

Л.А. Танана, Н.А. Глинская, О.А. Епишко

ХАРАКТЕРИСТИКА STR-ПОЛИМОРФИЗМА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА БЕЛОРУССКОЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ

Успешность решения задач общей и частной популяционной генетики многих видов, в том числе и сельскохозяйственных, зависит от изученности особенностей полиморфизма различных элементов геномов. В наших исследованиях этими элементами явились микросателлитные последовательности ДНК (STR-локусы), которые широко используются для генотипирования особей, исследования генофондов растений и животных, описания их изменений под влиянием факторов естественного и искусственного отборов, установления происхождения, поисков связей с фенотипическими признаками, картирования главных генов количественных признаков. На базе УО «Полесский государственный университет» в научно-исследовательской лаборатории промышленной биотехнологии проведен анализ и изучен полиморфизм 11 STR-локусов нуклеотидных последовательностей ДНК крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы.

Ключевые слова: аллель, генотип, гетерозиготность, крупный рогатый скот, STR-локусы, полиморфизм.

Введение. Успешность решения задач общей и частной популяционной генетики многих видов, в том числе и сельскохозяйственных, зависит от изученности особенностей полиморфизма различных элементов геномов. В наших исследованиях этими элементами явились микросателлитные последовательности ДНК (STR-локусы) – это короткие, последовательно расположенные повторы, которые являются удобными генетическими маркерами из-за относительно несложной методики определения, высокого уровня полиморфизма и стабильного аутосомного кодоминантного наследования [1].

В животноводстве в настоящее время использование микросателлитов актуально в нескольких аспектах. Они имеют большое значение в анализе достоверности происхождения племенных животных, генетического смешивания пород (даже если они близко родственные). Кроме того, исследование животных по STR-локусам позволяет точнее оценить гетерозиготность популяции, т.е. ее генетическое разнообразие. Чем оно выше, тем легче животные адаптируются к окружающей среде, что имеет значение в селекции, в том числе при ввозе животных из-за границы. С помощью ДНК-микросателлитов можно оценить степень инбридинга и тем самым снизить вероятность близкородственного спаривания, а также повысить точность учета результатов по выявлению происхождения животных [2–4].

Благодаря высокой информативности ДНК-маркеров появилась возможность с большей точностью дифференцировать породы и изучать процессы пороодообразования, определяя генетические дистанции между выборками и выявляя их филогенетические взаимоотношения [5; 6].

В отечественном животноводстве остро стоит проблема оценки и сохранения генетических ресурсов, в связи с чем целью нашей работы послужило изучение особенностей STR-полиморфизма крупного рогатого скота черно-пестрой породы, разводимого в Беларуси.

Методика и объекты исследования. В УО «Полесский государственный университет» в научно-исследовательской лаборатории промышленной биотехнологии проведено

Танана Людмила Александровна, д-р с.-х. наук, проф., проф. каф. генетики и разведения сельскохозяйственных животных ГГАУ (Гродно).

Адрес для корреспонденции: ул. Терешковой, 28, 230008, г. Гродно, Беларусь; e-mail: labgen@mail.ru

Глинская Наталья Анатольевна, аспирант каф. генетики и разведения сельскохозяйственных животных ГГАУ (Гродно); науч. рук. – Л.А. Танана, д-р с.-х. наук, проф., проф. каф. генетики и разведения сельскохозяйственных животных ГГАУ (Гродно).

Адрес для корреспонденции: ул. Терешковой, 28, 230008, г. Гродно, Беларусь; e-mail: nil_pb@mail.ru

Епишко Ольга Александровна, канд. с.-х. наук, доц., доц. каф. химии и химической технологии ГрГУ им. Янки Купалы (Гродно).

Адрес для корреспонденции: ул. Ожешко, 22, 230023, г. Гродно, Беларусь; e-mail: dnateh@mail.ru

генетическое тестирование по 11 STR-локусам нуклеотидных последовательностей ДНК: BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53 (таблица 1).

Таблица 1 – Характеристика STR-локусов для проведения достоверности происхождения крупного рогатого скота

Локус	Длины фрагментов, (bp)	Метка праймера, Dye	Цвет
TGLA227	64–115	6-FAM™	Синий
BM2113	116–146	6-FAM™	Синий
TGLA53	147–197	6-FAM™	Синий
ETH10	198–234	6-FAM™	Синий
SPS115	235–265	6-FAM™	Синий
TGLA126	104–131	JOE™	Зеленый
TGLA122	134–193	JOE™	Зеленый
INRA23	193–235	JOE™	Зеленый
ETH3	90–135	NED™	Желтый
ETH225	136–165	NED™	Желтый
BM1824	170–218	NED™	Желтый

В качестве объекта исследований использовали крупный рогатый скот черно-пестрой породы, разводимый в хозяйствах: КСУП «ПЗ “Красная звезда”», СПК «Агрокомбинат Снов», ОАО «1-я Минская птицефабрика», СПК «Першай-2003», РСУП «Брестплемпредприятие», РСУП «Шикотовичи», ПЗ «Муховец», ОАО «Птицефабрика “Дружба”», РУСП «Минское племпредприятие».

Геномную ДНК выделяли из ткани животных перхлоратным методом, концентрацию которой измеряли на спектрофотометре «NanoDrop 1000».

Реакционная смесь для проведения мультиплексной реакции готовилась в объеме 15 мкл и включала следующие компоненты: ПЦР буфер – 1,5 мкл; MgCl₂ (25 mM) – 1,8 мкл; dNTP mix (10–12 mM) – 1,5 мкл; праймеры (mix) – 3 мкл; Taq-полимераза – 1 ед; ДНК 1 мкл (конц. 100 – 200 нг/мкл); вода (дистиллированная) – до 15 мкл.

Для проведения амплификации использовали меченные праймеры. В качестве меток использовали FAM, JOE и NED метки, флюорисцирующие синим, зеленым и желтым цветами соответственно.

Полимеразная цепная реакция была проведена на амплификаторе *TProfessional basic*. Режим амплификации состоял из следующих шагов: «горячий старт» – 3 мин при 95 °С; 97 °С – 20 с; 32 цикла: денатурация – 30 с при 95 °С, отжиг при 65 °С – 1 с и при 59 °С – 1 мин 15 с; синтез – 30 с при 68 °С; достройка – 30 с при 70 °С и охлаждение при 4 °С.

Концентрацию и специфичность амплификата оценивали в 1,5%-м агарозном геле (при напряжении 130 В в течение 20 мин).

Визуализацию и анализ результатов осуществляли на трансиллюминаторе Quantum.

Перед постановкой в секвенатор образцы помещали в амплификатор на денатурацию в смеси объемом 15 мкл, включающую: 1,2 мкл амплификата, 0,5 мкл LIZ–500 size standart и 13,3 мкл формамида.

Денатурацию проводили в течение 5 мин при 95 °С с последующим охлаждением при 4 °С. Затем производили непосредственную загрузку образцов в секвенатор ABI Prism 3130, руководствуясь протоколом. Определение длин выявленных генотипов ДНК в исследуемых локусах проводили при помощи программы GenMapper Software Version 4.0.

Были рассчитаны следующие популяционно-генетические показатели (с помощью Microsoft Office Excel 2007): частота встречаемости аллелей (p) [7]; уровень полиморфности (Ae)

[8]; наблюдаемая (Ho) [9] и ожидаемая гетерозиготность (He) [9]; индекс фиксации Райта (Fis) [10]; величина информативной ценности использованных маркеров (PIC) [11].

Результаты и их обсуждение. Проведен анализ и изучен полиморфизм 11 STR-локусов крупного рогатого скота черно-пестрой породы ($n = 518$). В каждом из 11 изученных микросателлитных локусов было идентифицировано от 19 до 43 аллелей.

В результате анализа ДНК по локусам BM1824, BM2113 и ETH10 у исследованных животных черно-пестрой породы обнаружено: 25 аллелей длиной от 170 до 218 п.н., 27 аллелей длиной от 116 до 146 п.н. и 23 аллеля длиной от 198 до 234 п.н. соответственно. Наиболее часто встречаются аллели длиной 182 п.н. (0,193) по локусу BM1824, 127 п.н. (0,149) по локусу BM2113, и 219 п.н. (0,108) по локусу ETH10 (рисунок 1).

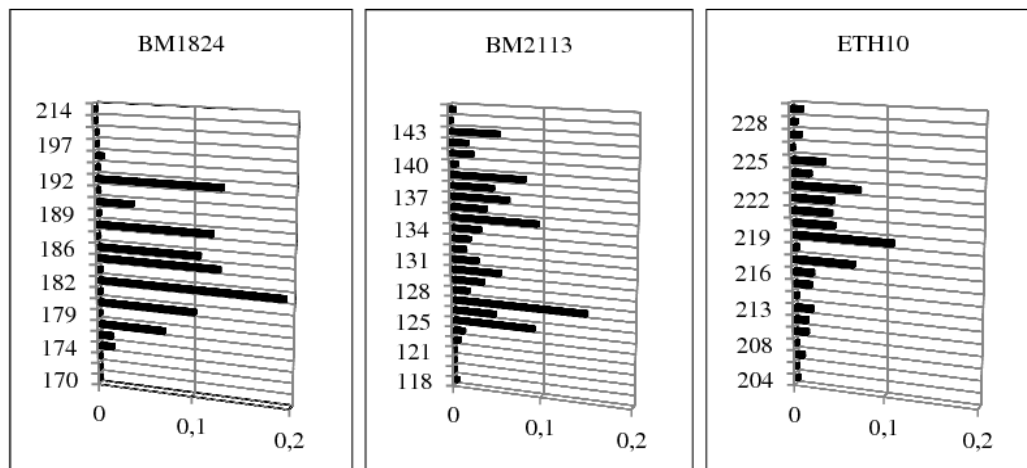


Рисунок 1 – Частота встречаемости аллельных вариантов по локусам BM1824, BM2113 и ETH10 в исследуемой группе животных

В исследуемой выборке выявлено 80 различных генотипов по локусу BM1824, 146 генотипов – по локусу BM2113 и 117 – по локусу ETH10. Наиболее часто в исследованной группе животных встречаются следующие генотипы: 182/184 (0,038) и 182/192 (0,038) по локусу BM1824; 127/137 (0,020) по локусу BM2113 и 219/223 (0,033) по локусу ETH10. Появление гомозиготных генотипов: 174/174, 176/176, 178/178, 180/180, 182/182, 184/184, 186/186, 188/188, 190/190, 192/192 – по локусу BM1824; 124/124, 126/126, 127/127, 128/128, 129/129, 133/133, 135/135, 137/137, 138/138, 139/139, 141/141, 143/143 – по локусу BM2113; 212/212, 215/215, 216/216, 217/217, 219/219, 220/220, 221/221, 222/222, 223/223, 224/224, 225/225, 227/227 – по локусу ETH10 – в целом соответствует частоте встречаемости выявленных аллелей.

В группе исследованных животных крупного рогатого скота в локусах ETH225, ETH3 и INRA023 выявлено 26 аллелей (с минимальным размером 135 п.н. и максимальным – 165 п.н.), 19 (с минимальным размером 90 п.н. и максимальным – 135 п.н.) и 31 аллель (с минимальным размером 193 п.н. и максимальным – 235 п.н.) соответственно. Чаще других встречаются аллели 150 п.н. (0,172) по локусу ETH225, 117 п.н. (0,313) по локусу ETH3 и 206 п.н. (0,160) по локусу INRA023 (рисунок 2).

В исследуемой группе животных обнаружено 112 генотипов по локусу ETH225 (из них 10 гомозиготных: 136/136, 138/138, 140/140, 144/144, 145/145, 148/148, 149/149, 150/150, 154/154, 158/158), 80 генотипов – по локусу ETH3 (из них 8 гомозиготных: 115/115, 117/117, 121/121, 125/125, 126/126, 127/127, 128/128, 129/129) и 142 генотипа – по локусу INRA023 (из них 14 гомозиготных: 199/199, 200/200, 203/203, 206/206, 209/209, 210/210, 212/212, 214/214, 216/216, 220/220, 222/222, 223/223, 226/226, 227/227). Чаще встречаются генотипы: 144/154 (0,039), 117/127 (0,043) и 206/212 (0,028).

