий індекс BLUP мав самець Назар (+0,140), а найнижчий — Цезар (-0,035). На основі проведених досліджень запропоноване інтегральне використання геномної та BLUP-оцінки кролів, яке є підґрунтям для виявлення генетичного потенціалу тварин та прогнозу продуктивних якостей нащадків.

Ключові слова: КРОЛІ, ГЕНИ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК, МІОСТАТИН, ПРОГЕСТЕРОНОВИЙ РЕЦЕПТОР, ЛІНІЙНА НАЛЕЖНІСТЬ, BLUP-ОЦІНКА, ПЛЕМІННА ЦІННІСТЬ

GENOMIC AND BLUP EVALUATION OF NEW ZELAND WHITE BREED RABBITS BY LINEAR ACCESSORIES

E. A. Shevchenko, K. V. Kopylov
shevchenko.e.a.ser@gmail.com

Institute of animal breeding and genetics NAAS, Pogrebnyaka 1 st., v. Chybinske, Ukraine

In article showed results of studies differentiation interline New Zealand White breed rabbits by C34T myostatin gene and G2464A progesterone receptor gene polymorphism. The highest frequency of allele C by myostatin gene had the offspring from male Emperor (0.551). The frequency of allele T in this sample was 0.449 respectively. For rabbits lines Bilash was observed higher values G allele of the progesterone receptor gene (0.488) due to the benefits of homozygous animals. Established distribution of the effective number of rabbits alleles (N_e) by polymorphic variants of the myostatin gene and progesterone receptor gene. Identify indicators of genetic diversity, analyzed genetic distance matrix and indices of relationship in the context of linear accessory studied animals. Proposed methodology for selection of different lines rabbits by polymorphic variants of the myostatin gene and breeding values according to the

algorithms of the best unbiased linear prediction. According to the BLUP-evaluation of the New Zealand White breed rabbits of different genotypes progeny established that high index values were males of the line Nazar (+0.199), Baikal (+0.357) and Casper (+0.046). They answered the relative breeding value: 101.0 % 100.0 % and 100.5%, respectively. BLUP-analysis assessing the breeding value of the New Zealand White rabbits breed by reproductive traits daughters showed that a high index of BLUP had male Nazar (0.140) and lowest — Caesar (-0.035). Based on these studies suggested using of integral genomic and BLUP evaluation of rabbits, which is the basis for identifying the genetic potential of animals and forecast productive qualities offspring.

Keywords: RABBITS, QUANTITATIVE TRAIT LOCI, MYOSTATIN, PROGESTERONE RECEPTOR, LINEAR AFFILIATION, BLUP EVALUATION, BREEDING VALUE

ГЕНОМНАЯ И BLUP ОЦЕНКА КРОЛЕЙ НОВОЗЕЛАНДСКОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ В РАЗРЕЗЕ ЛИНЕЙНОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ

Е. А. Шевченко, К. В. Копылов
shevchenko.e.a.ser@gmail.com

Институт разведения и генетики животных НААН, ул. Погребняка, 1,
с. Чубинское, Украина

В статье приведены результаты исследований межлинейной дифференциации кролей новозеландской белой породы за полиморфизмом С34Т гена миостатина и G2464A гена прогестеронового рецептора. Наибольшую частоту аллеля С за геном миостатина имели потомки самца Императора (0,551). Частота аллеля Т в этой выборке животных составила 0,449. Для кроликов линии Билаша было отмечено большее значение аллеля G за геном прогестеронового рецептора (0,488) за счет преимущества гомозиготных животных. Установлено распределение эффективного числа аллелей кроликов (N_e) за полиморфными вариантами гена миостатина и прогестеронового рецептора. Определены показатели генного разнообразия, проанализирована матрица генетических дистанций и индексов родства в разрезе линейной принадлежности исследованных животных. Предложена методология проведения отбора кроликов различных линий за полиморфными вариантами гена миостатина и значениями индекса племенной ценности согласно алгоритмов наилучшего несмещенного линейного прогноза. Согласно результатам BLUP-оценки кроликов новозеландской белой породы разных генотипов по качеству потомства установлено, что высокие значения индекса имели самцы линии Назара (+0,199), Байкала (+0,357) и Каспера (+0,046). Им отвечали значения относительной племенной ценности: 101,0 % 100,0 % и 100,5 % соответственно. Анализ BLUP-оценки племенной ценности кроликов новозеландской белой породы по репродуктивным признакам дочерей показал, что наивысший индекс BLUP имел самец Назар (+0,140), а самый низкий — Цезарь (-0,035). На основе проведенных исследований предложено интегральное использование геномной и BLUP-оценки кроликов, которое является основой для выявления генетического потенциала животных и прогноза продуктивных качеств потомства.

