

**Генные карты и молекулярная структура генома**

УДК 636.082.12:599.735.51/.52:575.1:576.3

**СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕННЫХ КАРТ *Bos taurus* L.  
И *Capra hircus* L.**

**Л.К. ЭРНСТ<sup>1</sup>, П.М. КЛЕНОВИЦКИЙ<sup>1</sup>, В.А. БАГИРОВ<sup>1</sup>, Б.С. ИОЛЧИЕВ<sup>1</sup>,  
Н.А. ЗИНОВЬЕВА<sup>1</sup>, В.В. КАЛАШНИКОВ<sup>2</sup>,  
В.И. ФИСИНИН<sup>2</sup>, М.А. ЖИЛИНСКИЙ<sup>1</sup>**

С использованием банка данных по генетическим картам животных и разработанного программного обеспечения проведено сравнение генных порядков у двух представителей семейства *Bovidae* — *Bos taurus* L. и *Capra hircus* L. Показано высокое сходство генных порядков гомеологичных хромосом у сравниваемых видов, за исключением хромосом 9-й и 14-й пар.

**Ключевые слова:** дивергенция, геном, генетические карты, гомеология, кариотип, хромосомы, хромосомные карты.

**Keywords:** divergence, genome, genetic maps, gomeology, karyotype, chromosome, chromosome maps.

Изучение филогенеза животных невозможно без углубленного использования достижений современной биологии, в частности знаний об особенностях организации и функционирования хромосомного аппарата. В решении вопросов систематики и филогенеза млекопитающих большую роль играют цитогенетические методы (1-3). В последние десятилетия изучение хромосомных наборов применяется и в прикладных исследованиях (4, 5), в том числе в работах по сохранению и рациональному использованию генофонда животных (6-10). В эволюционной генетике нашел широкое приложение анализ тонкой структуры хромосом. Одним из подходов при изучении гомеологии хромосом, а также их отдельных участков у различных видов млекопитающих служит сравнение дифференциальной исчерченности.

Ряд работ посвящен анализу цитогенетического сходства и эволюции кариотипов (11-13). Как отмечают А.С. Графодатский и Л.С. Битуева (12), гомеологичные участки хромосом идентифицируются по характеру рисунка тем чаще и надежнее, чем меньше сравниваемые кариотипы перестроены относительно друг друга. За редким исключением гомеология хорошо прослеживается при сравнении видов внутри рода или близких родов. Иногда удается с достаточной степенью надежности идентифицировать ее в пределах семейства.

В последнее время для оценки сходства геномов широко используются различные молекулярно-генетические маркеры (14-19). Однако наиболее точным критерием сходства (тождественности) геномов может служить лишь тот факт, что хромосомы или их фрагменты содержат одинаковые нуклеотидные последовательности, расположенные в одном и том же порядке, независимо от аллелизма.

Имеются исследования, посвященные сравнению генного состава отдельных хромосом у разных видов (20-28), также известны работы по анализу филогенеза на основе сопоставления генных карт (29-32). При сравнении дифференциальной структуры хромосом выявлены пути цитогенетической дивергенции у разных видов овец (33-37). Изучение генных порядков у *Bos taurus* L. и *Ovis aries* L. позволило более детально проанализировать характер дивергенции их кариотипов (32). Однако во всех этих работах объектом исследования были виды с выраженными цитогенети-

ческими различиями.

В представляемой работе нами проведено сравнение генных карт у двух родственных видов из семейства *Bovidae* — *Bos taurus* L. и *Capra hircus* L., имеющих сходные хромосомные наборы, с целью поиска различий в организации геномов у этих таксонов на уровне генных порядков.

**Методика.** Исследования выполняли с привлечением собственного банка данных о хромосомной локализации маркеров у *B. taurus* L. и *C. hircus* L., включающего обобщенную информацию из баз данных NAGRP (National Animal Genome Research Program, США) (38), INRA (39, 40) и содержащего сведения о локализации соответственно 28 282 и 708 маркеров. При этом для 249 маркеров известна хромосомная локализация у обоих видов. Кроме того, использовали материалы А. Eggen и R. Fries (41), J.J. Lauvergne с соавт. (42), J. Maugico с соавт. (43) и Bovine genome DataBase (44). Анализ генных карт проводили по алгоритмам, описанным нами ранее (28, 29).

