

Корма и кормопроизводство: биологические основы

УДК 633.366:575.17:577.21

МОЛЕКУЛЯРНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ПОПУЛЯЦИЙ ДОННИКОВ (*Melilotus dentatus* Pers.)*

А.Н. МУНТЯН, В.С. БЕЛОВА, Е.П. ЧИЖЕВСКАЯ, М.Л. РУМЯНЦЕВА,
Б.В. СИМАРОВ, Е.Е. АНДРОНОВ

Проведены молекулярно-генетические исследования популяций донника зубчатого (*Melilotus dentatus* Pers.) из разных географически удаленных районов (Северный Кавказ и Казахстан). Использованный комплексный подход включал внутри- и межпопуляционный анализ по таксономически значимым молекулярным маркерам (ITS). Также выполнен анализ участка рецепторного гена *nfr5*. Показано, что среди растений *Melilotus dentatus* Pers. имеются различия как на внутри-, так и на межпопуляционном уровне. Кроме того, наблюдается обособленность популяций донников в кластеры согласно их географическому распространению. Определено независимое распределение популяций растений донников по рецепторной части гена *nfr5* относительно кластерной структуры ITS региона.

Ключевые слова: *Melilotus dentatus* Pers., генетическое разнообразие, ген *nfr5*.

Keywords: *Melilotus dentatus* Pers., genetic diversity, *nfr5* gene.

В мировом земледелии донник как кормовая культура играет не столь большую роль в сравнении с другими бобовыми кормовыми травами. Однако к настоящему времени в результате всестороннего изучения у него выявлен комплекс хозяйственно ценных свойств. Так, донник характеризуется высокой засухоустойчивостью и одновременно повышенной зимостойкостью, а также отличается от других бобовых высокой устойчивостью к болезням и вредителям (1). Кроме того, донник зубчатый лучше поедается животными вследствие более низкого содержания кумарина (2). Способность донника произрастать на засоленных землях и солонцах позволяет использовать его для восстановления почв за счет создания солерезистентного бобово-ризобиального комплекса. Соответственно, важная задача при биорекультивационных мероприятиях — увеличение симбиотической эффективности, которая, в свою очередь, в значительной степени зависит от генотипа растения-хозяина.

Специфичность бобово-ризобиального симбиоза обеспечивается обменом сигнальными молекулами между партнерами, в результате чего запускается механизм образования специализированного органа — клубенька. В ответ на выделение корнем растения специфических индукторов — флавоноидов, азотфиксирующие бактерии начинают продуцировать сигнальные молекулы (Nod-факторы), которые инициируют процесс образования клубеньков у бобовых растений (3). Все Nod-факторы представляют собой липохитоолигосахариды. У бобовых растений имеются семь генов, предположительно участвующих в распознавании бактериальных сигналов микросимбионтов и взаимодействии (4). Особенно интересно семейство генов *LYK*, к которым относятся *nfr1* и *nfr5*, впервые выявленные у лядвенца японского (3, 5), *Sym10* и *Sym2* у гороха посевного (3), а также ген *NFP* у диплоидной люцерны (6, 7). Продукты этих генов, кодирующих LysM-содержащую рецепторную киназу, имеют типичную для растений доменную структуру: внеклеточные LysM-домены, предположительно участвующие в рецепции Nod-фактора, трансмембранный домен и внутриклеточный

* Работа поддержана Министерством науки и образования РФ (ГК № 16.552.11.7047) и грантами РФФИ 11-04-01899а, 12-04-01768а.

точный домен серин/треонин киназы.