Ключевые слова: КРОЛИКИ, ГЕНЫ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ, МИОСТАТИН, ПРОГЕСТЕРОНОВЫЙ РЕЦЕПТОР, ЛИНЕЙНАЯ ПРИНАДЛЕЖНОСТЬ, BLUP-ОЦЕНКА, ПЛЕМЕННАЯ ЦЕННОСТЬ

Кролівництво — одна із перспективних галузей тваринництва, яка є привабливою для проведення селекційно-генетичних робіт через швидкий цикл відтворення нащадків [1–4]. Підвищення ефективності селекційної роботи у

кролівництві значною мірою пов'язане з інтегральною оцінкою генотипу і вагому роль при цьому відіграють ДНК-маркери [5–7].

Використання молекулярно-генетичних маркерів у цій галузі тваринництва актуальне в декількох

аспектах. ДНК-типуння дає можливість дослідити генетичну гетерогенність популяцій, встановити популяційні відмінності, розрахувати генетичні відстані, оцінити генетичну спорідненість і генетичне змішування популяцій кролів різних порід [8, 9]. Ще одним важливим аспектом є можливість поглиблення генетичної оцінки племінного матеріалу з врахуванням генетичних механізмів, які обумовлюють відмінності тварин за ознаками продуктивності, а саме локусів кількісних ознак [10–14]. Це досягається аналізом генотипу плідників шляхом визначення альтернативних маркерів з метою накопичення в породах спадкового матеріалу, який визначає формування тварин бажаного типу.

Невід'ємним елементом управління процесом удосконалення стад кролів як за племінними, так і продуктивними якостями є створення і підтримка високого генетичного потенціалу в ряді генеалогічних структур [15]. Такий підхід забезпечує можливість проведення відбору тварин з врахуванням їх генотипу за ДНК-маркерами при збереженні заданої лінійної структури стада [7].

Поряд з геномною оцінкою, досить точно оцінити племінну цінність тварин з урахуванням родинних зв'язків між ними, відмінностей умов утримання, генетичних груп, рівнів вирощування та інших показників дає можливість методологія найкращого лінійного незміщеного прогнозу (BLUP — Best Linear Unbiased Prediction) [16–19]. Цей метод з кінця 1990-х років стали застосовувати при розведенні кролів за кордоном [20, 21]. На сьогодні метод BLUP у світовому кролівництві в основному використовується у напрямку підвищення м'ясної продуктивності, відтворної здатності та резистентності [22]. Останнім часом у BLUP-оцінку кролів включають ефекти окремих генів, які пов'язані з фенотиповими ознаками [19, 23]. BLUP-модель при цьому включає у себе такі параметри: сумарний показник фіксованих ефектів, крім ефекту генотипу по локусу, фіксований ефект генотипу,

випадковий адитивний генетичний ефект полігенних локусів.

У зв'язку з тим, що досі в Україні не проводились молекулярні дослідження у напрямі генетики кролів, метою нашої роботи став аналіз зв'язку генотипу кролів новозеландської білої породи за поліморфними варіантами гену міостатину та прогестеронового рецептора з проявом господарсько корисних ознак. Визначення племінної цінності кролів з використанням BLUP-методу дозволить підвищити ефективність відбору племінного матеріалу та точність генетичної оцінки кролів з врахуванням паратипових факторів.

