

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 пуши 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:

1) метод RAPD анализа для оценки полиморфизма локусов анонимных последовательностей ДНК зубра с помощью высокополиморфных ДНК-маркеров (маркеры RAPD-PCR);

2) метод ISSR-анализа полиморфизма локусов известных последовательностей межмикросателлитных повторов (маркеры ISSR-PCR).

Проанализирована генетическая структура популяции *Bison bonasus bonasus* с помощью ISSR-фингерпринтинга и RAPD-анализа. Показано, что беловежский подвид зубра (*B. Bonasis bonasus*) уступает как кавказскому зубру, так и бизону по таким параметрам как доля полиморфных локусов, среднее число фрагментов генома на особь, частота встречаемости фрагментов, что, доказывает обедненность генофонда беловежского зубра. Установлено, что более информативными по сравнению с исследованными ISSR-праймерами являются RAPD-праймеры. Средний уровень полиморфизма выявляемого RAPD-праймерами составил 67,3%, что значительно превосходит данные, полученные при использовании ISSR-праймера – 42%. Поэтому данные, полученные при использовании RAPD-праймеров, следует считать более достоверными.

Для дальнейшего исследования выбраны наиболее полиморфные RAPD-праймеры: OPA-01, OPA-03, OPA-04, OPA-05, OPA-08 и OPB-08, которые в совокупности выявляют 67 полиморфных локусов, что является достаточным для определения родства в изучаемых нами популяциях *B. Bonasus*. Средний уровень полиморфизма, выявляемого RAPD-праймерами составил 67,3%, что значительно превосходит данные, полученные при использовании ISSR-праймера – 42%. Кластерный анализ (UPGMA-анализ), показал, что популяция беловежского зубра достоверно образует два достаточно удалённых друг от друга кластера, что указывает на наличие генетически изолированных групп в пределах беловежской популяции *B. bonasus*. Рассчитаны сводные оценки парных различий генетических расстояний и их ошибок исследованных особей зубра, полученные на основе ISSR и RAPD анализов. Показано, что рассчитанная нами гетерозиготность (30,43 %), даже при очень большой ошибке, будет находиться в области прогнозируемого уровня снижения. Потеря генетического разнообразия, по всей видимости, больше не угрожает белорусской популяции беловежского зубра, однако требуется продолжать работу по мониторингу генетического состояния зубра, с целью уменьшения инбридинга в поколениях.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНА МЕДЛЕННОЙ ОПЕРЯЕМОСТИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ АУТОСЕКСНОГО КРОССА ЯИЧНЫХ КУР

С.Н. Свиридова, В.С. Махнач

РУП “Опытная научная станция по птицеводству”, Заславль, Беларусь

Успехи современного птицеводства зависят от использования высокопродуктивных кроссов птицы. Крупным достижением птицеводства является широкое распространение в селекции маркерных генов пола: быстрой – медленной оперяемости, цвета оперения и других, использование которых позволяет с высокой точностью разделять по полу суточных цыплят [1].

Разделение суточных цыплят по полу имеет важное экономическое значение, так как дает возможность использовать петушков и курочек строго по их целевому назначению с применением специализированных технологий их выращивания. Это сокращает затраты корма, более эффективно используются производственные площади. Маркерные гены пола упрощают процесс сортировки цыплят, исключают их травмирование и повышают производительность труда сортировщиц [2].

Использование аллелей гена скорости оперяемости явилось основой для создания аутосексного кросса яичных кур “Беларусь А”. Фенотипическое проявление аллелей гена скорости оперения (К- медленной и к - быстрой оперяемости) позволяет получить