Гены, содержащие *LysM*-кодирующие участки (*LysM*-мотивы), относятся к древней и весьма разнообразной группе, распространенной во всех царствах, кроме архей (7). Филогенетический анализ показал, что некоторые последовательности бактериальных *LysM*-мотивов имеют общие корни с последовательностями у грибов, растений, насекомых и животных. Это позволило предположить, что одна группа таких генов сформировалась перед дивергенцией растительного и животного миров, другая — в результате конвергентной эволюции. Структурное сходство *LysM*-содержащей протеинкиназы с пептидогликаном, представляющим собой один из компонентов клеточной стенки бактерий, служит доказательством участия рецепторных белков NFR1 и NFR5 в распознавании и передаче Nod-фактора на следующие компоненты сигнального каскада, приводящего к образованию клубеньков (7). Однако в настоящее время еще недостаточно знаний, раскрывающих происхождение и механизмы функционирования обсуждаемой группы рецепторных генов.

Существует множество молекулярно-генетических методов, позволяющих исследовать генетическое разнообразие и популяционную изменчивость сельскохозяйственных культур (8). Нашей целью был молекулярный анализ генетической изменчивости у растений донника зубчатого (*Melilotus dentatus* Pers.), отобранных в разных географически удаленных районах (Приаралье и Северный Кавказ).

Методика. Семенной материал собирали в период созревания донника зубчатого (октябрь, 2000 год) на территории Республики Казахстан — сайты № 31 (49° 56' с.ш., 58° 92' в.д.) и № 57 (49° 59' с.ш., 57° 71' в.д.), а также в Краснодарском крае России (Северо-Кавказский регион) — сайт № 51 (43° 52' с.ш., 39° 22' в.д.). Семена стерилизовали концентрированной серной кислотой 10 мин, тщательно промывали стерильной водой и проращивали в чашках Петри при температуре 4 °С в течение 2 сут. Для дальнейших исследований из каждой популяции отбирали по 20 проростков.

Геномную ДНК выделяли из 2-суточных проростков методом хлороформной экстракции с использованием СТАВ-буфера (9). Растительный материал тщательно гомогенизировали, затем суспендировали в СТАВ и инкубировали при температуре 65 °С в течение 60 мин. После экстракции хлороформом надосадочную жидкость, содержащую ДНК, осаждали равным объемом изопропанола, после чего промывали 70 % этиловым спиртом. Образец ДНК ресуспендировали в 50 мкл деионизированной воды.

Для RAPD-фингерпринтинга (RAPD — random amplified polymorphic DNA) использовали десятичленный праймер FS-27 (5'-AGCCGGCCTT-3') (10). Амплификацию выполняли на термоциклере Mu Cycler («Bio Rad», США) (денатурация 3 мин при 95 °С; 40 циклов: денатурация — 30 с при 94 °С, отжиг праймеров — 30 с при 37 °С, элонгация — 3 мин при 68 °С; завершающий синтез — 3 мин при 72 °С). RAPD проводили в реакционной смеси объемом 20 мкл, содержащей 10× буфер (670 мМ Трис-НСI, pH 9,1; 166 мМ сульфат аммония, 20 мМ хлорид магния, 0,1 % Твин 20), dNTP (концентрация каждого 0,15 мМ), праймер (15 пМ), 1,5 ед. Taq-полимеразы (UAB «Fermentas», Литва) и 1 мкл геномной ДНК (10–12 нг). Продукты амплификации разделяли в 2 % агарозном геле, содержащем бромистый этидий, с 0,5×TAE буфером.

При амплификации ITS региона растительной ДНК использовали праймеры ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') и ITS5 (5'-GGAAGTAAAGTTCGTAACAAGG-3') (11). Амплификацию проводили в 20 мкл

смеси, содержащей 10× буфер, dNTP (концентрация каждого 0,15 мМ), смесь праймеров ITS4 и ITS5 (15 пМ), 1,5 ед. Taq-полимеразы (5 ед/мкл) и 1 мкл геномной ДНК (10-12 нг) на термоциклере My Cycler («Bio Rad», США). Протокол ПЦР: денатурация 3 мин при 95 °С; 30 циклов — 30 с при 95 °С, 30 с при 55 °С, 1 мин при 72 °С; завершающая элонгация 4 мин при 72 °С. Полимеразную цепную реакцию для участка гена *nfr5* осуществляли с помощью пары вырожденных праймеров — *nfr5-for3* (5'-AAGTCT-TGGTTGTTAУТТGCCA-3') и *nfr5-Grev3* (5'-TGCAGTCTCAGСТААТGAA-GTAC-3'). Протокол ПЦР: 3 мин при 95 °С; 30 циклов — 30 с при 94 °С, 30 с при 42 °С, 1 мин при 72 °С; 4 мин при 72 °С.