Матеріали і методи

Дослідження проводили на базі кролеферми СГ ПП «Марчук Н. В.» (с. Ташлик, Смілянський р-н, Черкаська обл.), лабораторії відділу генетики Інституту розведення і генетики тварин НААН.

Для годівлі кролів у господарстві круглий рік використовували гранульований комбікорм, який містив у собі: концентровані корми, трав'яне борошно, кормові добавки тваринного походження, мінеральні речовини та премікси. У приміщенні кролеферми підтримувались оптимальні параметри мікроклімату (стала температура, відносна вологість, швидкість руху повітря). Освітлення було штучним з тривалістю 16 годин. Кролі вчасно вакцинувались проти захворювань: міксоматозу, вірусної геморагічної хвороби кролів, пастерельозу та кокцидіозу.

Кров у кролів новозеландської білої породи для проведення досліджень (n=160) брали з вушної вени одноразовим шприцем або вакуумною системою типу Vacutainer з етилендіамінтетраоцтовою кислотою або цитратом натрію. Виділення ДНК із крові проводили з використанням стандартного комерційного набору «ДНК-сорб В» згідно з рекомендаціями виробника. Ампліфікацію гену міостатину та прогестеронового рецептора з подальшою рестрикцією

кролів новозеландської білої породи проводили з використанням праймерів, рестриктаз, зазначених у роботах Fontanessi, 2008 та Argente, 2010 [24, 25]. Електрофоретичне розділення рестриктних фрагментів ДНК проводили в 2 % агарозному гелі у тріс-боратному електрофорезному буфері. Візуалізацію отриманих результатів проводили на транслюмінаторі в ультрафіолетовому світлі при довжині хвилі 300 нм після забарвлення гелю етидієм бромідом.

В основі структури BLUP-оцінки самців кролів використовували рівняння змішаної моделі [16–18]:

$$y = Xv + Zu + e, \quad (1)$$

де: y — вектор спостережень розмірності N ; v — вектор спостерігаємих фіксованих ефектів розмірності p ; u — вектор спостерігаємих рандомізованих ефектів розмірності q ; e — вектор спостерігаємих випадкових ефектів

розмірності N ; X — матриця коефіцієнтів фіксованих ефектів; Z — матриця коефіцієнтів рандомізованих ефектів.

Статистична обробка даних була проведена за допомогою програми Statistica v. 10, GenStat v. 11 та BLUPF90. Для розрахунку популяційно-генетичних параметрів використовувалась комп'ютерна програма Popgene v. 1.32.

Результати й обговорення

У роботі був проведений порівняльний аналіз різних генеалогічних ліній кролів новозеландської білої породи за розподілом частот алелів і генотипів згідно з даними поліморфізму С34Т гену міостатину (MSTN) та G2464 гена прогестеронового рецептора (PGR). Результати аналізу розподілу алелей ДНК-маркерів MSTN і PGR у кролів семи генеалогічних ліній новозеландської білої породи представлені у таблиці 1.

Таблиця 1

Розподіл частот алелей по відношенню до поліморфних варіантів гену MSTN і PGR у кролів різних генеалогічних ліній новозеландської білої породи

Ген	Алель	Лінія						
		Назара	Білаша	Вайта	Графа	Імператора	Каспера	Цезара
MSTN	С	0,434	0,478	0,531	0,481	0,551	0,510	0,450
	Т	0,566	0,522	0,469	0,519	0,449	0,490	0,550
PGR	G	0,450	0,488	0,436	0,471	0,420	0,450	0,445
	A	0,550	0,512	0,564	0,529	0,580	0,550	0,555
Кількість тварин		21	25	15	19	18	16	17

Встановлено, що найвищі значення частоти алеля С гена MSTN мали кролі лінії Імператора, Каспера та Вайта (на 10,9 %, 3,7 % та 7,5 % вищі відносно до середнього значення). Мінімальні значення були відмічені у кролів лінії Графа (на 2 % нижчі відносно до середнього значення). Серед кролів лінії Назара найбільше зустрічався алель Т (на 10,1 % вищий відносно до середнього значення), а найменше — у тварин лінії Імператора (на 13,4 % нижчий відносно до середнього значення). За геном PGR, найвище

