

© К. В. Копилов, Е. В. Копылова,  
А. В. Шельов, Е. А. Шевченко,  
А. В. Березовский

Институт разведения и генетики  
животных НААН Украины, Киев;

✿ На примере полиморфизма  
С34Т гена миостатина исследована  
генетическая структура популяции  
кроликов новозеландской  
белой породы. Частоты аллелей  
исследованного гена были  
следующие: С — 0,530, Т — 0,470.  
С использованием линейной  
смешанной модели обнаружено  
влияние генотипа кроликов с  
полиморфными вариантами  
гена миостатина на проявление  
хозяйственно-ценных признаков:  
среднесуточных приростов,  
дифференциальной адаптивности  
к эймериозу.

✿ **Ключевые слова:** кролики;  
полиморфизм ДНК; миостатин;  
хозяйственно-ценные признаки.

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ПО ПОЛИМОРФНЫМ ВАРИАНТАМ ГЕНА *MSTN* И ХОЗЯЙСТВЕННО-БИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ КРОЛИКОВ

### ВВЕДЕНИЕ

Многолетняя практика мирового кролиководства позволила разработать различные методы и подходы создания новых, а также усовершенствование существующих пород: селекция на основании фенотипических проявлений признаков, построение оценочных и селекционных индексов, определение племенной ценности с использованием селекционно-генетической модели наилучшего линейного несмещенного прогноза (Garcia et al., 2011; Laborda et al., 2012; Drouilhet, 2013; Zomeno, 2013).

С развитием молекулярной генетики стала возможной идентификация генов кроликов, ассоциированных с качественными и количественными показателями продуктивности (Fontanezi et al., 2008; Peiro et al., 2008; Jiang M., 2008; Blasco, 2009). При этом дополнительно к традиционным методам отбора можно с успехом проводить селекцию в стадах, используя информацию о генотипах животных по аллелям SNP в этих генах (Fontanezi et al., 2008; Peiro et al., 2008).

На сегодня становится очевидным то, что традиционное проведение отбора и подбора кроликов, а также применение молекулярно-генетических и селекционно-генетических методов, формируют комплексный подход к усовершенствованию различных пород сельскохозяйственных животных (Dekkers, 2004).

Известно, что ген миостатина кроликов связан с формированием признаков мясной продуктивности. Он локализован на седьмой хромосоме, входит в семейство трансформирующего фактора роста (TGF- $\beta$ ) и принимает участие в подавлении развития и дифференцировки скелетных мышц (Arvind et al., 2011). Мутации в гене миостатина, а также их фенотипические эффекты описаны у мясных пород крупного рогатого скота, а также у мышей, собак, человека (McPherron et al., 1997; Grobet et al., 1997). Однонуклеотидный полиморфизм гена миостатина кроликов впервые был описан группой итальянских ученых (Fontanezi et al., 2008).

В связи с вышеизложенным, целью нашей работы было проведение анализа связи генотипа животных по аллелям SNP в гене миостатина с фенотипическим проявлением хозяйственно-ценных признаков.

### МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

В работе использованы образцы крови кроликов новозеландской белой породы (174 головы) из кролефермы «Марчук Н. В.» (п. Ташлык, Смелянский район, Черкасская область, Украина).

Геномную ДНК выделяли из периферической крови животных с использованием стандартного коммерческого набора «ДНК-сорб В» производства «Амплиценс» (Россия), согласно рекомендаций производителя.

Генотипирование кроликов по аллелям SNP С34 Т в гене миостатина проводили методом ПЦР-ПДРФ (Alexander et al., 1988). Для проведения полимеразной цепной реакции в работе использовали реакционную смесь объемом 10 мкл: 1X ПЦР-буфер («Fermentas», Литва); 1 мМ dNTP («Fermentas», Литва), 0,5 мкМ праймера («Амплиценс», Россия), 0,6 единиц Taq-полимеразы («Амплиценс», Россия) и 100 нг геномной ДНК. Амплификацию ДНК

Поступила в редакцию 23.01.2014  
Принята к публикации 25.03.2014

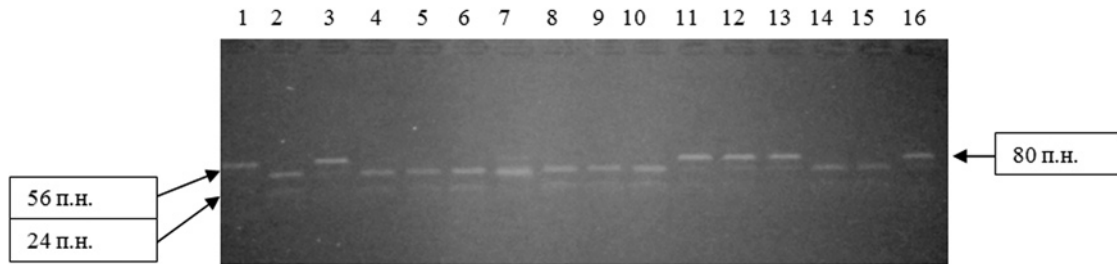


Рис. 1. Рестрикционный анализ гена миостатина кроликов новозеландской белой породы. Гель-электрофорез продуктов ПЦР, гидролизированных эндонуклеазой рестрикции AluI в 3%-м агарозном геле: 1, 3, 11–13, 16 — гомозиготы по аллелю Т; 2, 4–10, 14, 15 — гетерозиготы СТ

исследуемого гена проводили на программируемом четырехканальном термоциклере «Терцик» («ДНК-технология», Россия) с использованием следующих праймеров: 5'-ТААСТGAAAAGAACCCTCTAGTAGC-3' и 5'-TCGGTAGTTGTTCCCACTTT-3'. Условия и температурные режимы амплификации: 5 минут при 95 °С («горячий старт»); 34 цикла: 30 с при 95 °С, 30 с при 66 °С, 60 с при 72 °С, 5 минут при 72 °С.

Рестриктию амплифицированных фрагментов проводили с использованием эндонуклеазы AluI («Fermentas», Литва), согласно рекомендаций производителя. ДНК фрагменты разделяли методом электрофореза в 2% агарозном геле с последующим их окрашиванием в растворе бромистого этидия. Визуализацию осуществляли на трансиллюминаторе в ультрафиолетовом свете с последующим фотографированием электрофореграмм цифровой камерой.

Для анализа связи полиморфизма С34 Т гена миостатина кроликов новозеландской белой породы с мясной продуктивностью применяли смешанную линейную модель (Henderson et al., 1985; Кузнецов, 2003):

$$Y_{ijk} = g_i + a_{ij} + b_{ij} + c_{ij} + e_k \text{ где,}$$

$Y_{ijk}$  — фенотипический показатель j-го животного;

$g_i$  — фиксированный эффект генотипа (СС, СТ, ТТ);

$a_{ij}$  — эффект года рождения j-го животного (2 уровня);

$b_{ij}$  — эффект сезона года рождения j-го животного (4 уровня);

$c_{ij}$  — пол j-го животного (2 уровня);

$e_k$  — остаточный эффект

Популяционно-генетический и биометрический анализ полученных результатов проводили с использованием критерия  $\chi^2$  Пирсона, Стьюдента и Фишера (Shebanina et al., 2008).

Расчеты выполнены с использованием компьютерных программ: Popgene (Yeh et al., 1999), Statistica (Borovikov, 2001), GenStat (GenStat..., 13.11.2013)

## РЕЗУЛЬТАТЫ

В данной работе проведено генотипирование кроликов новозеландской белой породы по аллелям SNP С34 Т в гене миостатина, результаты которого представлены на рисунке 1.

Получены следующие данные: частота аллеля С составила 0,530, а Т — 0,470. На основании частот аллелей определено теоретически ожидаемое число генотипов для панмиксной популяции кроликов новозеландской белой породы (табл. 1). Анализ фактического и теоретического распределения генотипов кроликов по SNP С34 Т в гене миостатина позволил установить, что в популяции животных наблюдается равновесие в соответствии с законом Харди–Вайнберга ( $p > 0,05$ ).

Согласно данным полиморфизма С34 Т гена миостатина кроликов новозеландской белой породы была рассчитана ожидаемая гетерозиготность  $H_o$ , фактическая гетерозиготность  $H_e$ . Для исследуемой популяции животных  $H_o$  равнялась 0,498, а значение  $H_e$  было несколько ниже (0,460).

Для анализа связи полиморфизма С34 Т гена миостатина кроликов новозеландской белой породы с мясной продуктивностью использовали два фенотипических признака: среднесуточные приросты и масса парной тушки (после убоя).

