УДК 606:62:639.3:639.212

ПОРІВНЯЛЬНИЙ АНАЛІЗ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ВЕСЛОНОСА (*POLYODON SPATHULA*) УКРАЇНСЬКИХ ПОПУЛЯЦІЙ

Х. М. КУРТА, молодший науковий співробітник,

О. О. МАЛИШЕВА, кандидат сільськогосподарських наук, старший науковий співробітник

Українська лабораторія якості і безпеки продукції АПК

В. Г. СПИРИДОНОВ, доктор сільськогосподарських наук, головний науковий співробітник

Інститут ветеринарної медицини НААН України

E-mail: khrystyna.kurta@gmail.com

<https://doi.org/10.31548/bio2018.03.025>

Проведено порівняльний аналіз генетичної структури трьох популяцій веслоноса за мікросателітними ДНК-маркерами та встановлено, що найбільш поліморфною була херсонська популяція (25 алельних варіантів), а найменш поліморфною – чернігівська популяція (21 алельний варіант). Максимальне значення кількості алелів на локус (Na) встановлено для популяції Херсонської обл. – 6,25, а мінімальне – 5,25 для популяції Чернігівської обл. Згідно аналізу рівнів гетерозиготності для кожної з трьох українських популяцій зафіксовано переважання фактичної гетерозиготності ($H_o = 0,730$), над теоретичною ($H_e = 0,619$). Середні значення індексу фіксації (Fis) коливалися від $Fis = -0,176$ (чернігівська популяція) до $Fis = -0,129$ (вінницька популяція), що свідчить про збереження генетичного поліморфізму у штучних популяціях веслоноса в умовах аквакультури. Розраховані середні значення індексу PIS свідчать про те, що досліджувані локуси були достатньо поліморфними ($P > 0,550$). Значення комбінованої вірогідності виключення випадкового збігу алелів (CPE) в середньому для популяцій веслоноса становило 0,912, що вказує на 91,2 % інформативності обраної панелі мікросателітних ДНК-маркерів.

Ключові слова: веслоніс, мікросателіти, ДНК-маркери, локус, алель, гетерозиготність, поліморфізм, генетична структура

Актуальність. Питання збереження генетичної різноманітності племінних стад цінних видів риб набуває особливої актуальності в сучасних умовах ведення аквакультури. Представниками цінних видів є осетроподібні, в тому числі і веслоніс (*Polyodon spathula*), якого нині широко відтворюють та вирощують як біомеліоратора ставів та для одержання цінної осетрової продукції [1, 2].

Однією з основних причин, яка може вплинути на зниження генетичного різноманіття у штучних популяціях веслоноса, є низька чисельність вихідного племінного матеріалу для формування маточних стад, відсутність генетичного контролю та цілеспрямованої селекції при відтворенні даного виду [2, 3, 4]. Головною вимогою при роботі зі збереження біорізноманіття об'єктів аквакультури є застосу-

вання таких методів та підходів, які з високим рівнем достовірності дозволяють здійснити оцінку генетичного поліморфізму популяції на рівні ДНК [4, 5].

На сучасному етапі молекулярно-генетичних досліджень одним з основних та найбільш ефективних методів вивчення генетичної структури популяцій є застосування мікросателітних ДНК-маркерів, які відображають стан поліморфізму досліджуваних локусів [6, 7].

Дослідження мікросателітної ДНК веслоноса дозволить проаналізувати генетичні процеси, які відбуваються у штучних популяціях даного виду риб, з метою збереження видового різноманіття в умовах штучного культивування.

Аналіз останніх досліджень та публікацій. Веслоніс (*Polyodon spathula*) – це північноамериканський представник родини Веслоносих (*Polyodontidae*), ряду Осетроподібних (*Acipenseriformes*), який є інтродуцентом у штучні водойми України та високопродуктивним об'єктом рибовирозведення, зокрема і в умовах полікультури з цінними осетровими видами риб [4]. Нарощування прісноводної аквакультури за рахунок культивування веслоноса дозволить збільшити виробництво харчової рибної продукції для забезпечення потреб населення, а також та розширити обсяги експортно-орієнтованої товарної продукції для постачання на міжнародний ринок [4, 5].

Важливою умовою під час штучного відтворення та формування продуктивних маточних стад веслоноса є застосування ефективних методів сучасної генетики та селекції, які забезпечать збереження максимального генетичного різноманіття у популяціях даного виду риб [2, 6].

В останні десятиліття досить бурхливо розвиваються наукові розробки в області біотехнології із застосуванням різних молекулярно-генетичних маркерів, зокрема, мітохондріальних, міні- (VNTR) та

мікросателітних ДНК-маркерів (STR), вивчення локусів кількісних ознак (QTL) тощо [7-9, 12]. Нині, для популяційно-генетичних досліджень досить широко використовують мікросателітні ДНК-макери, які з високим ступенем вірогідності дозволяють провести аналіз алельного складу популяцій, отримати інформацію щодо генетичної спорідненості особин та встановити генеалогічні зв'язки між племінними стадами різних господарств [7, 10-13].

Подібні дослідження активно використовуються закордонними вченими, для вивчення генетичної складової та проведення популяційно-генетичної оцінки плідників веслоноса та їх потомства [6, 10, 14, 15]. Згідно аналізу таких публікацій, у досліджуваних популяціях спостерігається тенденція до змін генетичного поліморфізму в залежності від умов мешкання. Так, природні популяції характеризуються високим рівнем наявності гетерозиготних генотипів, тоді як у штучних популяціях, навпаки, спостерігається зниження генетичної різноманітності [5, 10, 14, 15].

Таким чином, проведення мікросателітного аналізу генетичної структури українських популяцій веслоноса дозволить оцінити стан поліморфізму досліджуваних популяцій, здійснити міжгосподарські та міжпопуляційні порівняння і сформувати в подальшому рекомендації зі створення ефективних маточних стад для підвищення продуктивності аквакультурних підприємств.

Мета дослідження – здійснення порівняльного аналізу генетичної структури веслоноса (*Polyodon spathula*) українських популяцій за мікросателітними ДНК-маркерами.

Матеріали і методи дослідження. Матеріалом для дослідження була ДНК, виділена з біологічних зразків веслоноса, відібраних з ПрАТ «Чернігіврибгосп» (n = 35, Чернігівська обл., 2017 р), ТОВ «Меркурій»

($n = 38$, Вінницька обл., 2017 р.) та ДУ «ВЕДОРЗ ім. академіка С.Т. Артюшика» ($n = 32$, Херсонська обл., 2016 р.).

Виділення ДНК проводили з використанням методу сорбції ДНК на діоксид кремнію (SiO_2) [16].

Полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) проводили на ампліфікаторі Veriti 96 Well (Applied Biosystems, США) з попередньо оптимізованими параметрами: початкова денатурація – 5 хв, 95°C ; 30 циклів денатурації – 15 с, 95°C ; відпалювання праймерів – 25 с, 56°C ; елонгація – 5 с, 72°C та пролонгування – 5 хв, 72°C [17].

Реакційна суміш загальним об'ємом $20,0\text{ мм}^3$ містила наступні компоненти: $50,0\text{ мМ}$ Трис- HCl ($\text{pH } 8,3$), $1,5\text{ мМ}$ MgCl_2 , $0,2\text{ мМ}$ кожного з дезоксинуклеотидтрифосфатів (dNTP), по 5 рМ прямого і зворотного локус-специфічних праймерів та $1,5\text{ од.}$ Taq-ДНК-полімерази. Зразки виділеної ДНК вносили в кількості 5 мм^3 [17].

Продукти ампліфікації денатурували формамідом (Sigma, США) та розділяли шляхом капілярного електрофорезу на генетичному аналізаторі «ABI Prism 3130xl» Genetic Analyser (Applied Biosystems, США). Розміри алелів визначали за допомогою програми «Gene Mapper 3.7» (Applied Biosystems, США) з використанням стандарту LIZ-500 (Applied Biosystems, США).