Для цитогенетической характеристики сравниваемых видов из 72-часовой культуры периферических лимфоцитов, стимулированной конканавалином А («Панэко», Россия) в дозе 10 мкг/мл, готовили препараты хромосом. Культивирование лимфоцитов, подготовку и обработку препаратов хромосом проводили по общепринятой методике (45) с внесенными нами модификациями (46).

Результаты исследования документировали с помощью цифровой видеокамеры КС-583С («Digital», Tawan) и пакета программ, совместимых с Windows. Обработку изображений и кариотипирование осуществляли по описанной ранее методике (46).

**Результаты.** Для видов, образующих семейство Полорогие (*Bovidae*), характерна высокая цитогенетическая вариабельность. Полагают, что исходный кариотип полорогих содержал 60 хромосом, включая 29 пар одноплечих аутосом. Расхождение ветвей, давших начало современным представителям этого семейства, произошло 15-20 млн лет назад. На основании сопоставления хромосомных наборов у различных представителей полорогих принято считать, что эволюция кариотипов в этом семействе происходила главным образом в результате центрических слияний (47). Изменение морфологии половых хромосом у полорогих связывают с перичентрическими инверсиями.

Из современных полорогих к предковой форме кариологически наиболее близки представители рода *Capra*, обладающие хромосомной номорфностью (3, 45, 48, 49). Среди них наиболее полно изучен кариотип у *C. hircus* (50-53). Диплоидное число хромосом у козы равно 60. Кариотип этого вида включает 29 пар акроцентрических аутосом. X-хромосома представляет собой крупный акроцентрик, тогда как Y-хромосома метацентрична и относится к наиболее мелким в наборе (рис. 1, А). Точная идентификация хромосом, за исключением Y-хромосомы, возможна лишь с применением дифференциального окрашивания. Из одомашненных представителей полорогих по числу и морфологии хромосом к *C. hircus* наиболее близок *B. taurus* (см. рис. 1, Б).

Диплоидное число у обоих видов равно 60, а число плеч аутосом — 58. Характер рисунка гомологичных хромосом, исключая 9-ю и 14-ю пары, у обоих видов идентичен (4, 5). У *B. taurus* и *C. hircus* для большинства хромосом характерно относительно равномерное чередование светлых и темных блоков по всей длине. Морфологические различия имеют место в организации женских половых хромосом: у *B. taurus* X-хромосома — крупный метацентрик. Различие в морфологии женских хромосом у этих видов

обусловлено перичентрической инверсией (54).

