

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВИДОВОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ КРОЛИКОВ ПОРОДЫ СОВЕТСКАЯ ШИНШИЛЛА С ПОМОЩЬЮ ПЦР-ФРАГМЕНТА ГЕНА ЦИТОХРОМА *b* С ПОСЛЕДУЮЩИМ СЕКВЕНИРОВАНИЕМ ПРОДУКТОВ АМПЛИФИКАЦИИ

В.Н. Каркищенко¹, Н.В. Петрова^{1,*}, В.В. Слободенюк¹, Е.М. Колоскова², Н.А. Леднёва¹,
М.А. Савина¹, Е.В. Панина¹, А.Г. Берзина¹

¹ ФГБУН «Научный центр биомедицинских технологий ФМБА России»
143442, Российская Федерация, Московская обл., Красногорский р-н, п. Светлые горы, 1

² Всероссийский научно-исследовательский институт физиологии, биохимии и питания животных —
филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства — ВИЖ им. акад. Л.К. Эрнста»
249013, Российская Федерация, Калужская обл., Боровск, п. Институт

В статье приведены данные об определении пригодности гена *CYTB* для типирования кроликов породы Советская шиншилла. Детекцию целевого фрагмента гена *CYTB* проводили с помощью ПЦР в реальном времени с использованием высокоспецифичных праймеров и зонда на амплификаторе, продукт ПЦР использовали в реакции секвенирования по Сэнгеру. В результате эксперимента выяснилось, что ген *митохондриального цитохрома b* может выступать в качестве маркера генетической оценки чистоты породы кроликов Советская шиншилла и пригодности особей для дальнейшей селекции. Метод секвенирования данного участка гена *цитохрома b* показал свою эффективность, практическую значимость и позволил за достаточно короткий срок провести скрининг животных для их использования в селекционно-генетической работе или иных исследовательских целях.

Ключевые слова: кролики, секвенирование по Сэнгеру, ПЦР в реальном времени, *цитохром b*

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Каркищенко В.Н., Петрова Н.В., Слободенюк В.В., Колоскова Е.М., Леднёва Н.А., Савина М.А., Панина Е.В., Берзина А.Г. Определение видовой принадлежности кроликов породы Советская шиншилла с помощью ПЦР-фрагмента гена *цитохрома b* с последующим секвенированием продуктов амплификации. *Биомедицина*. 2025;21(2):8–16. <https://doi.org/10.33647/2074-5982-21-2-8-16>

Поступила 18.04.2025

Принята после доработки 15.05.2025

Опубликована 10.06.2025

SPECIES DETERMINATION OF SOVIET CHINCHILLA BREED RABBITS BY PCR OF A CYTOCHROME *b* GENE FRAGMENT FOLLOWED BY SEQUENCING OF AMPLIFICATION PRODUCTS

Vladislav N. Karkischenko¹, Nataliya V. Petrova^{1,*}, Vladimir V. Slobodenyuk¹,
Elena M. Koloskova², Nadezhda A. Ledneva¹, Mariya A. Savina¹, Elena V. Panina¹, Asya G. Berzina¹

¹ Scientific Center of Biomedical Technologies of the Federal Medical and Biological Agency of Russia
143442, Russian Federation, Moscow Region, Krasnogorsk District, Svetlye Gory Village, 1

² All-Russian Research Institute of Physiology, Biochemistry and Animal Nutrition — Branch of the Federal
Scientific Centre of Animal Husbandry — All-Russian Institute of Animal Husbandry named after Acad. L.K. Ernst
249013, Russian Federation, Kaluga Region, Borovsk, Institut Village

The article presents data on determining the suitability of the *CYTB* gene for typing rabbits of the Soviet Chinchilla breed. The detection of the target site of the *CYTB* gene was carried out by real-time PCR using highly specific primers and an amplifier probe; the PCR product was used in the Sanger sequencing reaction. The experiment determined that the *mitochondrial cytochrome b* gene can act as a marker for the genetic assessment of the purity of the Soviet Chinchilla rabbit breed and the suitability of individuals for further breeding. The method of sequencing of this section of the *cytochrome b* gene showed its efficacy and practical significance, allowing animals to be screened over a fairly short period of time for their use in breeding and genetic work or other research purposes.

Keywords: rabbits, Sanger sequencing, real-time PCR, *cytochrome b*

Conflict of interest: the authors declare no conflict of interest.