Для проведення досліджень використовували панель із чотирьох попередньо охарактеризованих мікросателітних маркерів ДНК: Psp12, Psp21, Psp26 та Psp28 [17].

Визначення спектру та частот ідентифікованих алелів, кількості алелів на локус (N_a) проводили методом прямого підрахунку та аналізу отриманих генотипів досліджуваних особин. Розрахунки показників фактичної (H_o) та теоретичної гетерозиготності (H_e), індексу поліморфізму (PIC), вірогідності виключення випадкового збігу алелів (PE), індексу фіксації (Fis) [18] та критерію Пірсона (χ^2)

проводили із застосуванням програм MS Excel 2010, PowerStats V12 (Promega), Cervus v. 3.0.3, GENALEX 6.5 [19-21].

Результати дослідження та їх обговорення. У результаті проведеної роботи зі встановлення особливостей генетичної структури штучних популяцій веслоноса було виявлено загальну подібність генетичних профілів за досліджуваними мікросателітними ДНК-локусами (рис. 1).

Так, найбільш поліморфною була популяція з Херсонської області, кількість ідентифікованих алелів для якої становила – 25 алельних варіантів. Найменш поліморфною була популяція з Чернігівської області – 21 алельний варіант. Для популяції з Вінницької області всього було ідентифіковано 22 алельні варіанти.

Виходячи з отриманих даних щодо рівня генетичної мінливості, зафіксовано максимальне значення кількості алелів на локус (N_a) для популяції Херсонської обл. – 6,25, а мінімальне – 5,25 для популяції Чернігівської обл. (табл. 1).

Аналіз рівнів гетерозиготності українських популяцій веслоноса показав, що для херсонської популяції середній показник фактичної гетерозиготності (H_o) знаходився на рівні 0,742, тоді як показник теоретичної гетерозиготності (H_e) був дещо нижчим та знаходився на рівні 0,618. Для чернігівської популяції середнє значення H_o складало 0,757, проти H_e – 0,638. Для вінницької популяції значення H_o також було вищим за H_e і становило – $H_o = 0,691$, проти H_e – 0,602.

У цілому нами було встановлено факт переважання середнього показника фактичної гетерозиготності ($H_o = 0,730$) над теоретичною ($H_e = 0,619$) для трьох популяцій веслоноса. Крім того, нами було виявлено достовірний надлишок гетерозиготних генотипів херсонської популяції веслоноса для локусу Psp26 ($p < 0,001$), чернігівської популяції – для локусів Psp12 ($p < 0,05$) та Psp28 ($p < 0,01$) та

Рис. 1. Генетичний профіль трьох досліджуваних популяцій веслоноса (*Polyodon spathula*) за мікросателітними ДНК-маркерами

вінницької – для локусу Psp28 ($p < 0,05$). А також зафіксовано достовірний дефіцит гетерозиготних генотипів для локусу Psp21 ($p < 0,05$) херсонської популяції та для локусу Psp26 ($p < 0,001$) вінницької популяції.

За критерієм індексу фіксації (F_{is}) найбільше переважання гетерозиготних генотипів спостерігалось за локусом Psp28 вінницької популяції веслоноса ($F_{is} = -0,493$), тоді як найбільше значення нестачі гетерозиготних генотипів було зафіксовано для локусу Psp21 чернігівської популяції ($F_{is} = 0,169$).

Середні значення індексу фіксації за чотирма локусами були від'ємними і коли-

валися від $F_{is} = -0,176$ (чернігівська популяція) до $F_{is} = -0,129$ (вінницька популяція). Такі результати індексу F_{is} відображають надлишок гетерозиготних генотипів у досліджуваній групі риб, що свідчить про збереження генетичного поліморфізму у штучних популяціях веслоноса на даному етапі відтворення в умовах аквакультури.

