

A MAGYAR ÓRIÁS NYÚL GÖDÖLLŐI ÁLLOMÁNYÁNAK GENETIKAI FELMÉRÉSE ÉS KAPCSOLATA A TERMELEÉSSEL

EIBEN CS.^{1*}, MÉSZÁROS M.¹, FRANK P.¹, PUSZTAY F.¹, HUDÁK P.¹, BUDA K.A.¹, VÉGI B.¹, DROBNYÁK Á.¹, BARNA J.¹, LIPTÓI K.¹, BENEDEK I.², MOLNÁR T.¹

¹ Nemzeti Biodiverzitás- és génmegőrzési Központ, HGI, 2100 Gödöllő, Isaszegi út 200.

² Magyar Agrár- és Élettudományi Egyetem, Kaposvári Campus, ÁTI, 7400, Kaposvár, Guba S. u. 40.

*E-mail: eiben.csilla@nbgk.hu

ABSTRACT – Preliminary results in the genetic diversity and production of the Gödöllő stock of the Hungarian Giant rabbits.

There are few reports on the genetics and its effect on the performance in the local Hungarian Giant rabbit breed. Our aim was to perform a preliminary microsatellite genotyping with five markers (STR-9, STR-15, STR-19, STR-28, STR-31) and based on this to compare the production of the rabbit does (n=40) clustering into different genetic groups. As a result of the STRUCTURE analysis, we were able to define two clusters within the stock. The level of diversity of the nucleus population was similar to that of the domesticated breeds, but the clusters differed from each other. Doe body weight was not affected by the genetic cluster. At 1st parity doe live weight at 3 wk of lactation was lower (P=0.014) than at the 2nd to 4th parities (5891 vs 6549 to 6857 g). The number of reared kits seemed (P=0.087) to be higher in rabbits in cluster two (7.17 vs 5.70). Considering also the teat number, rabbits in cluster two produced 24% more (+1.37; P=0.034) 9-wk-old rabbits than in cluster one (7.08 vs 5.71). The 3-9 wk live weight of the growing rabbits was not affected by the cluster. The 16 wk body weight of rabbits in cluster one seemed to be bigger (4326 vs 4035 g; P=0.09). Sex had no effect on kit body weight and growth rate which were influenced by birth season. Further marker analysis with more rabbits and more detailed evaluation (cluster x teat number interaction, parity, season) are needed to obtain reliable results.

Keywords: Hungarian Giant rabbit, microsatellite, litter size, growth

BEVEZETÉS

A nyúl genetikai erőforrások segíthetnek a fontosabb morfológiai és élettani tulajdonságok változatosságának genetikai szintű magyarázatában (FONTANESI, 2021). A kis létszám miatt a világon sok helyi nyúlfajta veszélyeztetett, genetikai változékonyságuk feltárása alapvető a helyes génmegőrzési programjuk (ALLAM és MAHROUS, 2021), de a gazdasági mutatókért felelős lokuszok meghatározásához is (BEN LARBI és mtsai, 2014; HELAL és mtsai, 2021). Gond, hogy kevés a génbankban őrzött genetikai anyag a helyi fajtáktól (LEROY és mtsai, 2019). Az őshonos fajták genetikai értéke régóta elfogadott, a kulturális értékük kap újabban egyre nagyobb hangsúlyt (OVASKA és mtsai, 2021). Sok nyúlfajta küllemi változatosságának teljes genetikai képe még hiányzik, nem csak a szőrszín (UTZERI és mtsai, 2021), de a testméret és a termelési mutatók esetén is (BALLAN és mtsai, 2022). A fajta meghatározás eszköze a genetikai (pl. mikroszatellit, SNP), a küllemi és a funkcionális (pl. szaporaság, növekedés, tej, hús) jellemzés (BERMEJO és mtsai, 2019). Több ország vizsgálja nyúlfajtáit és keresi hasznosításukat (KOWALSKA és BIELANSKI, 2011; BEN LARBI és mtsai, 2012; TŰMOVÁ és mtsai, 2013; EL-SABROUT és AGGAG, 2015; VAŠIČKOVÁ és mtsai, 2016; EMAM és mtsai, 2017; BADR és mtsai, 2019; SAVIETTO és mtsai, 2021ab). A magyar óriás (MO) nyúlfajtáról BOLET és mtsai (2000), VIRÁG és mtsai (2002, 2003ab), SZENDRŐ és mtsai (2014) DALLE-ZOTTE és mtsai (2015), ALVES és mtsai (2015) közöltek adatokat. A gödöllői MO nukleusz populáció termeléséről tavaly számoltunk be (EIBEN és mtsai, 2021ab).

Jelen kutatás célja a gödöllői MO állományon végzett előzetes mikroszatellit marker vizsgálat és az ennek alapján két genetikai klaszterbe sorolt nyulak termelésének az összehasonlítása.

ANYAG ÉS MÓDSZER

Tartás, takarmányozás, tenyésztés

A nyulakat (2021-től „Magyar Óriásnyúl”) műanyag taposórácscsal és külső fialó ládával (64 x 31 x 38 cm) felszerelt drótrács oldalú és tetejű környezetgazdagított ketrecekben (95 x 116 x 70 cm) tartottuk. A napi világítás 16 óra volt a kis ablakokon át természetes fényt is nyújtó épületben. Nyáron a hőmérséklet 20-28°C, télen 8-15°C közötti volt. A nyulak a takarmányt (9,91 MJ/kg emészthető energia, 16,5% nyersfehérje, 2,3% nyerszsír, 15,8% nyersrost), a fűszénát és az ivóvizet szabadon fogyasztották. A nyulakat a hét hetes elválasztás után természetes módon pároztattuk, 2018 október és 2021 március között, nyári pihenővel.

