

НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ  
ІНСТИТУТ РОЗВЕДЕННЯ І ГЕНЕТИКИ ІМ.М.В. ЗУБЦЯ  
ЧЕРКАСЬКА ДОСЛІДНА СТАНЦІЯ БІОРЕСУРСІВ



Збірник наукових праць

# “ЕФЕКТИВНЕ КРОЛІВНИЦТВО І ЗВІРІВНИЦТВО”



Випуск №5

Черкаси 2019

НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ  
ІНСТИТУТ РОЗВЕДЕННЯ І ГЕНЕТИКИ ІМ.М.В. ЗУБЦЯ  
ЧЕРКАСЬКА ДОСЛІДНА СТАНЦІЯ БІОРЕСУРСІВ

**Збірник наукових праць**  
**“ЕФЕКТИВНЕ**  
**КРОЛІВНИЦТВО І**  
**ЗВІРІВНИЦТВО”**

**Випуск №5**

**Черкаси 2019**

**УДК. 636. 619. 92. 93**

**Збірник наукових праць “Ефективне кролівництво і звірівництво”**, Черкаси: Черкаська дослідна станція біоресурсів НААН. 2019. вип. 5 - 253 с.

Висвітлені результати наукових досліджень із актуальних питань утримання, селекції, профілактики та лікування кролів і хутрових звірів. Матеріали розраховані на наукових працівників, викладачів, аспірантів, студентів аграрних ВНЗ та фахівців сільськогосподарського виробництва.

**Редакційна колегія****Сільськогосподарські науки**

**Головний редактор** **Башенко М. І.** - доктор сільськогосподарських наук, академік НААН; **Заступник головного редактора** – **Гончар О.Ф.**, заступник директора Черкаської дослідної станції біоресурсів НААН, кандидат сільськогосподарських наук, старший науковий співробітник; **Відповідальний секретар** – **Гавриш О.М.**, завідувач відділу біорозмаїття та екології Черкаської дослідної станції біоресурсів НААН, кандидат сільськогосподарських наук.

**Члени редакційної колегії:** **Гладій М.В.**, віце-президент НААН, доктор економічних наук, академік НААН; **Жукорський О.М.**, заступник академіка-секретаря Відділення зоотехнії НААН, доктор сільськогосподарських наук, член-кореспондент НААН; **Ковтун С. І.**, заступник директора з наукової роботи Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН, доктор сільськогосподарських наук, академік НААН; **Вакуленко І.С.**, головний науковий співробітник сектору кролівництва та хутрового звірівництва Інституту тваринництва НААН, доктор сільськогосподарських наук, старший науковий співробітник; **Коцюбенко Г.А.**, доцент кафедри птахівництва, якості та безпечності продукції Миколаївського НАУ, доктор сільськогосподарських наук, старший науковий співробітник; **Рубан С.Ю.**, доктор сільськогосподарських наук, член-кореспондент НААН; **Небилиця М.С.**, завідувач відділу тваринництва та виробництва екологічно чистої продукції Черкаської дослідної станції біоресурсів НААН, кандидат сільськогосподарських наук; **Яремич Н.В.**, старший науковий співробітник відділу біорозмаїття та екології Черкаської дослідної станції біоресурсів НААН, кандидат сільськогосподарських наук.

**Ветеринарні науки**

**Мандигра М.С.**, академік-секретар Відділення ветеринарної медицини НААН, член-кореспондент НААН, доктор ветеринарних наук, член-кореспондент НААН; **Долецький С.П.**, заступник відділу ветеринарної медицини та зоотехнії апарату Президії НААН, доктор ветеринарних наук, старший науковий співробітник; **Стегній Б.Т.**, директор ННЦ «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», доктор ветеринарних наук, академік НААН; **Клєстова З.С.**, заступник директора з наукової роботи Державного науково-контрольного інституту біотехнологій та штамів мікроорганізмів, доктор ветеринарних наук, старший науковий співробітник; **Бойко П.К.**, професор кафедри Східноєвропейського національного університету імені Лесі Українки, доктор ветеринарних наук, старший науковий співробітник; **Завгородній А.І.**, заступник директора з наукової роботи та інновацій ННЦ «Інститут експериментальної і клінічної ветеринарної медицини», доктор ветеринарних наук, член-кореспондент НААН; **Макогін В.В.**, науковий співробітник Черкаської дослідної станції біоресурсів НААН, кандидат ветеринарних наук.

**Адреса редакційної колегії:** 18036 м. Черкаси, вул. Пастерівська, 76 тел./факс (0472) 31-40-52

**e-mail:** [bioresurs.ck@ukr.net](mailto:bioresurs.ck@ukr.net)

**Опубліковано на сайті:** <http://www.bioresurs.herokuapp.com/>

Внесено до переліку наукових фахових видань України, в яких можуть публікуватися результати дисертаційних робіт на здобуття наукового ступеня доктора і кандидата наук. Затверджено наказом Міністерства освіти і науки України від **10.05.2017 року №693** Видано за рішенням Вченої Ради Черкаської дослідної станції біоресурсів НААН (**протокол №5 від 14 травня 2019 року**)

## ТВАРИННИЦТВО

<b>Liutskanov P.I., Mashner O.A., Evtodienko S.A.</b> THE MORPH-PRODUCTIVE QUALITIES OF METIS RABBITS RESULTING FROM CROSSING OF DIFFERENT BREEDS .....	7
<b>Аксьонов Є. О.</b> БІОХІМІЧНІ ПОКАЗНИКИ КРОВІ КРОЛІВ М'ЯСО-ШКУРКОВОГО НАПРЯМУ ПРОДУКТИВНОСТІ ЗА ЗГОДОВУВАННЯ МАЛОКОМПОНЕНТНИХ КОМБІКОРМІВ .....	16
<b>Гавриш О. М.</b> УСПАДКОВУВАНІСТЬ ТА СТУПІНЬ ФЕНОТИПОВОГО ДОМІНУВАННЯ СЕЛЕКЦІЙНИХ ОЗНАК ПРИ СХРЕЩУВАННІ ПОРІД КРОЛІВ ПОЛТАВСЬКЕ СРІБЛО ТА НОВОЗЕЛАНДСЬКА БІЛА .....	25
<b>Гончар О.Ф., Шевченко Є.А.</b> ОСОБЛИВОСТІ СЕЛЕКЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНОГО МОНІТОРИНГУ В КРОЛІВНИЦТВІ ЗА ДНК-МАРКЕРАМИ .....	36
<b>Довбненко О.Ф.</b> РЕЗУЛЬТАТИ ВИРОБНИЧИХ ВИПРОБУВАНЬ ЕНЕРГОЕФЕКТИВНОЇ СИСТЕМИ ЗАБЕЗПЕЧЕННЯ МІКРОКЛІМАТУ В ПРИМЩЕННІ ДЛЯ УТРИМАННЯ КРОЛІВ .....	51
<b>Корх О. В.</b> ПРАКТИЧНІ ОСНОВИ СТАНДАРТИЗАЦІЇ ШКУРОК НОРОК І ЛИСИЦЬ .....	64
<b>Коцюбенко Г.А., Піроцький О.М.</b> ЕФЕКТИВНІСТЬ ЗАСТОСУВАННЯ ПРОМИСЛОВОГО СХРЕЩУВАННЯ У М'ЯСНОМУ КРОЛІВНИЦТВІ .....	76
<b>Лучин І. С., Дармограй Л.М.</b> ВИКОРИСТАННЯ ПІДКИСЛЮВАЧІВ КОРМУ ЗА ІНТЕНСИВНОГО ВИРОЩУВАННЯ КРОЛІВ .....	86
<b>Небилиця М.С., Бойко О.В.</b> ОБІРУНТУВАТИ ВИКОРИСТАННЯ РОЗПОДІЛЕНОЇ СИСТЕМИ КОНТРОЛЮ ПОВІТРЯНОГО СЕРЕДОВИЩА ТВАРИННИЦЬКИХ ПРИМІЩЕНЬ .....	99