Для определения нуклеотидной последовательности продукты амплификации ДНК клонировали в векторе pTZ57R/T (UAB «Fermentas», Литва). Секвенирование выполняли со стандартными праймерами M13 на автоматическом приборе SEQ™ 8000 Genetic Analysis System («Beckman Coulter, Inc.», США). Каждую последовательность анализировали в двух направлениях. Данные по определению нуклеотидных последовательностей участков ITS и *nfr5* обрабатывали с помощью программного обеспечения секвенатора SEQ™ 8000 Genetic Analysis System. Выравнивание и сборку нуклеотидных и белковых последовательностей проводили с использованием программы Vector NTI Suit 8 (www.invitrogen.com). При построении филогенетических деревьев пользовались программами ClustalX (www.clustal.org) и FPQuest («Bio Rad», США).

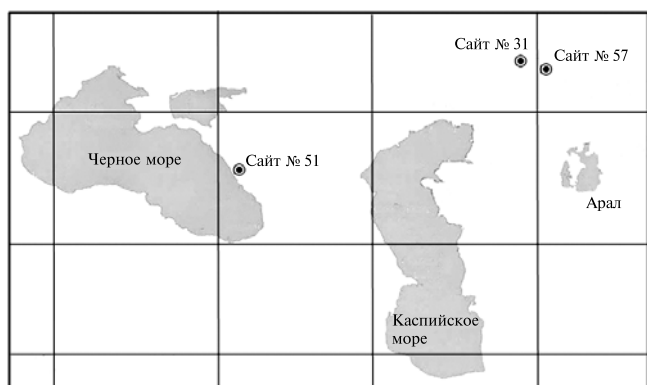


Рис. 1. Расположение мест сбора образцов семян донника *Melilotus dentatus* Pers., использованных в исследовании.

(ITS регион). Особое внимание уделялось определению генетического разнообразия рецепторного комплекса гена *nfr5*, продукты которого предположительно вовлечены в распознавании ризобияльного Nod-фактора.

Начальный этап работы включал выполнение RAPD-фингерпринтинга, а также анализ растительной ДНК с использованием таксономически значимых участков (ITS). По результатам RAPD-анализа (рис. 2) была построена дендрограмма филогенетического родства изученных образцов донника зубчатого (рис. 3), на которой проявились как внутри-, так и межпопуляционные различия. Популяции донников из Приаральского региона оказались достаточно однородными (за исключением варьирования по минорным фрагментам). При этом популяции растений из Приаралья и с Северного Кавказа четко различались, хотя некоторое число образцов имели идентичные RAPD-профили. Для последующего анализа ITS региона и рецепторного участка гена *nfr5* из каждой популяции отобрали по три образца *Melilotus dentatus* Pers. с наиболее полиморфными RAPD-профилями (см. рис. 2).

Результаты. Места сбора образцов донника (номера сайтов) отмечены на рисунке 1.

Для молекулярного изучения генетического разнообразия популяций донника нами использовался комплексный подход, включающий RAPD-анализ, а также определение нуклеотидной последовательности межгенных участков рибосомальной ДНК

Для молекулярного изучения генетического разнообразия популяций донника нами использовался комплексный подход, включающий RAPD-анализ, а также определение нуклеотидной последовательности межгенных участков рибосомальной ДНК

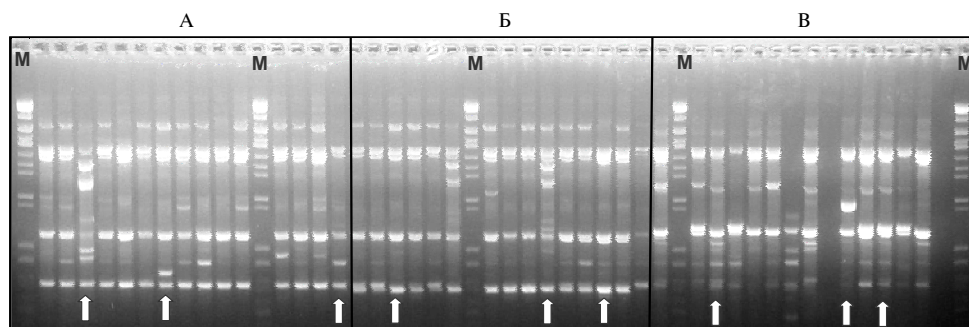


Рис. 2. RAPD-фингерпринтинг для образцов из популяций донника *Melilotus dentatus* Pers., отобранных в Приаралье (А и Б, соответственно сайты № 31 и № 57) и на Северном Кавказе (В, сайт № 51). М — маркер молекулярных масс λ /BstEII. Стрелками обозначены RAPD-профили, которые были взяты для последующего анализа ITS региона и рецепторного участка гена *nfr5*.

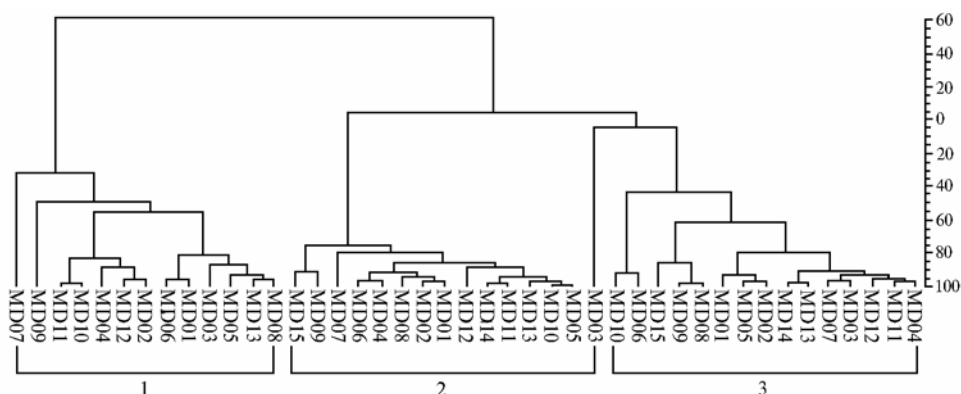


Рис. 3. Дендрограмма филогенетического родства для образцов из популяций донника *Melilotus dentatus* Pers. (MD), отобранных на Северном Кавказе (1, сайт № 51) и в Приаралье (2 и 3, соответственно сайты № 31 и № 57), по данным RAPD-фингерпринтинга.

Секвенированный внутренний транскрибируемый регион (ITS) рибосомальной ДНК включал высококонсервативную последовательность 5,8S-субъединицы РНК и два транскрибируемых участка — ITS1 и ITS2. Такие свойства, как многокопийность, небольшой размер (600-700 п.н.) и согласованная эволюция между локусами ITS1 и ITS2 (11), позволяют использовать эти спейсеры в качестве таксономически значимого молекулярного маркера в систематике высших растений (12).

У исследованных донников нуклеотидные последовательности ITS региона имели размер 687 п.н. На их основании была построена дендрограмма родства растений донника (рис. 4). При этом полученные результаты полностью совпали с данными RAPD-фингерпринтинга. В обоих случаях растения донника из Приаральского и Северо-Кавказского регионов формировали отдельные кластеры, причем степень различий соответствовала обособленности популяций.

Детальный анализ нуклеотидных последовательностей ITS региона выявил точечные замены в регионах ITS1, 5,8S и ITS2 (рис. 5). Особенно интересен участок ITS2, где все три варибельных сайта с нуклеотидными заменами (позиции 494, 611 и 648) однозначно маркируют отличия северокавказских донников от приаральских. Согласно данным литературы, ITS1 и ITS2 регионы эволюционно сопряжены, то есть генетические изменения должны затрагивать оба спейсера. Однако наши результаты показали, что максимум полиморфных сайтов наблюдается в ITS2 (см. рис. 5).

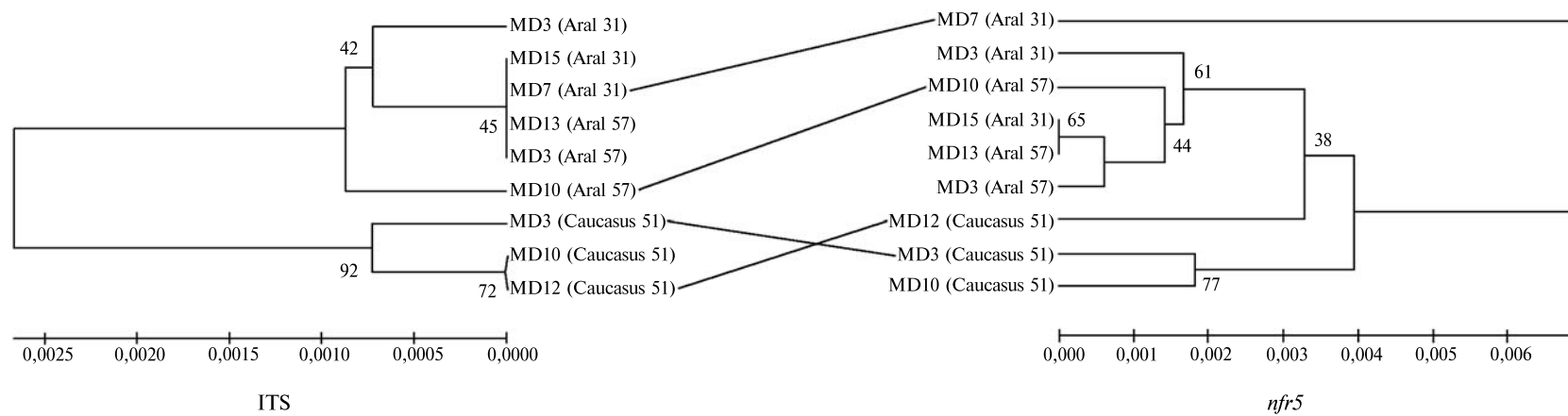


Рис. 4. Дендрограммы филогенетического родства по ITS региону (внутренний транскрибируемый регион рибосомальной ДНК) и участку гена *nfr5* (рецепторный белок NFR5) для образцов из популяций донника *Melilotus dentatus* Pers. (MD), отобранных на Северном Кавказе (сайт № 51 — Caucasus 51) и в Приаралье (сайты № 31 и № 57 — соответственно Aral 31 и Aral 57).

	ITS1		5,8S	ITS2		
	79	160	391	494	611	648
Consensus	G	T	A	T	C	A
1	3	G	T	A	T	C
	7	G	T	A	T	C
	15	G	T	A	T	C
2	3	G	T	A	T	C
	10	G	T	A	T	C
	13	G	T	A	T	C
3	3	G	T	A	A	T
	10	G	T	A	A	T
	12	A	T	A	A	T

(для сайтов указаны номера проанализированных образцов).

Рис. 5. Вариабельные позиции в нуклеотидных последовательностях внутреннего транскрибируемого региона ITS рибосомальной ДНК, включающего высококонсервативную последовательность 5,8S-субъединицы РНК и транскрибируемые участки ITS1 и ITS2 регионов, у образцов донника *Melilotus dentatus* Pers. из разных популяций: 1 и 2 — Приаралье, сайты соответственно № 31 и № 57, 3 — Северный Кавказ, сайт № 51

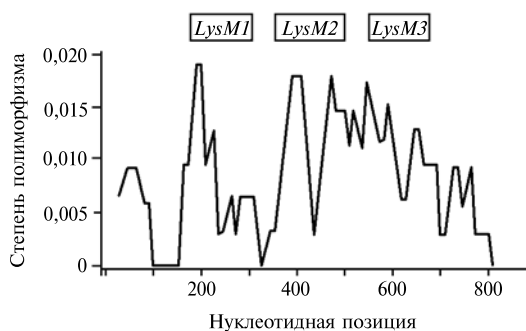


Рис. 6. Нуклеотидный полиморфизм доменной структуры рецепторного участка гена *nfr5* у изученных растений донника *Melilotus dentatus* Pers. (независимо от их географического происхождения). *LysM1*, *LysM2* и *LysM3* — мотивы гена *nfr5*, продукты которых отвечают за связывание бактериального сигнала.

На этапе молекулярно-генетического анализа рецепторного гена *nfr5* мы провели выравнивание полученных последовательностей (нуклеотидной и аминокислотной) относительно рецепторного региона гена *nfr5* у козлятника восточного. Для популяций донника зубчатого определили доменную структуру изучаемого участка, размер которого составил 778 п.н. Как оказалось, наибольшее число вариабельных сайтов приходится на LysM-домены: в LysM1 и LysM2 имелись четыре, в LysM3 — три вариабельных позиции (рис. 6, 7).

На этапе молекулярно-генетического анализа рецепторного гена *nfr5* мы провели выравнивание полученных последовательностей (нуклеотидной и аминокислотной) относительно рецепторного региона гена *nfr5* у козлятника восточного.

	LysM1				LysM2			LysM3			
	180	198	235	281	359	402	448	469	536	565	608
Consensus	C	C	G	T	T	A	A	T	T	A	A
1	3	C	C	G	T	T	A	A	T	T	A
	7	T	T	A	T	T	G	G	C	T	G
	15	C	C	G	T	T	A	A	T	T	A
2	3	C	C	G	T	T	A	A	T	T	A
	10	C	C	G	T	T	A	A	T	T	A
	13	C	C	G	T	T	A	A	T	T	A
3	3	C	C	G	C	T	A	A	T	T	A
	10	C	C	G	T	T	A	A	T	C	A
	12	T	T	G	T	T	G	A	T	T	G
Consensus (аминокислота)	—	—	Glu	Ile	Phe	—	—	—	Val	Ser	Asn
Замещенная аминокислота	—	—	Lys	Thr	Ser	—	—	—	Ala	Gly	Ser

Рис. 7. Вариабельные позиции нуклеотидных последовательностей и значимые аминокислотные замены в рецепторном участке гена *nfr5* у образцов донника *Melilotus dentatus* Pers. из разных популяций: 1 и 2 — Приаралье, сайты соответственно № 31 и № 57, 3 — Северный Кавказ, сайт № 51 (для сайтов указаны номера проанализированных образцов).

Анализ аминокислотных последовательностей показал, что в домене LysM1 число сайтов с заменами уменьшилось до 2, в LysM2 — до 1, при этом в LysM3 оно осталось прежним и равнялось 3 (см. рис. 7). Таким образом, обращает на себя внимание LysM3-домен, в котором выявлено повышение частоты несинонимичных (значимых) замен, возможно, указывающих на эволюцию анализируемого гена в рамках движущего отбора с целью создания множества модификаций растительного рецептора при взаимодействии с бактериальным сигналом.

Сопоставление дендрограмм, построенных на основании изучения нуклеотидных последовательностей в рецепторной части гена *nfr5* и в ITS регионе (см. рис. 4), показало, что топология дендрограммы *nfr5* уже не

имеет такого однозначного сходства с RAPD- и ITS-дендрограммами, согласующимися как между собой, так и с географической приуроченностью популяций донника. Вероятно, здесь наблюдается варьирование замен в рецепторном участке гена *nfr5* вне зависимости от географического происхождения растений. Возможно, это явление связано с экологической пластичностью донника в изменяющихся условиях среды, его способностью тонко реагировать на бактериальные сигналы (Nod-фактор) и адаптироваться к ним, не исключено также, что мы имеем дело с переносом генетического материала между популяциями.