Genetikai vizsgálat

A DNS-kivonást combtájékról vett szőrmintákból végeztük (n=40). A szőrhagymákat levágva 5%-os Chelex gyanta segítségével (WALSH és mtsai 1991) a standard eljárással 400µl kellő tisztaságú DNS-oldatot kaptunk. A DNS-oldatot 55ng/µl koncentrációra állítottunk be. Felhasználásig a mintákat -20 °C-on fagyasztva tároltuk. A szakirodalomból (ALVES és mtsai 2015) öt faj specifikus mikroszatellit markert választottunk ki (*1. táblázat*).

1. táblázat: A genetikai vizsgálatban használt öt mikroszatellit marker

(Table 1: The five microsatellite genetic markers used at genotyping)

Lókusz	TA	Primer szekvencia
STR-9	63	5' GATCTGGGACTCCAGAGTGTG 3'NED
		5' GAACACCGGTCTGGATGG 3'
STR-15	63	5' GTTCACTTTTGCTTGCCAGTT 3'FAM
		5' TCTGCAGGCATCCACTAACTT 3'
STR-19	63	5' AACACTTGCCCTCTTTTCAT 3'NED
		5' CAGGTTGTGGGAGTTCTTGTC 3'
STR-28	63	5'GATCCAGTCATGGTGTGTGTG 3'PET
		5' TAGGGCTGGGTTTTTATCTGG 3'
STR-31	63	5' ATCCTCTCTCCTTTGCATGG 3'VIC
		5' TCCAGTGGTCTGCTTTTTCA 3'

A PCR reakcióelegy végtérfogata 10 µl volt, az alábbi összetevőkkel: 1µl genomiális DNS-oldat (55ng/ µl), 5µl 2x Platinum Superfi MasterMix, 2µl 5x Enhancer, 0,5-0,5µl 10µM-os forward-és reverz primerek, 1µl desztillált víz. A használt hőmérséklet-kondíciók: 95°C 15 perc, majd 35 ciklus (95°C 30 másodpercig, 63 °C 30 másodpercig, 72°C 45 másodpercig), végül 15 perc 72°C-on. A DNS-amplifikációhoz fluorescens végjelöléssel ellátott forward primert használtunk. A fragmens hosszpolimorfizmus-vizsgálathoz LIZ-500 méret standardet (Life Technologies, USA) végeztük ABI 3500-as genetikai analizátoron (Applied Biosystems, USA). Az eredményeket GeneMapper 4.1. programmal (Thermo Fisher Scientific, USA) értékeltük. Az állományon belül a genetikai klaszterek számának meghatározását a STRUCTURE v2.3.3 programmal végeztük (futások száma 10/K, burn in 10⁴, MCMC ismétlések száma 10⁵) (PEAKALL és SMOUSE 2012; FALUSH és mtsai, 2003). A legvalószínűbb klaszterszám meghatározása STRUCTURE HARVESTER programmal történt (EARL és VONHOLDT, 2012). A genetikai diverzitáson belül a megfigyelt heterozigotizást (H₀), az elvárt heterozigotizást (H_e), a fixációs index (F), az allélszám (N_a), az effektív allélszám (N_e)

értékének meghatározását és a Hardy–Weinberg-egyensúly tesztelését, az AMOVA analízist és a genetikai távolságokon alapuló főkoordináta analízist (PCoA) a GENALEX program 6.5-ös verziójával (PEAKALL és SMOUSE, 2012) végeztük. Az UPGMA fa a MEGA 11 program segítségével lett felépítve (TAMURA és mtsai, 2021).

Adatgyűjtés, értékelés

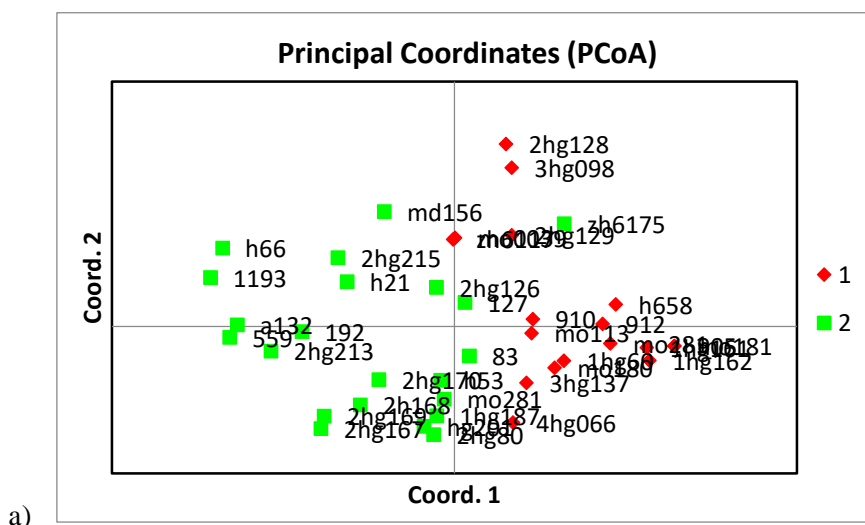
A felnőtt, a szopós és a növendéknyulak testsúlyát egyedileg mértük vagy kiszámítottuk (alomsúly/nyulak száma). A genetikai klaszternek, a fialás számának, a csecsbimbószámának, az ivarnak és az évszoknak az alomlétszámra és a növekedésre kifejtett hatását varianciaanalízissel, a Statgraphics 6.0 (1992) programmal végeztük.