**Михно В.В.**

РОЗРОБЛЕННЯ РЕЦЕПТІВ ПОВНОРАЦІОННОГО КОМБІКОРМУ В УМОВАХ ІНТЕНСИВНОГО ВИРОБНИЦТВА КРОЛЯТИНИ ..... 118

**Петраш В.С.**

ЗМІНИ РЕПРОДУКТИВНОЇ ФУНКЦІЇ САМИЦЬ І САМЦІВ СРІБЛЯСТО-ЧОРНИХ ЛИСИЦЬ ЗА РІЗНОВІКОВИХ ВАРІАНТІВ ПІДБОРУ ПАР ..... 128

**Погорелова А. О.**

ВПЛИВ ТИПУ ВИЩОЇ НЕРВОВОЇ ДІЯЛЬНОСТІ НА ПРОДУКТИВНІСТЬ КРОЛІВ СПЕЦІАЛІЗОВАНИХ М'ЯСНИХ ПОРІД ..... 142

**Бойко О.В., Гончар О.Ф., Гавриш О.М., Сотніченко Ю.М.**

ПІДВИЩЕННЯ ПРОДУКТИВНИХ ЯКОСТЕЙ КРОЛІВ ШЛЯХОМ ПРОМИСЛОВОГО СХРЕЩУВАННЯ ..... 155

**Бойко О.В., Небилиця М. С., Гавриш О.М., Ткач Є. Ф.**

ВПЛИВ ПОКАЗНИКІВ МІКРОКЛІМАТУ ПРИМІЩЕНЬ НА ВИРОЩУВАННЯ ТА ВІДГОДІВЕЛЬНІ ЯКОСТІ КРОЛІВ ..... 165

**Уманець Д.П., Уманець Р.М.**

ПРОДУКТИВНІСТЬ МОЛОДНЯКУ КРОЛІВ ЗА ЗГОДОВУВАННЯ ПОВНОРАЦІОННИХ КОМБІКОРМІВ З РІЗНИМ РІВНЕМ КАЛЬЦІЮ ТА ФОСФОРУ ..... 179

**ВЕТЕРИНАРНА МЕДИЦИНА****Дичок-Недзельська А. З., Лесик Я. В.**

ВПЛИВ СПОЛУК СУЛЬФУРУ НА БІОХІМІЧНІ ПОКАЗНИКИ КРОВІ КРОЛІВ ..... 190

**Дуда Ю.В., Кунєва Л.В.**

ВПЛИВ ПАСАЛУРОЗНОЇ ТА ЦИСТИЦЕРКОЗНОЇ ІНВАЗІЙ НА М'ЯСНУ ПРОДУКТИВНІСТЬ КРОЛІВ ..... 199

**Катюха С.М., Жигалюк С.В., Лук'яник І.М., Степаняк І.В.**

ОСОБЛИВОСТІ ФАРМАКОКІНЕТИКИ ПРОТИПАРАЗИТАРНОГО ПРЕПАРАТУ «ДЕВІМЕКТИН 1%» НА КРОЛЯХ ..... 207

**Іваницька А. І. , Лесик Я. В.**

ВПЛИВ СПОЛУК СИЛІЦІЮ НА ВІДТВОРНУ ЗДАТНІСТЬ  
КРОЛЕМАТОК ..... 213

**Николаев С.В.**

ГОРМОНАЛЬНЫЕ И МОРФОЛОГИЧЕСКИЕ ИЗМЕНЕНИЯ  
ЩИТОВИДНОЙ ЖЕЛЕЗЫ У КРОЛИКОВ В ПЕРИОД ОТЪЕМА ..... 223

**Сачук Р.М., Жигалюк С.В., Лук'яник І.М., Калиновська Л.В.,  
Пономарьова С.А., Остапів Н.В., Шидер Є.І.**

ТЕРАПЕВТИЧНА ЕФЕКТИВНІСТЬ ЗАСТОСУВАННЯ «ДЕВІМЕКТИНУ  
1%» ТА «КУБАЗОЛУ» ПРИ ПСОРОПТОЗІ КРОЛІВ ..... 231

**Шкваря М.М.**

ЕФЕКТИВНІСТЬ ЛІКУВАННЯ МЕТЕОРИЗМУ КИШЕЧНИКУ У КРОЛІВ  
ЗА ДІЇ БУСКОПАНУ ..... 241

УДК 636.92.082:575.113

**ОСОБЛИВОСТІ СЕЛЕКЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНОГО МОНІТОРИНГУ  
В КРОЛІВНИЦТВІ ЗА ДНК-МАРКЕРАМИ**

**Гончар О.Ф., кандидат с.-г. наук, старший науковий співробітник,  
Шевченко Є.А., кандидат с.-г. наук.  
Черкаська дослідна станція біоресурсів НААН**

*Молекулярні маркери, які ґрунтуються на поліморфізмі ДНК, все більше використовуються в наш час у вивченні і збереженні генетичної різноманітності сільськогосподарських тварин, зокрема кролів, ідентифікації індивідумів, філогенетиці, картуванні корисних ознак та стійкості до стресових факторів, в селекційному процесі, біотехнології. Поєднання методів класичної селекції кролів з ДНК-аналізом вихідних форм і гібридних популяцій є перспективним напрямком досліджень, пов'язаних з інтенсифікацією процесу створення генотипів із заданими параметрами цінних, селекційно значущих ознак. Тому їх використання ДНК-маркування, як сучасного генетичного методу є важливим доповненням до використання традиційної селекції у тваринництві, а саме в кролівництві.*

*За результатами власних і опублікованих іншими авторами досліджень розглянути деякі актуальні питання використання молекулярно-генетичних маркерів в селекції сільськогосподарських тварин, переважно, кролів. Обговорюються можливі перспективні підходи щодо оцінки селективної цінності інтегрованих генотипів тварин за комплексом генетичних систем маркерних генів і оптимізації параметрів популяційних генофондів.*

*Відзначається вплив генетичних локусів кролів у формуванні кількісних ознак тварин. Обґрунтовується важливість впровадження та використання геномної селекції для раннього прогнозування продуктивності кролів та виявлення високоцінних генотипів тварин.*

*Подано основну класифікацію ДНК-маркерів, які використовуються в молекулярно-генетичній паспортизації кролів. Обговорюються напрями збільшення їх ефективності, зокрема, шляхом виявлення ДНК-маркерів, поліморфізм яких прямо асоційований з мінливістю господарсько-цінних ознак. Подається методологія маркування різних порід кролів за RFLP, ISSR і мікросателітними ДНК-маркерами. Обговорюється використання даних геномного тестування (ДНК-паспортизації) в збереженні генофонду сільськогосподарських видів тварин, а також застосування молекулярно-генетичних досліджень в системі збереження біорізноманіття.*

**Ключові слова:** ДНК-маркери, генотип, кролі, маркер-асоційована селекція, селекція, господарського-корисні ознаки

Однією із важливих проблем підвищення ефективності вдосконалення порід кролів – є вивчення генетичних детермінант формування високої продуктивності і генетичний моніторинг в селекційному процесі. Багатовікова практика ведення тваринництва в першу чергу базується на виявленні та інтенсивному використанні тварин із бажаними ознаками [1-4]. Такий підхід забезпечує ефективність селекційного процесу і багато селекційних програм по вдосконаленню порід, типів і ліній кролів розроблені на цій основі [2, 4, 6]. Однак, стає все більш очевидним, що одні лише традиційні методи розведення не можуть забезпечити відчутного селекційного прогресу в породах, більш того, гостро постає питання про підвищення м'ясної продуктивності, відтворювальних якостей, життєздатності та стійкості до захворювань кролів в умовах промислового кролівництва [6].

Сучасні генетичні підходи з вдосконалення порід засновані на більш повній оцінці генотипу сільськогосподарських тварин і генетичного різноманіття популяцій, таких як маркер-допоміжна селекція (MAS, або Marker Assisted Selection) [7-12]. Використання маркерних генів для генетичної експертизи походження вже увійшло в практику тваринництва багатьох країн і стало обов'язковим елементом племінної роботи. Актуальним завданням є вивчення можливостей використання маркер-допоміжної селекції в кролівництві та впровадження результатів наукових досліджень у практику племінної роботи [10,11].

Розвиток маркер-допоміжної селекції ставить завдання збільшення числа використовуваних маркерів і виявлення їх функцій в геномі, а також встановлення зв'язку з господарсько-корисними ознаками [13-16]. Цьому сприяє швидкий розвиток ДНК-технологій, що дозволило значно збільшити число вивчених молекулярно-генетичних маркерів. Успішна реалізація міжнародного проекту з вивчення геному кроля дозволила картувати 30 з 44 пар хромосом, що є вагомим внеском у розвиток маркер-допоміжної селекції [17].