For citation: Karkischenko V.N., Petrova N.V., Slobodenyuk V.V., Koloskova E.M., Ledneva N.A., Savina M.A., Panina E.V., Berzina A.G. Species Determination of Soviet Chinchilla Breed Rabbits by PCR of a *Cytochrome b* Gene Fragment Followed by Sequencing of Amplification Products. *Journal Biomed.* 2025;21(2):18–16. <https://doi.org/10.33647/2074-5982-21-2-8-16>

Submitted 18.04.2025

Revised 15.05.2025

Published 10.06.2025

Введение

Кролики (лат. *Oryctolagus cuniculus domesticus*) являются одним из наиболее часто используемых видов лабораторных животных в медико-биологических исследованиях. На кроликах разработано большое количество моделей различных заболеваний человека. Эти животные широко используются для оценки безопасности субстанций и лекарственных препаратов.

Однако биоинформационные исследования генетических расстояний для 2793 генов врождённой иммунной системы человека, кролика, а также мыши, доступных в базе данных NCBI, показали, что у 88% этих генов генетическое сходство между человеком и кроликом больше, чем между человеком и мышью. Результаты объясняются увеличением частоты мутаций у мыши и ясно показывают, что кролик является лучшей моделью для изучения генов врождённой иммунной системы, чем лабораторная мышь [14].

Широкое использование кроликов в биомедицинских исследованиях обусловлено относительной простотой и низкой стоимостью их содержания по сравнению с такими лабораторными животными, как кошки, со-

баки и обезьяны. В Российской Федерации одной из традиционно используемых пород в биомедицинских исследованиях является Советская шиншилла, созданная путем скрещивания мелких кроликов породы Шиншилла с Белым великаном. Утверждена порода в 1963 году. Животные этой породы выносливы, неприхотливы и хорошо размножаются в различных климатических условиях, что послужило их широкому применению в качестве лабораторных в биологии, медицине и ветеринарии [5]. В токсикологии кролики традиционно являются моделью для изучения токсичности кожных лекарственных форм. На них проводят исследования имплантатов и других медицинских изделий [4]. Кролики используются в исследованиях по изучению патофизиологии и терапии легочных заболеваний. Воспалительные реакции, которые воспроизводятся на них, особенно при астме, сравнимы с таковыми у людей. Кроме того, легкие кроликов являются органом-мишенью для анафилактической реакции, что также сходно с клинической ситуацией у людей [9]. Кролики имеют много общих анатомических и биохимических офтальмологических характеристик

с людьми. Размер глаза делает этих животных удобной моделью для исследований в офтальмологии при изучении различных заболеваний у человека, включая синдром сухого глаза, глаукому, возрастную дегенерацию желтого пятна, индуцированную светом ретинопатию, катаракту и увеит [13, 16]. На кроликах разработан метод индукции пролиферации эндотелиальных клеток роговицы, который может быть использован для лечения дистрофии роговицы Фукса [8, 10]. Кролик является одной из лучших моделей для изучения инфекционных заболеваний: бактериальных (сифилис, туберкулез) и вирусных инфекций (ВИЧ, папилломавирус, вирус простого герпеса, вирусы оспы, норовирусы) [12].

В течение последних десятилетий для биомедицинских исследований все большее внимание уделяется созданию трансгенных кроликов. С появлением технологий редактирования генома, особенно CRISPR-Cas9, с 2014 года получено множество кроликов с нокаутированными генами (KO), с внедренными с помощью гомологичной репарации (HDR) генами (KI) для воспроизведения генетических патологий человека — т. н. «гуманизированные» животные [3, 6, 7, 15]. В ближайшие годы с помощью этой технологии количество таких животных будет только расти. Большое значение имеет получение трансгенных кроликов-биореакторов — источников биологически ценных белков, в т.ч. и белков человека биомедицинского и биотехнологического назначения [1, 2].

Отдельного внимания заслуживает вопрос об использовании кроликов в иммунологии. Данные животные являются гипериммунными и участвуют в исследовании и разработке иммунологических методов более 100 лет в качестве продуцентов диагностических антител. Кроличьи антитела — как поликлональные, так и моноклональные (МАТ) — являются основным источником для получения диагностиче-

ских и терапевтических препаратов [11]. Высокое сродство и специфичность к антигенам кроличьих МАТ по сравнению с мышинными объясняют их несомненное преимущество в использовании на практике. Благодаря последним достижениям в области гибридных технологий кроличьи МАТ будут широко применяться в терапевтических и диагностических целях в ближайшие годы [17].