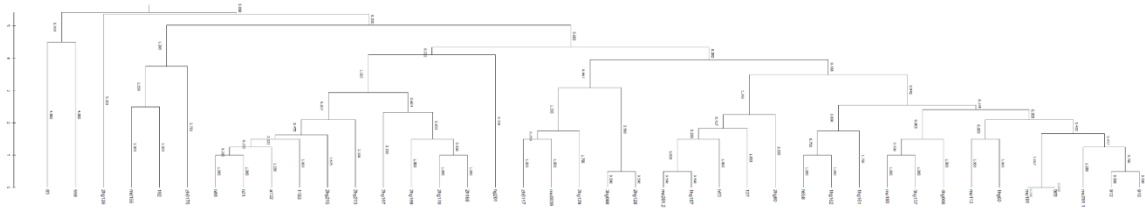
EREDMÉNYEK ÉS ÉRTÉKELÉSÜK

Genetikai analízis

A STRUCTURE analízis eredménye, hogy a legvalószínűbb klaszter szám $K=2$, tehát az állomány két genetikai klaszterre osztható. Az AMOVA analízis alapján a két klaszter közti differenciáció magas értékű, a genetikai variancia 15,2%-át adja ($F_{ST}=0,153$; $P=0,001$). Az egyedek közti variancia 5%, míg az egyeden belüli variancia 79% volt. Ettől függetlenül azonban az egyedek egymással sok esetben szoros rokonsági kapcsolatban voltak (*1b ábra*). Az *1. ábra* mutatja a két klaszter elkülönülését a PCoA-genetikai távolságok és az egyedek genetikai fája (UPGMA-tree egyedi genetikai távolságok) alapján.

A vizsgált markerek közül az STR-28 szignifikánsan eltért a Hardy-Weinberg egyensúlytól, és ezt heterozigóta hiány okozta. Ez a marker a két klaszterben külön vizsgálva is mindkét klaszterben heterozigóta hiányt mutatott, míg az egyes klaszterben az STR-19 monomorfának bizonyult. Állomány szinten és a két klaszterben is a fixációs index nulla körüli értéken mozgott, nem mutatta a beltenyésztés jelét. Az allélek és az effektív allélek száma is a kettes klaszterben bizonyult magasabbnak. Az allélszám kicsit elmaradt ALVES és mtsai (2015) által a MO fajtában mért eredményektől ($N_a=2,93$) és a domesztikált fajták átlagától is ($N_a=3,13$), azonban az elvárt heterozigotizáció magasabbnak bizonyult az általuk mért értéknél ($H_e=0,46$). A vizsgált állomány és azon belül a két klaszter genetikai diverzitás adatait a *2. táblázat* tartalmazza.





b)

1. ábra: A két genetikai klaszter elkülönülése (a: PCoA-genetikai távolságok) és az egyedek genetikai fája (b: UPGMA-tree egyedi genetikai távolságok) alapján

(Figure 1: Rabbits clustered into two groups based on PCoA genetic distance (a) and the UPGMA-tree of the individuals (b))

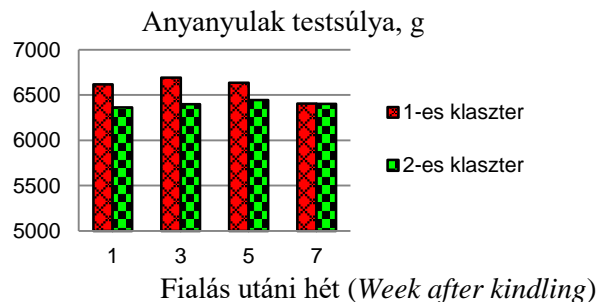
2. táblázat: A genetikai diverzitás adatok a teljes állomány és a két megfigyelt klaszter esetében
(Table 2: Genetic diversity data in the whole population and in cluster 1 and 2)

Paraméter	Teljes állomány	1-es klaszter	2-es klaszter
Na	4,30±0,49	3,60±0,87	5,00±0,32
Ne	2,69±0,43	2,46±0,65	2,92±0,64
Ho	0,51±0,09	0,44±0,15	0,59±0,10
He	0,51±0,08	0,44±0,14	0,59±0,07
F	0,001±0,06	-0,02±0,10	0,01±0,09

Érdeemes tartottuk megvizsgálni az öt marker alapján két csoportba került nyulak termelését, amelyről itt adunk számot.

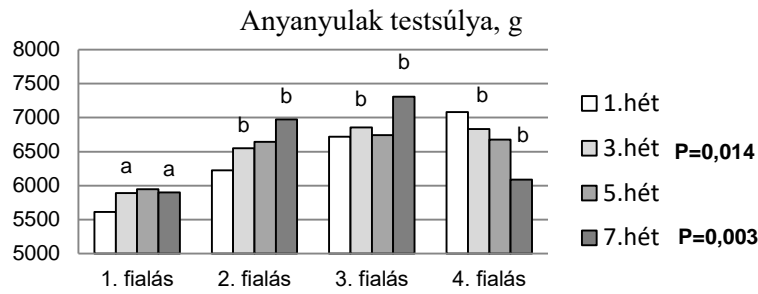
Anyanyulak élősúlya

A két genetikai klaszter alapján nem volt különbség ($P>0,05$) az anyanyulak testsúlyában a fialás utáni 1-7. héten (2. ábra).



2. ábra: A két genetikai klaszterbe (1 vagy 2) elkülönült anyanyulak testsúlya (g)
(Figure 2: Body weight (g) of rabbit does clustered to 1 or 2)