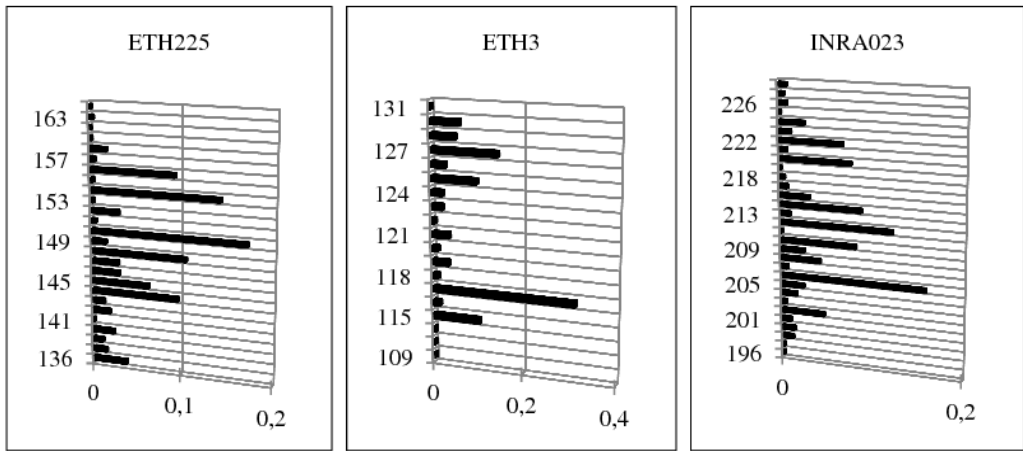


Рисунок 2 – Частота встречаемости аллельных вариантов по локусам ETH225, ETH3 и INRA023 в исследуемой группе животных

Согласно результатам ДНК-типирования крупного рогатого скота черно-пестрой породы по локусам SPS115, TGLA122 и TGLA126 идентифицировано 22 аллеля размером 235–265 п.н., 43 аллеля размером 134–193 п.н. и 22 аллеля размером 104–193 п.н. соответственно. Наибольшее распространение имели аллельные варианты 248 п.н. (0,308) по локусу SPS115, 143 п.н. (0,208) TGLA122 и 117 п.н. (0,299) по локусу TGLA126 (рисунок 3).

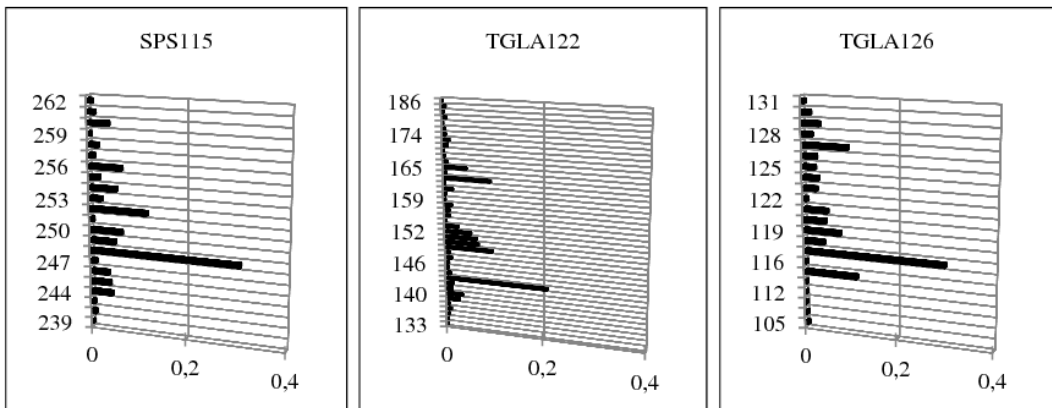


Рисунок 3 – Частота встречаемости аллельных вариантов по локусам SPS115, TGLA122 и TGLA126 в исследуемой группе животных

Большое количество аллельных вариантов явилось основой формирования значительного числа генотипов: 96 – по локусу SPS115 (из них 12 гомозиготных: 240/240, 244/244, 245/245, 246/246, 248/248, 249/249, 250/250, 252/252, 254/254, 255/255, 256/256, 261/261), 171 – по локусу TGLA122 (из них 8 гомозиготных: 143/143, 149/149, 150/150, 151/151, 153/153, 161/161, 163/163, 165/165) и 89 (из них 11 гомозиготных: 115/115, 117/117, 119/119, 120/120, 121/121, 122/122, 126/126, 127/127, 128/128, 129/129, 131/131) – по локусу TGLA126. Наиболее часто в исследуемой группе животных встречаются генотипы: 248/248 (0,661), 143/149 (0,035) и 115/117 (0,048).

В результате ДНК-диагностики крупного рогатого скота по локусам TGLA227 и TGLA53 выявлено 36 (длиной 64–115 п.н.) и 38 (длиной 147–197 п.н.) аллельных вариантов соответственно. Чаще других встречались аллели 93 п.н. (0,103) и 158 п.н. (0,072) по локусам TGLA227 и TGLA53 соответственно (рисунок 4).