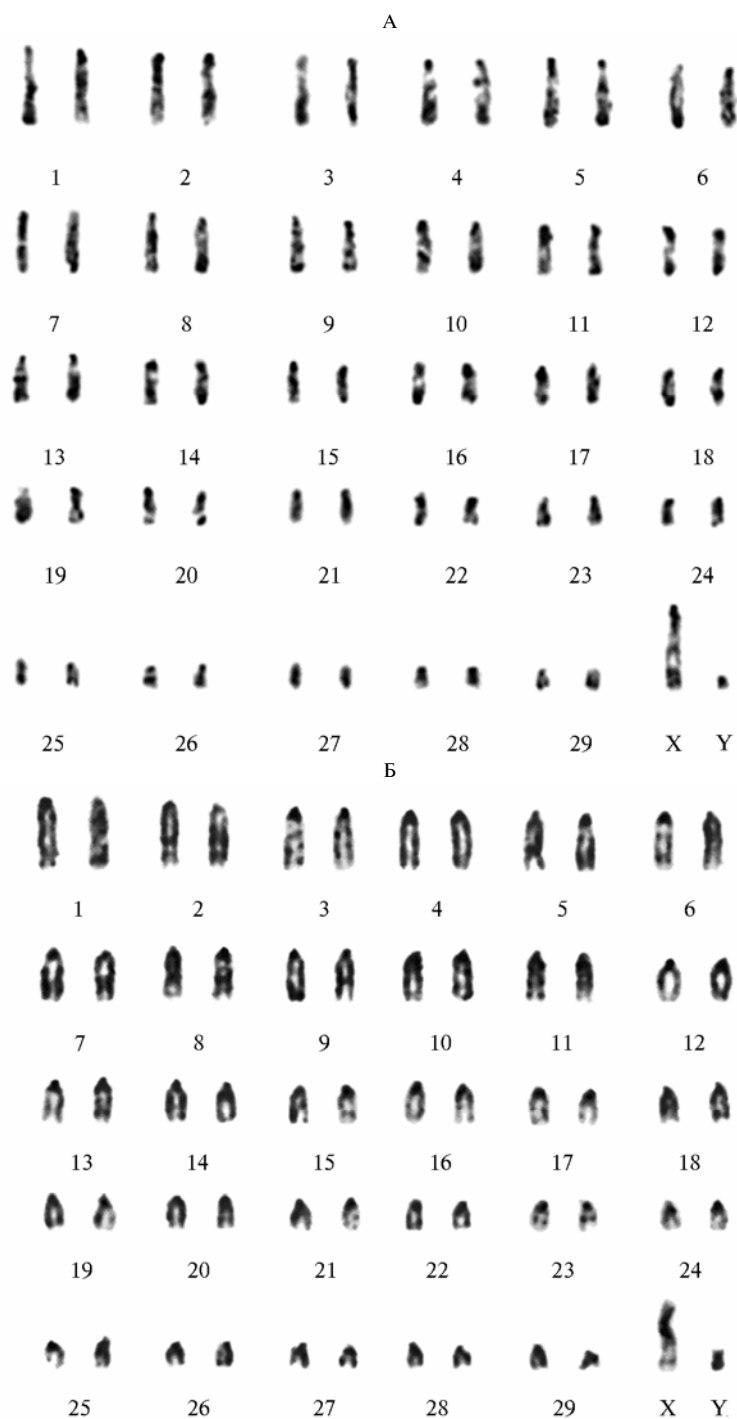


Рис. 1. Кариотип у *Capra hircus* L. (самец) (А) и *Bos taurus* L. (самец) (Б). Окраска по Гимзе, увеличение  $\times 100$ .

В таблице представлены данные о соответствии генного состава хромосом *B. taurus* и *C. hircus*., в частности сведения 95 маркеров первого и 154 маркеров второго типа. Для 22 пар хромосом у анализируемых видов отмечалось полное совпадение их генного состава. В эту группу входят хромосомы 2-5-й, 9-13-й, 15-19-й, 21-25-й, 28-й, 29-й пар и половые хро-

мосомы. В качестве примера на рисунке 2, А приведены генные карты 2-й и 5-й пар хромосом крупного рогатого скота и козы.

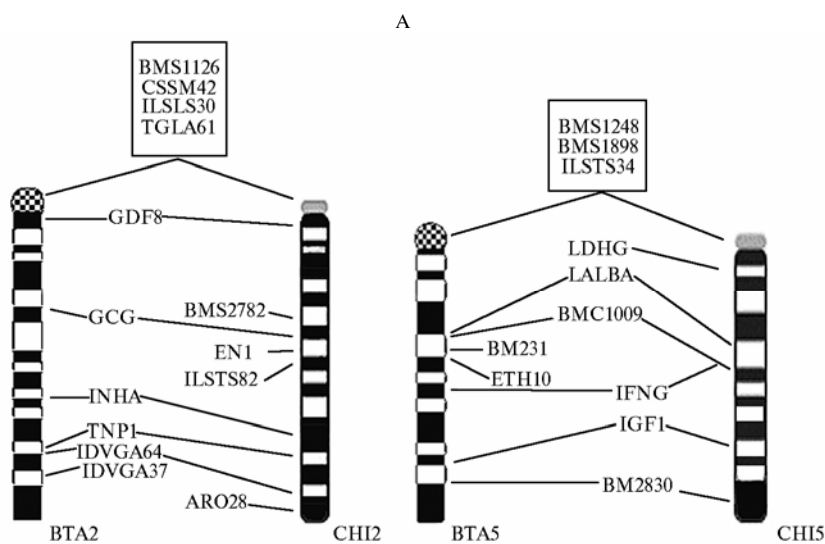
**Соответствие генного состава хромосом у *Capra hircus* L. (самец) и *Bos taurus* L. (самец)**