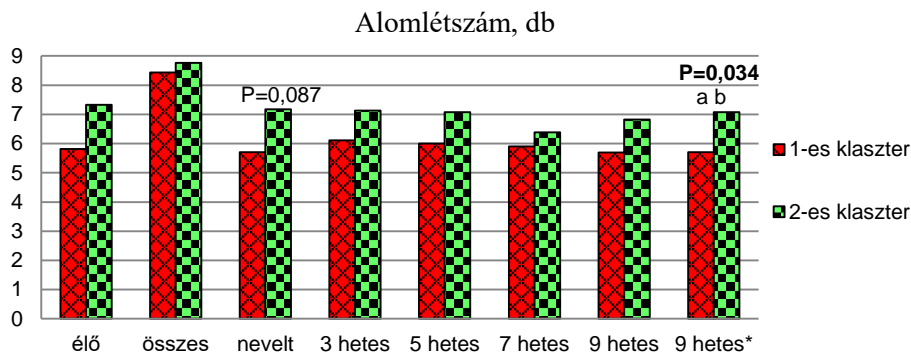
A MO anyanyulak szoptatás alatti élősúlyáról kevés az adat. A 3. ábra az 1-4. fialások alkalmával mutatja a fialás utáni 1-7. heti testsúlyt. A hat hónapos korban tenyésztésbe vett először fialó nyulak ellés hetén mért súlya (5612 g) kisebbnek tűnt ($P=0,057$), mint a többször fialtaké (6223-7083 g). Első fialáskor az anyanyulak súlya a szoptatás 3. hetén (5891 vs 6549-6857 g, $P=0,014$) és a 7. hetén (5901 vs 6090-7310 g; $P=0,003$) kisebb volt, mint a további fialások idején. Fentiek igazolják, hogy a MO nyulak első fialáskor még növekedésben voltak. Tudni kell, hogy a 4. fialáskor kevés adatunk volt ($n=4$).



3. ábra: Az anyanyulak testsúlya (g) az 1-4. fialások alkalmával a fialás utáni 1-7. héten
(Figure 3: Body weight (g) of rabbit does at 1st to 4th parity at 1 to 7 wk after kindling)

Alomlétszám

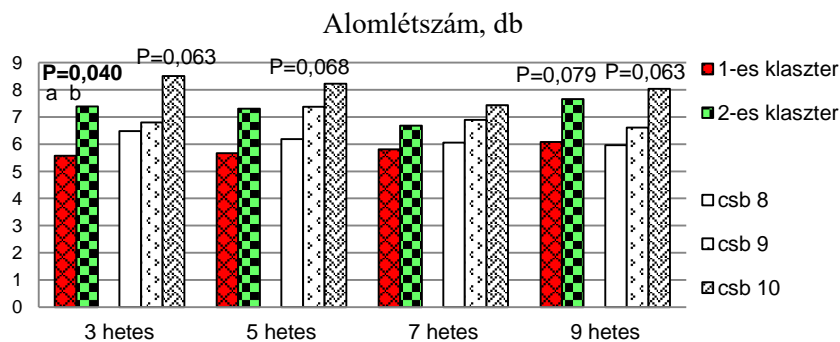
A kettes genetikai klaszterbe sorolt nyulak nevelt alomlétszáma nagyobbak tűnt (7,17 vs 5,70; $P=0,087$), mint az egyes nyulaké (4. ábra). A csecsbimbószámot is figyelembe véve, a kettes nyulaktól 24%-kal több (+1,37; $P=0,034$) 9 hetes nyulat kaptunk (7,08 vs 5,71).



*kovariáns ($P=0,019$) az anyanyúl csecsbimbószáma (covariant: doe teat number)

4. ábra: Az 1-es vagy 2-es genetikai klaszterbe sorolt anyanyulak alomlétszáma
(Figure 4: Litter size of the rabbits in cluster 1 or 2: born alive, total, reared and wk 3 to wk 9)

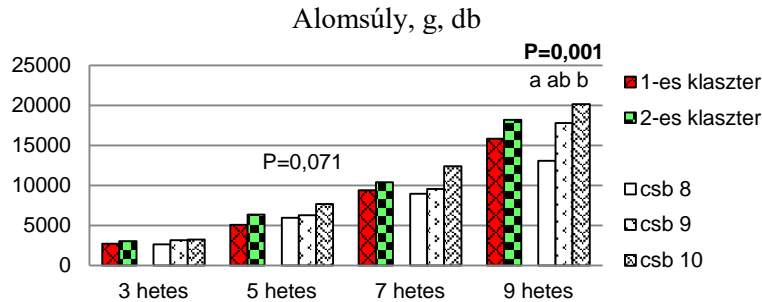
Tudjuk, hogy vannak 8, 9 vagy 10 csecsbimbós anyanyulaink (EIBEN és mtsai, 2021ab). A pontosabb eredményhez ezért a klaszter és a csecsbimbószám hatásai szerint is értékeltünk (5. ábra). Az alomlétszám esetén előnyös volt a 2-es klaszterbe tartozás és a több csecsbimbó. BOLET és mtsai (2007) összefüggést kaptak a κ -kazein gén allélváltozatai és a születési alomlétszám között. NIU és mtsai (2019) az FSH gén polimorfizmusa és a szaporaság között kaptak kapcsolatot. A MO fajtában is érdekesek lennének hasonló genetikai vizsgálatok.



5. ábra: A genetikai klaszter (1, 2) és a csecsbimbószám (8, 9, 10) hatása az alomlétszámra
(Figure 5: Effect of genetic cluster (1, 2) and doe teat number (8, 9, 10) on 3-9 wk litter size)

Alomsúly

A genetikai klaszternek nem volt hatása az alomsúlyra (6. ábra). Az 5 hetes kori alomsúly nagyobbak tűnt ($P=0,071$), a 9 hetes korra számolt pedig nagyobb volt ($P=0,001$) a 10 csecsbimbós nyulaknál (7693 és 20138 g), mint a 8 csecsbimbós nyulaké (5952 és 13102 g).