Анализ влияния SNP С34 Т в гене миостатина на среднесуточный прирост кроликов позволил выявить следующие закономерности. Гетерозиготные особи с генотипом

Таблица 1

### Распределение генотипов СС, СТ, ТТ гена MSTN кроликов новозеландской белой породы

Распределение	СС		СТ		ТТ	
	Количество	%	Количество	%	Количество	%
Фактическое	53,0	30	80,0	46	41,0	24
Теоретическое	49,7	29	86,6	49	37,7	22
Статистики	$df = 2, \chi^2_{st} = 5,99, \chi^2_f = 0,02, p > 0,05$					
df — число степеней свободы, $\chi^2$ — критерий Пирсона, p — уровень значимости						

Таблица 2  
Фенотипическая изменчивость массы парной тушки кроликов новозеландской белой породы разных генотипов, полиморфных по гену миостатина, г

Генотип	n	$M \pm m$	$S_v$
СС	53	$1500 \pm 134$	24,5
СТ	80	$1570 \pm 136$	15,6
ТТ	41	$1534 \pm 142$	19,4
Среднее по выборке	174	$1535 \pm 135$	20,1

СТ имели показатели среднесуточных приростов выше, чем гомозиготы по аллелю С на 2,3 % ( $39,0 \pm 0,3$  г против  $38,2 \pm 0,2$  г,  $t_f = 2,3$ ,  $t_{st} = 2,09$ ,  $p < 0,05$ ). Значение среднесуточных приростов у гомозигот по аллелю Т было ниже, чем у гетерозигот СТ на 2,6 % ( $38,2 \pm 0,2$  г против  $39,0 \pm 0,3$  г,  $t_f = 2,33$ ,  $t_{st} = 2,13$ ,  $p < 0,05$ ). Анализ распределения генотипов кроликов новозеландской белой породы по второму фенотипическому признаку позволил установить, что животные с генотипом СТ имели на 35,3 г выше массу парной тушки, чем среднее значение по стаду ( $p < 0,05$ ) (табл. 2).

Установлено что статистически значимым было влияние фактора генотипа, пола животных и сезона рождения на среднесуточные приросты (25 % —  $p < 0,05$ , 6 % —  $p < 0,05$  и 7 % —  $p < 0,05$  соответственно) (табл. 3). Влияние перечисленных выше факторов на реализацию второго фенотипического признака — масса парной тушки оказалось недостоверным.

## ОБСУЖДЕНИЕ

В ряде научных работ показано, что возникновение однонуклеотидных замен в гене миостатина млекопитающих обуславливает ускоренное развитие мышечной ткани и появление так называемой «двойной мускулатуры животных» (Wiener et al., 2002; Grisolia et al., 2009).

В нашей работе мы исследовали ассоциацию С34 Т полиморфизма гена миостатина кроликов с их хозяйственными и биологическими особенностями.

Согласно соотношению количества генотипов СС, СТ и ТТ кроликов по аллелям SNP С34 Т в гене миостатина рассчитанная частота аллеля С составила 0,530, а аллеля Т — была в 1,13 раз меньше (0,470).

Польские исследователи установили, что для кроликов новозеландской белой породы частота аллеля С составила 0,618, а частота аллеля Т — 0,382 (Rafayova et al., 2009). В результате генотипирования кроликов породы Польский гермелин они получили следующие данные: для аллеля С частота была равна 0,558, а для аллеля Т — 0,442.

Другой группой китайских исследователей было установлено, что для популяции кроликов породы Шампань соотношение частот аллелей С: Т равнялась 0,580:0,420 (Peng et al., 2013). Кролики породы Тианфу имели следующие частоты аллелей относительно полиморфных вариантов гена миостатина: С — 0,760, а Т — 0,240. Следует отметить то, что ученые, проанализировав генерализированную модель, в которую входили также генотип и пол ученые пришли к выводу, что полиморфные варианты гена миостатина кроликов имеют наибольшее влияние на проявление фенотипического признака живой массы в 84 дневном возрасте — 50 %. Степень влияния генотипа кроликов новозеландской белой породы на проявление признака среднесуточных приростов в нашей работе была в 2 раза меньшей (25 %).