Научные исследования, проводимые на кроликах породы Советская шиншилла, требуют поддержания и сохранения чистоты данной линии. Племенная работа включает в себя отбор особей для размножения с помощью простых и наиболее оптимальных методов типирования.

Надежными и быстрыми методами типирования являются молекулярно-генетические методы. Наиболее перспективными мишенями генетического типирования являются митохондриальные гены, в частности, ген митохондриального *цитохрома b* (*CYTB*), который широко используется в качестве молекулярного маркера для определения филогенетических связей на различных уровнях при систематизации. В настоящем исследовании ген *CYTB* использовался в качестве маркера для типирования кроликов породы Советская шиншилла.

Целью данной работы являлось определить пригодность гена *CYTB* для типирования кроликов породы Советская шиншилла.

Материалы и методы

Кролики породы Советская шиншилла были получены из филиала «Электрогорский» ФГБУН НЦБМТ ФМБА России (Московская обл.), где содержались в механизированных крольчатниках с регулярной сменой подстилки, на стандартном рационе для кроликов со сбалансированным кормлением (сено, зерновые корма, свежая трава и овощи, витаминно-минеральные добавки) и постоянным доступом к воде.

В работе было использовано 8 самцов породы Советская шиншилла в возрасте 6 мес.

Биоматериал для генетического анализа

Геномную ДНК выделяли из лимфоцитов крови кроликов разного пола и возраста, определенных в питомнике как порода Советская шиншилла.

Выделение ДНК

Получение препаратов ДНК проводили с использованием набора реагентов МАГНО сорб (“AmpliSens”, Россия) и станции для выделения нуклеиновых кислот KingFisher Flex (“Thermo Fisher Scientific”, Финляндия). Готовые растворы ДНК хранили при температуре не выше -16°C не более 1 мес.

Подбор праймеров

Для определения нуклеотидной последовательности праймеров и зонда было использовано программное обеспечение Vector NTI (“Thermo Fisher Scientific”, США) и база данных BLAST. Синтез праймеров осуществлялся ООО «ДНК синтез» (Россия).

Проведение ПЦР в реальном времени

Детекцию целевого фрагмента гена *CYTb* проводили с помощью ПЦР в реальном времени с использованием высокоспецифичных праймеров и зонда (ООО «ДНК-Синтез», Россия) на амплификаторе («ДНК Технология», Россия). Продукт ПЦР использовали в реакции секвенирования по Сэнгеру.

Секвенирование по Сэнгеру

Процедуру проводили с использованием прямого и обратного праймеров на секвенаторе Genetic Analyser 3500 (Applied Biosystems). Обработку полученных результатов, сравнение и выравнивание по-

следовательностей проводили с помощью программного обеспечения Vector NTI и онлайн-модуля BLAST Align (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/BlastAlign.cgi>).

Дизайн системы для ПЦР детекции фрагментов гена *CYTb* у кроликов породы Советская шиншилла

ПЦР в реальном времени позволяет быстро и качественно определить наличие гена *CYTb*, однако для более детального анализа нуклеотидной последовательности с целью типирования кроликов породы Советская шиншилла требуется проведение секвенирования эпитопа. В табл. 1 представлены праймеры и зонд, используемые для ПЦР в реальном времени и для секвенирования.

Полученные таким образом ампликоны могут быть использованы в дальнейшем как для верификации наличия гена *CYTb* методом детекции ДНК в режиме реального времени, так и в качестве материала для определения точной нуклеотидной последовательности методом секвенирования по Сэнгеру.

Результаты и их обсуждение

Проведение ПЦР в реальном времени и подтверждение соответствия участка гена *CYTb* кроликов заявленной породе Советская шиншилла методом секвенирования по Сэнгеру

Секвенирование является одним из ключевых методов в молекулярной биологии, который позволяет точно установить первичную последовательность нуклеотидов в цепи ДНК. Полученные при этом первичные данные с помощью специальных программ и анализа методами биоинформатики могут быть использованы для

Таблица 1. Праймеры для ПЦР детекции гена *CYTb*
Table 1. Primers for PCR detection of the *CYTb* gene

Праймер	Последовательность 5'-3'	Размер, п.н
SVcbF	GGCCTGTGCTTAATCATTTCA	238
SVcbR	TGCCGATGTTTCAGGTTTCT	
SVcbZ	ROX-GTTGACTTATTCGATATCTCCATGC-BHQ-2	

картирования ДНК, поиска последовательностей и других целей. В нашем случае использование данного метода позволяет подтвердить нуклеотидную последовательность участка гена *CYTb*, полученного в результате ПЦР в реальном времени, последовательности *CYTb*, характерной для породы кроликов Советская шиншилла.