Завдяки високій інформативності, генетичні маркери є зручними у вивченні процесів породоутворення і визначенні породної відмінності [15, 21].

Регулярне генетичне тестування порід і популяцій кролів робить можливим проведення моніторингу біологічного різноманіття, який є необхідним при здійсненні заходів, спрямованих на оцінку і збереження генофонду тварин [12, 22-25]. Моніторинг також дозволяє оцінити динаміку стану популяцій і вибрати пріоритетні напрями селекції конкретних порід і внутрішньопородних груп.

Завдяки маркер-допоміжній селекції у кролівництві більш ефективно проводиться породотворчий процес, підбираються найбільш перспективні породи для створення нових високопродуктивних генотипів тварин [15, 17, 36].

Особливу актуальність має картування локусів кількісних ознак (QTL, або Quantitative Trait Loci). Для вирішення цієї проблеми комплексно



аналізують фенотипові дані, родоводи і генетичні маркери [15, 16, 27, 28, 35].

На даний час здійснюється міжнародний проект по картуванню локусів кількісних ознак кроля [29-34]. При цьому комплекси генів, які входять до складу QTL відіграють важливу роль у формуванні генотипу різних порід кролів, типів або спеціалізованих груп [37-45].

Оцінка тварин за зчепленими з QTL молекулярно-генетичними маркерами є важливою для фенотипових ознак, які проявляються відносно пізно або тільки у тварин однієї статі, а також для тих ознак, на прояв яких значно впливають паратипові фактори [36].

Поряд з білковими маркерами [46, 47] в молекулярно-генетичному моніторингу кролів все більш стають поширеними ДНК-маркери [48-50].

Класифікація ДНК - маркерів до цих пір не сформована, що пояснюється не тільки їх різноманіттям, а й тим, що при введенні тих чи інших модифікацій у відомий метод, автори часто дають нове найменування одержуваних ними маркерів. В цілому запропоновано об'єднати ДНК - маркери, створені на основі полімеразно - ланцюгової реакції (ПЛР), в два основні класи: маркери, створені на основі невеликих змін до нуклеотидної послідовності ДНК унікальних локусів і маркери на основі зміни числа повторів тандемної послідовностей ДНК [34]. На сьогодні в залежності від техніки виконання і характеризованої частини геному виділяють велику кількість різноманітних ДНК – маркерів (RFLP, AFLP, RAPD, CAPS, SSR, SCAR, NBS - profiling, SNP, DAMD-PCR, RAMPO та інші [51-55].

Використання в якості маркерних систем поліморфних нуклеотидних послідовностей ДНК є досить перспективним, що дозволяє тестувати генетичний поліморфізм безпосередньо на рівні генів, а не на рівні продуктів генів, як у випадку використання методу білкового поліморфізму, при чому ідентифікуються практично будь-які ділянки ДНК, у тому числі некодуючі. Крім того, ця маркерна система дає можливість використовувати для аналізу будь-які тканини і органи, незалежно від стадії розвитку організму і має цілий ряд переваг перед іншими типами генетичних маркерів.

Для маркер-залежної селекції можуть використовуватись різні типи ДНК-маркерів. Виділяють де - кілька основних факторів, які необхідно враховувати при виборі типу маркерів для MAS: надійність – близьке розташування до гена (не менше 5 сМ), використання фланкуючих маркерів, певна кількість і якість ДНК, технічна процедура аналізу маркерів (бажано проста і швидка у виконанні техніка), рівень поліморфізму, який виявляється за даним типом маркерів, витрати на проведення аналізу [45]

Нижче наведено перелік особливостей ДНК-маркерів, при їх використанні у молекулярно-генетичному аналізі сільськогосподарських тварин, зокрема кролів:

Властивості ДНК – маркерів

- можливість тестування будь-яких послідовностей геному організму;
- широке поширення;
- аналіз материнського типу успадкування (мітохондріальна ДНК);

- аналіз батьківського типу успадкування (Y - хромосома);
- стабільність успадкування;
- відсутність плейотропного ефекту;
- множинність алелів;
- інформативність природи генетичних змін;
- можливість проведення ретроспективних досліджень

Відсутність обмежень ДНК - маркерів

- наявність множинного числа маркерів на зразок;
- наявність маркерів для білок - кодуючих послідовностей;
- наявність маркерів для некодуючих послідовностей;
- наявність маркерів для повторювальних послідовностей.

Економічно важливі ознаки – ознаки росту, конституційні та репродуктивні ознаки – є складними, тобто вони знаходяться під множинним контролем генів (полігени), а також під впливом паратипових факторів. Виявлення ДНК-маркерів, які асоційовані з комплексною ознакою, починається з дослідження популяції кролів, у якому тварини були проаналізовані за потрібними ознаками. Проводять молекулярно-генетичний аналіз з використанням великої кількості маркерів, а потім встановлюється зв'язок між алелями за цими маркерами і фенотиповим проявом ознак, які представляють інтерес.

Достовірність виявленого зв'язку перевіряють у незалежних дослідженнях інших популяцій для встановлення можливості екстраполювання результатів в інших

вибірках тварин. Перевірка дослідження може бути внутрішнім – виконується розробником, або незалежна – виконується сторонньою організацією. Перевірка тест-систем проводиться на великій вибірці з популяції для виявлення уніфікованих методик оцінки, в яких зведено до мінімуму вплив навколишнього середовища, умов утримання, годівлі та інших факторів, які можуть впливати на об'єктивність результатів перевірки.

Нижче наведемо основні типи ДНК-маркерів, які використовують в маркер-асоційованій селекції кролів.

Відкриття і виділення рестрикуючих ендонуклеаз (рестриктаз), що розщеплюють ДНК в ділянках зі строго визначеною послідовністю, дозволило розробити маркери на основі аналізу рестрикційного поліморфізму ДНК. Поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів (ПДРФ, RFLP, або Restriction Fragment Length Polymorphism) був використаний, як генетичний маркер в 1974 році при ідентифікації термо - чутливої мутації в геномі аденовірусу [43, 44]. Однак широке застосування варіантів поліморфізму ДНК, як генетичних маркерів почалося з 1980 році після виходу основоположної роботи Ботштейна [45], в якій були вивчені властивості ПДРФ, дано теоретичне обґрунтування його використання і запропонований метод оцінки рівня інформативності. Самими авторами метод був з успіхом застосований для картування геному людини [46].

ПДРФ обумовлений в основному наявністю чи відсутністю сайту рестрикції в ДНК, що виражається в різній довжині ампліфікованих ДНК

фрагментів і відповідно в розташуванні смуг на електрофорезі. Головною причиною, що призводить до виникнення поліморфізму ДНК спочатку вважалися точкові мутації, що зачіпають сайти впізнавання тих чи інших ендонуклеаз рестрикції [47-49]. У наступних роботах спектр можливих причин було розширено і в даний час основна роль відводиться таким факторам, як великі делеції і вставки [49], трасверсії, транслокації, транспозиції мобільних генетичних елементів [50, 51]. Крім того деякі рестриктази не здатні розщеплювати ДНК, якщо сайт містить один або декілька метильованих цитозинових залишків. Такі ферменти можуть виявити поліморфізм, якщо є варіації в характері метилювання [47, 48].

Частота поліморфного варіанта в популяції тварин може змінюватись від кількох відсотків до максимальної – 50 %. Можливі й інші причини поліморфізму ДНК, що виражаються в різному числі тандемних повторів, які мають загальну частину у розмірі 10-15 основ. Ділянка хромосоми може мати різну кількість таких повторів, тому виникнення поліморфізму цього типу полегшується завдяки ідентичності послідовностей нуклеотидів в повторах, що призводить до появи дуплікацій, які виникають в результаті нерівного кросинговеру. Довжина рестрикційних фрагментів залежить від числа повторів. Оскільки даний тип поліморфізму виражається в різному числі повторів, то гомозиготність зустрічається рідко. Ця властивість є важливою для досліджень з використанням ПДРФ - маркерів, оскільки майже у всіх випадках варіанти інформативні.

ПДРФ - локуси можуть володіти множинними алелями, що підвищує їх інформативність. Важливою перевагою даного типу маркерів є висока відтворювальність результатів, а також кодомінантний тип успадкування.

Завдяки використанням ПДРФ - маркерів були отримані перші успішні результати з побудови молекулярно-генетичних карт кролів, накопичені великі відомості про їх генетичний поліморфізм, виявлені асоціації з господарсько-корисними ознаками [52-55]. ПДРФ аналіз мітохондріальної ДНК широко використовується в популяційній генетиці, філогенетичних дослідженнях [46-50].