Тестирование случайной выборки кроликов новозеландской белой породы ( $n = 63$ ), проведенной после заболевания животных эймериозом (кокцидиозом) показало, что распределение и соотношение генотипов имело статистически значимое отклонение от теоретически ожидаемого ( $df = 2$ ,  $\chi_{st} = 13,82$ ,  $\chi_f = 79,05$ ,  $p < 0,001$ ). Почти в три раза уменьшилась частота аллеля Т, который обуславливает функциональную активность миостатина ( $C^{MSTN} = 0,797$ ;  $T^{MSTN} = 0,203$ ).

Известно, что заболевание кроликов эймериозом сопровождается развитием воспалительных процессов в печени, а также параличом мышц конечностей (Hascourt-Brown F., 2002). С нашей точки зрения, животные-носители аллеля Т, у которых подавлено развитие и дифференцировка поперечно-полосатой мышечной ткани, имеют меньшую устойчивость к инфекционным заболеваниям с похожими симптомами. Возможно, гомозиготы по аллелю С имеют селективное преимущество перед гомозиготами по аллелю Т.

С использованием REML линейной смешанной модели мы определили статистически значимое влияние генотипа на хозяйственно-биологические признаки кроликов

Таблица 3

Оценка влияния генотипических и паратипических факторов на хозяйственно-ценные признаки кроликов новозеландской белой породы

Фактор	Среднесуточные приросты		Масса парной тушки	
	$\eta^2$	p	$\eta^2$	p
Генотип (СС, СТ, ТТ за С34 Т полиморфизмом гена миостатина)	0,25	<0,05	0,12	>0,05
Пол животных	0,06	<0,05	0,07	>0,05
Сезон года рождения	0,07	<0,05	0,10	>0,05
Год рождения	0,03	>0,05	0,05	>0,05
$\eta^2$ — сила влияния фактора				

(среднесуточные приросты, адаптивность к заболеваниям). Похожие результаты были получены итальянскими учеными (Fontanessi et al., 2011) при анализе фенотипического признака — среднесуточные приросты. С другой стороны, группа исследователей под руководством Bindu K. продемонстрировала, что однонуклеотидный полиморфизм С34 Т в гене миостатина кроликов ассоциирован с живой массой животных до убоя (разница между выборками статистически не значима) (Bindu K. et al., 2012).