<i>C. hircus</i> L.		<i>B. taurus</i> L.
№ пары хромосом	плечо	№ пары хромосом и число генов
1-я	q	1q (23: 9, 14); 16q (1: 0, 1)
2-я	q	2q (14: 6, 8)
3-я	q	3q (10: 2, 8)
4-я	q	4q (9: 3, 6)
5-я	q	5q (11: 4, 7)
6-я	q	6q (5: 3, 2)
7-я	q	7q (5: 3, 2)
8-я	q	8q (7: 2, 5); 11q (1: 0, 1)
9-я	q	9q (6: 1, 5)
10-я	q	10q (10: 4, 6)
11-я	q	11q (16: 5, 11)
12-я	q	12q (9: 3, 6)
13-я	q	13q (6: 3, 3)
14-я	q	9q (3: 0, 3); 14q (8: 3, 5)
15-я	q	15q (7: 3, 4)
16-я	q	16q (9: 1, 8)
17-я	q	17q (7: 2, 5)
18-я	q	18q (10: 6, 4)
19-я	q	19q (4: 1, 3)
20-я	q	1q (1: 1, 0); 9q (1: 0, 1); 20 (6: 0, 6)
21-я	q	21q (6: 2, 4)
22-я	q	7q (1: 0, 1); 22q (7: 3, 4)
23-я	q	23q (5: 2, 3)
24-я	q	24q (6: 0, 6)
25-я	q	25q (8: 2, 6)
26-я	q	14q (1: 0, 1); 26q (4: 1, 3)
27-я	q	17q (1: 1, 0); 26q (1: 0, 1); 27q (4: 0, 4)
28-я	q	28q (5: 0, 5)
29-я	q	29q (4: 0, 4)
X		X (5: 3, 2)
Y		Y (1: 1, 0)

Примечание. В скобках приведено общее число локусов, известных у *C. hircus* L., в том числе соответственно структурных генов и ДНК-маркеров.

Необходимо отметить, что для части использованных в представляемой работе генетических маркеров, общих для крупного рогатого скота и козы, точная локализация на хромосомах пока не определена.

По 7 хромосомным парам наблюдали разную степень несоответствия генного состава у *C. hircus* и *B. taurus*. Наиболее значительные разли-