На даний час у кролівництві виділяють такі ПДРФ - маркери, пов'язані з господарсько-корисними ознаками кролів: IGF (інсулін-подібний фактор росту), SCGB1A1 (секретоглобін), TIMP1 (тканинний інгібітор металопротеїнази), PGR (прогестероновий рецептор), GHR (рецептор гормону росту) [51, 52], які асоційовані з відтворною здатністю та ростом тварин, MC4R та MC1R (меланокортиновий рецептор) [49, 53], MSTN (міостатин) FGF5 (фактор росту фібробластів) – із м'ясною продуктивністю [50-53], LIPN (родина ліпаз) [52] – з інтенсивністю формування хутра, Dectin – 1 (дектин 1) – з неспецифічними розладами травлення і експресією цитокінів [51], PMEL (протеїн промеланосоми), MYO5A (міозин 5A), ASIP (агуті сигнальний протеїн) – з детермінацією забарвлення [45-49].

Інсулін-подібний фактор росту названий у зв'язку з його здатністю стимулювання поглинання глюкози м'язовою та жировою тканиною тварин

аналогічно інсуліну [58]. IGF є гормональним посередником дії соматотропного гормону. Система інсуліноподібного фактору росту бере участь у процесах, пов'язаних з ростом і розвитком, підтримкою нормального функціонування багатьох клітин організму. Час його перебування в крові є більшим, ніж соматотропного гормону. Циркулюючий IGF підвищує чутливість до інсуліну організму тварин. У кролів ген інсуліноподібного фактора росту розташований на 4-й хромосомі.

Секретоглобін та тканинний інгібітор металопротеїнази бере участь у регуляції ембріогенезу, ангиогенезу, морфогенезу та процесів, що відбуваються під час вагітності сільськогосподарських тварин, зокрема у сукрольних кролематок [76]. Відомо, що секретоглобін у кролів розташований на 3 хромосомі, а інгібітор металопротеїнази 1 – на статевій X хромосомі [58]

Рецептор гормону росту відіграє важливу роль у процесах росту тварин. Мутації в ньому були описані у великої рогатої худоби, овець, кіз та свиней [53]. Ген рецептора гормону росту був виділений і секвенований групою Уоллес в 1995 році [44]. Було встановлено, що його молекулярно-генетична структура складається з чотирьох нітронів і п'яти екзонів, які кодують білок з 216 амінокислот та 26 амінокислотний сигнальний пептид. Рецептор гормону росту локалізований на 11 хромосомі [50].

Міостатин, також відомий як GDF8, є членом трансформуючого фактору росту родини (TGF)- $\beta$  бере участь у пригніченні росту скелетних м'язів тварин [45, 46]. Мутації у гені

міостатину відомі у великої рогатої худоби, що викликають різке збільшення їх м'язів [24,25]. Подібний механізм гіпертрофії м'язів описаний також у мишей і собак [26]. Слід зазначити те, що ген міостатину кроля був нещодавно секвенований [27]. У кролів ген міостатину локалізований на 7-й хромосомі [25]

Фактор росту фібробластів являє собою пептидну молекулу і включає в свою структуру 111 амінокислотних залишків, подібний по ряду властивостей з фактором росту ендотеліальних клітин ( $\beta$ -EGF) [30]. Біологічна активність членів IGF родини різноманітна, в основному – це підтримка диференціювання клітин різних типів, у багатьох тварин вона впливає на шерстяну продуктивність [90-93]. У кролів фактор росту фібробластів розташований на 15 хромосомі [9].

Ген прогестеронового рецептора знаходиться у 1-й хромосомі [37]. Прогестероновий рецептор є членом суперродини інтрацелюлярних рецепторів, і його фізіологічна роль полягає у сприйнятті дії стероїдних гормонів. Ген прогестеронового рецептора в позиції 2464 у промоторній області має два аельних варіанти – G і A. Встановлено, що генотип кролематок за геном прогестеронового рецептора має вплив на життєздатність ембріонів [21].

Відомо, що ген меланокортинового рецептора 4 кроля локалізований на 9 хромосомі [38], з довжиною у 1729 п.н. Він є трансмембранним рецептором, який сприяє росту та диференціації клітин. L. Fontanessi повідомляє, що міссенс мутація гену меланокортинового

рецептора 4 у 101 позиції (заміна цитозину на гуанін, з утворенням нового триплетного кодону) може асоціюватися з передзабійною живою масою кролів [37].

До цієї групи відносяться маркери, засновані на ПЛР із застосуванням праймерів з довільною, випадковою послідовністю. Для синтезу таких праймерів немає необхідності в знанні конкретних нуклеотидних послідовностей геному досліджуваного організму [34 - 40]. Праймери з довільною послідовністю повинні лише відповідати певним вимогам по співвідношенню GC-пар (близько 60%) і довжині. Цей метод був запропонований незалежно двома групами дослідників і отримав назву RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) або AP-PCR (Arbitrarily Primed PCR) [31].

Суть методу полягає в ампліфікації фрагментів ДНК з використанням одиничного короткого праймера з низькою температурою відпалу у реакції ПЛР. Праймер зв'язується з геномною ДНК у двох різних ділянках інвертованих повторів.

При електрофоретичному розподілі ампліфікованих продуктів утворюються дискретні продукти, розмір яких варіюється від 100 до 5000 п.н. (ДНК - патерни). Ці фрагменти мають анонімну, як правило, унікальну послідовність ДНК, укладену між двома інвертованими повторами. Відмінності в ДНК - патернах визначаються відмінностями в одному або обох праймер - зв'язуючих сайтах (наявність або відсутність смуги ПЛР - продукту в спектрі) або присутністю інсерцій / делеції в ампліфікованому фрагменті (відмінності ПЛР - продуктів за

розміром). Більшість RAPD-маркерів є домінантними (наявність / відсутність смуги в ДНК - патерні) [31].

Пізніше були запропоновані інші подібні технології: DAF (DNA Amplified Fingerprinting) [56] і ЗП ПЛР (ПЛР з універсальними праймерами) [34, 57]. Всі описані методики різняться розмірами праймерів (10-12 нуклеотидів у разі RAPD, близько 20 нуклеотидів у разі AP-PCR, 7-8 нуклеотидів у разі DAF і 25-27 нуклеотидів у разі ЗП-ПЛР), їх складом (від 50 до 80 % ГЦ-пар), температурою відпалювання і методами виявлення продуктів реакції (фарбування бромистим етидієм, радіоавтографія, сріблення). RAPD - аналіз може служити своєрідним експрес-методом виявлення генетичного поліморфізму, що особливо актуально для маловивчених таксономічних груп тварин.

Діагностичні можливості RAPD - технології успішно проілюстровані на численних прикладах опису генетичного різноманіття мікроорганізмів, вищих рослин, безхребетних і хребетних тварин [31-33]. RAPD застосовується також для геномного маркування в популяційних і еволюційних дослідженнях. Наприклад, для різних порід кролів за допомогою ЗП-ПЛР показана видоспецифічність ДНК - патернів [34].

RAPD-аналіз може бути використаний як експрес-метод виявлення генетичного поліморфізму і як джерело унікальних локус-специфічних маркерів. Для отримання локус-специфічних маркерів зацікавив дослідника фрагмент екстрагують з гелю, клонують і секвенують. На основі отриманої сиквененованої послідовності підбирають праймери, які ампліфікують

єдиничний фрагмент з високим ступенем відтворюваності.

Отримані таким способом вторинні маркери названі SCAR-маркерами (Sequence Characterized Amplified Region) [30, 34]. Багато з них є кодомінантними і можуть бути використані як унікальні маркери в різних областях досліджень. Поліморфізм SCAR-маркерів може бути збільшений шляхом рестрикційного аналізу ПЛР - продукту.