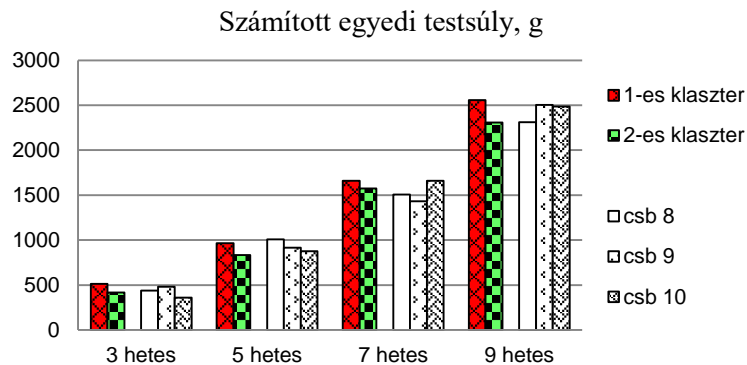


6. ábra: A genetikai klaszter (1, 2) és a csecsbimbószám (8, 9, 10) hatása az alomsúlyra (Figure 6: Effect of genetic cluster (1, 2) and teat number (8, 9, 10) on 3-9 wk litter weight)

A nevelőképességre ható csecsbimbószámot a fajta, és közvetetten az alomlétszámra irányuló szelekció is befolyásolja. (FLEISCHHAUER és mtsai, 1984; ROCHAMBEAU és mtsai, 1988). HOLDAS és mtsai (1975) javasolták, hogy az anyanyulaknak legyen legalább nyolc, de még inkább tíz csecsbimbója. A magyar fehér fajtáról írták, hogy szapora és jól nevel, hosszabb törzse több csecsbimbó elhelyezkedését teszi lehetővé. A csecsbimbószám molekuláris genetikája nem ismert. Legutóbb BOVO és mtsai (2021) végeztek a csecsbimbószámra teljes genom asszociációs vizsgálatokat (GWAS) olasz nyúl fajták gazdasági hasznosításához. Eredményeik szerint ez egy komplex, sok gén és génszakasz által meghatározott bélyeg, amely a testhosszal is összefügg. Javasolják a további kutatást és a több csecsbimbószámot jelző markerek bevonását a szelekciós programokba.

Egyedi testsúly, Súlygyarapodás

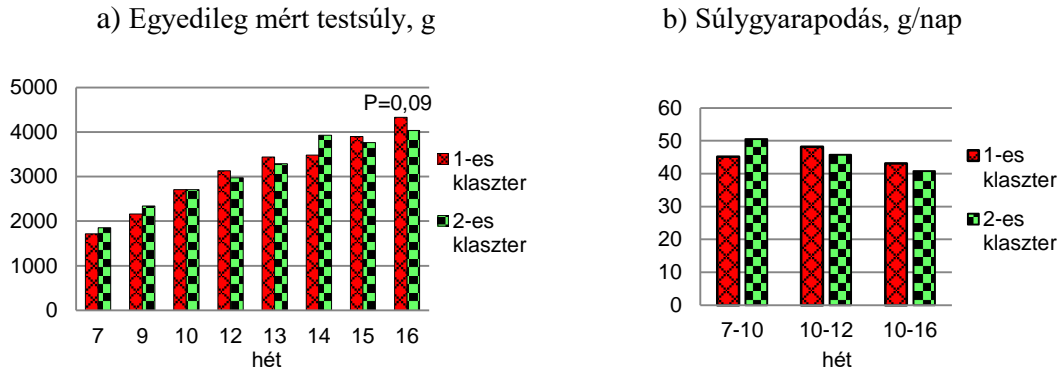
A népesebb almokban felnövő kettes klaszter nyulak 3-9 hetes kori élősúlya nem tért el ($P>0,05$) az egyes klaszter nyulakétól (7. ábra). Jó, hogy a 10 csecsbimbós anyák legnépesebb almaiban felnövő nyulak 9 hetes súlya átlagos (2485 g) volt. A MO tejtermelése alig ismert. VIRÁG és mtsai (2002) javasolták vizsgálatát, amit érdekes lenne akár genetikai klaszter szerint értékelni.



7. ábra: Számított egyedi testsúly az anyanyúl genetikai klaszterétől és csecsbimbószámától függően (Figure 5: Calculated kit body weight depending on doe genetic cluster and teat number)

A genetikai klaszter nem hatott a növendéknyulak egyedileg mért élősúlyára, kivéve a 16 hetes kort, amikor az egyes klaszter nyulak súlya nagyobbak tűnt ($P=0,09$), mint a ketteseké (4326 vs 4035 g; 8. ábra). A súlygyarapodást a genetikai klaszter nem befolyásolta. Mégis feltűnik, hogy az egyes klaszterben kissé nagyobb súlyúak voltak az anyanyulak és 12 hetes kortól az

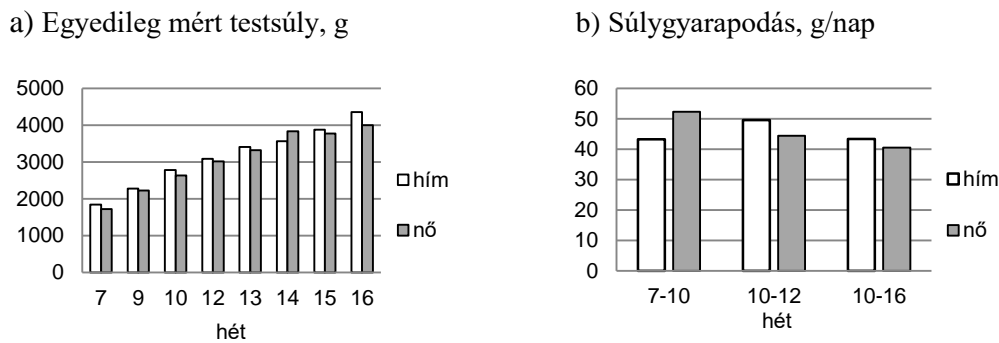
növendéknyulak, amelyek 10 hetes kortól kissé jobban gyarapodtak. BALLAN és mtsai (2022) szerint a testméret a szőrszínhez hasonlóan egy komplex tulajdonság, amelyet számos gén befolyásolhat és a szelekciós jelek szerint közülük néhány nagyhatású lehet. Szerintük szükséges további fajták és populációk bevonása és többféle statisztikai elemzés használata a nyúl genom feltárásához.



8. ábra: Egyedileg mért testsúly (a) és súlygyarapodás (b) az anyanyúl genetikai klaszterétől függően (Figure 8: Body weight and daily weight gain of growing rabbits depending on doe genetic cluster)

Ivar

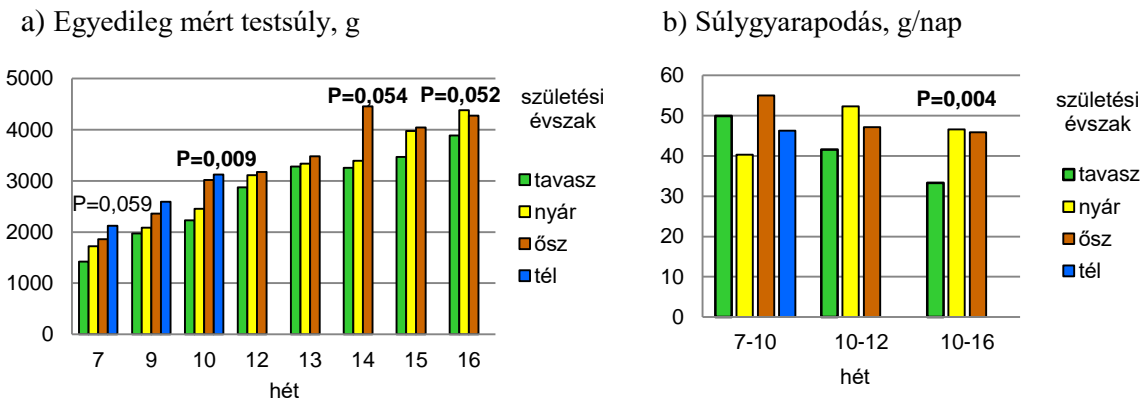
A hím és a nőivarú nyulak élősúlyában és a súlygyarapodásukban sem volt különbség (9. ábra), de meg kell jegyezni, hogy kis létszám volt, különösen a hímivarban.



9. ábra: A hím és a nőivarú növendéknyulak egyedileg mért testsúlya (a) és súlygyarapodása (b) (Figure 9: Body weight and daily weight gain of growing male and female rabbits)

Születési évszak

A testsúly és a súlygyarapodás esetén is kimutatható volt a születési évszak hatása (10. ábra). Tudni kell, hogy a vizsgálat kevés és hiányzó adatokkal történt.



10. ábra: A születési évszak hatása a növendéknyulak testsúlyára (a) és súlygyarapodására (b) (Figure 10: Effect of birth season on the body weight (a) and daily weight gain (b) of growing rabbits)

Jól látszik, hogy a tavasszal született nyulak nyári 10-16 hetes testsúlya és súlygyarapodása gyengébb volt, mint az ősszel vagy a télen született, téli-tavaszi időszakban mért nyulaké. LAZZARONI és mtsai (2012) is a nyár kedvezőtlen hatásait észlelték egy olasz fajtánál.

A nyári hőstressz komoly gond a nyúltenyésztőknek. A helyi fajtákat ez különösen érintheti, amelyeket gyakran kevésbé szabályozható klíma mellett tartanak. BADR és mtsai (2019) hőstressz tűrő egyiptomi fajták molekuláris genetikai változatosságának feltárásához és megőrzéséhez végeztek mikroszatellit marker és populációgenetikai vizsgálatokat. BELABBAS és mtsai (2021) szerint a hőstressz tűrő algériai fajtában a kis alomlétszám oka az alacsony ovulációs arány volt. ZEFERINO és mtsai (2011) a szaporább légzéssel, de a hosszabb füllel is magyarázták egy fajta hőtűrését. Hasonló vizsgálatok a MO fajtában is érdekesek lehetnek.

KÖVETKEZTETÉSEK

A nyúlállomány két csoportra különíthető el az öt genetikai marker (STR-9, STR-15, STR-19, STR-28 és STR-31) alapján. A két klaszter közül a kettes klaszter genetikai diverzitása magasabb, míg az egyes klaszter diverzitása alacsonyabb volt a teljes állományéhoz képest. Érdekes lehet, hogy a tenyésztőknél lévő egyedek mennyire illeszkednek ezekbe a csoportokba, illetve van-e esetleg további genetikai csoport. A csecsbimbószámot is figyelembe véve a kettes genetikai klaszterbe sorolt anyanyulak termelése jobb, mint az egyesbe különült nyulaké. Tőlük 24%-kal több 9 hetes korú nyúl nyerhető. A vizsgálat kis létszámmal, hiányzó adatokkal történt. A megbízható eredményhez további markervizsgálat, nagyobb létszámmal részletes értékelés szükséges (klaszter x csecsbimbószám interakció, fialási sorszám, évszaki hatás).

Köszönetnyilvánítás: A kutatást a KTIA_AIK_12-1-2013-0002 pályázat és részben a Magyar Kormány génmegőrzési stratégiai programja (HÁGK 101/7) támogatta.

