Crossbreeding effects on some semen and litter traits in rabbits

By

ABDELFATAH RASHED ABDELFATAH ZAGHLOUL
B.Sc. Agricultural Sciences
(Animal Production), 2013
Benha University

A Thesis

Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the

M.Sc. Degree

In

ANIMAL BREEDING

To

The
Department of Animal Production
Faculty of Agriculture at Moshtohor
Benha University, Egypt

2019

5. SUMMARY

A simple crossbreeding experiment was conducted between males of APRI line (A) and females of Moshtohor line (M) rabbits. These two lines are new synthetic lines raised in Egypt for meat production. APRI line was formed in the experimental stations belonging to the Animal Production Research Institute (APRI), Agricultural Research Center, Ministry of Agriculture, Egypt, while Moshtohor line was established in the Faculty of Agriculture, Benha University, Egypt. The crossbreeding scheme was performed during two consecutive production seasons (2015/2016 and 2016/2017) at the rabbitry of the Animal Production Department, Faculty of Agriculture, Benha University. The molecular analyses were conducted at the Central Laboratory, Faculty of Veterinary Medicine, Benha University. The main objectives of the present study were: (1) to estimate variance components, heritability, direct additive, maternal additive, and direct heterotic effects for post-weaning body weights at (4, 6, 8, 10 and 12 weeks of age) and daily weight gains (during the intervals 4-6, 6-8, 8-10 and 10-12 weeks) and semen quality traits (ejaculate volume, *pH* semen, sperms motility, sperms concentration, live and dead sperms, normal and abnormal sperms), (2) to use the PCR-RFLP technique to genotype the C>T SNP located in the promoter region of *GH* gene in five genetic groups of rabbits (APRI, Moshtohor, ½A½M, V line and Sinai Gabali) and (3) to detect the polymorphic associations between (C>T) SNP genotypes of *GH* gene and growth or semen quality traits. A total number of 1201 weaned rabbits fathered by 179 sires and mothered by 261 dams were used in quantitative and molecular analyses of growth traits, while a total of 1050 ejaculates collected from 149 bucks were used

in semen quality traits. For detecting the associations between genotypes of *GH* gene and growth or semen traits, the method of Generalized Least Squares (GLS) was used. The most relevant results of this study could be summarized as follows:

Quantitative genetic analyses for growth and semen quality traits:

- Estimates of heritability for body weights and gains were mostly low or moderate and ranging from 0.06 to 0.18 for estimates obtained from VCE software and 0.09 to 0.18 for estimates obtained from TM software. The estimates for semen quality traits resulted from TM software were very low and ranged from 0.01 to 0.03, while those estimated by VCE6 software were relatively moderate and ranged from 0.12 to 0.20.
- The generalized least square solutions of direct additive effects (G^I) were significantly ($P<0.01$) in favor of Moshtohor line rabbits by 13.5 to 48.1 g for body weights and 0.5 to 3.7 g for daily gains, with G^I percentages ranging from 1.4 to 4.3 % for body weights and 2.1 to 18.6 % for daily gains. For semen quality traits, the solutions of G^I were significantly ($P<0.01$) in favor of Moshtohor line by 0.04 *ml*, 0.2, 0.4% and 20.5x 10^6/*ml* for volume of ejaculate, *pH* of semen, abnormal sperms and sperms concentration, respectively, with percentages ranging from 2.6 to 5.3 %.
- The generalized least square solutions of maternal additive effect (G^M) were significantly in favor of Moshtohor line by 14.2 to 51.8 g for body weights and 0.48 to 3.1 g for daily weight gains in weight, with G^M percentages ranging from 2.8 to 5.4 % for body weights and 1.8 to 15.0% for daily gains. For semen traits,

the solutions of G^M for ejaculate volume, *pH* of semen, motility of sperms, dead sperms, abnormal sperms and sperms concentration were also significantly in favor of Moshtohor line by 0.05 *ml*, 0.4, 3.3%, 1.2%, 0.7% and 22.8 $x10^6$/*ml*, respectively, with percentages ranging from 1.2 to 8.1 %.