значення частоти алеля G мали кролі лінії Білаша (на 7,6 % відносно до середнього значення), а найнижче — лінії Імператора (на 7,3 % відносно до середнього значення). За розподілом алеля А спостерігалась протилежна ситуація: найвище його значення мали тварини лінії Імператора (на 5,7 % відносно до середнього значення), а найнижче — Білаша (на 13,3 % порівняно з середнім значенням). Результати аналізу ефективного числа алелей (N_e) за геном MSTN і PGR кролів новозеландської білої породи різних ліній показані на рисунку 1.

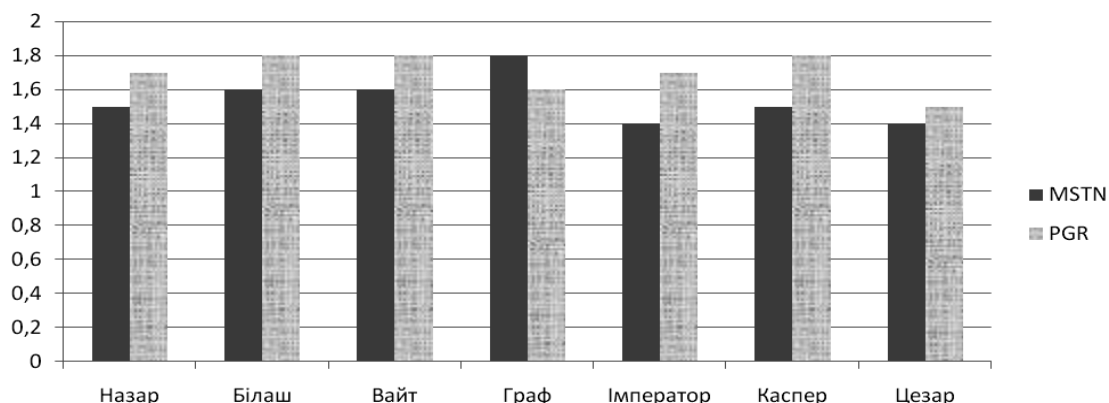


Рис. 1. Розподіл ефективного числа алелей (N_e) у кролів новозеландської білої породи різних генеалогічних ліній за поліморфними варіантами гену міостатину і прогестеронового рецептора

Слід зауважити, що найвищим значенням ефективного числа алелей за геном міостатину характеризувались кролі лінії Графа, а найнижчим — лінії Цезара. За геном прогестеронового рецептора найвищі значення N_e мали кролі лінії Білаша, Вайта і Каспера, а найнижчі — Цезара.

Згідно з даними частот алелей та генотипів кролів різних ліній

новозеландської білої породи була отримана інформація про їх популяційно-генетичну структуру за показниками гетерозиготності та індексу фіксації Райта (табл. 2).

Встановлено, що значення коефіцієнту інбридингу кролів різних ліній F_{IS} за двома генами був від'ємним внаслідок надлишку гетерозигот у цих групах тварин.

Таблиця 2

Показники генного різноманіття кролів різних ліній новозеландської білої породи за поліморфізмами С34Т гену MSTN і G2464А гену PGR

Ген	Показник	Лінія						
		Назара	Білаша	Вайта	Графа	Імператора	Каспера	Цезара
MSTN	N_e	0,476	0,461	0,480	0,465	0,511	0,481	0,474
	N_e	0,500	0,474	0,477	0,471	0,482	0,510	0,480
	F_{IS}	-0,05	-0,03	0,01	-0,01	0,06	-0,06	-0,01
PGR	N_e	0,499	0,494	0,494	0,517	0,490	0,493	0,510
	N_e	0,506	0,501	0,507	0,500	0,511	0,507	0,496
	F_{IS}	-0,01	-0,02	-0,03	0,03	-0,04	-0,03	0,02

За геном прогестеронового рецептора значення індексу фіксації Райта розподілилось наступним чином: найвище значення було зафіксовано у кролів лінії Назара, а найнижче — у Вайта і Каспера. Додатні значення коефіцієнту F_{IS} за поліморфними варіантами гену міостатину виявилось у кролів лінії Вайта та Імператора, а за поліморфними варіантами гену прогестеронового рецептора — у кролів лінії Графа та Цезара (надлишок гомозигот у цих групах тварин).

Згідно з даними алельних профілів окремих генеалогічних ліній кролів новозеландської білої породи за поліморфними варіантами гену міостатину та прогестеронового рецептора були розраховані показники генетичної дистанції та індексу генетичної схожості N_{ei} .

У таблиці 3 наведено результати розрахунків індексів генетичної подібності та генетичних дистанцій між окремими генеалогічними лініями кролів новозеландської білої породи за поліморфізмом С34Т гену міостатину.

Таблиця 3

Матриця генетичних дистанцій та індексів спорідненості в розрізі генеалогічних ліній досліджених тварин за поліморфізмом C34Тгену міостатину

Лінія	Назара	Білаша	Вайта	Графа	Імператора	Каспера	Цезара
Назара	-	0.9985	0.9553	0.9988	0.9949	1.0000	0.9970
Білаша	0.0016	-	0.9374	1.0000	0.9990	0.9989	0.9998
Вайта	0.0457	0.0647	-	0.9394	0.9206	0.9528	0.9226
Графа	0.0012	0.0000	0.0625	-	0.9987	0.9991	0.9996
Імператора	0.0051	0.0010	0.0827	0.0013	-	0.9957	0.9997
Каспера	0.0000	0.0011	0.0484	0.0009	0.0043	-	0.9976
Цезара	0.0030	0.0002	0.0730	0.0004	0.0003	0.0024	-

Слід підкреслити, що у популяції кролів новозеландської білої породи за поліморфними варіантами гену міостатину генетичні відстані знаходились в діапазоні 0,0000 (лінія Каспера–Назара та Графа–Білаша) — 0,0827 (лінія Імператора–Вайта). У свою чергу, індекси генетичної подібності були найвищими між лініями Білаша–Графа, Назара–Каспера, а найнижчими — між лініями Вайта–Імператора і Вайта–Цезара.

Результати розрахунків індексів генетичної схожості та генетичних

дистанцій між окремими генеалогічними лініями кролів новозеландської білої породи за поліморфними варіантами гену прогестеронового рецептора представлені в таблиці 4. Встановлено, що генетичні відстані за поліморфізмом G2664A гена прогестеронового рецептора знаходились у межі 0,0000 (лінія Графа–Назара) — 0,0329 (лінія Білаша–Назара та Графа–Білаша).

Індекси генетичної схожості були найвищими у між лініями Назара–Графа, а найнижчими — між лініями Назара–Білаша.

Таблиця 4

Матриця генетичних дистанцій та індексів спорідненості в розрізі генеалогічних ліній досліджених тварин за поліморфізмом G2664A гену прогестеронового рецептора

Лінія	Назара	Білаша	Вайта	Графа	Імператора	Каспера	Цезара
Назара	-	0.9676	0.9899	1.0000	0.9884	0.9806	0.9965
Білаша	0.0329	-	0.9936	0.9676	0.9947	0.9983	0.9852
Вайта	0.0101	0.0064	-	0.9899	0.9999	0.9985	0.9983
Графа	0.0000	0.0329	0.0101	-	0.9884	0.9806	0.9965
Імператора	0.0117	0.0053	0.0001	0.0117	-	0.9990	0.9976
Каспера	0.0196	0.0017	0.0015	0.0196	0.0010	-	0.9935
Цезара	0.0035	0.0149	0.0017	0.0035	0.0024	0.0065	-

У роботі був проведений аналіз розподілу показників F-статистики за досліджуваними генами, як додаткова інформація про різні рівні інбридингу у дослідженій популяції кролів новозеландської білої породи. Розраховані низькі значення індексу F_{ST} за геном MSTN і PGR (0,0219 і 0,0084), як індексу фіксації Райта, який відображає рівень інбридингу вибірки відносно популяції) свідчать про

слабку генетичну диференціацію між лініями кролів новозеландської білої породи.