Полученные данные могут быть использованы для отбора желательных генотипов по аллелям гена миостатина.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Боровиков В. (2001) **STATISTICA: Искусство анализа данных на компьютере. Для профессионалов.** СПб.: Питер.
2. Кузнецов В. М. (2003) **Методы племенной оценки животных с введением в теорию BLUP.** Киров: Зональный НИИСХ Северо-Востока.
3. Шебаніна О. В., Крамаренко С. С., Гончаров В. М. (2008) **Методи непараметричної статистики. Практикум з біометрії.** Миколаїв: МДАУ.
4. Alexander L. J., Stewart A. F., Mackinlay A. G. (1988) **Isolation and characterization of the bovine K-casein gene.** *Eur. J. Biochem.* V. 178 (2): P. 395–401.
5. Arvind S., Chetan V., Avinash M. (2011) **Molecular cloning and characterization of rabbit myostatin gene.** *The IOVB journal.* N 5: P. 1–6
6. Bindu K., Raveendran A., Antony S., Raghunandan K. (2012) **Association of myostatin gene (MSTN) polymorphism with economic traits in rabbits.** In: *Fibre Production in South American Camelids and Other Fibre Animals*, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, Netherlands, p. 131–133.
7. Blasco A. (2009) **Expression of progesterone receptor related to polymorphisms in the progesterone receptor.** In *Proc 9th World Rabbit Congress, Italy, Verona.* P. 217–220.
8. Dekkers C. M. (2004) **Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons.** *Journal of Animal Science.* V. 82 (13): P. 313–328
9. Drouilhet L. (2013) **Genetic parameters for two selection criteria for feed efficiency in rabbits.** *Journal of Animal Science.* V. 91 (7): P. 3121–3128.
10. Fontanezi L., Tazolli M., Scotti E. (2008) **Analysis of candidate genes for meat production traits in domestic rabbit breeds.** In *Proc 9th World Rabbit Congress, Italy, Verona,* p. 79–84.
11. Garcia Y., Mastache E., Gusman G. (2011) **Genetic components of the traits of prolificacy and mortality at birth in a diallel cross between five rabbit breeds.** *Cuban Journal of Agricultural Science.* V. 45. (1): P. 15–19.
12. GenStat. VSN International. Cited 19.11.2013. URL: <http://www.vsn.co.uk/software/genstat>.
13. Grisolia A., D'Angelo G., Neto L., Siqueira F., Garcia J. (2009) **Myostatin (GDF8) single nucleotide polymorphisms in Nellore cattle.** *Genet. Mol. Res.* N 8: P. 822–830.
14. Grobet L., Poncelet D., Pirottin D., Brouwers B., Riquet J., Scheberlein A., Dunner S., Menissier F., Masabanda J., Fries R., Hanset R. (1997) **A deletion in the bovine myostatin gene causes the double — muscled phenotype in cattle.** *Nature Genetics.* N 17: P. 71–74.
15. Henderson C. R. (1985) **MIVQUE and REML estimation of additive and non-additive genetic variances.** *Journal of Animal Science.* V. 61: P. 113–121.
16. Hascourt-Brown F. (2002) **Textbook of rabbit medicine.** Elsevier Ltd.
17. Laborda P., Moce M., Blasco A., Santacreu M. (2012) **Selection for ovulation rate in rabbits: genetic parameters and correlated responses on survival rates.** *Journal of Animal Science.* V. 90 (2): P. 439–446.
18. McPherron A. C., Lawler A. M., Lee S. J. (1997) **Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF- $\beta$  superfamily member.** *Nature.* N 387: P. 83–90
19. Peiro M., Merchan M., Santacreu M., Argente I., Garcia D., Folch J., Blasco A. (2008) **Identification of single-nucleotide polymorphism in the progesterone receptor gene and its association with reproductive traits in rabbits.** *Genetics.* N 180: P. 1699–1705
20. Peng J., Gong W., Wen-Xiu Z., Yun-Fu L., Yu Y., Song-Jia L. (2013) **Rapid genotyping of MSTN gene polymorphism using high-resolution melting for association study in rabbits.** *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences.* Vol. 26 (1): P. 30–35.
21. Rařayova A., Lieskova A., Kovacik A. (2009) **Detection of MSTN polymorphism in rabbit.** In *Lucrari științifice Zootehnie și Biotehnologii.* N 42: P. 637–641.
22. Yeh F. C., Rongcai Y., Boyle T. **POPGENE. Version 1.31.** — Edmonton: Univ. Alberta, 1999. URL: [http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene\\_download.html](http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html) (дата обращения: 29.10.13)
23. Jiang M., Chen S., Lai S., Deng X., Wan J. (2008) **Association between single nucleotide polymorphism of MC4R gene and carcass traits in rabbits.** *Yi Chuan.* V. 30 (12): P. 1574–1578.
24. Wiener P., Smith J., Lewis A., Woolliams J., Williams J. (2002) **Muscle-related traits in cattle: the role of the myostatin gene in the South Devon breed.** *Genet. Sel. Evol.* N 34: P. 221–232.
25. Zomeno C., Hernandez P., Blasco A. (2013) **Divergent selection for intramuscular fat content in rabbits. Direct response to selection.** *Journal of Animal Science.* V. 91 (9): P. 4526–4531.

**POPULATION GENETIC STRUCTURE AND INFLUENCE OF MSTN GENE POLYMORPHISM ON ECONOMIC AND BIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF RABBITS**

Kopilov K. V., Kopylova Ye. V., Shelov A. V., Shevchenko Ye. A., Berezovskiy A. V.

✿ **SUMMARY:** Genetic structure of a population of New Zealand White rabbits was studied using myostatin C34T gene polymorphism. Following allele frequencies of this gene were determined: C — 0.530 and T — 0.470. Using the linear mixed model we found a connection between rabbit genotype (a polymorphic variant of myostatin gene) and economically important traits such as average daily gain and differential adaptability to coccidiosis. Our data demonstrate that genotype, gender and season of birth had a statistically significant influence on the average daily weight gain (25 %, 6 %, and 7 %, respectively) but not on the carcass weight. It was found that heterozygous CT animals had a higher daily average gain than CC by 2.3 % and than TT homozygotes by 2.6 %. Analysis of genotype distribution in the second phenotypic trait, carcass weight, revealed that animals with the CT genotype had index higher by 35.3 than the average of the herd. We suggest that molecular genetic analysis of rabbits would make it possible to select «desirable» allelic variants of the myostatin gene in the early stages of postnatal ontogenesis. This in turn would allow to complete the herd of the best animals to improve the economic and biological indicators in modern rabbit breeding industry.