Для дослідження варіабельності геному в цілому може бути також використаний метод аналізу AFLP. Цей метод також не вимагає ні попереднього клонування, ні секвенування ДНК. Особливості цього підходу полягають у використанні в якості матриці рестрикційних фрагментів ДНК зі специфічними олігонуклеотидними адаптерами і проведення виборчої ампліфікації із спеціально сконструйованими праймерами. Праймери складаються з фіксованої частини, яка містить послідовність, комплементарних адаптера і сайту рестрикції використаної ендонуклеази (15 нуклеотидів) і короткого фрагмента (на 3' - кінці) з довільною послідовністю нуклеотидів (2 - 4 нуклеотида) [39]. Фіксована частина надає праймеру стабільність і, в результаті, хорошу відтворюваність методу, а коротка послідовність з випадковим набором нуклеотидів дозволяє визначати і контролювати пропорцію лігованих фрагментів, які можуть бути ампліфікованими. З кожною парою праймерів ампліфікують 75-100 фрагментів (AFLP - фінгерпрінтинг), які розділяють в агарозному або поліакриламідному гелі. Оскільки кожен фрагмент являє собою

унікальний сайт, кількість локусів, аналізованих одночасно з кожною комбінацією праймерів, набагато більша, ніж за будь-якої іншої техніки аналізу поліморфізму ДНК. З одного гелю зазвичай вдається отримати до 40 поліморфних локусів. Цей тип поліморфізму ДНК також має домінуючий тип успадкування. AFLP-маркери часто успадковуються як тісно зчеплені кластери в районі центромери або теломери хромосом, але спостерігається і випадковий розподіл маркерів поза цими кластерами, що дозволяє, використовуючи цей підхід, швидко генерувати сотні маркерів [30]. AFLP-маркери були успішно використані для геномного картування [31], в популяційних і філогенетичних дослідженнях [32]. В останні роки ці маркери отримують все більш широке поширення в молекулярно-генетичних дослідженнях різних порід кролів.

Для створення ISSR-маркерів використовують праймери, комплементарні до кінцевої ділянки мікросателітних повторів (4-12 одиниць повтору) і несуть на одному з кінців послідовність з двох-чотирьох довільних нуклеотидів (так званий „якір”). Такі праймери дозволяють ампліфікувати фрагменти ДНК, які знаходяться між двома досить близько розташованими мікросателітними послідовностями (як правило, це унікальна ДНК). В результаті ампліфікують велике число фрагментів, представлених на електрофорезі дискретними смугами (ISSR - фінгерпрінтинг). Отримані патерни ПЛР - продуктів є породоспецифічними [33].

ISSR-маркери також відносяться до маркерів домінуючого типу успадкування, поліморфізм яких

тестується за наявності / відсутності смуги.

Аналогічно RAPD і AFLP для створення ISSR-маркерів не вимагається попереднього знання нуклеотидної послідовності досліджуваної ДНК.

Метод має гарну відтворюваність і поряд з AFLP може бути з успіхом використаний для виявлення міжвидової і внутрішньовидової генетичної мінливості, ідентифікації видів, популяцій, ліній, а в ряді випадків і для індивідуального генотипування [33, 34]. ISSR-маркери можуть бути використані також для картування геному і маркування господарсько-корисних ознак [35, 36].

Мікросателіти – перші, отримані з використанням ПЛР, високо поліморфні маркери для індивідуальних локусів. Подібно мінісателітам, мікросателіти відносяться до диспергованих тандемних повторюваних послідовностей, але одиниці повторів (ди-, три- і тетрануклеотиди) і загальний розмір повторюваної області є значно коротшим (як правило, не більше 100 п.н.). Ці маркери відомі під декількома назвами: мікросателіти, STMS (Sequence Tagged Microsatellite Site), STR (Short Tandem Repeat), SSR (Simple Sequence Repeat) [31]. Для створення STR підбираються праймери до унікальних послідовностей ДНК, які фланкують мікросателітні повтори, що вимагає попереднього знання їх нуклеотидної послідовності. Поліморфізм STR визначається різною копійністю мономерних одиниць в кластері, що призводить до існування множинних аельних варіантів. Гетерозиготність їх дуже висока (часто більше 75%) [33, 35]. При створенні нових поліморфних

маркерів, крім динуклеотидів, використовуються мікросателіти три-і тетрамерні мотиви, значна частина яких також високогетерозиготна. Завдяки більшій довжині ланки, застосування тримерів і тетрамерів дозволяє спростити методику аналізу аельного поліморфізму. Мікросателіти широко поширені геномах тварин.

Незважаючи на високу популярність мікросателітів, вони мають і деякі недоліки. Нерівномірність розподілу різних мікросателітів створює певні складності для популяційно-генетичного аналізу. Є й технічні проблеми, такі як артефакти при проведенні ПЛР [34]. Крім того, незважаючи на високу щільність мікросателітних локусів в геномі, їх буває недостатньо для тонкого картування окремих областей геномів, створення маркерів для локусів кількісних ознак (QTL) і вирішення багатьох інших завдань.

Слід зазначити те, що використання мікросателітних маркерів у молекулярно-генетичних дослідженнях кролів поступово збільшується [37, 38, 45, 46, 58].

Таким чином, на сьогодні, використання ДНК-маркерів в кролівництві є досить вдалим підходом для проведення генетичної парспортизації та виявлення високоцінних генотипів тварин.



## REFERENCES

1. Vakulenko I. S. Krolikovodstvo / I. S. Vakulenko. – Kharkiv, 2008. – 282 p.
2. Bashenko M. I. Krolivnitstvo [Monographiya] / M. I. Bashenko, O. F. Gonhar, E.A. Shevchenko – Cherkassy: Cherkaskiy Institut APV NAAN, 2010. – 185 p.
3. Lebas F. The rabbit – Hunsbary, Health and Production // F. Lebas, P. Coudert, R. Thebault. – FAO, 1986. – 259 p.
4. Bolet G. Evaluation and conservation of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). Genetic resources, first results and inferences // G. Bolet, J. Brun, M. Monnerot, F. Abeni, C. Arnal, J. Arnold, D. Bell, G. Bergoglio, U. Besenfelder, S. Bosze, S. Boucher, N. Chanteloup, M. Ducourouble, M. Durand-Tardif, P. Esteves, N. Ferrand, A. Gautier, C. Haas, G. Hewitt, N. Jehl, T. Joly, T. Laube, S. Lechevestrier, M. Lypez, G. Masoero, J. Menigoz, R. Piccinin, G. Queney, G. Saleil, A. SurrIDGE, J. Vicente, J. Virag, J. Zimmermann // In Proc. 7th World Rabbit Congress, Valencia, Spain, 2000. – P. 281–316
5. Teneva A. Molecular markers in animal genome analysis / A. Teneva // Biotechnology in Animal Hunsbary. – 2009. – № 25. – P. 1267–1284
6. Bolet G. Evaluation and conservation of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). Genetic resources, first results and inferences // G. Bolet, J. Brun, M. Monnerot, F. Abeni, C. Arnal, J. Arnold, D. Bell, G. Bergoglio, U. Besenfelder, S. Bosze, S. Boucher, N. Chanteloup, M. Ducourouble, M. Durand-Tardif, P. Esteves, N. Ferrand, A. Gautier, C. Haas, G. Hewitt, N. Jehl, T. Joly, T. Laube, S. Lechevestrier, M. Lypez, G. Masoero, J. Menigoz, R. Piccinin, G. Queney, G. Saleil, A. SurrIDGE, J. Vicente, J. Virag, J. Zimmermann // In Proc. 7th World Rabbit Congress, Valencia, Spain, 2000. – P. 281–316
7. Sacharczuk M. DNA fingerprinting analysis of rabbits from lines divergently selected for high and low open-field activity / M. Sacharczuk, T. Jezierski, W. Daniewski, A. Gyrecka, R. Parada, A. Swiergiel, K. Jaszczak // Animal Science Papers and Reports. – 2005. – № 23(2). – P. 107–117
8. Fadiel A. Genome analysis of genbank known rabbit genes (*Oryctolagus cuniculus*) / A. Fadiel, G. Ganji, A. Farouk, I. Marai // World Rabbit Scienxe. – 2003. – № 11. – P. 117-136
9. Andersson L. Domestic-animal genomics: deciphering the genetics of complex traits / L. Andersson, M. Georges // Nature Reviews Genetics. – 2004. – № 5(3). – P. 202-212
10. Fadiel A. Farm animal genomics and informatics: an update / A. Fadiel, I. Anidi, K. Eichenbaum // Nucleic acids research. – 2005. – № 33. – P. 6309-6318
11. Van Haeringen W. A. Mapping of a QTL for serum HDL cholesterol in the rabbit using AFLP technology / W. A. Van Haeringen, M. G. Den Bieman, G. F. Gillissen, M. T. Kuiper // Journal of Heredity. – 2004. – № 92(4). – P. 322-326
12. Luikart G. The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing / G. Luikart, P. England, D. Tallmon, S. Jordan, P. Taberlet // Nature Reviews Genetics. – 2003. – № 4. – P. 981–994