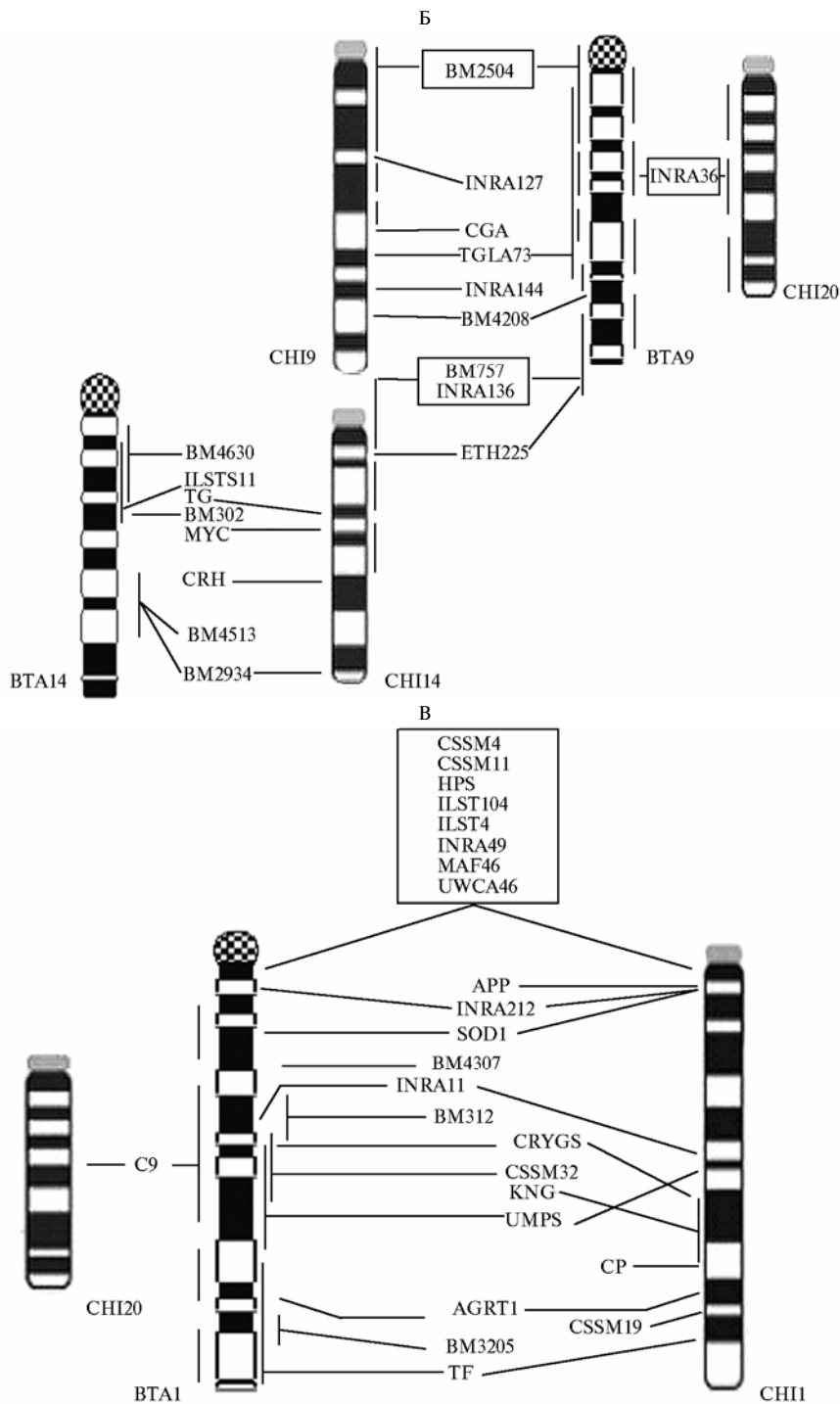


Рис. 2. Сравнение генных карт 2-й и 5-й пар хромосом у *Capra hircus* L. (CHI2, CHI5) и *Bos taurus* L. (BTA2, BTA5) (А), 9-й и 14-й пары у *C. hircus* (CHI9, CHI14) и *B. taurus* (BTA9, BTA14) (Б), а также 1-й пары у *C. hircus* (CHI1) и *B. taurus* (BTA1) (Б). В рамке приведены обозначения генов, точная локализация которых у обоих видов не известна. Ген *C9* и маркер INRA36 локализованы на 20-й хромосоме козы.

чия генных порядков у этих видов выявили между хромосомами 14-й пары (см. рис. 2, Б).

Оказалось, что из 11 генетических маркеров на хромосоме 14-й пары у козы 8 расположены на BTA14 и 3 — на BTA9. У *B. taurus* хромосо-

ма 9-й пары содержит 10 маркеров, локализация которых известна и у *C. hircus*, из них 6 находятся на СН19, 3 — на СН14 и 1 — на СН20. К сожалению, точная локализация генетических маркеров на ВТА9 не выявлена, что пока не позволяет определить характер изменения генных порядков в этих хромосомах. Дополнительно ситуация осложняется тем, что для ВТА14 в настоящее время неизвестны реперные гены, локализованные вне СН14.

Хромосома 1-й пары козы по генному составу соответствует ВТА1. Но помимо маркеров, расположенных на СН11, на ВТА1 был выявлен ген 9-го компонента комплемента (*C9*), находящийся у козы на хромосоме 20-й пары (см. рис. 2, Б).

Хромосомы 8-й и 22-й пар у крупного рогатого скота по большинству маркеров соответствовали СН18 и СН22. Но на СН18 находился также ДНК-маркер HEL13, локализованный у *B. taurus* на ВТА11, а на СН22 выявили микросателлитный маркер VM7160, сцепленный с ВТА7.

По аналогии при сравнении генных порядков в хромосомах 26-й пары было установлено, что СН26 и ВТА26 имеют 4 общих маркера. Помимо этого, на ВТА26 присутствовал маркер CSSM43, ассоциированный с СН27, а на СН26 — VM4305, сцепленный с ВТА14.

Из 8 маркеров, обнаруженных на хромосоме 20-й пары у козы, 6 присутствовали на ВТА20, а маркеры *C9* и INRA36 имелись соответственно на ВТА1 и ВТА9. У козы с хромосомой 27-й пары были ассоциированы 6 маркеров, у *B. taurus* 4 из них локализовались на ВТА27, а ген фактора свертываемости 11-F11 и микросателлит CSSM43 — соответственно на хромосомах 17-й и 26-й пар.