IRODALOMJEGYZÉK

- ALLAM M., MAHROUS N.S., 2021. Molecular genetic diversity of some rabbit breeds based on mitochondrial 16S rRNA sequences. *World Rabbit Sci.*, 29. 3: 193-201.
- ALVES J.M., CARNEIRO M., AFONSO S., LOPES S., GARREAU H., BOUCHER S., ALLAIN D., QUENEYS G., ESTEVES P.J., BOLET G., FERRAND N., 2015. Levels and patterns of genetic diversity and population structure in domestic rabbits. *PLoS ONE* 10(12): e0144687.
- BALLAN M., BOVO S., SCHIAVO G., SCHIAVITTO M., NEGRINI R., FONTANESI L., 2022. Genomic diversity and signatures of selection in meat and fancy rabbit breeds based on high-density marker data. *Genet. Sel. Evol.*, 54:3, doi: 10.1186/s12711-022-00696-9.
- BADR O.A.M., EL-SHAWAF I.I.S., KHALIL M.H.A., REFAAT M.H., RAMADAN S.I.A., 2019. Molecular genetic diversity and conservation priorities of Egyptian rabbit breeds. *World Rabbit Sci.*, 27, 3: 135-141.
- BELABBAS R., GARCÍA M.L., AINBAZIZ H., BERRABAR A., ARGENTE M.J., 2021. Litter size component traits in two Algerian rabbit lines. *World Rabbit Sci.* 29. 1: 51-58.
- BEN LARBI, M., SAN-CRISTOBAL, M., CHANTRY-DARMON, C., BOLET, G., 2012. Genetic diversity of rabbit populations in Tunisia using microsatellites markers. *Proc. 10th World Rabbit Congress, Sharm El-Sheikh, Egypt*, pp. 31-35
- BEN LARBI, M., SAN-CRISTOBAL, M., CHANTRY-DARMON, C., BOLET, G., 2014. Population structure in Tunisian indigenous rabbit ascertained using molecular information. *World Rabbit Sci.* 22. 3: 223-230.
- BERMEJO J.V.D., MARTÍNEZ M:A.M., GALVÁN G.R., STEMMER A., GONZÁLEZ F.J.N., VALLEJO M.E.C., 2019. Organization and management of conservation programs and research in domestic animal genetic resources. *Diversity*, 11, 235, doi: 10.3390/d11120235.

- BOLET G., BRUN J.M., MONNEROT M., ABENI F., ARNAL C., ARNOLD J., BELL D., BERGOGLIO G., BESENFELDER U., BŐSZE ZS., BOUCHER S., CHANTELOUP N., DUCOUROUBLE M.C., DURAND-TARDIF M., ESTEVES P.J., FERRAND N., GAUTIER A., HAAS C., HEWITT G., JEHL N., JOLY T., KOEHL P.F., LAUBE T., LECHEVESTRIER S., LÓPEZ M., MASOERO G., MENIGOZ J.J., PICCININ R., QUERNEY G., SALEIL G., SURRIDGE A., VAN DER LOO W., VICENTE J.S., VIUDES DE CASTRO M.P., VIRÁG GY., ZIMMERMANN, J.M., 2000. Evaluation and conservation of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) genetic resources. First results and inferences. *Proc. 7th World Rabbit Congress, Valencia, Spain. 8(Suppl. 1)*, pp. 281-315
- BOLET G., DEVINOY E., VIRÁG G., HARSÁNYI I., BŐSZE ZS., 2007. Association between litter size and the K-casein genotype in the INRA rabbit lines. *World Rabbit Sci.* 15, 147-150. <https://doi.org/10.4995/wrs.2007.595>.
- BOVO R., SCHIAVO G., UTZERI V.J., RIBANI A., SCHIAVITTO M., BUTTAZONI L., NEGRINI R., FONTANESI L., 2021. A genome-wide association study for the number of teats in European rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) identifies several candidate genes affecting this trait. *Anim Genet.* 52, 237-243.
- DALLE-ZOTTE A., SZENDRŐ K., GERENCSÉR Zs., SZENDRŐ Zs., CULLERRE M., ODERMATT M., RADNAI I., MATICS Zs., 2015. Effect of genotype, housing system and hay supplementation on carcass traits and meat quality of growing rabbits. *Meat Sci.* 110, 126-134.
- EARL D.A., VONHOLDT B.M., 2012. Structure Harvester: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.* 4, 359-361.
- EIBEN Cs., MÉSZÁROS M., HUDÁK P., FRANK P., BUDA K.A., GULYÁS B., VÉGI B., DROBNYÁK Á., BARNA J., MOLNÁR T., SZALAY I.T., LIPTÓI K., 2021a. A magyar óriás nyúl megőrzése és néhány termelési tulajdonságának vizsgálata. 32. *Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár*, pp. 21-28
- EIBEN Cs., MÉSZÁROS M., GULYÁS B., VÉGI B., DROBNYÁK Á., BARNA J., MOLNÁR T., SZALAY I.T., LIPTÓI K., 2021b. Conservation and performance of the native Hungarian Giant rabbit breed. *Proc. 12th World Rabbit Congress, Nantes, France, Paper: BG-06, 4. p.*
- EL-SABROUT K., AGGAG S.A., 2015. Use of inter simple sequence repeats and protein markers in assessing genetic diversity and relationships among four rabbit genotypes. *World Rabbit Sci.* 23, 4: 283-288.
- EMAM A.M., AZOZ A.A.A., MEHAISEN G.M.K., FERRAND N., AHMED N.A., 2017. Diversity assessment among native Middle Egypt rabbit populations in north Upper-Egypt province by microsatellite polymorphism. *World Rabbit Sci.* 25, 1: 9-16.
- FALUSH D., STEPHENS M., PRITCHARD J.K., 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164, 1567-1587.
- FONTANESI L., 2021. Rabbit genetic resources can provide several animal models to explain at the genetic level the diversity of morphological and physiological relevant traits. *Appl. Sci.*, 11, 373. doi: 10.3390/app11010373
- FLEISCHHAUER H., SCHLOLAUT W., LANGE K., 1984. Einfluss der Zitzenzahl auf die Aufzuchtleistung des Kaninchens. *Proc. 3rd World Rabbit Congress, Rome, Italy, 1*, pp. 88-97
- HELAL M., HANY N., MAGED M., ABDELAZIZ M., OSAMA N., YOUNAN Y.W., ISMAIL Y., ABDELRAHMAN R., RAGAB M., 2021. Candidate genes for marker-wide assisted selection for growth, carcass and meat quality traits in rabbits. *Anim Biotech.* doi: 10.1080/10495398.2021.1908315.
- HOLDAS, S., PERÉNYI M., BISZKUP F., HORN P., 1975. Hústermelés kísérletekkel a háztájiban, *Mezőgazdasági Kiadó, Budapest*, pp. 229-322.
- KOWALSKA D., BIELANSKI P., 2011. Study on the possibility of using the native Popielno White rabbit breed in commercial farming *Ann. Anim. Sci., Vol. 11, No. 2 (2011) 307-320.*
- LAZZARONI C., BIAGINI D., REDAELLI V., LUZI F., 2012. Technical note: Year, season and parity effect on weaning performance of the Carmagnola Grey rabbit breed. *World Rabbit Sci.*, 20, 1: 57-60.
- LEROY G., BOETTCHER P., BESBES B., DANCHIN-BURGE C., BAUMUNG R., HIEMSTRA S.J., 2019. Cryoconservation of animal genetic resources in Europe and two African countries: A gap analysis. *Diversity*, 11, 240, doi: 10.3390/d11120240
- NIU X., MARTIN G.B., LIU W., HENRYON M.A., REN K., 2019. Follicle-stimulating hormone (FSH β) gene polymorphism and associations with reproductive traits in Rex rabbits. *Anim. Reprod. Sci.* 207. 36-43.
- OVASKA U., BLÄUER A., KROLØKKE C., KJETSÅ M., KANTANEN J., HONKATUKIA M., 2021. The conservation of native domestic animal breeds in Nordic countries: From genetic resources to cultural heritage and good governance. *Animals*, 11, 2730, doi: 10.3390/ani11092730.
- PEAKALL R., SMOUSE P.E., 2012. GenAIEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
- PRITCHARD J.K., STEPHENS M., DONNELLY P., 2000. Inference of population structure using

- multilocus genotype data. *Genetics.*, 155, 945–959.
- ROCHAMBEAU H DE, TUDELA F., CHABERT J., 1988. Some results about number of teats in 3 strains of rabbits. *Proc. 4th World Rabbit Congress, Budapest, Hungary*, 2, pp. 261-268
- SAVIETTO D., DEBRUSSE A.M., BONNEMÈRE J.M., LABATUT D., AYMARD P., FORTUN-LAMOTHE L., GUNIA M., 2021a. Characterization of the French rabbit breed Fauve-de-Bourgogne in an intensive system. *Proc. 12th World Rabbit Congress, Nantes, France*, Comm. BG-22, 4 pp.
- SAVIETTO D., DEBRUSSE A.M., BONNEMÈRE J.M., LABATUT D., AYMARD P., COMBES S., FORTUN-LAMOTHE L., GUNIA M., 2021b. Reproductive performance of a maternal rabbit cross: Fauve-de-Bourgogne x INRA-1777. *Proc. 12th World Rabbit Congress, Nantes, France*, Comm. R-18, 4 pp.
- STATGRAPHICS® 1992. Reference Manual, Version 6.0, Manugistics Inc., Rockville, MD, USA
- SZENDRŐ K, SZENDRŐ ZS., MATICS ZS., DALLEZOTTE A., ODERMATT M., RADNAI I., GERENCSÉR ZS., 2014. Pannon nagytestű és magyar óriás fajtával keresztezett Pannon Ka anyanyulak utódainak termelési és vágási tulajdonságainak vizsgálata. *26. Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár*, pp. 79-84
- TAMURA K., STECHER G., KUMAR S., 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol. Biol. Evol.*, 38(7), 3022-3027.
- TŰMOVÁ E., MARTINEC M., VOLEK Z., HÄRTLOVÁ H., CHODOVÁ D., BÍZKOVÁ Z., 2013. A study of growth and some blood parameters in Czech rabbits. *World Rabbit Sci.*, 21, 4: 251-256.
- UTZERI V.J., RIBANI A., SCHIAVO G., FONTANESI L., 2021. Describing variability in the tyrosinase (TYR) gene, the albino coat colour locus, in domestic and wild European rabbits, *Italian J. Anim. Sci.*, 20:1, 181-187.
- VAŠIČKOVÁ K., ONDRUŠKA E., BALÁŽI A., PARKÁNYI V., VAŠIČEK D., 2016. Genetic characterization of Nitra rabbits and Zobor rabbits. *Slovak J. Anim. Sci.*, 49 (3) 104-111.
- VIRÁG GY., BALOGH K., 2003a. A magyar óriás nyúl kialakulása és tulajdonságai. *A Baromfi*, 6. 5. 50-52.
- VIRÁG GY., BŐSZE ZS., BOLET, G., 2002. A magyar óriás nyúlfajta genetikai jellemzői és termelési mutatói. *Állattenyésztés és Takarmányozás*, 51. 5. 530-533.
- VIRÁG GY., BŐSZE ZS., BOLET, G., GÓDOR S-NÉ., 2003b. A magyar óriás nyúlfajta: kialakulása, genetikája és termelése. *15. Nyúltenyésztési Tudományos Nap, Kaposvár*, pp. 55-60
- WALSH P.S., FILDES N., LOUIE A.S., HIGUCHI R., 1991. Report of the blind trial of the Cetus Amplitype HLA DQ α forensic deoxyribonucleic acid (DNA) amplification and typing kit. *J. Forensic Sci.*, 36(5) 1551-1556
- ZEFERINO C.P., MOURA A.S.A.M.T., FERNANDES S., KANAYAMA J.S., SCAPINELLO C., SARTORI J.R., 2011. Genetic group x ambient temperature interaction effects on physiological responses and growth performance of rabbits. *Livest. Sci.* 140. 177-183.