13. Gianola D. Genomic-assisted prediction of genetic value with semiparametric procedures / D. Gianola, R. Fernando, A. Stella // *Genetics*. – 2006. – № 173. – P. 1761 – 1776
- Haley C. S. Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using last squares / C. S. Haley, S. A. Knott, J. M. Elsen // *Genetics*. – 2004. – № 136. – P. 1195–1207
- Meuwissen T. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps / T. Meuwissen, M. Goddard // *Genetics*. – 2001. – № 157. – P. 1819–1829
- Piyasatian N. Genomic selection for composite line development using low density marker maps / N. Piyasatian, R. Fernando, J. Dekkers // *Proc. 8th World. Congr. Genetics Appl. Livest Prod., Brasil, 2004.* – № 86. – P. 34-35
- Zhao H. Evaluation of linkage disequilibrium measures between multi-allelic markers and QTL / H. Zhao, D. Nettleton, M. Soller, J. Dekkers // *Genetic Research*. – 2005. – № 86. – P. 77-87
14. Bruford M. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication / M. Bruford, D. Bradley, G. Luikart // *Nature Review Genetics*. – 2003. – № 4. – P. 900–910
- Boel M. Genetic resources in agriculture / M. Boel // *A summary of the projects co-financed under Council Regulation, 2007.* – 50 p.
15. Cockett N. Genome mapping and genomics in domestic animals / N. Cockett, E. Kole, - Chittaranjan, Springer, 2009. – 280 p.
- Chantry-Darmon C. Construction of a cytogenetically anchored-microsatellite map in rabbit / C. Chantry-Darmon, C. Urien, H. Hayes, M. Bertaud, S. Chadi-Taourit, P. Chardon, D. Vaiman, C. Rogel-Gaillard // *Mammalian Genome*. – 2001. – № 6. – P. 442-459
16. Grouchy J. New gene assignments in the rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). Comparison with other species / J. Grouchy // *Human Genetics*. – 2003. – № 63. – P. 48-52
17. Avise J. C. Molecular markers, natural history and evolution. / Avise J.C. – Sinauer, 2003. – 684 p.
18. Willard M. B. Genetically determined protein polymorphism in the rabbit nervous system / M. B. Willard // *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*. – 1976. – № 73(10). – P. 3641-3645
19. Zagaroza M. Genetic distances between rabbit breeds presently bred in Spain / M. Zagaroza, J. Alarriba, B. Amorena // *Animal blood groups and biochemical genetics - 19 International conference on animal blood groups and biochemical polymorphisms, Gottingen, 1987.* – P. 22-23
20. Zutphen L. E. Genetics of a tissue esterase polymorphism (Est-6) in the rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) / L. E. Zutphen, M. G. Bieman, O. V. Deimling // *Biochemical genetic*. – 1987. – № 25. – P. 335–344
21. Arana A. Blood biochemical polymorphisms as markers for genetic characteristics of wild Spanish and domestic rabbits / A. Arana, P. Zaragoza, C. Rodellar, B. Amorena // *Genetica*. – 1989. – № 79. – P. 1–9
22. Bolet G. Relation between litter size and kappa casein genotype in INRA rabbit lines / G. Bolet, J. Brun, M. Monnerot // *7th World Congr. On Genet. Appl. to Livestock Prod. – Brazil, 2003.* – P. 8–10
23. Peterka M. Biochemical-genetic variation and differentiation in wild and domestic rabbits. On the significance of genetic distances, dendrograms and the

- estimation of divergence times in domestication studies / M. Peterka, G. Hartl // *Zeitschrift fur Zoologische Systematik und Evolutionforschung*. – 1995. – № 30. – P. 129–141
24. Grodzicker T. Physical mapping of temperature-sensitive mutations of adenoviruses / T. Grodzicker, J. Wilneiams, P. Sharp, J. Sambrook // *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.* – 1975. – № 39. – P. 439–446
25. Botstein D. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms // *American journal human genetics*. – 1980. – V. 32. – P. 314-331
26. Wallace R. B. DNA recombinant technology / R. B. Wallace - Boca Raton: CRC press, 1983. – 212 p.
27. Saiki R. K. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase / R. K. Saiki, D. H. Gelfand // *Science*. – 1988. – № 2. – P. 487–490
28. Avise J. C. Molecular markers, natural history and evolution. Chapman and Hall: An International Thomson Publishing Company, 1994. – 122 p.
29. Brookes A. J. The essence of SNPs / A. J. Brookes // *Gene*. – 1999. – № 234. – P. 177–186
30. Diribarne M. Detection in exon 9 of the LIPH gene is responsible for the rex hair coat phenotype in rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) / M. Diribarne, X. Mata, C. Chantry-Darmon, A. Vaiman, G. Auvinet, S. Bouet, S. Deretz, E. Cribiu, D. Allain // *PLOS One*. – 2011. – № 28 (4). – P. 1–9
31. Lagziel A. Association between SSCP haplotypes at the ovine growth hormone gene and milk protein percentage / A. Lagziel, E. Lipkin, M. Soller // *Genetics*. – 1996. – № 142 (3). – P. 945–951
32. Yao J. Sequence variations in the bovine growth hormone characterized by single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis and their association with milk production traits in Holsteins / J. Yao, S. Aggrey, D. Zadworny, J. Hayes // *Genetics*. – 1996. – № 144(4). – P. 1809–1816
33. Taylor J. F. Candidate gene analysis of GH1 for effects on growth and carcass composition of cattle / J. F. Taylor, L. L. Coutinho, K. L. Herring, D. S. Gallagher // *Animal genetics*. – 1998. – № 29(3). – P. 194–201
34. Marques R. Effects of genetic polymorphisms at the growth hormone gene on milk yield in Serra da Estrela sheep / R. Marques, I. Santos, N. Carolino, C. Belo, R. Renaville, A. Cravador // *J. Dairy Red.* – 2006. – № 73(4). – P. 394-405
35. Wallis O. Cloning and characterization of the rabbit growth hormone-encoding gene / O. Wallis, M. Wallis // *Gene*. – 1995. – № 3. – P. 253-256
36. McPherron A.C. Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF- $\beta$  superfamily member / A. C. McPherron, A. M. Lawler, S. J. Lee // *Nature*. – 1997. – № 387. – P. 83 – 90
37. Grobet L. A deletion in the bovine myostatin gene causes the double - muscled phenotype in cattle / L. Grobet, D. Poncelet, D. Pirottin, B. Brouwers, J. Riquet, A. Scheberlein, S. Dunner, F. Menissier, J. Massabanda, R. Fries, R. Hanset // *Nature Genetics*. – 1997. – № 17. – P. 71-74