За геном міостатину були встановлені від'ємні значення показника F_{IS} (-0,0703) — індекс фіксації Райта, який відображає рівень інбридингу особини відносно вибірки) та F_{IT} (-0,0468) — індекс фіксації Райта, який відображає рівень

інбридингу особини відносно популяції), що вказує на надлишок гетерозигот.

Для вибірки кролів новозеландської білої породи за геном прогестеронового рецептора значення F_{IS} та F_{IT} виявились додатними (0,3648 та 0,3702) внаслідок переваги гомозиготних тварин. У цілому, за двома досліджуваними генами у дослідженій популяції кролів новозеландської білої породи F_{IT} є найвищим (0,1617), F_{IS} — дещо нижчим (0,1472) і значення F_{ST} — найнижчим (0,0152).

Для оцінки племінної цінності самців кролів новозеландської білої породи було використано метод BLUP — «модель тварини», за однією ознакою з врахуванням паратипових факторів (рік і сезон).

Результати проведеної BLUP-оцінки тварин за ознакою «середньодобові прирости», що включає у себе фактор генотипу (поліморфні варіанти гену міостатину, використано три рівні), представлені у таблиці 5.

Таблиця 5

Результати BLUP-оцінки самців кролів новозеландської білої породи різних генотипів (поліморфні варіанти гену MSTN) за якістю нащадків

Кличка, рік народження	Гено тип	Кількість дочок, гол.	Середньодобові прирости дочок, г	BV± до генетичного базису	RBV, %	REL, %
Назар, 2008	СТ	108	39±0,2	+0,199	101,0	63,0
Байкал, 2008	СС	101	37±0,3	+0,357	101,0	63,7
Вайт, 2009	СТ	86	38±0,3	-0,069	99,8	63,5
Граф, 2008	СС	97	35±0,2	-0,040	99,9	63,7
Імператор, 2009	СС	96	35±0,2	-0,153	99,5	63,6
Каспер, 2008	СТ	91	38±0,3	+0,046	100,5	75,9
Цезар, 2009	ТТ	88	35±0,2	+0,000	100,1	63,0

Примітка: BV — племінна цінність; RBV — відносна племінна цінність; REL — достовірність оцінки племінної цінності

Згідно з отриманими даними найвище значення племінної цінності мали самці Назар, Байкал та Каспер, індекси BLUP яких були в 4,1; 7,3 та 0,9 раза вищим за середнє значення.

Слід зазначити, що показник вірогідності оцінки племінної цінності кролів знаходився у межах $lim = 63,0-75,9$. Найвище значення було відмічено у самця Каспера (+10,7 % від середнього значення), а найнижче — у Назара і Цезара (-2,2 % від середнього значення). Ця особливість варіабельності коефіцієнта надійності

BLUP-оцінки має першочергове значення при проведенні добору кролів за комплексом ознак.

За цією ж вибіркою тварин досліджена племінна цінність самців новозеландської білої породи за репродуктивними ознаками дочок (табл. 6). До уваги бралася ознака — кількість відсаджених кроленят у віці 35 днів, оскільки вона характеризує материнські якості кролематок, що представляють собою основну складову для характеристики відтворення стада.

Результати BLUP-оцінки племінної цінності самців кролів за репродуктивними ознаками дочок

Кличка, рік народження	Кількість дочок, гол.	Відсаджено кроленят в 35 днів на 1 самку, гол.	BV± до генетичного базису	RBV, %	REL, %
Назар, 2008	108	6,2±0,5	+0,140	102,3	66,8
Байкал, 2008	101	5,7±0,4	+0,087	101,5	66,5
Вайт, 2009	86	5,2±0,5	-0,085	98,4	67,7
Граф, 2008	97	5,5±0,5	+0,047	100,9	66,5
Імператор, 2009	96	5,6±0,4	+0,015	100,3	67,7
Каспер, 2008	91	5,4±0,4	+0,045	100,7	78,1
Цезар, 2009	88	5,0±0,5	-0,035	102,3	66,8

Згідно з отриманими даними найвище значення племінної цінності мали самці Назар, Байкал та Каспер, індекси BLUP яких були відповідно в 4,1; 7,3 та 0,9 разів вищим за середнє значення.

