

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

ЛАГУН
Екатерины Сергеевны

**ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ЕВРОПЕЙСКОГО
ЗУБРА *BISON BONASUS* ПО ЛОКУСАМ ГЕНА D-LOOP И ГЕНА COI
МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК**

Аннотация
к дипломной работе

Научный руководитель:
к.б.н., доцент,
Михайлова М.Е.

Минск, 2020

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 33 стр., 12 рисунков, 3 таблицы, 47 источников литературы.

Ключевые слова: ЗУБР; *BISON BONASUS*; СЕВЕРОАМЕРИКАНСКИЙ БИЗОН, МТДНК; D-LOOP, COI.

Цель работы: сравнение нуклеотидных последовательностей локусов генов COI и D-loop митохондриальной ДНК европейского зубра (*Bison bonasus*), бизона (*Bison bison*) и настоящих быков (*Bos taurus*) с целью определения чистоты популяции европейского зубра беловежско-кавказской линий вольноживущих стад Беларуси.

Объект исследования: выборка из 62 особей из популяции европейского зубра, обитающих на территориях Республики Беларусь (Национальный парк "Беловежская пуща").

Методы исследования: полимеразная цепная реакция (ПЦР), фрагментный анализ ДНК, секвенирование по Сэнгеру. Для оценки результатов секвенирования и построения филогенетических деревьев использовалась программа MEGA X.

Сравнительный анализ структуры генов COI и D-loop мтДНК различных родов трибы *Bovini*, а именно видов: европейского зубра (*Bison bonasus*), американского бизона (*Bison bison*) и настоящих быков (*Bos Taurus*) подтвердил дифференциацию зубра, обитающего на территориях Республики Беларусь, от бизонов и крупного рогатого скота. Показано наличие единого для всех зубров гаплотипа по мтДНК (KX553933.1), следовательно, определить принадлежность особей к кавказской либо кавказско-беловежской линии не представляется возможным.

Полученные данные могут быть использованы с целью выявления и элиминации гибридных особей, что в свою очередь будет способствовать сохранению генетических ресурсов зубра.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца 33 стр., 12 малюнкаў, 3 табліцы, 47 крыніц літаратуры.

Ключавыя словы: ЗУБР; BISON BONASUS; ПАЎНОЧНААМЕРЫКАНСКІ БІЗОН, МТДНК; D-LOOP, COI.

Мэта працы: параўнанне нуклеатыдных паслядоўнасцяў локусаў генаў COI і D-loop мітахандрыяльнай ДНК еўрапейскага зубра (*Bison bonasus*), бізона (*Bison bison*) і сапраўдных быкоў (*Bos taurus*) з мэтай вызначэння чысціні папуляцыі еўрапейскага зубра белавежска-каўказскай ліній вольных статкаў Беларусі.

Аб'ект даследавання: выбарка з 62 асобін з папуляцыі еўрапейскага зубра, якія жывуць на тэрыторыях Рэспублікі Беларусь (Нацыянальны парк "Белавежская пушча").

Метады даследавання: палімеразная ланцуговая рэакцыя (ПЛР), фрагментны аналіз ДНК, секвеніраванне па Сэнгеру. Для ацэнкі вынікаў секвеніравання і пабудовы філагенетычных дрэў выкарыстоўвалася праграма MEGA X.

Параўнальны аналіз структуры генаў COI і D-loop мтДНК розных родаў Bovini, а менавіта відаў: *Bison bonasus*, амерыканскага бізона (*Bison bison*) і сапраўдных быкоў (*Bos Taurus*) пацвердзіў дыферэнцыяцыю зубра, які насяляе на тэрыторыях Рэспублікі Беларусь, ад бізонаў і сапраўдных быкоў. Паказана наяўнасць адзінага для ўсіх зуброў гаплатыпу па мтДНК (KX553933.1), такім чынам, вызначыць прыналежнасць асобін да каўказскай альбо каўказска-белавежскай лініі не ўяўляецца магчымым.

Атрыманыя дадзеныя могуць быць выкарыстаны з мэтай выяўлення і элімінацыі гібрыдных асобін, што ў сваю чаргу будзе спрыяць захаванню генетычных рэсурсаў зубра.

ABSTRACT

Report: 33 pages, 12 figures, 3 tables, 47 literature sources.

Key words: BISON; BISON BONASUS; NORTH AMERICAN BISON, MTDNA; D-LOOP, COI.

Object of research: a group of 62 individuals from the European bison population living in the territories of the Republic of Belarus (National Park "Belovezhskaya Pushcha").

Aim of the work: to compare the nucleotide sequences of the loci of the COI and D-loop genes of mitochondrial DNA of the European bison (*Bison bonasus*), bison (*Bison bison*) and real bulls (*Bos taurus*) in order to determine the purity of the European bison population of the Bialowieza-Caucasian line of free-living herds of Belarus.

Methods: polymerase chain reaction (PCR), DNA fragment analysis, Sanger sequencing. To evaluate the results of sequencing and the construction of phylogenetic trees, the MEGA X program was used.

A comparative analysis of the structure of the COI and D-loop mtDNA genes of different genera of the Bovini tribe, namely the species: European bison (*Bison bonasus*), American bison (*Bison bison*) and real bulls (*Bos Taurus*), confirmed the differentiation of the bison living in the Republic of Belarus, from bison and cattle. A single mtDNA haprotype is shown for all of bison (KX553933.1). Therefore, it is not possible to determine the individuals belonging to the Caucasian or Caucasian-Bialowieza line. The data obtained can be used to identify and eliminate hybrid individuals to conserve bison genetic resources.