37. Kambadur R. Mutations in myostatin (GDF8) in double-muscled Belgian Blue and Piedmontese cattle / R. Kambadur, M. Sharma, T. Smith, J. Bass // *Genome Research*. – 1997. – № 7. – P. 71–74
38. Casas E. Quantitative analysis of birth, weaning, and yearling weights and calving difficulty in Piedmontese crossbreds segregating an inactive myostatin allele / E. Casas, J. Keele, S. Fahrenkrug, T. Smith, L. Cundiff, R. Stone // *Journal Animal Science*. – 1999. – № 77. – P. 1686–1692
39. Fahrenkrug S. C. Technical note: direct genotyping of the double-muscling locus in Piedmontese and Belgian Blue cattle by fluorescent PCR / S. C. Fahrenkrug, E. L. Casas, J. W. Keele, T. P. Smith // *Journal of Animal Science*. – 1999. – № 77. – P. 2028–30
40. Shevchenko E. A. Visnachennya genotypy kroliv novozelandskoi biloi porodi za lokysom miostatiny / E. A. Shevchenko, K. V. Kopylov // *Mizvidomchii tematichnyi naykoviy zbirnik IRGT NAAN*. – 2012. – Vyp. 46. – P. 277–279.
41. Arthur Double muscling in cattle: A review / P.F. Arthur // *Journal agricultural research*. – 1995. – № 46. – P. 1493–1515
42. Faidel A. Genome analysis of genbank known rabbit / A. Faidel, A. Farouk, I. Marai // *World Rabbit Science*. – 2003. – № 11. – P. 117–136
43. Ornitz D. Fibroblast growth factors / D. Ornitz, N. Itoh // *Genome Biol*. – 2003. – № 2 (3). – P. 1127–1236
44. Gospodarowicz D. Localisation of a fibroblast growth factor and its effect alone and with hydrocortisone on 3T3 cell growth / D. Gospodarowicz // *Nature*. – 1974. – № 249(453). – P. 123–127
45. Hossner K. L. Hormonal regulation of farm animal growth / K. L. Hossner - CABI Publishing, 2008. – 300 p.
46. Yang Q. Fibroblast growth factor 2 promoters primitive endoderm development in bovine blastocyst outgrowths / Q. Yang, S. Fields, K. Zhang, M. Ozawa, S. Johnson, A. Eay // *Biology reproduction*. – 2011. – № 85(5). – P. 946–953
47. Rosenthal A. Large scale production of DNA sequencing templates by microtitre format PCR / A. Rosenthal, O. Coutelle, M. Craxton // *Nucleic Acids Research*. – 1993. – № 21(1). – P. 1773–1784.
48. Mulsant P. A note on linkage between the angora and FGF5 gene in rabbits / P. Mulsant // *World Rabbit Science*. – 2004. – №12(1). – P. 1–6
49. Perry D. Sequence-tagged-site (STS) markers of arbitrary genes: development, characterization and analysis of linkage in black spruce / D. Perry, J. Bousquet // *Genetics*. – 1998. – № 149(2). – P. 1089–1098
50. Germorodt M. Characterization and linkage mapping of 15 porcine STS markers to fine-map chromosomal regions associated with hernia inguinails/scrotalis / Germerodt M., G. Beuermann, W. Rohrer, B. Snelling, C. Brenig // *Animal Genetics*. – 2005. – №39(6). – P. 671–672
51. Korstanje R. Mapping of rabbit chromosome markers generated from a microsatellite-enriched chromosome-specific library / R. Korstanje, G. Gillissen, S.A. Versteeg, H. A. Lith, L. F. Zutphen // *Animal genetics*. – 2003. – №32. – P. 308–312

52. Shevchenko E. A. Vznachennya DNK-polimorfizmy kroliv za ISSR-markerami / E. A. Shevchenko, K. V. Kopilov // Biologia tvarin. – 2011 – Tom 13, № 1-2 – P. 384-391
53. Haeringen W. Polymorphic microsatellite DNA markers in the rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) / W. Haeringen, M. Bieman, L. Zutphen, H. Lith // J.Exp. Animal science. – 1997. – №38. – P. 49-57
54. Rico C. Four polymorphic microsatellite loci for the European wild rabbit, *Oryctolagus cuniculus* / C. Rico, I. Rico, N. Webb, S. Smith, D. Bell // Animal genetics. – 1994. – № 25. – P. 367-370
55. Queney G. Stationary distributions of microsatellite loci between divergent population groups of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) / G. Queney, N. Ferrand, S. Weiss, F. Mougél, M. Monnerot // Molecular biology and evolution. – 2001. – № 18. – P. 2169-2178
56. Mougél F. Nine polymorphic microsatellite loci in the rabbit, *Oryctolagus cuniculus* / F. Mougél, J. Mounolou, M. Monnerot // Animal genetics. – 1997. – № 28. – P. 58-59
57. Shevchenko E. Using DNA markers in selective breeding with different kinds of Ukraine farm animals / E. Shevchenko, O. Berezovsky, K. Kopylova, K. Kopylov // Животновъдни Науки (Journal of animal science). – 2013 – Т.50, № 4. – P. 73-79.
58. Boyko O. Variability breeding and genetic factors formation of productivity american mink input using the method of crossing /O. Boyko, O. Gonchar, O. Gavrish// Збірник наукових праць “Ефективне кролівництво і звірівництво”, Черкаси: Черкаська дослідна станція біоресурсів НААН. 2018. вип. 3 – С. 6-14.

## ОСОБЕННОСТИ СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА В КРОЛИКОВОДСТВЕ ЗА ДНК-МАРКЕРАМИ

Гончар О.Ф., Шевченко Е.А.

Черкасская опытная станция биоресурсов НААН

*Молекулярные маркеры, основанные на полиморфизме ДНК, все больше используются в настоящее время в изучении и сохранении генетического разнообразия сельскохозяйственных животных, в частности кроликов, идентификации индивидуумов, филогенетике, картировании полезных признаков и устойчивости к стрессовым факторам, в селекционном процессе, биотехнологии. Сочетание методов классической селекции кролей с ДНК-анализом исходных форм и гибридных популяций является перспективным направлением исследований, связанных с интенсификацией процесса создания генотипов с заданными параметрами ценных, селекционно значимых признаков. Поэтому использование ДНК-маркирования, как современного генетического метода является важным дополнением к традиционной селекции в животноводстве, а именно в кролиководстве.*

*По результатам собственных и опубликованных другими авторами исследований рассмотрены некоторые актуальные вопросы использования молекулярно-генетических маркеров в селекции сельскохозяйственных животных, преимущественно, кроликов. Обсуждаются возможные перспективные подходы к оценке селективной ценности интегрированных генотипов животных по комплексу генетических систем маркерных генов и оптимизации параметров популяционных генофондов.*

*Отмечается влияние генетических локусов кролей в формировании количественных признаков животных. Обосновывается важность внедрения и использования геномной селекции для раннего прогнозирования плодучести кролей и нахождения высокоценных генотипов животных.*

*Подано основную классификацию ДНК-маркеров, которые используются в молекулярно-генетической паспортизации кролей. Обсуждаются направления увеличения их эффективности, в частности, путем идентификации ДНК-маркеров, полиморфизм которых прямо ассоциированный с изменчивостью хозяйственно-ценных признаков. Подается методология маркировки различных пород кролей за RFLP, ISSR и микросателитными ДНК-маркерами. Обсуждается использование данных геномного тестирования (ДНК-паспортизации) в сохранении генофонда сельскохозяйственных видов животных, а также применение молекулярно-генетических исследований в системе сохранения биоразнообразия.*

**Ключевые слова:** ДНК-маркеры, генотип, кроли, маркер-ассоциированная селекция, селекция, хозяйственно-полезные признаки

## **FEATURES OF GENETIC MONITORING IN RABBIT BREEDING BY DNA MARKERS**

**Gonchar OF, Shevchenko E.A.**

**Cherkasy Experimental Bioresources Station of NAAS**

*Molecular markers based on DNA polymorphism are increasingly used in the study and preservation of the farm animals genetic diversity, particularly in rabbits, the identification of individuals, phylogenetics, the mapping of useful traits and resistance to stress factors, in the selection process, biotechnology. The combination of methods of classical selection of rabbits with DNA analysis of the original forms and hybrid populations is a promising direction of research related to the intensification of the process of creating genotypes with given parameters of valuable, selectionally significant traits. Therefore, using of DNA markers as a modern genetic method and is an important addition to traditional breeding in animal husbandry, namely in the rabbit breeding.*

*According to the results of our own and other studies published by other authors considered some topical issues of the use of molecular genetic markers in the selection of farm animals, mainly rabbits. Possible promising approaches to assessing the selective value of integrated genotypes of animals using the complex of genetic systems of marker genes and optimization of parameters of population gene pools are discussed.*

*The influence of the genetic loci of rabbits in the formation of quantitative traits of animals is noted. The importance of the introduction and use of genomic selection for the early prediction of fetal rabbits and finding high-value animal genotypes is substantiated.*

*The main classification of DNA markers, which are used in molecular genetic certification of rabbits, is submitted. The directions of increasing their efficiency are discussed, in particular, by identifying DNA markers, the polymorphism of which is directly associated with the variability of economically valuable traits. The methodology is used to label various breeds of rabbits for RFLP, ISSR and microsatellite DNA markers. Genomic testing data (DNA certification) in the preservation of the gene pool of agricultural species of animals, as well as the using of molecular genetic research in the of in the system of biodiversity conservation.*

**Keywords: DNA markers, genotype, rabbits, marker-associated selection, selection, economically useful traits**

УДК 628.8: 631.22

## РЕЗУЛЬТАТИ ВИРОБНИЧИХ ВИПРОБУВАНЬ ЕНЕРГОЕФЕКТИВНОЇ СИСТЕМИ ЗАБЕЗПЕЧЕННЯ МІКРОКЛІМАТУ В ПРИМІЩЕННІ ДЛЯ УТРИМАННЯ КРОЛІВ

Довбненко О.Ф., кандидат тех. наук.