Таким образом, у сравниваемых видов организация генных порядков характеризуется высокой степенью сходства. Однако в процессе дивергенции их кариотипов имел место обмен генетическим материалом между негомологичными хромосомами. Классический цитогенетический анализ не позволяет вскрыть все тонкости этого процесса, в связи с чем даже при сравнении родственных видов необходимо изучать организацию их геномов на уровне генных карт.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Дзуев Р.И. Хромосомные наборы млекопитающих Кавказа. Нальчик, 1998.
2. Кленовицкий П.М., Багиров В.А., Иолчиев Б.С., Доцев А.В. Вопросы прикладной цитогенетики сельскохозяйственных животных. Достижения науки и техники АПК, 2003, 10: 17-19.
3. Орлов В.Н., Булатова Н.Ш. Сравнительная цитогенетика и кариосистематика млекопитающих. М., 1983.
4. Porescu P. Cytogenetique des mammiferes d'elevage. Paris, INRA, 1989.
5. Яковлев А.Ф. Цитогенетическая оценка племенных животных. М., 1985.
6. Багиров В.А., Кленовицкий П.М., Насибов Ш.Н., Иолчиев Б.С., Зиновьева Н.А., Эрнст Л.К. Цитогенетический анализ при отдаленной гибридизации полорогих. Достижения науки и техники АПК, 2009, 8: 41-43.
7. Багиров В.А., Гладырь Е.А., Эрнст Л.К., Кленовицкий П.М., Зиновьева Н.А., Насибов Ш.Н. Сохранение и рациональное использование генетических ресурсов яка (*Bos mutus*). Сельскохозяйственная биология, 2009, 2: 37-42.
8. Багиров В.А., Кленовицкий П.М., Насибов Ш.Н., Иолчиев Б.С., Зиновьева Н.А., Эрнст Л.К., Гусев И.В., Кононов В.П. Рациональное использование генетических ресурсов и гибридизация в козоводстве. Сельскохозяйственная биология, 2009, 6: 27-33.
9. Насибов Ш.Н., Багиров В.А., Кленовицкий П.М., Иолчиев Б.С., Зиновьева Н.А., Воеводин В.А., Амиршоев Ф.С. Генетический потенциал дикой фауны в создании новых селекционных форм животных. Достижения науки и техники АПК, 2010, 8: 59-62.
10. Насибов Ш.Н., Иолчиев Б.С., Кленовицкий П.М., Багиров В.А., Вое-

- водин В.А., Зиновьева Н.А. Крисиохранение и рациональное использование генетических ресурсов овец и коз. Достижения науки и техники АПК, 2010, 9: 50-51.
11. Аниськин В.М., Исаев С.И., Шипанов Н.А. Сравнительная цитогенетика трех видов южноамериканских полевых хомячков рода *Acodon (Rodentia, Cricetidae)*. Генетика, 1996, 32(1): 83-93.
  12. Графодатский А.С., Битуева Л.С. Гомология G-окрашенных хромосом млекопитающих. Генетика, 1987, 23(1): 95-104.
  13. Иолчиев Б.С., Кленовицкий П.М., Стрекозов Н.И., Абилов А.И., Багиров В.А., Сипко Т.П. Сравнительная характеристика кариотипов самцов европейского зубра и крупного рогатого скота. Достижения науки и техники АПК, 2006, 2: 27-29.
  14. Гладырь Е.А., Горелов П.В., Маурчева В.Н., Шахин А.В., Чинаров Ю.И., Зиновьева Н.А. Оценка результативности тест-системы на основе микросателлитов в проведении ДНК-экспертизы крупного рогатого скота. Достижения науки и техники АПК, 2011, 8: 51-54.
  15. Гладырь Е.А., Селионова М.И., Зиновьева Н.А. Характеристика генофонда и выявление генеалогических связей между породами овец с использованием групп крови и ДНК-микросателлитов. Овцы, козы, шерстяное дело, 2007, 4: 19-24.
  16. Гладырь Е.А., Шадрин Я.Л., Горелов П.В., Даваахуу Л., Попов Р.Г., Матюков В.С., Агышова А.К., Зиновьева Н.А. Характеристика аллелофонда якутского скота по микросателлитам. Сельскохозяйственная биология, 2011, 6: 65-69.
  17. Гладырь Е.А., Эрнст Л.К., Костюнина О.В. Изучение генома свиней (*Sus scrofa*) с использованием ДНК-маркеров. Сельскохозяйственная биология, 2009, 2: 16-26.
  18. Горелов П.В., Кольцов Д.Н., Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А. Сравнительный анализ групп крови и микросателлитов в характеристике новых типов скота бурой швицкой и сычевской пород. Сельскохозяйственная биология, 2011, 6: 37-40.
  19. Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А., Багиров В.А., Амиршоев Ф.С., Волкова В.В., Кленовицкий П.М., Карпов А.П., Эрнст Л.К. Использование микросателлитов для характеристики аллелофонда популяций крупного рогатого скота Таджикистана. Достижения науки и техники АПК, 2012, 8: 58-62.
  20. Ashwell M.S., Rexroad C.E., Miller Jr.R.H. et al. Mapping economic trait loci for somatic cell score in Holstein cattle using microsatellite markers and selective genotyping. Anim. Genet., 1996, 27: 235-242.
  21. Board T.E., Lambeth M., Burkin D.J. et al. Physical mapping confirms that sheep chromosome 10 extensive conserved synteny with cattle chromosome 12 and human chromosome 13. Anim. Genet., 1996, 27: 249-253.
  22. Casas E., Barendse W., Beever J.E. et al. Bovine chromosome 4 workshop: consensus and comprehensive linkage maps. Anim. Genet., 1999, 30: 375-377.
  23. Cockett N.E., Shay T.L., Smit M. Analysis of the sheep genome. Physical Genomics, 2001, 7: 69-78.
  24. Rexroad C.E. III, Yang Y., Womak J.E. Use of the human transcript map to assign five loci to bovine chromosome. Anim. Genet., 1999, 30: 384-385.
  25. Sonstegard T.S., Kappes S.M., Keele J.W. et al. Refinement of bovine chromosome 2 linkage map near the *mh* locus reveals rearrangements between the bovine and human genes. Anim. Genet., 1998, 29: 341-347.
  26. Sun H.S., Yerle M., Pinton P. et al. Physical assignment of human chromosome 13 genes on pig chromosome 11 demonstrate extensive synteny and gene order conservation between pig and human. Anim. Genet., 1999, 30: 304-308.
  27. Taylor J.F., Eggen A., Aleyasin A. et al. Report of first workshop on the genetic map of bovine chromosome 1. Anim. Genet., 1998, 29: 228-235.
  28. Кленовицкий П.М., Марзанов Н.С., Марзанов Ю.С., Багиров В.А., Абдул Ахад Бисвас А.К.М. Сравнение генных карт и анализ дивергенции кариотипов некоторых полорогих. Вестник Российской академии сельскохозяйственных наук, 2004, 3: 72-75
  29. Багиров В.А., Кленовицкий П.М., Иолчиев Б.С., Зиновьева Н.А. Оценка сходства генных порядков у сельскохозяйственных животных. Достижения науки и техники АПК, 2012, 8: 42-44.
  30. Захаров И.А., Никифоров В.С., Степанюк Е.В. Гомология и эволюция генных порядков: простой метод проверки гипотез о характере этой эволюции. Генетика, 1996, 32(1): 128-132.
  31. Захаров И.А. Генетические карты сельскохозяйственных животных: Информационно-справочные материалы. М., 1993.
  32. Абдул Ахад Бисвас А.К.М. Сравнительный анализ геномов крупного рогатого скота и овец. Канд. дис. СПб, 2004.
  33. Bunch T.D. Fundamental karyotype in domestic and wild species of sheep Identity and ranking of autosomal acrocentrics involved in banded formations. J. Heredity, 1978, 69(2): 77-80.
  34. Bunch T.D., Nadler C.F., Simmons L. G-band patterns, hemoglobin, and transferrin types of the bharal chromosomal evolutionary relationships with sheep and goats. J. Hered.,