У розрізі популяцій мінімальне значення індексу поліморфізму (PIC) для досліджуваних локусів ДНК спостерігалось для локусу Psp21 – 0,305 (херсонська популяція), максимальне значення, зафіксоване для даної популяції, становило 0,753 для локусу Psp26. У чернігівській популяції показник PIC знаходився в межах від

1. Порівняльна характеристика генетичного поліморфізму українських популяцій веслоноса за мікросателітними ДНК-локусами

Популяція	Локус	Na	Ho	He	χ^2	Fis	PIC	PE
ДУ «ВЕДОРЗ ім. академіка С.Т. Артюши-ка» (Херсонська обл.) (n = 32)	Psp12	4,0	0,781	0,648	4,993	-0,205	0,582	0,565
	Psp21	4,0	0,313	0,325	14,585*	0,038	0,305	0,069
	Psp26	9,0	0,875	0,785	88,644***	-0,115	0,753	0,745
	Psp28	8,0	1,000	0,714	39,042	-0,401	0,674	1,000
Середнє значення		6,25±1,31	0,742±1,494	0,618±0,101	-	-0,171±0,092	0,578±0,098	0,594±0,197
ПРАТ «Чернігівриб-госп» (Чернігівська обл.) (n = 35)	Psp12	4,0	0,857	0,601	15,504*	-0,426	0,530	0,709
	Psp21	3,0	0,457	0,550	1,861	0,169	0,482	0,153
	Psp26	7,0	0,771	0,693	23,765	-0,114	0,652	0,547
	Psp28	7,0	0,943	0,708	46,517**	-0,331	0,661	0,884
Середнє значення		5,25±1,03	0,757±0,106	0,638±0,038	-	-0,176±0,132	0,581±0,045	0,573±0,156
ТОВ «Меркурій» (Вінницька обл.) (n = 38)	Psp12	5,0	0,737	0,640	14,280	-0,151	0,572	0,488
	Psp21	3,0	0,368	0,392	0,463	0,059	0,340	0,096
	Psp26	7,0	0,658	0,707	58,539***	0,070	0,670	0,366
	Psp28	7,0	1,000	0,670	37,705*	-0,493	0,615	1,000
Середнє значення		5,50±0,96	0,691±0,130	0,602±0,071	-	-0,129±0,131	0,550±0,072	0,487±0,189
Середнє для трьох популяцій		5,67±0,30	0,730±0,19	0,619±0,01	-	-0,159±0,01	0,569±0,01	0,551±0,03
CPE								0,912

Примітка: * $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$ – достовірні відмінності між рівнем фактичної та теоретичної гетерозиготності

0,482 (Psp21) до 0,661 (Psp28), тоді як для вінницької популяції значення даного показника коливалися від 0,340 (Psp21) до 0,670 (Psp26).

Середні значення індексу PIC коливалися від 0,550 (вінницька популяція) до 0,581

(чернігівська популяція) та в цілому за всіма популяціями індекс PIC становив – 0,569, що свідчить про те, що обрана панель маркерів є достатньо поліморфною ($PIC > 0,550$).

Середні показники рівнів вірогідності виключення випадкового збігу алелів (PE)

для кожної з досліджуваних популяцій різнилися незначно і коливалися від 0,487 до 0,594 у вінницькій та херсонській популяціях, відповідно. Високе значення PE було зафіксовано для локусу Psp28 (1,000) херсонської та вінницької популяцій, що пояснюється наявністю у 100 % досліджуваних особин веслоноса лише гетерозиготних генотипів за вказаним ДНК-маркером. Низьке значення PE виявлено для локусу Psp21, яке становило 0,069 (Херсонська обл.), 0,096 (Вінницька обл.) та 0,153 (Чернігівська обл.) вказує на те, що даний локус загалом був найменш інформативним при дослідженні вітчизняних популяцій веслоноса. Значення комбінованої вірогідності виключення випадкового збігу алелів (CPE) в середньому для популяцій веслоноса становило 0,912, що вказує на 91,2 % інформативності обраної панелі мікросателітних маркерів ДНК. Для підвищення рівнів достовірності ДНК-аналізу досліджуваного виду в подальшому доцільним є розширення панелі інформативних мікросателітних ДНК-локусів веслоноса.

Висновки. У результаті мікросателітного ДНК-аналізу генетичної структури трьох популяцій веслоноса встановлено, що найбільш поліморфною була херсонська популяція (25 алейних варіантів), а найменш поліморфною – чернігівська популяція (21 алейний варіант).

Проведені дослідження з оцінки генетичного поліморфізму веслоноса свідчать про загальну подібність генетичних профілів українських популяцій веслоноса, що, очевидно, вказує на спільне похо-

дження маточних стад досліджуваного об'єкта аквакультури.

Згідно аналізу середніх показників рівнів гетерозиготності, для кожної з трьох українських популяцій зафіксовано факт переважання фактичної гетерозиготності ($H_o = 0,730$), над теоретичною ($H_e = 0,619$). Отримані результати індексу F_{is} відображають надлишок гетерозиготних генотипів у досліджуваних групах риб, що свідчить про збереження генетичного поліморфізму у штучних популяціях веслоноса на даному етапі відтворення в умовах аквакультури. Розраховані середні значення індексу PIC свідчать про те, що досліджувані локуси були достатньо поліморфними ($P > 0,550$).

Значення комбінованої вірогідності виключення випадкового збігу алелів (CPE) в середньому для популяцій веслоноса становило 0,912, що вказує на 91,2 % інформативності обраної панелі мікросателітних ДНК-маркерів.

Перспективи подальших досліджень. Отримані дані дають підстави для подальшого вивчення наявних племінних ресурсів веслоноса та їх порівняння з метою визначення ступеня генетичного споріднення між маточними стадами різних господарств, оцінки рівня інбридингу та уникнення зниження генетичного різноманіття даного виду в умовах сучасної аквакультури. Важливою передумовою генетичного управління процесами відтворення веслоноса є підвищення ефективності аквакультури та збільшення виробництва товарної харчової продукції.

Література

1. Третяк, О. М. Аналіз генетичної структури груп веслоноса за окремими генетико-біохімічними системами / О. М. Третяк, С. І. Тарасюк // Рибогосподарська наука України. - 2011. - № 1. - С. 50-57.
2. Mims, S. Aquaculture of Paddlefish in the United States Aquat / S. Mims // Living Resour.- 2001. - 14. - P. 391-398.
3. Pikitch E. Status, trends and management of sturgeon and paddlefish fisheries / E. Pikitch, P. Doukakakis, I. Lauck, P. Chakraborty, D.L. Erickson // Fish Fish. - 2005. - 6. - P. 233-265.

4. Третяк О.М. Система науково обґрунтованого розвитку аквакультури веслоноса в Україні / Третяк О.М. // Рибогосподарська наука України. – 2010. – № 2. – С. 3–25.
5. Курта Х.М. Ідентифікація алейних варіантів мікросателітної ДНК веслоноса (*Polyodon spathula*) / Х.М. Курта, О.О. Малишева, Б.О. Грішин та ін. // Біоресурси і природокористування України. – 2017. – Том 9. – № 5-6. Доступ за посиланням.
6. Kaczmarczyk D. Assemblage of spawning pairs of farmed American paddlefish based on their individual genetic profiles – a new tool in managing of the broodstock's gene pool / D. Kaczmarczyk, M. Luczynski, R. Kolman / Summary document of Aquaculture Europe. – 2008 – P. 36-37.
7. Тимошкіна Н.Н. Молекулярно-генетические маркеры в исследовании внутри-и межвидового полиморфизма осетровых рыб (*Acipenseriformes*) / Н.Н. Тимошкіна, Д.И. Водолажский, А.В. Усатов // Экологическая генетика. – 2010. – Т.8. – №1. – С. 12–24.
8. Chistiakov D.A. Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: A review with special reference to fish genetics / D.A. Chistiakov, B. Hellemans, F.A.M. Volckaert // Aquaculture. – 2006. – № 255 (1-4). – P. 1-29.
9. Мухина Ж. М. Молекулярные маркеры и их использование в селекционно-генетических исследованиях / Ж. М. Мухина, Е.В. Дубина // Научный журнал КубГАУ. 2011, №66. – С. 97-107.
10. Heist E.J Genetic Structure in Paddlefish Inferred from DNA Microsatellite Loci / E. J. Heist, A. Mustapha // Transactions of the American Fisheries Society. – 2008. – Vol. 137, Iss. 3. – P. 909–915.
11. Wirgin I. I Molecular analysis in the conservation of sturgeons and paddlefish / I. I. Wirgin, J. E. Stabile, J. R. Waldman // Environmental Biology of Fishes. – 1997. – V. 48(1). – P.385-398.
12. Dudu A. Nuklear Markers of Danube Sturgeons Hybridization // A. Dudu, R. Suciu, M. Parashiv [et al] // Molecular Sciences. – 2011. – 12. – P. 6796-6809.
13. May B. Genetic variation at microsatellite loci in sturgeon: primers sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus* / B. May, C.C. Krueger, H.L. Kincaid // Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. – 1997. – 54. – P. 1542–1547.
14. Kaczmarczyk D. Polymorphism of microsatellite loci – a tool in studying biodiversity of paddlefish aquaculture broodstock // Kaczmarczyk D., Kohlmann K., Kersten P. Kaczmarczyk, M. Luczynski / Environmental Biotechnology. – 2007. – № 3. – P. 44–48.
15. Zheng X., Schneider K., Lowe J.D., Gomelsky B., Mims S.D., Bu S.. Genetic structure among four populations of paddlefish, *Polyodon spathula* (Actinopterygii: Acipenseriformes: Polyodontidae), based on disomic microsatellite markers / X. Zheng, K. Schneider, J.D. Lowe, B. Gomelsky, S.D. Mims, S. Bu // Acta Ichthyol. Piscat. – 2014. – 44 (3). – P. 213–219.
16. Carter M. J., Milton I. D. An inexpensive and simple method for DNA purifications on silica particles / M. J. Carter, I. D. Milton // Nucleic Acids Res. 1993. – Vol. 21. – P. 1044-1046.
17. Курта Х.М. Оптимізація умов полімеразної ланцюгової реакції для дослідження мікросателітної ДНК веслоноса (*Polyodon spathula*) / Х.М. Курта, О.О. Малишева, В.Г. Спиридонов // Біологія тварин. – Львів, 2017. – Т 19. – № 2. – С. 56-63.
18. Wright S. The genetical structure of populations / Wright S. // Ann. Eugethcs. - 1951. - № 15. – P. 323-354.
19. Kalinowski S.T. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment / Kalinowski S.T., M.L. Taper, T.C. Marshall // Molecular Ecology. – 2007. – vol. 16, N. 5. – P. 1099-1106.
20. Marshall T.C. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations / T.C. Marshall [et al] // Mol. ecol. – 1998. – P. 639-655.
21. Peakall R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research / R. Peakall, P.E. Smouse // Molecular Ecology Notes. – 2006. – Vol. 6. – P. 288–295.

References

1. Tretiak, O.M., Tarasiuk S.I. (2011) Analiz henytychnoi struktury hrup veslonosa za okremymy henytyko-biokhimichnymy systemamy. Rybohospodarska nauka Ukrainy, 1, 50-57.
2. Mims, S. (2001) Aquaculture of Paddlefish in the United States Aquat. Living Resour, 14, 391–398.
3. Pikitch E., Doukakakis P., Lauck I., P. Chakraborty, D.L. Erickson (2005) Status, trends and management of sturgeon and paddlefish fisheries. Fish Fish, 6, 233-265.
4. Tretiak O.M. (2010) Systema naukovo obgruntovanoho rozvytku akvakultury veslonosa v Ukraini. Rybohospodarska nauka Ukrainy, 2, 3–25.