В качестве матрицы для ПЦР в реальном времени и последующего секвенирования использовали ДНК кроликов породы Советская шиншилла, полученную из выделенного препарата образцов крови. Сравнение нуклеотидных последовательностей гена *CYTb* кроликов проводили выравниванием полученных сиквенсов относительно нуклеотидной последовательности *CYTb* кроликов породы Советская шиншилла, взятой из базы данных NCBI (GenBank: FM205927.1).

Секвенирование проводили с использованием и прямого, и обратного праймеров.

На рис. 1 и 2 представлен пример сиквенса с прямым и обратным праймером нуклеотидной последовательности гена *CYTb*.

В работе использовали программу VectorNTI, приложение Align.

Результаты секвенирования

Последовательность пробы f_C2_E01_05 (секвенирование с праймером SVcbF)

GGCCTGTGCTTAATCATTCAAATT
TAACTGGTCTCTTCCTAGCCATATA
TTACACCTCAGACACAATAACAGC
ATTCTCATTTGGTAACTCATATTTGCC
GAGACATAAAACCATGGTTGACTTAT
TYGATATCTCCATGCCAATGGAGCA-
TCGATATTTTTATTTCCTCTATATACA

Сравнение полученной последовательности секвенирования гена *CYTb* кроликов Советской шиншиллы с последовательностью из базы данных NCBI (GenBank: FM205927.1)

Последовательность пробы r_C2_E02_05 (секвенирование с праймером SVcbR)

CCATATATTACCTCAGACACAATAA
CAGCATTTCTCATTTGGTAACTCATATTTG
CCGAGACATAAAACCATGGTTGACTTATT
CGATATCTCCATGCCAATGGAGCATCGA
TATTTTTTATTTGCCTCTATATACA
GGCCWTTGGAATCTATTATGGCTCATATA
CATATCTAGAAACCTGAAACATCGGCA

Сравнение полученной последовательности секвенирования гена *CYTb* кроликов советской шиншиллы с последователь-

```
Query 1 GGCCTGTGCTTAATCATTCAAATTTAACTGGTCTCTTCCTAGCCATATATTACACCTCA 60
      |||
Sbjct 43 GGCCTGTGCTTAATCATTCAAATTTAACTGGTCTCTTCCTAGCCATATATTACACCTCT 102
Query 61 GACACAATAACAGCATTCTCATTTGGTAACTCATATTTGCCGAGACATAAAACCATGGTTGA 120
      |||
Sbjct 103 GACACAATAACAGCATTCTCATTTGGTAACTCATATTTGCCGAGACATAAAACCATGGTTGA 162
Query 121 CTTATTGATATCTCCATGCCAATGGAGCATCGATATTTTTTATTTCCTCTATATACA 179
      |||
Sbjct 163 CTTATTCGATATCTCCATGCCAATGGAGCATCGATATTTTTTATTTCCTCTATATACA 221
```

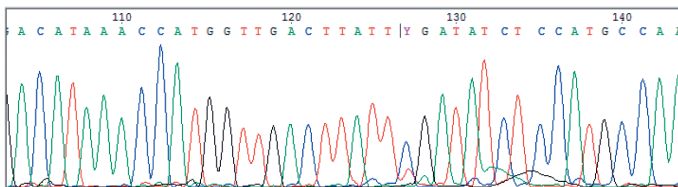


Рис. 1. Пример сиквенса с прямым праймером SVcbF.

Примечание: Y=C.

Fig. 1. An example of a sequence with a direct SVcbF primer.