- 1978, 69(5): 316-320.
35. Bunch T.D., Vorontsov N.N., Lyapunova E.A., Hoffmann R.S. Chromosome number of Severtzov's sheep (*Ovis ammon severtzovi*): G-banded karyotype comparisons within ovis. *J. Hered.*, 1998, 89(3): 266-269.
  36. Bunch T.D., Wu C., Zhang Y.-P., Wang S. Phylogenetic analysis of snow sheep (*Ovis nivicola*) and closely related taxa. *J. Hered.*, 2006, 97(1): 21-30.
  37. Багиров В.А., Кленовицкий П.М., Иолчиев Б.С., Зиновьева Н.А., Калашников В.В., Шило О.В., Солошенко В.А., Насибов Ш.Н., Кононов В.П., Колесников А.В. Цитогенетическая характеристика архара *Ovis ammon ammon*, снежного барана *Ovis nivicola borealis* и их гибридов. *Сельскохозяйственная биология*, 2012, 6: 43-48.
  38. National Animal Genome Research Program NRSP-8 Bioinformatics Coordination Program. <http://www.animalgenome.org/>
  39. Institut National de Recherche Agronomique. Welcome to Bovmap Database. <http://dga.jo-uy.inra.fr/cgi-bin/lgbc/main.pl?BASE=>
  40. Institut National de Recherche Agronomique. Welcome to Goatmap Database. <http://dga.jo-uy.inra.fr/cgi-bin/lgbc/main.pl?BASE=goat>
  41. Eggen A., Fries R. An integrated cytogenetic and meiotic map of bovine genome. France-Schweiz, 1994.
  42. Lauvergne J.J., Dolling C.H.S., Renieri C. Mendelian inheritance in sheep (MIS 96). Clamart-Camerino, 1996.
  43. De Gostari M.J., Brad A., Bred A. et al. A second-generation linkage map of sheep genome. *Mammalian Genome*, 1998, 9: 204-209.
  44. The Bovine genome DataBase. <http://www.bovinegenome.org/drupal/bovine/>
  45. Графодатский А.С., Раджабли С.И. Хромосомы сельскохозяйственных и лабораторных млекопитающих. Атлас. Новосибирск, 1983.
  46. Кленовицкий П.М., Багиров В.А., Зиновьева Н.А., Насибов Ш.Н., Иолчиев Б.С. Цитогенетика животных. М., 2007.
  47. Wurster D.H., Benirschke K. Chromosome studies in the superfamily *Bovidae*. *Chromosoma*, 1968, 25: 152-171.
  48. Diploid numbers mammalian. <http://www.bionet.nsc.ru/labs/chromosomes/mammalia.htm>
  49. Di Bernardino D., Hayes H., Fries R., Long S.E. ISCNDA (International System for Cytogenetic Nomenclature of Domestic Animals). *Cytogenet. Cell. Genet.*, 1990, 53(1): 65-79.
  50. Evans H.J., Buckland R.A., Sumner A.T. Chromosome homology and heterochromatin in goat, sheep and ox studied by banding techniques. *Chromosoma*, 1973, 42(4): 383-402.
  51. Iannuzzi L., Meo G.P., Perucatti A. An improved characterization of goat chromosomes by means of G- and R-band comparison. *Hereditas*, 1994, 120(3): 245-251.
  52. Iannuzzi L., Di Meo G.P., Perucatti A. G- and R-banded prometaphase karyotypes in goat (*Capra hircus* L.). *Caryologia*, 1996, 49(2): 267-277.
  53. Hayes H., Petit E. Comparison of RBG-banded karyotypes of cattle, sheep and goat. *Cytogenet. Cell Genet.*, 1991, 57(1): 51-55.
  54. Buckland R.A., Evans H.J. Cytogenetic aspects of phylogeny in the *Bovidae*. I. G-banding. *Cytogenet. Cell. Genet.*, 1978, 21(1): 42-63.

<sup>1</sup>ГНУ Всероссийский НИИ животноводства  
Россельхозакадемии,  
142132 Московская обл., Подольский р-н, пос. Дубровицы,  
e-mail: klenpm@mail.ru;

Поступила в редакцию  
7 января 2013 года

<sup>2</sup>Российская академия сельскохозяйственных  
наук,  
117218 г. Москва, ул. Кржижановского, 15, корп. 2,  
e-mail: vugarbagirov@mail.ru

## COMPARATIVE ANALYSIS OF GENETIC MAPS OF *Bos taurus* L. AND *Capra hircus* L.

L.K. Ernst<sup>1</sup>, P.M. Klenovitskii<sup>1</sup>, V.A. Bagirov<sup>1</sup>, B.S. Iolchiev<sup>1</sup>, N.A. Zinovieva<sup>1</sup>,  
V.V. Kalashnikov<sup>2</sup>, V.I. Fisinin<sup>2</sup>, M.A. Zhilinskii<sup>1</sup>

### S u m m a r y

With the use of data base of genetic maps of animals and developed software the authors have made comparative analysis of gene orders in two representatives of *Bovidae* family, *Bos taurus* L. and *Capra hircus* L. It was shown the high similarity of gene orders of homeological chromosomes in compared species, with the exception of 9th and 14th chromosome pairs.