Итоговые нуклеотидные последовательности участков для ITS и *nfr5* у растений донника депонированы в базу данных NCBI под следующими номерами:

(ITS_69/7-JF461307, ITS_69/2-JF461308, ITS_69/13-JF461309,
 ITS_57/3-JF461310, ITS_57/14-JF461311, ITS_57/10-JF461312,
 ITS_51/3-JF461313, ITS_51/16-JF461314, ITS_51/15-JF461315,
 ITS_31/7-JF461316, ITS_31/3-JF461317, ITS_31/15-JF461318);
 (NFR5_69/7-JF461295, NFR5_69/2-JF461296, NFR5_69/13-JF461297,
 NFR5_57/3-JF461298, NFR5_57/14-JF461299, NFR5_57/10-JF461300,
 NFR5_51/3-JF461301, NFR5_51/16-JF461302, NFR5_51/15-JF461303,
 NFR5_31/7-JF461304, NFR5_31/3-JF461305, NFR5_31/15-JF461306).

Итак, показано, что между растениями донника зубчатого *Melilotus dentatus* Pers., произрастающими в разных регионах (Приаралье и Северный Кавказ), имеются различия как на внутри-, так и на межпопуляционном уровне. Кроме того, наблюдается обособленность популяций донника в кластеры согласно их географическому распространению. При этом выявлено независимое распределение популяций по рецепторной части гена *nfr5* относительно кластерной структуры по ITS региону. Примененный нами молекулярно-генетический анализ полиморфизма по симбиотическим генам позволяет получать более глубокое представление о биоразнообразии растений из этой хозяйственно значимой группы, необходимое при их использовании как генетических ресурсов в программах по биотехнологиям живых систем. Учитывая интенсивное развитие фундаментальных исследований по симбиогенетике, также интересно проследить коэволюционные связи между макро- и микросимбионтами.

ЛИТЕРАТУРА

1. Кирпичев И.В., Наумов С.Ю. Однолетний и двулетний донник. Луганск, 2002.
2. Суворов В.В. Донник. Л., 1962.
3. Madsen E.B., Madsen L.H., Radutoiu S. et al. A receptor kinase gene of the LysM type is involved in legume perception of rhizobial signals. *Nature*, 2003, 425: 637-640.
4. Markmann K., Giczey G., Parniske M. Functional adaptation of a plant receptor-kinase paved the way for the evolution of intracellular root symbioses with bacteria. *PLoS Biol.*, 2008, 6: 496-506.
5. Radutoiu S., Madsen L.H., Madsen E.B. et al. Plant recognition of symbiotic bacteria requires two LysM receptor-like kinases. *Nature*, 2003, 425: 585-592.
6. Limpens E., Franken C., Smit P. et al. LysM domain receptor kinases regulating rhizobial Nod factor-induced infection. *Science*, 2003, 302(5645): 630-633.
7. Zhang X.-C., Cannon S.B., Stacey G. Evolutionary genomics of LysM genes in land plants. *BMC Evol. Biol.*, 2009, 9: 183.
8. Carelli M., Gnocchi S., Fancelli S., Mengoni A., Paffetti D., Scotti C., Bazzicalupo M. Genetic diversity and dynamics of sinorhizobium meliloti populations nodulating different alfalfa cultivars in Italian soils. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2000, 66(11): 4785-4789.
9. Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. *Plant Mol. Biol.*, 1985, 5: 69-76.
10. Jones C.J., Edwards K.J., Castaglione S., Winfield M.O., Sala F., Van deWic C., Bredemeijer G., Vosman B., Matthes M., Daly A., Brettsch-

- neider R., Bettini P., Buiatti M., Maestri E., Malcevschi A., Marmiroli N., Aert R., Volckaert G., Rueda J., Linacero R., Vazquez A., Karp A. Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of European laboratories. *Mol. Breed.*, 1997, 3: 381-390.
11. Bena G., Lejeune B., Prosperi J.-M., Olivieri I. Molecular phylogenetic approach for studying life-history evolution: the ambiguous example of the genus *Medicago* L. *Proc. R. Soc.*, 1998, 265: 1141-1151.
12. Baldwin B.G., Sanderson M.J., Porter J.M., Wojciechowski M.F., Campbell C.S., Donoghue M.J. The ITS region of nuclear ribosomal DNA: a valuable source of evidence on angiosperm phylogeny. *Ann. Missouri Bot. Gard.*, 1995, 82: 247-277.

