этого этапа работ данные позволяют продолжить исследования разработки тест-системы определения генотипа свиней по галотеновому локусу методом анализа кривых плавления.

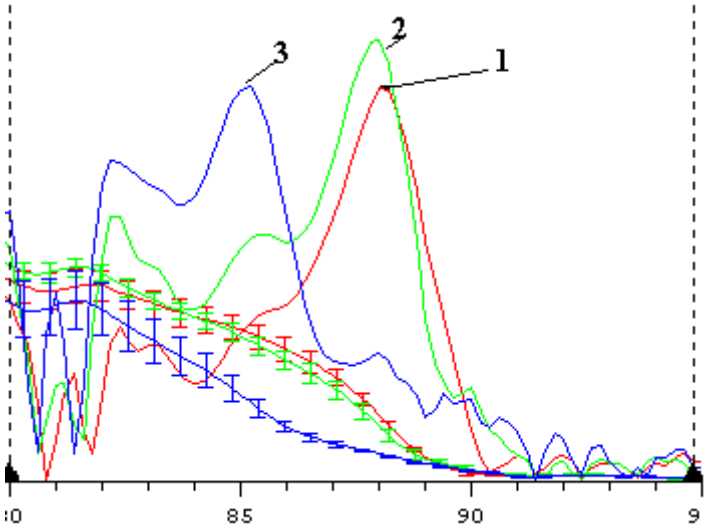

Рис. Кривые плавления ампликонов галотанового локуса при аллель-специфичном PCR: 1 – гомозигота дикого типа, 2 – гетерозигота, 3 – мутантная гомозигота.

1. *G. J. Evans et al.* Identification of quantitative trait loci for production traits in commercial pig populations // Genetics. – 2003. – V. 164. – P. 621-627.
2. *И.П. Шейко и др.* Использование ДНК-маркеров в селекции свиней // Молекулярная и прикладная генетика. Научные труды. – 2006. – Том 3. – С. 176-180.
3. *J. Wang et al.* High-throughput SNP genotyping by single-tube PCR with T_m-shift primers // BioTechniques. – 2005. – V. 39. – P. 885-893.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНА-КАНДИДАТА Pit1 (ГИПОФИЗАРНЫЙ ФАКТОР ТРАНСКРИПЦИИ) ДЛЯ ДНК-МАРКИРОВАНИЯ МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

М.Е. Михайлова, Е.В. Белая, Н.М. Волчок, Н.А. Камыш

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь

M.Mikhailova@igc.bas-net.by

Применение ДНК–маркеров для ускорения решения селекционных задач получило название “селекция с помощью маркеров или маркер-зависимая селекция (MAS – marker assisted selection)”. ДНК – маркеры – это аллельные варианты генов, напрямую или косвенно связанные с продуктивными и адаптационными признаками животными, с устойчивостью или восприимчивостью к заболеваниям. Выявление предпочтительных с точки зрения селекции вариантов таких генов позволяет дополнительно к традиционному отбору животных, например, по содержанию жира в молоке, по уровню удоя, проводить селекцию по генотипу [1].

Прямая селекция по ряду количественных признаков требует больших затрат труда и времени, особенно при селекции одновременно по нескольким признакам. Селекция с использованием молекулярных маркеров значительно повышает эффективность селекционных программ.

Фактор-1 гормона роста или гипофизарно-специфический фактор транскрипции Pit1, являющийся регуляторным геном, осуществляет контроль транскрипции гена пролактина, тиротропина и гормона роста, а также играет важную роль в пролиферации и дифференциации клеток гипофиза, секретирующих эти гормоны. Ингибирование синтеза

Pit1 приводит к заметному снижению экспрессии генов пролактина и гормона роста и к значительному снижению пролиферации клеточных линий, продуцирующих эти гормоны. Поэтому ген Pit1 изучается как маркер генетической изменчивости признаков молочной продуктивности. Очевидно, мутации гена Pit, сопровождаемые нарушением структуры его продукта, могут оказывать значительное влияние на экспрессию контролируемых им генов, и таким образом изменять фенотипическое проявление признаков молочной продуктивности крупного рогатого скота [2, 3].

Целью исследования является изучение Hinf1-полиморфизма в шестом экзоне гена Pit1 у представителей черно-пестрой породы белорусской популяции крупного рогатого скота и проанализировать ассоциацию данного полиморфизма с признаками молочной продуктивности.

Проведен анализ генетической структуры популяций КРС по Госплемпредприятиям Минской и Витебской областях по гену гипофизарно-специфического фактора транскрипции Pit1. Показано, что частота предпочтительного генотипа АА- Pit1 в исследуемых образцах животных Витебского племпредприятия составляет 11%, а Минского – почти в два раза меньше – 5,6% [4].

Наиболее ценным генотипом, ассоциированным с повышенным удоем молока является генотип АА-Pit-1. Анализ генетической структуры популяций КРС по различным племенным хозяйствам РБ показал, что частота предпочтительного генотипа АА- Pit1 в исследуемых образцах животных Витебского племпредприятия составляет 11%, а Минского – почти в два раза меньше – 5,6% (таблица).