- The generalized least square solutions of direct heterosis (H^I) were positive and highly significant and ranged from 15.5 to 87.1 g for body weights and from 1.6 to 2.79 g for daily gains, with H^I percentages ranging from 3.1 to 8.2 % for body weights and 1.1 to 13.0 % for daily gains. For semen quality traits, the solutions of H^I for ejaculate volume, *pH* of semen, motility of sperms, live sperms, dead sperms, abnormal sperms and concentration of sperms were significantly associated with improvements in these traits by 0.09 *ml*, 0.7, 5.8%, 3.1%, 3.3%, 1.1% and 30.7 $x10^6$/*ml*, with heterotic percentages ranging from 3.8 to 16.9% **.**

Molecular characterization of growth hormone gene in different genetic groups

- Across all genetic groups, the frequency of TT genotype of *GH* gene was highly significant (P<0.05) and ranged from 0.48 in V line followed by 0.39 in Gabali, 0.32 in M line, 0.31 in A line and 0.28 in ½A½M rabbits. For CC genotype, the highest and significant (*P*<0.05) frequency was recorded in Moshtohor line (0.21) and the lowest frequency was recorded in ½A½M rabbits (0.04), while in TC genotype the highest and significant frequency (P<0.05) was recorded in ½A½M (0.67) and the lowest frequency in V line (0.45). The highest frequency for C

allele was recorded by Moshtohor line (0.45) and the lowest frequency was in Gabali (0.32).

- For (T/C) SNP of *GH* gene, the highest effective numbers of alleles (*Ne*) were obtained in Moshtohor line (1.978), followed by APRI line (1.899) then ½A½M cross (1.893), while the lowest allelic numbers were obtained in V line (1.715) and Gabali breed (1.800).
- The deviations from Hardy-Weinberg equilibrium were not significant in all populations studied.
- The observed heterozygosity (H_o) for *GH* gene was higher than the expected heterozygosity (H_e) in all genetic groups and the values of expected heterozygosity ranged from 0.444 in V line to 0.667 in ½A½M cross, while the values of the observed heterozygosity ranged from 0.425 in V line to 0.508 in Moshtohor line.
- All the values of polymorphic information content (*PIC*) were moderate; being 0.332, 0.375, 0.360, 0.360 and 0.341 in V line, M line, APRI line, ½A½M and Gabali, respectively.
- The reduction in heterozygosity (F_{IS}) for each locus across the five investigated genetic groups were moderate or low where the highest F_{IS} was observed in Moshtohor line (0.042) and the lowest value was observed in ½A½M (-0.413).
- The levels of genetic diversity across the five studied populations were intermediate (H_o = 0.551, H_e = 0.471, PIC = 0.358 and F_{IS} =-0.198).

Molecular associations among genotypes of *GH* gene and growth traits

- In V- line rabbits, CC genotype was absent and the association of TT and TC genotypes of *GH* gene was significant (P<0.05) with growth traits, since TT genotype was lower than TC genotype for body weights at 6, 8, 10 and 12 weeks, i.e. TC genotype was positively associated with an increase in body weights at 6, 8, 10 and 12 weeks of age by 32, 9, 57 and 108 g, respectively. For daily gain, the CC genotype was absent and the TT genotype was also lower than TC genotype and the differences between SNP genotypes of *GH* gene were significant (P<0.05) for most daily gains.
- In Moshtohor line rabbits, the differences among genotypes of *GH* gene were significant (P<0.05) and TC genotype was heavier in body weights at 4, 6, 8, 10 and 12 weeks than CC and TT genotypes. The TC genotype was positively associated with an increase in body weights at 4, 8, 10 and 12 weeks of age by 134, 119, 636 and 734g, respectively. The differences among genotypes of *GH* gene in all daily weight gains were significant (P<0.05) and TT genotype was lower in most daily weight gains at 6-8, 8-10 and 10-12 weeks than CC and TC genotypes.
- The differences between genotypes of *GH* gene in APRI line rabbits were significant (P<0.05) and CC genotype was heavier in body weights at 4 and 10 weeks than TT and TC genotypes, while TC genotype was heavier in body weights at 6, 8, and 12 weeks than CC and TT genotypes. The TC genotype was positively associated with an increase in body weights at 6, 8 and 12 weeks of age by 43, 61 and 305 g, respectively. Significant differences (P<0.05) were recorded between genotypes of *GH* gene in daily weight gains at 6-8 and 10-12 weeks.

- The differences between genotypes of *GH* gene in ½A½M cross were significant (P<0.05) in all body weights except body weight at 4 weeks where CC genotype was absent. The TT genotype was heavier than TC genotype in all body weights and this TT genotype was positively associated with an increase of 22, 6, 88 and 29 g in body weights at 6, 8, 10 and 12 weeks of age, respectively. For body gains, the differences between genotypes of *GH* gene in ½A½M rabbits were significant (P<0.05) and TT genotype was higher in all body gains than TC genotype, and the CC genotype was absent, while TC genotype was higher in 8-10 weeks body gains than TT genotype.

Molecular associations among genotypes of *GH* gene and semen quality traits

- In V line rabbits, the associations of TT, TC and CC genotypes of *GH* gene with some semen traits of volume of ejaculate, normal sperm and concentration of sperm were significant (P < 0.05) and TT genotype showed higher values than CC and TC genotypes with an increase in semen traits of volume of ejaculate, normal sperm and concentration of sperm by 0.14 *ml*, 2.2% and $45x10^6/ml$, respectively. While the TC genotype was higher than TT and CC genotypes for *pH* of semen, motility of sperms and live sperms with an increase by 0.2, 3.5% and 3.3%, respectively, expect the TT genotype was the lowest in dead sperms and abnormal sperms and with a decrease by 3.1% and 1.9%, respectively.
- In Moshtohor line rabbits, the differences among TT, TC and CC genotypes of *GH* gene in most semen traits were significant (P < 0.05). The TC genotype was the highest in pH of semen, motility

of sperms, live sperms, normal sperms and concentration of sperms and with an increase by 2, 3.1%, 2.5%, 1.7% and 20.8 $x10^6$/*ml*, respectively, while the CC genotype was the highest in volume of ejaculate and with an increase by 2 *ml*, expect the TT genotype was the lowest in dead sperms and abnormal sperms and with decrease by 1.8% and 2.5%, respectively.

- In APRI line rabbits, the differences among TT, TC and CC genotypes of *GH* gene were significant for all semen traits ($P < 0.05$). The CC genotype was the highest in volume of ejaculate, *pH* of semen, and concentration of sperms and with an increase by 1.3 *ml*, 2.0 and 232.2 $x10^6$/*ml*, respectively and TC genotype was the highest in motility of sperms, live sperms and normal sperms, with an increase by 2.1%, 2.3% and 2.7%, respectively, expect the TT genotype was the lowest in dead sperms and abnormal sperms with a decrease by 5% and 5.2%, respectively.
- In ½A½M cross rabbits, the differences among TT, TC and CC genotypes of *GH* gene were significant in all semen traits ($P < 0.05$). The TT genotype was the highest in volume of ejaculate, *pH* of semen, motility of sperms, live sperms, normal sperms and concentration of sperms, with an increase by 0.1 *ml*, 0.2, 3.6%, 4.2%, 1.0% and 97.9 $x10^6$/*ml*, respectively, while the CC genotype was the lowest in dead sperms and abnormal sperms and with a decrease by 4.3% and 1.0%, respectively.
- In Sinai Gabali breed rabbits, the differences among TT, TC and CC genotypes of *GH* gene were significant in all semen traits ($P < 0.05$). The TT genotype was the highest in *pH* of semen, motility of sperms, normal sperms and concentration of sperms, with an increase by 0.1, 8.7%, 0.7% and 95.1$x10^6$/*ml*,

respectively, while the TC genotype was the highest in volume of ejaculate, live sperms and with an increase by 0.24 *ml* and 2.6%, respectively, expect the CC genotype was the lowest in dead sperms and abnormal sperms, with a decrease by 2.5% and 0.6%, respectively.

تأثير الخلط علي بعض صفات السائل المنوى وخلفة البطن في الأرانب

رسالة مقدمة من الطالب

عبدالفتاح راشد عبدالفتاح زغلول

بكالوريوس في العلوم الزراعية (إنتاج حيوانى)

يونيو 2013

كلية الزراعة – جامعة بنها

للحصول علي

درجة الماجستير في العلوم الزراعية

(تربية الحيوان)

من

قسم الإنتاج الحيواني

كلية الزراعة بمشتهر

جامعة بنها، مصر

2019

الملخص العربي

أجريت تجربة خلط بسيط بين ذكور الأرانب من خط الأبري(A) مع إناث من خط مشتهر(M)، وهما سلالتين مستنبطتين حديثاً في مصر لإنتاج اللحم. تم تأسيس خط الأبري في المحطات التجريبية التابعة لمعهد بحوث الإنتاج الحيواني، مركز البحوث الزراعية، وزارة الزراعة، مصر. بينما تم تأسيس خط مشتهر في كلية الزراعة، جامعة بنها، مصر. تم إجراء خطة الخلط خلال موسمين إنتاجيين متتاليين (2015-2016، 2016-2017) بمزرعة الأرانب، قسم الإنتاج الحيواني، كلية الزراعة، جامعة بنها. أجريت التحليلات الجزيئية بالمعمل المركزي، كلية الطب البيطري، جامعة بنها. وكانت الاهداف الرئيسية لهذه الدراسة هي: (1) تقدير مكونات التباين، المكافئ الوراثي، الأثر الوراثي التجمعي، الأثر التجمعي الأمي، قوة الخلط المباشرة لصفات وزن الجسم (عند عمر 4، 6، 8، 10، 12 أسبوع) ومعدل الزيادة اليومية بعد الفطام (خلال الفترات من 4-6، 6-8، 8-10، 10-12 أسبوع)، وصفات جودة السائل المنوي (حجم القذفه المنوية – درجه تركيز أيون الهيدروجين – حركة الحيوانات المنوية – تركيز الحيوانات المنوية – نسبه الحيوانات المنويه الحية والميتة – نسبه الحيوانات المنوية الطبيعية والشاذة)، (2) إستخدام تقنية PCR-RFLP لمعرفة التنوع الجزيئي لجين هرمون النمو فى خمسة
مجاميع وراثية مختلفة هي خط أبري (A)، خط مشتهر (M)، ½A½M، V line، سلالة الجبلي السيناوي، (3) الكشف عن الإرتباطات الجزيئية التنوعية للتراكيب الوراثية المختلفة لجين هرمون النمو مع صفات النمو وصفات جودة السائل المنوي. تم إستخدام عدد 1201 أرنب مفطوم نتجت من 179 أب ، 261 أم لإجراء التحليلات الكمية والجزيئية لدراسة صفات النمو، بينما تم إستخدام عدد 1050 قذفة منوية والتي تم جمعها من 149 ذكر لدراسة صفات جودة السائل المنوي. إستخدمت طريقة المربعات الصغرى المعممة Generalized Least Squares (GLS) لتحليل البيانات إحصائيا. يمكن تلخيص أهم نتائج هذه الدراسة على النحو التالي:

التحليلات الوراثية الكمية لصفات النمو وصفات جودة السائل المنوي:

- كانت قيم المكافي الواثي لصفات وزن الجسم ومعدل الزيادة اليومية منخفضة إلى متوسطة غالباً وتراوحت من 0.06 إلى 0.18 للقيم المتحصل عليها بإستخدام برنامج VCE ومن 0.09 إلى 0.18 للقيم المتحصل عليها بإستخدام برنامج Threshold Model (TM). كانت قيم المكافئ الوراثي لصفات جودة السائل المنوي والمتحصل عليها بإستخدام برنامج TM منخفضة جداً وتراوحت من 0.01 إلى 0.03، بينما كانت متوسطة نسبياً وتراوحت من 0.12 إلى 0.20 للقيم المتحصل عليها بإستخدام برنامج VCE.
- كانت تقديرات الأثر الوراثي التجمعي معنوية لصالح أرانب خط مشتهر بمعدل 13.5 إلى 48.1 جرام لصفات وزن الجسم وبمعدل 0.5 إلى 3.7 جرام لصفات معدل الزيادة اليومية في الوزن، وتراوحت النسب المئوية للأثر الوراثي التجمعي من 1.4 إلى 4.3% لصفات وزن الجسم، ومن 2.1 إلى 18.6% لصفات معدل الزيادة اليومية. وكانت تقديرات الأثر الوراثي التجمعي معنوية وفي صالح خط مشتهر لصفات جودة السائل المنوي بمعدل 0.04 ملي، 0.2، 0.4%، $20.5x10^6/ml$ لصفات حجم القذفة المنوية، تركيز أيون الهيدروجين، نسبة الحيوانات المنوية الشاذة وتركيز الحيوانات المنوية على الترتيب وبنسب مئوية تراوحت من 2.6 إلى 5.3%.
- كانت تقديرات الأثر التجمعي الأمي معنوية لصالح أرانب خط مشتهر وبمعدل 14.2 إلى 51.8 جرام لصفات وزن الجسم وبمعدل 0.48 إلى 3.1 جرام لمعدلات الزيادة اليومية في الوزن، وتراوحت النسب المئوية للأثر الوراثي الأمي من 2.8 إلى 5.4% لصفات وزن الجسم، ومن 1.8 إلى 15% لصفات معدل الزيادة اليومية. وكانت تقديرات الأثر التجمعي الأمي معنوية لصفات جودة السائل المنوي لصالح خط مشتهر بمعدل

0.05 ملي، 0.4، 3.3%،1.2%، 0.7%، $22.8x10^6$/ *ml* لصفات حجم القذفة المنوية، تركيز أيون الهيدروجين، حركة الحيونات المنوية، نسبة الحيوانات المنوية الميتة، نسبة الحيوانات المنوية الشاذة وتركيز الحيوانات المنوية على الترتيب وبنسب مئوية تراوحت من 1.2 إلى 8.1%.

- كانت تقديرات قوة الخلط المباشرة موجبة وعالية المعنوية وتراوحت من 15.5 إلى 87.1 جرام لصفات وزن الجسم ومن 1.6 إلى 2.79 جرام لصفات معدل الزيادة اليومية في الوزن، وتراوحت النسب المئوية لقوة الخلط المباشرة من 3.1 إلى 8.2% لصفات وزن الجسم ومن 1.1 إلى 13% لصفات معدل الزيادة اليومية. وبالنسبة لصفات جودة السائل المنوي كانت تقديرات قوة الخلط المباشرة مصحوبة بتحسين في حجم القذفة المنوية ، تركيز أيون الهيدروجين، حركة الحيونات المنوية، نسبة الحيوانات المنوية الحية، نسبة الحيوانات المنوية الميتة، نسبة الحيوانات المنوية الشاذة وتركيز الحيوانات المنوية بمعدل 0.09 ملي، 0.7، 5.8%، 3.1%، 3.3%، 1.1%، $30.7x10^6$/*ml* وتراوحت النسب المئوية لقوة الخلط المباشرة من 3.8 إلى 16.9%.