✿ **KEY WORDS:** rabbits; DNA polymorphism; myostatin; economically valuable signs.

✿ **REFERENCES (TRANSLITERATED)**

1. Borovikov B. (2001) *STATISTICA: Iskusstvo analiza dannykh na kompyutere. Dlya professionalov [STATISTICA: Art of computer data analysis. For professionals]*. St. Petersburg.
2. Kuznetsov V.M. (2003) *Metody plemennoy otsenki zhivotnykh s vvedeniem v teoriyu BLUP [Methods of animal breeding estimation with introduction to BLUP theory]*. Kirov: Zonal SIA Nord-Ost.
3. Alexander L.J., Stewart A.F., Mackinlay A.G. (1988) **Isolation and characterization of the bovine K-casein gene.** *Eur. J. Biochem.* V. 178 (2): P. 395–401.
4. Arvind S., Chetan V., Avinash M. (2011) **Molecular cloning and characterization of rabbit myostatin gene.** *The IOVB journal.* N 5: P. 1–6.
5. Bindu K., Raveendran A., Antony S., Raghunandan K. (2012) **Association of myostatin gene (MSTN) polymorphism with economic traits in rabbits.** In: *Fibre Production in South American Camelids and Other Fibre Animals*, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, Netherlands. P. 131–133.
6. Blasco A. (2009) **Expression of progesterone receptor related to polymorphisms in the progesterone receptor.** In Proc 9th World Rabbit Congress, Italy, Verona. p. 217–220.
7. Dekkers C.M. (2004) **Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons.** *Journal of Animal Science.* V. 82 (13): P. 313–328.
8. Drouilhet L. (2013) **Genetic parameters for two selection criteria for feed efficiency in rabbits.** *Journal of Animal Science.* V. 91 (7): P. 3121–3128.
9. Fontanezi L., Tazolli M., Scotti E. (2008) **Analysis of candidate genes for meat production traits in domestic rabbit breeds.** In Proc 9th World Rabbit Congress, Italy, Verona, p. 79–84.
10. Garcia Y., Mastache E., Gusman G. (2011) **Genetic components of the traits of prolificacy and mortality at birth in a diallel cross between five rabbit breeds.** *Cuban Journal of Agricultural Science.* V. 45 (1): P. 15–19.
11. GenStat. VSN International. Cited 19.11.2013. URL: <http://www.vsn.co.uk/software/genstat>.
12. Grisolia A., D'Angelo G., Neto L., Siqueira F., Garcia J. (2009) **Myostatin (GDF8) single nucleotide polymorphisms in Nellore cattle.** *Genet. Mol. Res.* N 8: P. 822–830.
13. Grobet L., Poncelet D., Pirottin D., Brouwers B., Riquet J., Scheberlein A., Dunner S., Menissier F., Masabanda J., Fries R., Hanset R. (1997) **A deletion in the bovine myostatin gene causes the double — muscled phenotype in cattle.** *Nature Genetics.* N 17: P. 71–74.
14. Henderson C.R. (1985) **MIVQUE and REML estimation of additive and non-additive genetic variances.** *Journal of Animal Science.* V. 61: P. 113–121.
15. Hascourt-Brown F. (2002) **Textbook of rabbit medicine.** Elsevier Ltd.
16. Laborda P., Moce M., Blasco A., Santacreu M. (2012) **Selection for ovulation rate in rabbits: genetic parameters and correlated responses on survival rates.** *Journal of Animal Science.* V. 90 (2): P. 439–446.
17. McPherron A. C., Lawler A. M., Lee S. J. (1997) **Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF- $\beta$  superfamily member.** *Nature.* N 387: P. 83–90.
18. Peiro M., Merchan M., Santacreu M., Argente I., Garcia D., Folch J., Blasco A. (2008) **Identification of single-nucleotide polymorphism in the progesterone receptor gene and its association with reproductive traits in rabbits.** *Genetics.* N 180: P. 1699–1705.
19. Peng J., Gong W., Wen-Xiu Z., Yun-Fu L., Yu Y., Song-Jia L. (2013) **Rapid genotyping of MSTN gene polymorphism using high-resolution melting for association study in rabbits.** *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences.* V. 26 (1): P. 30–35.
20. Rafayova A., Lieskova A., Kovacik A. (2009) **Detection of MSTN polymorphism in rabbit.** In *Lucrari stiintifice Zootehnie si Biotehnologii.* N 42: P. 637–641.
21. Shebanina O.V., Kramarenko S.S., Honcharov V.M. (2008) **Metody neparametrychnoyi statystyky. Prak-**