Таблица

Генетическая структура популяций быков-производителей и быкопроизводящих коров белорусской черно-пестрой породы по локусу Pit-1

Принадлежность	Количество особей (n)	Частота встречаемости				
		генотипов, %			аллелей	
		ВВ	АВ	АА	В	А
РСУП “Витебск племпредприятие”	118	45,8	43,2	11,0	0,67±0,043	0,33±0,043
РСУП “Минск племпредприятие”	90	58,9	35,6	5,6	0,77±0,044	0,23±0,044
РУСП “Племенной завод Красная звезда”	42	47,6	33,3	19,0	0,64±0,074	0,36±0,074

Самая высокая частота генотипа АА была выявлена в популяции КРС РУСП “Племенной завод Красная звезда” и составила 19%.

Наибольший уровень продуктивности по такому показателю, как общий удой имеют животные с генотипом $Pit\text{-}1^{AA}$, чем особи с генотипом $Pit\text{-}1^{BB}$.

Таким образом, проведен анализ генетической структуры популяций КРС по Госплемпредприятиям Минской и Витебской областях по гену гипофизарно-специфического фактора транскрипции Pit1. Показано, что частота предпочтительного генотипа АА- Pit1 в исследуемых образцах животных Витебского племпредприятия составляет 11%, а Минского – почти в два раза меньше – 5,6%. Изучена связь молочной продуктивности КРС с полиморфными аллельными вариантами гена Pit 1 (RYR1) у крупного рогатого скота. Показано, что на 2,6 % общий удой молока имеют животные с генотипом $Pit\text{-}1^{AA}$ по сравнению с особями $Pit\text{-}1^{BB}$.

1. *Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь, Л. К. Эрнст, Г. Брем* Введение в молекулярную генную диагностику сельскохозяйственных животных // ВИЖ. – 2002. – С. 112.
2. *R. Renaville, N. Gengler, E. Vrech et al.* Pit-1 gene polymorphism, milk yield, and conformation traits for Italian Holstein-Friesian bulls // J. Dairy Sci. – 1997. – № 80(12). – P. 3431-3438.

3. *М. Е. Михайлова* Генетическое маркирование хозяйственно-полезных признаков сельскохозяйственных животных с помощью ДНК-технологий // Молекулярная и прикладная генетика. Научные труды. Том 4, Минск, 2006. – С. 32-43.
4. *М. Е. Михайлова, Е. В. Белая, С. Г. Голенченко, Н. М. Волчок, Н. А. Камыш* Использование ДНК-технологий для генетического маркирования хозяйственно-ценных признаков и идентификации скрытых носителей иммунодефицита крупного рогатого скота // Современные методы генетики и селекции в животноводстве. Материалы международной научной конференции. ВНИИГРЖ. – 2007. – С. 267-273.Санкт-Петербург, 26-28 июня 2007 г.

АНАЛИЗ СОВРЕМЕННОГО СОСТОЯНИЯ МИКРОПОПУЛЯЦИЙ БЕЛОВЕЖСКОГО ЗУБРА *BISON BONASUS LINNAEUS* С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ

М.Е. Михайлова, Н.А. Камыш
ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь
M.Mikhailova@igc.bas-net.by

Изучение современного состояния популяций различных видов животных и растений является важным этапом для сохранения биоразнообразия. Особенно это касается популяций редких и исчезающих, а также искусственно восстановленных видов, так как для их сохранения и обеспечения стабильного существования в природе необходимо осуществлять обширные комплексные исследования влияния различных факторов на физическое развитие и общее состояние особей в популяциях, что позволяет своевременно реагировать на изменения, которые со временем могут привести к сокращению численности или полному исчезновению вида. Восстановление популяции зубра – один из наиболее показательных примеров спасения зоологического вида, истребленного в природе. Из ныне живущих животных к нему принадлежат два вида: европейский зубр (Bison bonasus) и американский бизон (Bison bison).

На сегодняшний день зубр относится к категории редкого вида, который находится в состоянии восстановления в отдельных местах его прежнего ареала. Т.е. устранена угроза исчезновения зубра, однако остается много проблем, связанных с задачами долговременного сохранения вида и возвращения его в современные контролируемые человеком экосистемы. Следует отметить, что искусственно созданная мировая макропопуляция вольных зубров сильно фрагментирована и возможность миграционного обмена между отдельными популяциями предельно мала или полностью отсутствует. С 1991 по 2005 гг. зубровое поголовье на всей территории Беларуси увеличилось с 353 до 680 особей. По состоянию на 1.01.2007 г. поголовье зубра в Беларуси уже составляет 720 особей. Фактически это количество соответствует численности зубра на территории Беловежской пущи в 1914 году. Сегодня Беларусь занимает 2-е место в мире (после Польши) по численности зубра. Но для дальнейшего оздоровления популяции беловежского зубра необходимо проводить генетико-селекционные исследования с целью подбора более удаленных пар для уменьшения инбридинга и увеличения гетерогенности в микропопуляциях.

Объектом для исследования были взяты выборки особей из микропопуляций беловежского зубра (Bison bonasus Linnaeus), отобранные в разное время. Первая выборка из популяции зубра на территории Беларуси была собрана с 1980-1990 гг. и была любезно представлена д.б.н. Сулимовой Г. Е., Институт общей генетики им. Н. В.Вавилова РАН. Вторая выборка из современных микропопуляций беловежского зубра за период 2005-2007 гг. была собрана д.б.н. Бычковой Е. И., Институт зоологии НАН Беларуси. Эта выборка включает особей из разных микропопуляций Беларуси.

В наших исследованиях использовались следующие молекулярно-генетических методы: