

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ**

Кафедра генетики

ХОВРАТОВИЧ
Владислава Андреевна

**ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ БЛАГОРОДНОГО
ОЛЕНЯ (*CERVUS ELAPHUS*) НА ТЕРРИТОРИИ БЕЛАРУСИ ПО
МАРКЕРАМ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК В КОНТЕКСТЕ
ЕВРОПЕЙСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ**

Аннотация
к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук
В.С. Панкратов

Минск, 2018

РЕФЕРАТ

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ, БЛАГОРОДНЫЙ ОЛЕНЬ, *CERVUS ELAPHUS*, МИТОХОНДРИАЛЬНАЯ ДНК, ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ДЕРЕВО, ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МАРКЕР, ГАПЛОТИП, ГАПЛОГРУППА, ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ, БЕЛАРУСЬ

Цель работы - изучить генетическую структуру белорусской популяции благородного оленя (*Cervus elaphus*) по маркерам митохондриальной ДНК и генетическое разнообразие в европейских хозяйствах – потенциальных источниках животных для Беларуси.

Актуальность работы обусловлена необходимостью изучения белорусской популяции благородного оленя для эффективной реинтродукции вида и отсутствием исследований по генетике благородного оленя в Беларуси.

Объект исследования – популяция благородного оленя (*Cervus elaphus*) на территории Беларуси и образцы оленей рода *Cervus* из европейских хозяйств. **Предмет исследования** – качественный и количественный гаплотипический состав белорусской популяции благородного оленя и положение белорусских гаплотипов благородного оленя среди гаплотипов европейской выборки.

Генетическая структура европейской и белорусской популяций изучена с помощью генотипирования образцов костной ткани рогов оленя по D-петле митохондриальной ДНК и построения филогенетического дерева по последовательностям выявленных гаплотипов.

По результатам выполненной работы была выяснена генетическая структура популяции благородного оленя в Беларуси; выявлены филогенетические отношения между гаплотипами белорусской популяции и гаплотипами европейской популяции; определены уникальные гаплогенетические маркеры для субгаплогрупп благородного оленя (*Cervus elaphus*) и некоторых подвидов вапити (*Cervus canadensis*) и пятнистого оленя (*Cervus nippon*); по топологии полученного филогенетического дерева сделаны выводы об эволюционной истории популяций различных филогенетических клад; определены ранее не используемые переменные участки митохондриальной ДНК семейства *Cervidae*.

Структура дипломной работы. Дипломная работа состоит из введения, 3 глав (включающих обзор литературы, описание материалов и методов исследования, результаты работы и их обсуждение), заключения, списка использованных источников (38 наименований), 7 приложений. Работа изложена на 55 страницах, содержит 12 рисунков и 5 таблиц.

РЭФЕРАТ

ФІЛАГЕНЕТЫЧНЫ АНАЛІЗ, ВЫСАКАРОДНЫ АЛЕНЬ, *CERVUS ELAPHUS*, МІТАХАНДРЫЯЛЬНАЯ ДНК, ФІЛАГЕНЕТЫЧНАЕ ДРЭВА, ГЕНЕТЫЧНЫ МАРКЕР, ГАПЛАТЫП, ГАПЛАГРУПА, ГЕНЕТЫЧНАЯ СТРУКТУРА ПАПУЛЯЦЫІ, БЕЛАРУСЬ

Мэта работы – даследаваць генетычную структуру беларускай папуляцыі высакароднага аленя (*Cervus elaphus*) па маркерах мітахандрыяльнай ДНК і генетычную разнастайнасць у еўрапейскіх гаспадарках – патэнцыйных крыніцах жывёл для Беларусі.

Актуальнасць работы абумоўлена неабходнасцю даследавання беларускай папуляцыі высакароднага аленя для эфектыўнай рэінтродукцыі віда і адсутнасцю даследаванняў па генетыцы высакароднага аленя у Беларусі.

Аб’ект даследавання – папуляцыя высакароднага аленя (*Cervus elaphus*) на тэрыторыі Беларусі і ўзоры тканіны аленаў рода *Cervus* з еўрапейскіх гаспадарак. **Прадмет даследавання** – якасны і колькасны гаплатыпічны склад беларускай папуляцыі высакароднага аленя і становішча беларускіх гаплатыпаў высакароднага аленя сярод гаплатыпаў еўрапейскай выбаркі.

Генетычная структура еўрапейскай і беларускай папуляцый даследаваная шляхам генатыпіравання ўзораў касцяной тканіны рагоў аленя па D-пятлі мітахандрыяльнай ДНК і пабудовы філагенетычнага дрэва па паслядоўнасцях вызначаных гаплатыпаў.

Па выніках выкананай работы была высветленая генетычная структура папуляцыі высакароднага аленя ў Беларусі; вызначаныя філагенетычныя адносіны паміж гаплатыпамі беларускай папуляцыі і гаплатыпамі еўрапейскай папуляцыі; выяўленыя унікальныя гаплатыпічныя маркеры для субгаплагруп высакароднага аленя (*Cervus elaphus*) і некаторых падвідаў вапіці (*Cervus canadensis*) і пятністага аленя (*Cervus nippon*); па тапалогіі атрыманага філагенетычнага дрэва зробленыя высновы аб эвалюцыйнай гісторыі папуляцый розных філагенетычных клад; вызначаныя варябельныя участкі мітахандрыяльнай ДНК сямейства *Cervidae*, якія раней не выкарыстоўваліся.

Структура дыпломнай работы. Дыпломная работа складаецца з уводзінаў, 3 глаў (уключаючых агляд літэратуры, апісанне матэрыялаў і метадаў даследавання, вынікі работы і іх абмеркаванне), заключэння, спіса выкараставаных крыніц (38 найменняў), 7 дадаткаў. Работа выкладзена на 55 старонках, змяшчае 12 малюнкаў і 5 табліц.

ABSTRACT

PHYLOGENETIC ANALYSIS, RED DEER, *CERVUS ELAPHUS*, MITOCHONDRIAL DNA, PHYLOGENETIC TREE, GENETIC MARKER, HYPLOTYP, HAPLOGROUP, GENETIC STRUCTURE OF A POPULATION, BELARUS

The aim of the study is to study the genetic structure of the belarusian red deer population (*Cervus elaphus*) with the mitochondrial DNA markers and the genetic diversity in european farms, which are potential animal sources for Belarus.

The relevance of the study is due to the need of research on the belarusian red deer population for effective reintroduction of the species and the lack of research on the genetics of the red deer in Belarus.

The object of the study is the red deer population (*Cervus elaphus*) in Belarus and the deer specimens of the genus *Cervus* from european farms. **The subject** of the study is the qualitative and quantitative haplotypic composition of the belarusian red deer population and the position of the belarusian red deer haplotypes among the haplotypes from the european sample.

The genetic structure of both the european and belarusian populations has been studied genotyping bone samples of deer horns on mitochondrial D-loop and constructing the phylogenetic tree according to the sequences of the identified haplotypes.

As the result of the work, the genetic structure of the red deer population in Belarus was revealed; phylogenetic relations between the belarussian and european haplotypes were defined; unique haplogenetic markers for subgalegroups of the red deer (*Cervus elaphus*) and some subspecies of wapiti (*Cervus canadensis*) and sika deer (*Cervus nippon*) were found; some conclusions were made about the evolutionary history of different populations of different phylogenetic treasures on the base of the obtained phylogenetic tree topology; previously unused variable regions of the mitochondrial DNA of family *Cervidae* were determined.

The structure of the study. The diploma work consists of an introduction, 3 chapters (including the literature review, description of the materials and methods, results and their discussion), conclusions, a list of sources (38 items), 7 applications. The work is presented in 55 pages. It contains 12 figures and 5 tables.