<u>التنوع الجزيئى لجين هرمون النمو فى المجاميع الوراثية المختلفة:</u>

- عبر كل المجاميع الوراثية المختلفة كان تكرار التركيب الوراثي TT لجين هرمون النمو عالى المعنوية وتراوح من 0.48 في V line تليها سلالة الجبلي (0.39) ، M line (0.32)، A line (0.31) وخليط الجيل الأول ½A½M (0.28). بالنسبة للتركيب الوراثي CC سجل M line أعلى التكرارات معنوية (0.21)، بينما سجل خليط الجيل الأول ½A½M أقل التكرارات (0.04)، وبالنسبة للتركيب الوراثي TC كان أعلى تكرار معنوي له في خليط الجيل الأول ½A½M (0.67) وأقل تكرار له في V

line (0.45). سجل M line أعلى تكرار للأليل C (0.45) بينما كان أقل تكرار لهذا الأليل في سلالة الجبلي (0.32).

- سجل M line أعلى قيمة لعدد الأليلات الفعال للتركيب الوراثي TC (1.978) يليه خط أبري (1.899) ثم خليط الجيل الأول ½A½M (1.893)، بينما كانت أقل قيم لعدد الأليلات الفعال في V line (1.715) وسلالة الجبلي (1.800).
- كانت الإنحرافات عن إتزان هاردي-فاينبرج غير معنوية في جميع العشائر المدروسة.
- كانت قيم التراكيب الوراثية الخليطة المشاهدة (H_o) أعلى من قيم التراكيب الوراثية الخليطة المتوقعة (H_e) في كل المجاميع الوراثية، وتراوحت القيم المتوقعة من 0.444 في V line إلى 0.667 في خليط الجيل الأول ½A½M. بينما تراوحت القيم المشاهدة من 0.425 فيV line إلى 0.508 في M line.
- كانت كل قيم محتوي المعلومات للتنوع الجزيئي (PIC) متوسطة وسجلت 0.332، 0.375، 0.360، 0.360، 0.341 في V line، M line، A line، ½A½M وسلالة الجبلي على الترتيب.
- كان النقص في Heterozygosity (F_{IS}) نتيجة التربية الداخلية لكل موقع وراثي عبر الخمسة مجاميع وراثية محل الدراسة متوسط أو منخفض وسجل أعلى قيمة له في M line (0.042) وأقل قيمة له في خليط الجيل الأول ½A½M (-0.413).
- كانت مستويات التنوع الوراثي عبرالخمسة مجاميع وراثية المدروسة متوسطة (H_o = 0.551، H_e = 0.471 ، PIC = 0.358 ، F_{IS} =-0.198).

<u>الإرتباطات الجزيئية التنوعية بين التراكيب الوراثية لجين هرمون النمو وصفات النمو:</u>

- في أرانب V line، غاب التركيب الوراثي CC وكانت الإرتباطات بين التراكيب الوراثية TT، TC معنويه مع صفات النمو، حيث سجل التركيب الوراثي TT أقل إرتباطات عن التركيب الوراثي TC في أوزان الجسم عند عمر 6، 8، 10، 12 أسبوع. إرتبط التركيب الوراثي TC بزيادة موجبة ومعنوية في وزن الجسم عند عمر 6، 8، 10، 12 أسبوع بمعدل زيادة مقداره 32، 9، 57، 108 جرام على الترتيب. بالنسبة لمعدل الزيادة اليومية، غاب التركيب الوراثي CC وكان التركيب الوراثي TT أقل زيادة يومية مقارنة بالتركيب الوراثي TC، كما كانت الإختلافات بين التراكيب الوراثية معنوية لمعظم صفات معدل الزيادة اليومية في الوزن.
- في أرانب M line، كانت الإختلافات بين التراكيب الوراثية المختلفة لجين هرمون النمو معنوية، حيث كان التركيب الوراثي TC أثقل وزناً لصفات وزن الجسم عند عمر 4، 6، 8، 10، 12 أسبوع مقارنة بالتراكيب الوراثية TT، CC. إرتبط التركيب الوراثي TC بزيادة موجبة ومعنوية في وزن الجسم عند عمر 4، 8، 10، 12 أسبوع بمعدل زيادة مقداره 134، 119، 636، 734 جرام على الترتيب. كانت الإختلافات بين التراكيب الوراثية المختلفة لجين هرمون النمو معنوية لكل صفات معدل الزيادة اليومية خلال الفترات 6-8، 8-10، 10-12 أسبوع وكان التركيب الوراثيTT أقل وزنا من التراكيب الوراثية TC، CC.
- كانت الإختلافات بين التراكيب الوراثية المختلفة لجين هرمون النمو في A line معنوية، حيث كان التركيب الوراثي CC أثقل وزنا عند عمر 4، 10 أسابيع عن التراكيب الوراثية TC، TT، بينما كان التركيب الوراثي TC مرتبطاً بزيادة موجبة في وزن الجسم عند عمر 6، 8، 12 أسبوع بمعدل 43، 61، 305 جرام على الترتيب. كانت الإختلافات بين التراكيب الوراثية المختلفة لجين هرمون النمو معنوية لصفات معدل الزيادة اليومية خلال الفترات 6-8 ومن 10-12 أسبوع من العمر.

- كانت الإختلافات بين التراكيب الوراثية المختلفة لجين هرمون النمو في خليط الجيل الأول ½A½M معنوية لكل صفات وزن الجسم عدا وزن الجسم عند عمر 4 أسابيع، كما غاب التركيب الوراثي CC. كان التركيب الوراثي TT أثقل وزنا من التركيب الوراثي TC في جميع صفات وزن الجسم، وإرتبط التركيب الوراثي TT بزيادة موجبة بمعدل زيادة مقداره 22، 6، 88، 29 جرام لصفات وزن الجسم عند عمر 6، 8، 10، 12 أسبوع على الترتيب. بالنسبة لصفات معدل الزيادة اليومية في الوزن، كانت الإختلافات بين التراكيب الوراثية المختلفة لجين هرمون النمو في خليط الجيل الأول ½A½M معنوية، وكان التركيب الوراثي TT أعلى في كل صفات معدل الزيادة اليومية مقارنة بالتركيب الوراثي TC، كما غاب التركيب الوراثي CC، وكان التركيب الوراثي TC أثقل وزنا من التركيب الوراثي TT في معدل الزيادة اليومية في الوزن خلال الفترة من 8-10 أسبوع.

<u>الإرتباطات الجزيئية التنوعية بين التراكيب الوراثية لجين هرمون النمو وصفات جودة السائل المنوى:</u>

- في أرانب V line، كانت الإرتباطات بين التراكيب الوراثية TT، TC، CC لجين هرمون النمو معنوية مع بعض صفات جودة السائل المنوي مثل حجم القذفة المنوية، نسبة الحيونات المنوية الطبيعية، تركيز الحيونات المنوية. أظهر التركيب الوراثي TT قيم عالية مقارنة بالتراكيب الوراثية TC، CC مع زيادة في صفات حجم القذفة المنوية، نسبة الحيوانات المنوية الطبيعية، تركيز الحيوانات المنوية وذلك بمعدل زيادة مقداره 0.14 ملي، 2.2%، 45x10^6/ملي علي الترتيب. بينما كان التركيب الوراثي TC أعلى من التراكيب الوراثية TT، CC في صفات تركيز أيون الهيدروجين، حركة الحيوانات المنوية، نسبة الحيوانات المنوية الحية وكانت الزيادة بمعدل 0.2، 3.5%، 3.3% علي الترتيب. وكان التركيب الوراثي TT أقل

في نسبة الحيوانات المنوية الميتة وفى نسبة الحيوانات المنوية الشاذة مع الانخفاض فى هذة الصفات بمعدل 3.1%، 1.9% علي الترتيب .

- في أرانب M line، كانت الإرتباطات بين التراكيب الوراثية TT، TC، CC لجين هرمون النمو ولمعظم صفات جودة السائل المنوي معنوية. وكان التركيب الوراثي TC غالب في صفات تركيز أيون الهيدروجين، حركة الحيوانات المنوية، نسبة الحيوانات المنوية الحية، نسبة الحيوانات المنوية الطبيعية، تركيز الحيوانات المنوية مع الزيادة في هذة الصفات بمعدل 2.0، 3.1%، 2.5%، 1.7%، 20.8x10^6/ملي علي الترتيب، وكان التركيب الوراثي CC أعلى في صفات حجم القذفة المنوية مع الزيادة بمعدل 2.0 ملي. بينما كان التركيب الوراثي TT أقل في نسبة الحيوانات المنوية الميتة وفى نسبة الحيوانات المنوية الشاذة مع الانخفاض في هذة الصفات بمعدل 1.8%، 2.5% علي الترتيب.
- في أرانب A line، كانت الإرتباطات بين التراكيب الوراثية TT، TC، CC لجين هرمون النمو وكل صفات جودة السائل المنوي معنوية. وكان التركيب الوراثي CC أعلى في صفات حجم القذفة المنوية، تركيز أيون الهيدروجين، تركيز الحيوانات المنوية وكانت الزيادة بمعدل 1.3 ملي، 2.0%، 232.2x10^6/ملي علي الترتيب، وكان التركيب الوراثي TC أعلى في صفات حركة الحيوانات المنوية، نسبة الحيوانات المنوية الحية، نسبة الحيوانات المنوية الطبيعية مع الزيادة بمعدل 2.1%، 2.3%، 2.7% علي الترتيب.بينما كان التركيب الوراثي TT أقل في نسبة الحيوانات المنوية الميتة وفى نسبة الحيوانات المنوية الشاذة مع الانخفاض في هذة الصفات بمعدل 5.0%، 5.2% علي الترتيب.
- في خليط الجيل الأول ½A½M، كانت الإرتباطات بين التراكيب الوراثية TT، TC، CC لجين هرمون النمو وكل صفات جودة السائل المنوي معنوية. وكان التركيب الوراثي TT أعلى في صفات حجم القذفة المنوية، تركيز أيون الهيدروجين، حركة الحيوانات المنوية، نسبة الحيوانات المنوية

الحية، نسبة الحيوانات المنوية الطبيعية، تركيز الحيوانات المنوية وبذلك كانت الزيادة بمعدل 0.1 ملي، 0.2، 3.6%، 4.2%، 1.0% ،10^6x97.9/ملي علي الترتيب، بينما كان التركيب الوراثي CC أقل في صفات نسبة الحيوانات المنوية الميتة وفى نسبة الحيوانات المنوية الشاذة مع الانخفاض في هذة الصفات بمعدل 4.3%، 1.0% علي الترتيب.

- في أرانب الجبلي السيناوي، كانت الإرتباطات بين التراكيب الوراثية TT، TC، CC لجين هرمون النمو وكل صفات جودة السائل المنوي معنوية. وكان التركيب الوراثي TT أعلى في صفات تركيز أيون الهيدروجين، حركة الحيوانات المنوية، ونسبة الحيوانات المنوية الطبيعية وتركيز الحيوانات المنوية مع الزيادة بمعدل 0.1، 8.7%، 0.7%، 10^6x95.1/ملي علي الترتيب، بينما كان التركيب الوراثي TC أعلى في صفات حجم القذفة المنوية، نسبة الحيوانات المنوية الحية كانت الزيادة بمعدل 0.24 ملي، 2.6% على الترتيب. بينما كان التركيب الوراثي CC أقل في صفات نسبة الحيوانات المنوية الميتة وفى نسبة الحيوانات المنوية الشاذة مع الانخفاض في هذة الصفات بمعدل 2.5%، 0.6% علي الترتيب.