- tykum z biometriyi [Methods of nonparametric statistics. Workshop of biometrics]. Nikolaev: MSAU.
22. Yeh F. C., Rongcai Y., Boyle T. **POPGENE. Version 1.31.** — Edmonton: Univ. Alberta, 1999. URL: [http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene\\_download.html](http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html) (дата обращения: 29.10.13)
23. Jiang M., Chen S., Lai S., Deng X., Wan J. (2008) **Association between single nucleotide polymorphism of MC4R gene and carcass traits in rabbits.** *Yi Chuan.* Vol 30 (12): P. 1574–1578.
24. Wiener P., Smith J., Lewis A., Woolliams J., Williams J. (2002) **Muscle-related traits in cattle: the role of the myostatin gene in the South Devon breed.** *Genet. Sel. Evol.* N 34: P. 221–232.
25. Zomeno C., Hernandez P., Blasco A. (2013) **Divergent selection for intramuscular fat content in rabbits. Direct response to selection.** *Journal of Animal Science.* V. 91 (9): P. 4526–4531.

✉ Информация об авторах

**Копылов Кирилл Вячеславович** — старший научный сотрудник, доктор сельскохозяйственных наук. Отдел генетики. Институт разведения и генетики животных НААН Украины. 01001, Киев, бульв. Верховного Совета, д. 8/20. E-mail: kopylkir@ukr.net.

**Копылова Екатерина Вячеславовна** — старший научный сотрудник, доктор сельскохозяйственных наук. Отдел генетики. Институт разведения и генетики животных НААН Украины. 01001, Киев, бульв. Верховного Совета, д. 8/20. E-mail: kopylkir@ukr.net.

**Шельов Андрей Владимирович** — научный сотрудник, кандидат сельскохозяйственных наук. Отдел генетики. Институт разведения и генетики животных НААН Украины. 01001, Киев, бульв. Верховного Совета, д. 8/20. E-mail: shelyov@mail.ru.

**Шевченко Евгений Анатольевич** — научный сотрудник. Отдел генетики. Институт разведения и генетики животных НААН Украины. 18006, Черкассы, бульв. Шевченко, д. 398. E-mail: shevchenko.e.a.ser@gmail.com.

**Березовский Алексей Васильевич** — научный сотрудник. Отдел генетики. Институт разведения и генетики животных НААН Украины. 01001, Киев, бульв. Верховного Совета, д. 8/20. E-mail: ol11111bz@gmail.com.

**Kopylov Kirill Vyacheslavovich** — Senior Researcher, Doctor of Agricultural Sciences. Department of Genetics. Institute of Animal Breeding and Genetics NAAS of Ukraine. 01001, Kiev, bulv. Verkhovnoho Soveta, 8/20, Ukraine. E-mail: kopylkir@ukr.net.

**Kopylova Yekaterina Vyacheslavovna** — Senior Researcher, Doctor of Agricultural Sciences. Department of Genetics. Institute of Animal Breeding and Genetics NAAS of Ukraine. 01001, Kiev, bulv. Verkhovnoho Soveta, 8/20, Ukraine. E-mail: kopylkir@ukr.net.

**Shelov Andrey Vladimirovich** — Researcher, Candidate of Agricultural Sciences. Department of Genetics. Institute of Animal Breeding and Genetics NAAS of Ukraine. 01001, Kiev, bulv. Verkhovnoho Soveta, 8/20, Ukraine. E-mail: shelyov@mail.ru.

**Shevchenko Yevgeniy Anatolyevich** — Researcher. Department of Genetics. Institute of Animal Breeding and Genetics NAAS of Ukraine. 18006, Cherkassy, bulv. Shevchenko, 398, Ukraine. E-mail: shevchenko.e.a.ser@gmail.com.

**Berezovskiy Aleksey Vasilyevich** — Researcher. Department of Genetics. Institute of Animal Breeding and Genetics NAAS of Ukraine. 01001, Kiev, bulv. Verkhovnoho Soveta, 8/20, Ukraine. E-mail: ol11111bz@gmail.com.