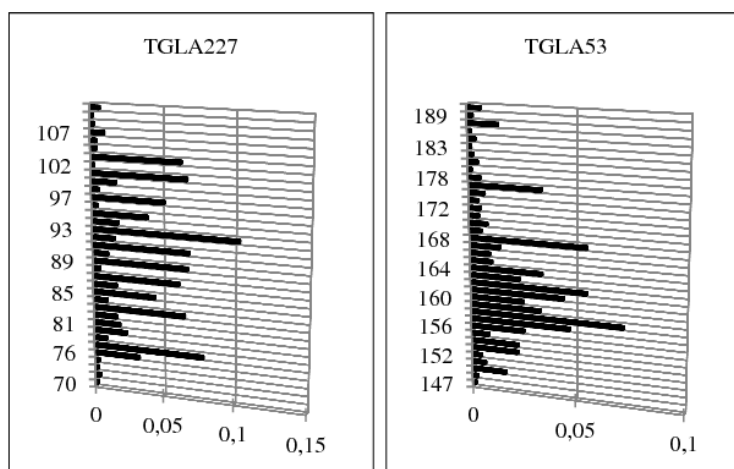


Рисунок 4 – Частота встречаемости аллельных вариантов по локусам TGLA227 и TGLA53 в исследуемой группе животных

В исследуемой выборке обнаружено 175 (из них 5 гомозиготных: 81/81, 86/86, 89/89, 97/97, 101/101) генотипов по локусу TGLA227 и 153 (из них 15 гомозиготных: 153/153, 154/154, 155/155, 156/156, 157/157, 158/158, 159/159, 161/161, 162/162, 163/163, 166/166, 167/167, 168/168, 175/175, 176/176) генотипа по локусу TGLA53. Чаше встречались генотипы 101/103 (0,020) и 158/168 (0,018).

В ходе анализа аллелофонда исследованных групп животных крупного рогатого скота черно-пестрой породы по 11 STR-локусам были получены данные, характеризующие полиморфизм каждого из маркеров (таблица 2).

Таблица 2 – Характеристика полиморфизма изученных STR-локусов крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы

STR-локус	NV	Ae	He	Ho	Fis	PIC
BM1824	9,889	5,207	0,773	0,864	-0,138	0,710
BM2113	14,667	7,915	0,845	0,897	-0,067	0,817
ETH10	12,556	5,606	0,797	0,833	-0,056	0,749
ETH225	12,222	6,219	0,806	0,939	-0,179	0,763
ETH3	10,000	4,146	0,694	0,864	-0,288	0,580
INRA023	13,889	8,138	0,859	0,926	-0,083	0,836
SPS115	11,444	3,824	0,689	0,814	-0,208	0,579
TGLA122	16,333	6,543	0,783	0,905	-0,207	0,715
TGLA126	9,444	4,102	0,724	0,821	-0,215	0,640
TGLA227	16,222	9,553	0,879	0,980	-0,119	0,862
TGLA53	14,375	8,439	0,922	0,862	0,065	0,914
среднее	12,822	6,336	0,797	0,882	-0,136	0,742

Средний показатель уровня полиморфности (Ae), рассчитанный на один локус для всей исследованной выборки, составил 6,336. Исходя из этого, локусы были разделены на две группы. Первую группу составили локусы, имеющие значение уровня полиморфности ниже

среднего – BM1824, ETH10, ETH225, ETH3, SPS115, TGLA126. Во вторую группу входили локусы, для которых значение уровня полиморфности превышает средние показатели: BM2113, INRA023, TGLA122, TGLA227, TGLA53.

Учитывая, что уровень полиморфности, по сути, является показателем эффективно действующих в популяции аллелей, эта величина коррелирует с числом аллелей, выявленных в каждом из исследованных локусов (т.е. чем больше выявлено аллелей, тем больше уровень полиморфности). Среднее число аллелей на локус (NV) варьировало от 9,444 до 16,333 единиц.

В вопросах динамики генетического состава популяций важным параметром является гетерозиготность. Это генетическое явление, наблюдающееся у организмов, гомологичные хромосомы которых имеют разные формы (аллели) того или иного гена. Гетерозиготность возникает при слиянии разнокачественных гамет в гетерозиготу, широко распространена в природных популяциях и является одной из причин гетерозиса. Гетерозиготность играет положительную роль в адаптации популяций к изменяющимся условиям окружающей среды, а также в микроэволюционном процессе. Поэтому ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических исследованиях.

Степень наблюдаемой гетерозиготности (H_o) является мерой генетической изменчивости в популяции. Частота гетерозигот – важный показатель, поскольку каждая гетерозигота несет разные аллели и иллюстрирует наличие изменчивости.

Для точной оценки изменчивости популяции вводится показатель ожидаемой гетерозиготности (H_e), рассматривающий уровень аллельного разнообразия. В этой связи нами была дана оценка наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанная по 11 STR-локусам.

В отношении значений ожидаемого уровня гетерозиготности (H_e) максимумом характеризовался локус TGLA53 (0,922), а минимальное значение отмечено в локусе SPS115 (0,689), в то время как наибольшей наблюдаемой гетерозиготностью (H_o) характеризовался локус TGLA227 (0,980), а наименьшей – локусы SPS115 (0,814) и INRA023 (0,815).

Установить связь между индивидуумами отдельной популяции и популяцией в целом позволяет индекс фиксации F_{is} . Так как данный показатель количественно отражает отклонение частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой по Харди–Вайнбергу доли гетерозигот при случайном спаривании внутри популяции, он может рассматриваться в качестве одного из критериев инбредности популяции. При этом положительное значение индекса F_{is} означает нехватку гетерозигот в данной популяции, в то время как отрицательное значение индекса указывает на избыток гетерозигот.

Анализ данных показателя F_{is} показал, что локус TGLA53 отличался смещением равновесия в сторону недостатка гетерозигот ($F_{is} = 0,065$). Во всех остальных случаях наблюдалась различная степень преобладания показателей наблюдаемой гетерозиготности (H_o) над ожидаемой (H_e), максимальная в локусе ETH3 ($F_{is} = -0,288$).

Кроме того, нами была рассчитана величина информативной ценности использованных маркеров (PIC). Чем больше величина PIC для данного локуса, тем информативнее оказывается он в качестве маркера. Принято следующее разделение величин PIC: при $PIC > 0,5$ локус очень информативен, при $0,5 > PIC > 0,25$ достаточно информативен и при $PIC < 0,25$ слегка информативен. Этот показатель характеризует дискриминационную силу локуса не только по количеству выявленных аллелей, но и по относительным частотам их встречаемости. Значение PIC приближается к единице, если локус имеет множество аллелей с приблизительно равной частотой встречаемости, и равен 0, если локус мономорфный.

В проведенных нами исследованиях было установлено, что все изученные STR-локусы имели $PIC > 0,5$, что указывает на их высокую информативность в качестве молекулярно-генетических маркеров для оценки достоверности происхождения животных.

Заключение. На основании полученной характеристики аллельного разнообразия и частот генотипов исследуемых STR-локусов можно заключить, что все они соответствуют основным

требованиям, делающим их привлекательными для анализа генетической дифференциации животных черно-пестрой породы – высокий уровень полиморфизма, хорошо сбалансированные частоты аллелей, высокая степень гетерозиготности.

Результаты исследований позволяют рекомендовать локусы BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53 для характеристики аллелофонда крупного рогатого скота черно-пестрой породы, оценки внутривидовой генетической дифференциации, идентификации групп животных и отдельных особей. Высокий уровень полиморфизма и кодоминантный характер наследования открывают возможность поиска взаимосвязей аллельных вариантов микросателлитных локусов с продуктивными признаками животных.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Харченко, П.Н. ДНК-технологии в развитии агробиологии / П.Н. Харченко, В.И. Глазко. – М. : Воскресенье, 2006. – 480 с.
2. Зиновьева, Н.А. Оценка роли ДНК-микросателлитов в генетической характеристике популяции черно-пестрого скота / Н.А. Зиновьева, Н.И. Стрекозов, Л.А. Молофеева // Зоотехния. – 2009. – № 1. – С. 2–4.
3. Калашникова, Л.А. Геномная оценка молочного скота / Л.А. Калашникова // Молочное и мясное скотоводство. – 2010. – № 1. – С. 10–12.
4. Сохранение и рациональное использование генофонда животных / В.А. Багиров [и др.] // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. – 2009. – № 2. – С. 37–40.
5. Храброва, Л.А. Генетическая дифференциация чистокровных пород лошадей по микросателлитным локусам / Л.А. Храброва, М.А. Зайцева, Л.В. Калинин // Сельскохозяйственная биология. Серия : Биология животных. – 2008. – № 2. – С. 31–34.
6. Эрнст, Л.К. Роль биологии в развитии животноводства в XXI веке / Л.К. Эрнст // Достижения науки и техники АПК. – 2008. – № 10. – С. 7–8.
7. Меркурьева, Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве / Е.К. Меркурьева. – М. : Колос, 1977. – 174 с.
8. Maughan, P. Microsatellite and amplified sequence length polymorphism in cultivated and wild soybean / P. Maughan, M. Saghai-Marooof, G. Buss // Genome. – 1995. – Vol. 38. – P. 715–723.
9. Guo, S. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles / S. Guo, E. Thomson // Biometrics. – 1992. – Vol. 48. – P. 361–372.
10. Wright, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating / S. Wright // Evolution. – 1965. – Vol. 19. – P. 355–420.
11. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms / D. Botstein [et al.] // Am. J. Hum. Genet. – 1980. – Vol. 32. – P. 314–331.

Поступила в редакцию 01.09.14.

The success of the solution of problems of the general and private population genetics of many types including agricultural, depends on study of features of polymorphism of various elements of genomes. In our studies these elements were microsatellite sequences of DNA (STR-loci) which are widely used for genotyping of individuals, the studies of gene pools of plants and animals, the description of their changes under the influence of factors of natural and artificial selections, establishment of an origin, searches of communications with phene, mapping of the main genes of quantitative signs. On the basis of the educational establishment “Polesye State University” in a research laboratory of an industrial biotechnology analysis was made and polymorphism of 11 STR-loci of the nucleotide sequences of DNA of cattle of Belarusian black-motley breed was learned.

Keywords: Allele, genotype, heterozygosity, cattle, STR-loci, polymorphism.



Номер: **3 (182)** Год: **2014**

Название статьи

Стр. Цит.

ЭКАНОМІКА

- | | | | |
|--------------------------|---|-------|---|
| <input type="checkbox"/> | POLISH HIGHER EDUCATION MANAGEMENT WITHIN INTERNATIONALIZATION AREA
<i>Bartsik A., Dzivinski P.</i> | 6-15 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | TESTING OF QUANTITATIVE METHODOLOGY FOR ASSESSING THE IMAGE OF HIGHER EDUCATION (ON THE BASES OF YANKA KUPALA STATE UNIVERSITY OF GRODNO)
<i>Krechko S., Pavlovski E.</i> | 16-22 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | ПОВЫШЕНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ УСВОЕНИЯ СТАТИСТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ
<i>Лепешев Д.И.</i> | 23-30 | 5 |
| <input type="checkbox"/> | РЫНОК УСЛУГ СТРАН АСЕАН: РЕГУЛИРОВАНИЕ И ВОЗМОЖНОСТИ ИНВЕСТИРОВАНИЯ
<i>Янчук А.Л.</i> | 31-39 | 1 |
| <input type="checkbox"/> | МОДЕЛЬ ОЦЕНКИ ЭКОНОМИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ СОВЕРШЕНСТВОВАНИЯ УПРАВЛЕНИЯ ТЕХНОЛОГИЧЕСКИМИ ПРОЦЕССАМИ
<i>Вискуб М.А.</i> | 40-45 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | СИТУАЦИОННЫЙ АНАЛИЗ СОЦИАЛЬНО-ЭКОНОМИЧЕСКОГО РАЗВИТИЯ РЕГИОНОВ ГРОДНЕНСКОЙ ОБЛАСТИ
<i>Новицкая Е.Г.</i> | 46-52 | 2 |
| <input type="checkbox"/> | ОПРЕДЕЛЕНИЕ РАЦИОНАЛЬНОЙ СТРУКТУРЫ ПРОИЗВОДСТВЕННЫХ РЕСУРСОВ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ОРГАНИЗАЦИЙ
<i>Карлов В.А., Саврас С.А.</i> | 53-57 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | МЕТОДИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ К ОЦЕНКЕ ЭКОЛОГО-ЭКОНОМИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ ЛЕСОВОССТАНОВЛЕНИЯ В УСЛОВИЯХ МАЛОГО ПОЛЕСЬЯ
<i>Шведюк Ю.В.</i> | 58-63 | 0 |