Note: Y=C


```

Query 12  GCCATATATTACACCTCAGACACAATAACAGCATTCTCATTGGTAACTCATATTTGCCGA 71
          |||
Sbjct 85  GCCATATATTACACCTCTGACACAATAACAGCATTCTCATTGGTAACTCATATTTGCCGA 144
Query 72  GACATAAACCATGGTTGACTTATTCGATATCTCCATGCCAATGGAGCATCGATATTTT 131
          |||
Sbjct 145 GACATAAACCATGGTTGACTTATTCGATATCTCCATGCCAATGGAGCATCGATATTTT 204

Query 132  ATTTGCCTCTATATACAYGTAGGCCGTGGAATCTATTATGGCTCATATACATATCTAGAA 191
          |||
Sbjct 205  ATTTGCCTCTATATACACGTAGGCCGTGGAATCTATTATGGCTCATATACATATCTAGAA 264
Query 192  ACCTGAAACATCGGCA 207
          |||
Sbjct 265  ACCTGAAACATCGGCA 280|

```

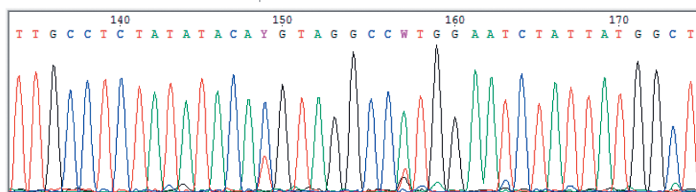


Рис. 2. Пример сиквенса с обратным праймером SVcbR.

Примечание: Y=C, W=A.

Fig. 2. An example of a sequence with a reverse SVcbR primer.

Note: Y=C, W=A.

ностью из базы данных NCBI (GenBank: FM205927.1).

На основе данных нуклеотидных последовательностей, полученных в результате секвенирования гена *CYTb* кроликов породы Советская шиншилла с прямым и обратным праймерами (SVcbF/SVcbR), выстроена следующая нуклеотидная последовательность:

GGCCTGTGCTTAATCATTCAAATTTTA
ACTGGTCTCTCTCCTAGCCATATATTACA
CCTCAGACACAATAACAGCATTCTCAT
TGGTAACTCATATTTGCCGAGACATAAA
CCATGGTTGACTTATTCGATATCTCCAT
GCCAATGGAGCATCGATATTTTATTT
GCCTCTATATACACGTAGGCCATGGAAT
CTATTATGGCTCATATACATATCTAGAAA
CCTGAAACATCGGCA

Данная последовательность соответствует референсной нуклеотидной последовательности гена *CYTb* кролика породы Советская шиншилла в базе данных NCBI (Oryctolagus cuniculus mitochondrial partial cytb gene for cytochrome b, breed Soviet Chinchilla Sequence ID: FM205927.1).

Закключение

При ведении племенной работы с кроликами породы Советская шиншилла, а также планировании проведения технологии редактирования генома CRISPR-Cas9 для получения нокаутированных кроликов для воспроизведения генетических патологий человека необходимо проводить оценку чистоты породы с помощью простых и наиболее оптимальных методов типирования. Периодический генетический анализ поголовья животных позволит вести контроль чистоты линии, а также осуществлять качественный отбор особей для размножения, которые будут максимально соответствовать задачам предстоящих исследований. Контроль генетической чистоты и отбор наиболее перспективных особей для размножения лежат в основе эффективной селекционно-генетической работы. В качестве маркера генетической оценки чистоты породы кроликов Советская шиншилла и пригодности особей для дальнейшей селекции может выступать ген *митохондриального цитохрома b*. Метод секвенирования

данного участка гена *цитохрома b* показал свою эффективность и практическую значимость. Метод позволяет за достаточно короткий срок провести скрининг животных для их использования в селекционно-генетической работе или иных исследовательских целях.

На основании полученных результатов можно сделать заключение, что выполненная нами работа позволила получить доказательства пригодности гена *CYTb* для типирования кроликов породы Советская шиншилла молекулярно-генетическим методом секвенирования по Сэнгеру.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ | REFERENCES