ГНУ Всероссийский НИИ сельскохозяйственной
микробиологии Россельхозакадемии,
196608 г. Санкт-Петербург—Пушкин, ш. Подбельского, 3,
e-mail: eeandr@gmail.com

Поступила в редакцию
25 мая 2012 года

MOLECULAR ANALYSIS OF THE GENETIC DIVERSITY OF POPULATIONS OF SWEET CLOVER (*Melilotus dentatus* Pers.)

A.N. Muntyan, V.S. Belova, E.P. Chizhevskaya, M.L. Rumyantseva,
B.V. Simarov, E.E. Andronov

S u m m a r y

In the studies of *Melilotus dentatus* Pers. populations from different geographically remote areas (North Caucasus and Kazakhstan), a complex approach of intra- and inter-population analysis of taxonomically important molecular markers (ITS) was used. The analysis of receptor gene *nfr5* was also made. It is shown that the *Melilotus dentatus* Pers. plants differ at both intra- and inter-population levels. A consolidation of sweet clover's populations to clusters is observed according to their geographic location. An independent distribution of populations on receptor part of *nfr5* gene concerning cluster structure of ITS region is determined.

Научные собрания

63-Я КОНФЕРЕНЦИЯ ЕВРОПЕЙСКОЙ АССОЦИАЦИИ ПО ЖИВОТНОВОДСТВУ (ЕАЖ): КУРС НА ГЕНОМНУЮ СЕЛЕКЦИЮ

В последнюю неделю августа 2012 года в столице Словакии Братиславе состоялась очередная 63-я конференция ЕАЖ, в которой от России участвовали специалисты трех научных учреждений. Программа конференции была разносторонней и включала секции генетики и физиологии животных, кормления, менеджмента и здоровья, систем ведения животноводства. В дополнение к этому активное обсуждение широкого круга научных вопросов и проблем велось в специализированных секциях по скотоводству, свиноводству, овцеводству и коневодству.

Пленарное заседание открыл доклад Джона Хермансена (J. Hermansen) «Проблемы производства продукции животноводства и зоотехнической науки в условиях низкоуглеродной экономики», что указывает на пристальное внимание исследователей и технологов к экологическим вопросам. Без преувеличения можно сказать, что значительная часть презентаций была посвящена совершенствованию генетических основ селекции, включая разработку методов оценки селективной и генетической ценности животных. Достижения в изучении геномов сельскохозяйственных животных в сочетании с современными технологиями генетического чипирования дали мощный импульс для полногеномного сканирования хромосомных и генных ассоциаций с хозяйственно полезными признаками практически у всех изученных видов. Благодаря использованию современного высокотехнологического оборудования и методов биоинформатики исследователи уже выявили хромосомы, генные комплексы которых оказывают статистически значимое влияние на многие селекционируемые признаки, в том числе на молочную продуктивность коров, мясные качества свиней и спортивные достижения лошадей. В ряде докладов была продемонстрирована высокая эффективность метода генетического чипирования, позволяющего одновременно проводить сканирование десятков важных генов и использовать полученные результаты, как для оценки генетической ценности животных, так и для полномасштабного генетико-популяционного анализа.

В настоящее время решается вопрос о вступлении России в члены ЕАЖ, что откроет более широкие возможности для участия наших научных учреждений, а также ученых и практических специалистов в международной научной интеграции и программах по развитию животноводства.

Л.А. Храброва