САЦЫЯЛОГІЯ

- | | | | |
|--------------------------|--|-------|---|
| <input type="checkbox"/> | ГОТОВНОСТЬ РАБОТНИКОВ АГРОСФЕРЫ К ТЕХНИКО-ТЕХНОЛОГИЧЕСКИМ, ОРГАНИЗАЦИОННЫМ И СОЦИАЛЬНЫМ ИННОВАЦИЯМ
<i>Смирнова Р.А.</i> | 64-71 | 1 |
| <input type="checkbox"/> | СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ПРОЕКТНЫХ ОРГАНИЗАЦИЙ СТРОИТЕЛЬНОЙ ОТРАСЛИ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ: ЭКОНОМИКО-СОЦИОЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ
<i>Цюхай М.В.</i> | 72-79 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | МЕСТНЫЕ СООБЩЕСТВА КАК СУБЪЕКТ РАЗВИТИЯ МАЛЫХ ГОРОДОВ И СЕЛЬСКИХ ПОСЕЛЕНИЙ
<i>Кузьменко Т.В.</i> | 80-87 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | СОЦИОКУЛЬТУРНЫЙ АСПЕКТ ПРОБЛЕМЫ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ПЕДАГОГА И РОДИТЕЛЯ
<i>Трегуб Н.В.</i> | 88-91 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | О КУЛЬТУРОЛОГИЧЕСКОМ ПОДХОДЕ К ОНТОЛОГИИ КОММУНИКАТИВНОЙ КУЛЬТУРЫ ЕВРОПЕЙСКОГО ГОРОДА
<i>Саввина М.Г.</i> | 92-97 | 0 |

БИЯЛОГІЯ

- | | | | |
|--------------------------|--|---------|---|
| <input type="checkbox"/> | ЭФФЕКТ ТИДИАЗУРОНА НА МОРФОГЕНЕЗ В КУЛЬТУРЕ ТКАНЕЙ РЕДКИХ ВИДОВ БЕРЕЗ БЕЛАРУСИ
<i>Концевая И.И.</i> | 98-104 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | ВЛИЯНИЕ АБИОТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ НА ЧИСЛЕННОСТЬ ИКСОДОВЫХ КЛЕЩЕЙ НА ТЕРРИТОРИИ РЕКРЕАЦИОННОЙ ЗОНЫ НАЦИОНАЛЬНОГО ПАРКА "НАРОЧАНСКИЙ"
<i>Бычкова Е.И., Фёдорова И.А., Якович М.М.</i> | 105-108 | 0 |
| <input type="checkbox"/> | ОБ ИЗМЕНЧИВОСТИ ОКРАСКИ МУРАВЬЕВ <i>FORMICA POLYSTENA</i> FOERST. (HYMENOPTERA, FORMICIDAE) В ГРОДНЕНСКОЙ ОБЛАСТИ (БЕЛАРУСЬ)
<i>Рыжая А.В., Гилев А.В.</i> | 109-115 | 1 |

<input type="checkbox"/>	ХАРАКТЕРИСТИКА STR-ПОЛИМОРФИЗМА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА БЕЛОРУССКОЙ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ <i>Танана Л.А., Глинская Н.А., Епишко О.А.</i>	116-122	1
<input type="checkbox"/>	МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ ИЗМЕНЕНИЯ В ОРГАНИЗМЕ ЖИВОТНЫХ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ ПРОБИОТИКА "БИЛАВЕТ-С" <i>Шенгаут Я., Малашко В.В.</i>	123-128	0
<input type="checkbox"/>	СОСТОЯНИЕ ПЕРЕКИСНОГО ОКИСЛЕНИЯ БЕЛКОВ В ТКАНЯХ ВИНОГРАДНОЙ УЛИТКИ ВО ВРЕМЯ ЗИМНЕГО АНАБИОЗА И ЛЕТНЕЙ АКТИВНОСТИ <i>Мандрик К.А., Карелин С.И., Кремлёва О.Е., Каревский А.Е.</i>	129-134	0
<input type="checkbox"/>	ГЕТЕРОГЕННОСТЬ АКТИВНЫХ ЦЕНТРОВ ТРАНСКЕТОЛАЗЫ <i>Томашева Е.В.</i>	135-140	0
<input type="checkbox"/>	ОЦЕНКА ЭКОЛОГИЧЕСКОГО БЛАГОПОЛУЧИЯ ВОДОЕМОВ С ПОМОЩЬЮ ПОЛОВОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ МОЛЛЮСКОВ <i>VIVIPARUS VIVIPARUS</i> L. (MOLLUSCA, GASTROPODA, VIVIPARIDAE) <i>Уваева Е.И., Шурова Н.М.</i>	141-147	2
<input type="checkbox"/>	ВЛИЯНИЕ ОБРАБОТКИ ХИМИЧЕСКИМИ МУТАГЕНАМИ НА ВИДОВОЙ СОСТАВ БИОЦЕНОЗА АКТИВНОГО ИЛА АЭРОТЕНКОВ ГОРОДСКИХ ОЧИСТНЫХ СООРУЖЕНИЙ <i>Рязанова М.Ю., Юхневич Г.Г.</i>	148-154	0