Національний науковий центр «Інститут механізації та електрифікації  
сільського господарства» НААН.

*Обґрунтовано переваги застосування УФБ ламп низького тиску для очищення повітря тваринницьких приміщень від шкідливих домішок. Установки на основі УФБ ламп здатні очистити повітря від вірусів та мікробів до 99,9%, а озон ефективно знешкоджує патогенну мікрофлору, аміак (NH<sub>3</sub>), сірководень (H<sub>2</sub>S), метан (CH<sub>4</sub>), вуглекислий газ (CO<sub>2</sub>), знижує вологість повітря. Застосування УФБ установок забезпечує скорочення повітрообміну із зовнішнім середовищем, що призводить до зменшення втрат теплоти з викидним вентиляційним повітрям, зменшення об'ємів вентиляції та підвищує ефективність рекуперації теплоти.*

*Обґрунтована необхідність застосування припливно – витяжних установок рекуперативного типу, в яких за рахунок теплоти викидного повітря відбувається сухий підігрів припливного повітря без змішування потоків. В тваринницьких приміщеннях доцільно застосовувати теплоутилізатори на основі полімерних матеріалів, стійких до агресивного повітряного середовища тваринницьких приміщень.*

*Обґрунтована функціональна схема системи технічних засобів для створення енергоощадного мікроклімату тваринницьких приміщень, яка складається з літньої вентиляції, припливно-витяжних установок з утилізацією теплоти вентиляційних викидів та УФБ установок для очищення повітря від шкідливих домішок.*

## ПАМ'ЯТКА ДЛЯ АВТОРІВ СТАТЕЙ

Мови видання - українська, російська, англійська.

### РЕДАКЦІЙНА ПОЛІТИКА ЩОДО ПУБЛІКАЦІЙ

1. До збірника приймаються статті проблемно-постановчого, узагальнюючого та методичного характеру, в яких висвітлюються результати наукових досліджень з статистичною обробкою даних, що мають теоретичне та практичне значення, актуальні для сільського господарства які раніше не публікувались.

2. Автори несуть відповідальність за оригінальність (плагіат) тексту наукової статті, достовірність наведених фактів, цитат, статистичних даних, власних назв, географічних назв та інших відомостей, а також за те, що в матеріалах не містяться дані, що не підлягають відкритій публікації.

3. Автори дають згоду на збір і обробку персональних даних з метою включення їх в базу даних відповідно до Закону України № 2297-VI «Про захист персональних даних» від 01.06.2010 р. Редакція збірника гарантує, що особисті дані, окрім тих, що публічно подаються у статті, будуть використовуватись виключно для виконання внутрішніх завдань редакції та не будуть поширюватись і передаватись стороннім особам.

4. Автори, які є здобувачами наукового ступеня кандидата наук, аспіранти та магістри повинні вказати наукового керівника.

### ПОРЯДОК ПОДАННЯ НАУКОВОЇ СТАТТІ

До редакції збірника на електронну адресу [bioresurs.ck@ukr.net](mailto:bioresurs.ck@ukr.net) надсилається електронний пакет документів:

- відомості про авторів (формат файлу \*.docx або \*.doc);
- наукова стаття(формат файлу \*.docx або \*.doc);
- оригінал зображень та графіки в електронному вигляді, формату (\*.jpg, \*.png, \*.gif тощо), але не у вигляді текстового документу;
- рецензія, підписана доктором або кандидатом наук і завірена печаткою тієї установи, де працює рецензент (кольорова сканована копія);
- лист-клопотання завірений печаткою тієї установи, де працює автор із проханням публікації (кольорова сканована копія);
- експертний висновок про те, що в матеріалах не містяться дані, які не підлягають відкритій публікації (кольорова сканована копія).

1. Назва кожного документу повинна починатися з Прізвища Ім'я По-батькові автора (*Приклад: Прізвище І.П. Відомості про авторів.; Прізвище І.П. Стаття.; Прізвище І.П. Малюнок1.; Прізвище І.П. Графік1.; Прізвище І.П. Рецензія.; Прізвище І.П. Клопотання.; Прізвище І.П. Експертний висновок.*).

2. Після отримання та розгляду редколегією наукової статті авторам буде надіслано відповідне повідомлення на електронну пошту.

3. Остаточне рішення про публікацію ухвалює редколегія, яка також залишає за собою право на додаткове рецензування, редагування і відхилення наукових статей.

4. Матеріали, оформлені з відхиленням від зазначених нижче вимог щодо порядку подання та оформлення наукової статті, редколегія не розглядає.



## ВИМОГИ ОФОРМЛЕННЯ НАУКОВОЇ СТАТТІ

1. До розгляду приймаються наукові статті обсягом 5-12 сторінок тексту, формат паперу - А4, орієнтація - книжкова, поля з усіх сторін - 20 мм, міжрядковий інтервал - 1, кегль шрифту - 12, гарнітура - Times New Roman, абзацний відступ 1,25 см (для основного тексту анотацій і статті).

2. Структура наукової статті:

- **УДК** (вирівнювання по лівому краю, шрифт - напівжирний).
- **НАЗВА НАУКОВОЇ СТАТТІ** (вирівнювання по центру, шрифт - напівжирний, великі літери);
- Прізвище та ініціали автора (співавторів, вирівнювання по центру, шрифт - звичайний);
- *науковий ступінь, вчене звання, місце роботи* (повна назва структурного підрозділу, вирівнювання по центру, шрифт - звичайний курсив);
- *Анотація основною мовою статті* (вирівнювання по ширині, кегль шрифту - 12, курсив). Обсяг анотації повинен бути не менше 2000 знаків (враховуючи не друковані знаки), містити основні висновки та результати роботи;
- **Ключові слова:** від 5 до 10 слів (вирівнювання по ширині, кегль шрифту - 12, напівжирний курсив);
- Текст наукової статті (вирівнювання по ширині, кегль шрифту - 12, міжрядковий інтервал - 1, абзацний відступ - 1,25 см) із зазначенням наступних елементів:

**Актуальність**, де висвітлюється важливість дослідження

**Мета дослідження**, де вказуються мета і завдання наукового дослідження.

**Матеріали і методи дослідження**, де висвітлюються основні методи і прийоми, застосовані у науковій статті.

**Результати дослідження та їх обговорення**, де висвітлюються основні отримані результати дослідження, подані у науковій статті;

**Висновки і перспективи**, де подаються конкретні висновки за результатами дослідження та перспективи подальших розробок.

**Література** (не менше 8-ми джерел) у порядку згадування або у алфавітному порядку (автоматична нумерація списку, кегль шрифту - 12, міжрядковий інтервал - 1, вирівнювання по ширині). Оформляється за міждержавним стандартом **ДСТУ ГОСТ 7.1:2006**. Посилання оформляються у квадратних дужках.

**References** транслітерований (автоматична нумерація списку, кегль шрифту - 12, міжрядковий інтервал - 1, вирівнювання по ширині).

- **Переклад НАЗВИ СТАТТІ, Прізвище ініціали автора та Анотації з Ключовими словами** двома мовами (вирівнювання по ширині, кегль шрифту - 12, курсив).



3. В наукових статтях не допускається автоматичних переносів слів та використаннямакросів. Абзаци позначати тільки клавішею “Enter” з використанням функції відступів, суворо заборонено застосовувати пробіли або табуляцію (клавіша “Tab”) для абзацування в статті. Не допускається використання ущільненого або розрідженого шрифту:

- **Табличний та графічний матеріал** може бути лише книжкового формату, а його кількість доречною.
- **Таблиця** повинна мати порядковий номер, вказується зліва перед назвою таблиці. Назва таблиці подається над таблицею (кегель шрифту - 12, напівжирний, міжрядковий інтервал - 1,5, вирівнювання по ширині). Текст таблиці подається гарнітурою Times New Roman (кегель шрифту - 10, міжрядковий інтервал - 1).
- **Рисунок** повинен мати порядковий номер та бути цілісним графічним об'єктом (згрупованим); номер і назва вказуються поза об'єктом (кегель шрифту - 12, напівжирний, міжрядковий інтервал - 1, розміщення по ширині).
- Формули (зі стандартною нумерацією) виконуються в редакторі Microsoft Equation.