Достовірність оцінки племінної цінності варіювала в межах 66,5–78,1%, При чому найвище значення цього показника відмічено у самця Каспера, а найнижче — у Графа.

Висновки

Встановлені особливості генетичної структури кролів різних ліній новозеландської білої породи за даними молекулярно-генетичного аналізу поліморфних варіантів гену міостатину і прогестеронового рецептора. Це дозволить отримати уявлення про генетичну диференціацію тварин за даними генами у популяції в залежності від особливостей селекційної роботи з метою добору тварин з «бажаними» генотипами і створенню спеціалізованих ліній.

За результатами найкращого незміщеного лінійного прогнозу встановлено, що за ознакою «середньодобові прирости» найвищі значення BLUP-індексу мали самці Назар (+0,199), Байкал (+0,357) та Каспер (+0,046). За репродуктивними ознаками їм відповідали індекси BLUP: Назар (+0,140), Байкал (+0,087) та Каспер (+0,045).

У сучасних умовах покращення селекційно-племінної роботи у

кролівництві неможливе без використання точних методів оцінки племінної цінності (індексна та BLUP-оцінка), які дозволяють виявити істинний генетичний потенціал тварин та прогнозувати продуктивні якості їх нащадків.

З використанням BLUP-методу та молекулярно-генетичного тестування кролів за поліморфними варіантами гену міостатину визначені родоначальники ліній: Назар, Каспер та Байкал, як перспективні самці-плідники новозеландської білої породи.

Перспективи подальших досліджень. Проведення молекулярно-генетичного моніторингу кролів вітчизняних та зарубіжних порід із залученням методів індексної та геномної оцінки тварин в інтенсифікації селекційного процесу.

1. Vakulenko I. S. *Krolikovodstvo* [Rabbit husbandry]. Kharkiv, 2008. 282 p. (In Russian).
2. Bilyj L. A. *Krolikovodstvo* [Rabbit husbandry]. Kyiv, 1990. 186 p. (In Russian).
3. Miros V. V. *Dovidnyk krolivnyka i zvirovoda* [Guide of warrener and farmer]. Kyiv, Urozhay, 1980. 243 p. (In Ukrainian).
4. Baumung R., Simianer H. Genetic diversity studies in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2004, 12, pp. 361–373.
5. Cockett N., Kole E. *Genome mapping and genomics in domestic animals*. Chittaranjan, Springer. 2009. 280 p.
6. Zinovieva N. A., Gladyr E. A., Ernst L. K. *Vvedenie v molekularnuju gennuju diagnostiku sel'skohozjajstvennyh zhyvotnyh*

[Introduction to molecular genetic diagnosis of farm animals]. Dybrovici, VIZH, 2002. 112 p. (In Russian).

7. Goddard M. E., Hayes B. J. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*, 2009, 10, pp. 381–391.

8. Carneiro M., Afonso S., Geraldés A., Garreau H., Bolet G., Boucher S., Tircazes A., Queney G., Nachman M., Ferrand N. The Genetic Structure of Domestic Rabbits. *Molecular biology and evolution*, 2011, 28 (6), pp. 1801–1816.

9. Peiro M., Merchan M., Santacreu M., Argente I., Garcia D., Folch I., Blasco A. Identification of single-nucleotide polymorphism in the progesterone receptor gene and its association with reproductive traits in rabbits. *Genetics*, 2008, 180, pp. 1699–1705.

10. Andersson L., Georges M. Domestic-animal genomics: deciphering the genetics of complex traits. *Nature Reviews Genetics*, 2004, 5 (3), pp. 202–212.