1. Езерский В.А., Колоскова Е.М. Генетическая конструкция для замещения гена кислого сывороточного протеина кролика при использовании CRISPR/Cas9 метода. *Проблемы биологии продуктивных животных*. 2019;4:23–35. [Ezerskii V.A., Koloskova E.M. Geneticheskaya konstrukcia dlya zameshenia gena kislogo sivorotochnogo proteina krolika pri ispolsovanii CRISPR/Cas9 metoda [Genetic construction for replacement of rabbit whey acidic protein gene using the CRISPR/Cas9 method]. *Problemy biologii produktivnykh zhivotnykh* [Problems of biology of productive animals]. 2019;4:23–35. (In Russian)].
2. Езерский В.А., Шишиморова М.С., Тевкин С.И., Трубицина Т.П., Колоскова Е.М., Безбородова О.А. и др. Интеграция и тканеспецифическая экспрессия гена лактоферрина человека в молочной железе трансгенных кроликов. *Проблемы биологии продуктивных животных*. 2013;4:33–52. [Ezerskii V.A., Shishimorova M.S., Tevkin S.I., Trubitsina T.P., Koloskova E.M., Bezborodova O.A., et al. Integratsiyai i tkanetspetsificheskaya ekspressiya gena laktoferrina cheloveka v molochnoi zheleze transgennykh krolikov [Integration and tissue-specific expression of human lactoferrin gene in mammary gland of transgenic rabbits]. *Problemy biologii produktivnykh zhivotnykh* [Problems of biology of productive animals]. 2013;4:33–52. (In Russian)].
3. Колоскова Е.М., Каркищенко В.Н., Езерский В.А., Петрова Н.В., Максименко С.В., Матвеев Е.Л. Трансгенные и нокдаунные кролики в биомедицине и генотерапии. CRISPR/Cas9-технологии (обзор). *Биомедицина*. 2019;15(4):12–33. [Kolosko-va E.M., Karkischenko V.N., Ezerskii V.A., Petrova N.V., Maksimenko S.V., Transgennee i nokautnie kroliki v biomedicine i genoterapii. CRISPR/Cas9-technologii (obzor) [Rabbit biomodels of human diseases developed using new genomic technologies. Crispr/cas9 (review)]. *Biomeditsina* [Journal Biomed]. 2019;15(4):12–33. (In Russian)]. DOI: 10.33647/2074-5982-15-4-12-33.
4. Макарова М.Н., Макаров В.Г. Использование кроликов в доклинических исследованиях. *Лабораторные животные для научных исследований*. 2023;3(6):18–43. [Makarova M.N., Makarov V.G. Ispolzovanie krolikov v doklinicheskikh issledovaniyakh [Rabbits in preclinical research]. *Laboratornieivotnie dlya nauchnih issledovaniy* [Laboratory animals for science]. 2023;3(6):18–43. (In Russian)]. DOI: 10.57034/2618723X-2023-03-0.
5. Юращик С.В. *Кролиководство*. Уч. пособ. для высших учебных заведений. Гродно: УО «ГГАУ», 2005:412. [Yurashnik S.V. *Krolikovodstvo* [Rabbit breeding]. Uch. posob. dlya visshih uchebnykh zavedeniy [Study guide for higher education institutions]. Grodno: UO “GGAU”, 2005:412 (In Russian)].
6. Fan J., Challah M., Watanabe T. Transgenic rabbit models for biomedical research: current status, basic methods and future perspectives. *Pathol. Int.* 1999;49(7):583–594. DOI: 10.1046/j.1440-1827.1999.00923.x.
7. Fan J., Wang Y., Chen Y.E. Genetically Modified Rabbits for Cardiovascular Research. *Front. Genet.* 2021;12:614379. DOI: 10.3389/fgene.2021.614379.
8. Okumura N., Matsumoto D., Fukui Y., Teramoto M., et al. Feasibility of cell-based therapy combined with descemetorhexis for treating Fuchs’ do the lialcorneal dystrophy in rabbit model. *PLoSOne*. 2018;13(1):e0191306. DOI:10.1371/journal.pone.0191306.
9. Kamaruzaman N.A., Kardia E., Kamaldin N., Latahir A.Z., Yahaya B.H. The rabbit as a model for studying lung disease and stemcelltherapy. *Biomed. Res. Int.* 2013;691830. DOI: 10.1155/2013/691830.
10. Kinoshita S., Koizumi N., Ueno M., et al. Injection of cultured cells with a ROCK inhibitor for bullouskerato pathy. *N. Engl. J. Med.* 2018;378:995–1003.
11. Mage R.G., Lanning D., Knight K.L. B cell and antibody repertoire development in rabbits: the requirement of gut-associated lymphoid tissues. *Dev. Comp. Immunol.* 2006;30(1–2):137–153. DOI: 10.1016/j.dci.2005.06.017.
12. Mage R.G., Esteves P.J., Rader C. Rabbit models of human diseases for diagnostics and therapeutics development. *Dev. Comp. Immunol.* 2019;92:99–104. DOI: 10.1016/j.dci.2018.10.003.
13. Sebbag L., Mochel J.P. An eye on the dog as the scientist’s best friend for translation al research in ophthalmology: Focus on the ocular surface. *Med. Res. Rev.* 2020;40(6):2566–2604. DOI: 10.1002/med.21716.
14. Soares J., Pinheiro A., Esteves P.J. The rabbit as an animal model to study innate immunity genes: Is it better than mice? *Front. Immunol.* 2022;13:981815. DOI: 10.3389/fimmu.2022.981815.