11. Kopylov K. V. Stan ta perspektivi vikoristannya genotipnogo markuvannya v selektsiyi tvarin [Status and prospects of genotype labeling in animals breeding]. *Visnik ukrayinskogo tovaristva genetikiv i selektsioneriv — Bulletin of the ukrainian society of geneticists and breeders*, 2010, vol. 8, no 2, pp. 223–228 (in Ukrainian).

12. Podoba B. E., Kopylov K. V., Kovtun S. I., Kopylova K. V., Podoba Y. V., Dobryanska M. L. *Molekulyarno-genetichni ta biotekhnologichni doslidzhennya v galuzi tvarinnitstva* [Molecular genetic and biotechnological research in livestock industry]. Kyiv, Agrarna Nauka, 2013. 246 p. (In Ukrainian).

13. Glazko V. I., Dunin I. M., Glazko G. V. *Vvedenie v DNK-tehnologii* [Introduction to DNA technology]. Moscow, Roinformagrotekh, 2001. 436 p. (In Russian).

14. Fadiel A., Anidi I., Eichenbaum K. Farm animal genomics and informatics: an update. *Nucleic acids research*, 2005, 33, pp. 6309–6318.

15. Kharzinova V. R. *Izuchenie genotipov DNK-markerov GH, DGAT1 i TG5 v svyazi s lineynoy prinadlezhnostyu i urovnem molochnoy produktivnosti korov cherno-pestroy porody. Dysertatsiya doktora selskohozyaystvennih nauk* [Study of genotypes of DNA markers GH,

DGAT1 and TG5 in connection with linear affiliation and level of milk production of cows Black and White breed. PhD. agricultural sci. diss.]. Moscow, 2011. 152 p. (In Russian).

16. Henderson C. R. Estimates of variance and co variance components. *Biometric*, 1953, 9, pp. 226–229

17. Kuznecov V. M. Sravnenie rezultatov otsenki proizvoditeley po kachestvu potomstva metodami SS i BLUP [Comparison of results of assessment producers progeny SS methods and BLUP]. *Genetika — Genetics*. 1988, no 6, pp. 1121–1128 (in Russian).

18. Kuznecov V. M. Sovershenstvovanie-sistemy plemennoy-otsenki zhyvotnyh [Improving the system of breeding animals assessment]. *Vestnik Rosselhozakademii — Bulletin of the RAAS*, 2002, no 3, pp. 13–16 (in Russian).

19. Danshin V. A. *Otsenka geneticheskoy tsennosti zhyvotnyh* [Evaluation of the genetic value of animals]. Kyiv, Agrarna Nauka, 2008. 180 p. (In Russian).

20. Blasco A. The Bayesian controversy in animal breeding. *Journal of animal science*, 2001, 79, pp. 2023–2046.

21. Drouilhet L. Genetic parameters for two selection criteria for feed efficiency in rabbits. *Journal of animal science*, 2013, 91 (7), pp. 3121–3128

22. Pascual J., Rodenas L., Martínez E., Cervera C., Blas E., Baselga M. Genetic selection of maternal lines and digestive efficiency in rabbits: long term selection for litter size at weaning versus hyper selection for reproductive longevity. *World Rabbit Science*, 2008, 16, pp. 165–171

23. Zomeno C., Fernandez P., Blasco A. Divergent selection for intramuscular fat content in rabbits. i. direct response to selection. *Journal animal science*, 2013, 91 (9), pp. 4526–4531.

24. Fontanessi L., Tazzoli M., Scotti E., Russo V. Analysis of candidate genes for meat production traits in domestic rabbit breeds Proc. 9th World Rabbit congress. Italy, Verona, 2008, pp. 79–83

25. Argente M. J., Merchan M. K., Peiro M. D., Garcia M. L., Santacreu M. A., Folch J. M., Blasco A. F. Candidate gene analysis for reproductive traits in two lines of rabbits divergently selected for uterine. *Journal of Animal Science*, 2010, 88, pp. 828–836