15. Young S., Forsberg-Nilsson K., Good J.M., Lander E.S., et al. Rabbit genome analysis reveals polygenic basis for phenotypic change during domestication. *Science*. 2014;346(6200):1074–1079. DOI: 10.1126/science.1253714.
16. Zernii E.Y., Baksheeva V.E., Iomdina E.N., et al. Rabbit Models of Ocular Diseases: New Relevance for Classical Approaches. *CNS Neurol. Disord. Drug Targets*. 2016;15(3):267–291. DOI: 10.2174/187152731566615110124957.
17. Zhang Z., Liu H., Qian Q., Wang L., Yuan H. Advances in the Isolation of Specific Monoclonal Rabbit Antibodies. *Frontiers in Immunology*. 2017;8:494. DOI: 10.3389/fimmu.2017.00494.

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ | INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Каркищенко Владислав Николаевич, д.м.н., проф., ФГБУН «Научный центр биомедицинских технологий ФМБА России»;
e-mail: scbmt@yandex.ru

Vladislav N. Karkischenko, Dr. Sci. (Med.), Prof., Scientific Center of Biomedical Technologies of the Federal Medical and Biological Agency of Russia;
e-mail: scbmt@yandex.ru

Петрова Наталья Владимировна*, ФГБУН «Научный центр биомедицинских технологий ФМБА России»;
e-mail: m-sklad@yandex.ru

Nataliya V. Petrova*, Scientific Center of Biomedical Technologies of the Federal Medical and Biological Agency of Russia;
e-mail: m-sklad@yandex.ru

Слободенюк Владимир Владимирович, к.б.н., ФГБУН «Научный центр биомедицинских технологий ФМБА России»;
e-mail: prof-v-iprim@mail.ru

Vladimir V. Slobodenyuk, Cand. Sci. (Biol.), Scientific Center of Biomedical Technologies of the Federal Medical and Biological Agency of Russia;
e-mail: prof-v-iprim@mail.ru

Колоскова Елена Михайловна, к.б.н., Всероссийский научно-исследовательский институт физиологии, биохимии и питания животных — филиал ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства — ВИЖ им. акад. Л.К. Эрнста»;
e-mail: heleko3@yandex.ru

Elena M. Koloskova, Cand. Sci. (Biol.), All-Russian Research Institute of Physiology, Biochemistry and Animal Nutrition — Branch of the Federal Scientific Centre of Animal Husbandry — All-Russian Institute of Animal Husbandry named after Acad. L.K. Ernst;
e-mail: heleko3@yandex.ru

Леднёва Надежда Андреевна, ФГБУН «Научный центр биомедицинских технологий ФМБА России»;
e-mail: kichi09@mail.ru

Nadezhda A. Ledneva, Scientific Center of Biomedical Technologies of the Federal Medical and Biological Agency of Russia;
e-mail: kichi09@mail.ru

Савина Мария Анатольевна, ФГБУН «Научный центр биомедицинских технологий ФМБА России»;
e-mail: graff22@mail.ru

Mariya A. Savina, Scientific Center of Biomedical Technologies of the Federal Medical and Biological Agency of Russia;
e-mail: graff22@mail.ru

Панина Елена Витальевна, к.б.н., доц., ФГБУН
«Научный центр биомедицинских технологий
ФМБА России»;

e-mail: epanina@rgau-msha.ru

Elena V. Panina, Cand. Sci. (Biol.), Assoc. Prof.,
Scientific Center of Biomedical Technologies
of the Federal Medical and Biological Agency
of Russia;

e-mail: epanina@rgau-msha.ru

Берзина Ася Григорьевна, к.б.н., ФГБУН
«Научный центр биомедицинских технологий
ФМБА России»;

e-mail: berzina07@mail.ru

Asya G. Berzina, Cand. Sci. (Biol.), Scientific
Center of Biomedical Technologies of the Federal
Medical and Biological Agency of Russia;

e-mail: berzina07@mail.ru

* Автор, ответственный за переписку / Corresponding author