5. Kurta K.M., Malysheva O.O., Grishyn B.O., Getia A.A., Babenko V.I. Shynkarenko L.M., Spyrydonov V. H. (2017) Identyfikatsiia alelnykh variantiv mikrosatelitnoi DNK veslonosa (*Polyodon spathula*). *Bioresursy i pryrodokorystuvannia Ukrainy*, T. 9, 5-6. Dostup za posylanniam. <http://journals.nubip.edu.ua/index.php/Bio/article/view/9590>
6. Kaczmarczyk D. Luczynski M., Kolman R. (2008) Assemblage of spawning pairs of farmed American paddlefish based on their individual genetic profiles – a new tool in managing of the broodstock's gene pool. Summary document of Aquaculture Europe, 36-37.
7. Tymoshkyna N.N. Vodolazhskyy D.Y., Usatov A.V. (2010) Molekulyarno-henetycheskye markery v yssledovanyy vnutry-y mezhvydovoho polymorfizma osetrovyykh ryb (*Acipenseriformes*). *Ekologicheskaya henetyka*, V.8 (1), 12–24.
8. Chistiakov D.A., Hellemans B., Volckaert F.A.M. (2006) Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: A review with special reference to fish genetics. *Aquaculture*. № 255 (1-4). 1-29.
9. Muhina Zh. M. Dubina E.V Molekulyarnyye markery i ih ispolzovanie v selektsionno-geneticheskikh issledovaniyakh / Zh. M. Muhina, // Nauchnyy zhurnal KubGAU. 2011. 66. 97-107.
10. Heist E.J, Mustapha A. (2008) Genetic Structure in Paddlefish Inferred from DNA Microsatellite Loci. *Transactions of the American Fisheries Society*, 137, iss. 3, 909–915.
11. Wirgin I. I., Stabile J. E., Waldman J. R. (1997) Molecular analysis in the conservation of sturgeons and paddlefish. *Environmental Biology of Fishes*. 48(1), 385-398.
12. Dudu A, Suci R., Parashiv M., Georgescu S.E., Costache M., Berrebi P. (2011) Nuklear Markers of Danube Sturgeons Hibridization. *Molecular Sciences*, 12, 6796-6809.
13. May B., Krueger C.C., Kincaid H.L. (1997) Genetic variation at microsatellite loci in sturgeon: primers sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus*. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 54, 1542–1547.
14. Kaczmarczyk D., Kohlmann K., Kersten P., Luczynski M. (2007) Polymorphism of microsatellite loci – a tool in studying biodiversity of paddlefish aquaculture broodstock. *Environmental Biotechnology*, 3, 44–48.
15. Zheng, X., Schneider, K., Lowe, J. D., Gomelsky, B., Mims, S. D., Bu, S. (2014). Genetic structure among four populations of paddlefish, *Polyodon spathula* (Actinopterygii: Acipenseriformes: Polyodontidae), based on disomic microsatellite markers. *Acta Ichthyol. Piscat.* 44 (3): 213–219.
16. Carter M. J., Milton I. D. (1993) An inexpensive and simple method for DNA purifications on silica particles. *Nucleic Acids Res*, 21, 1044–1046.
17. Kurta Kh.M. Malysheva O.O., Spyrydonov V.H. (2017) Optymizatsiia umov polimeraznoi lantsiuhovoi reaktsii dlia doslidzhennia mikrosatelitnoi DNK veslonosa (*Polyodon spathula*). *Biologhiia tvaryn*, 19, № 2, 56-63.
18. Wright S. (1951) The genetical structure of populations. *Ann. Eugethcs* 15: 323-354.
19. Kalinowski S.T., M.L. Taper, T.C. Marshall (2007) Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, 16, 5, 1099-1106.
20. Marshall T.C. et al (1998) Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol.ecol*, 639-655.
21. Peakall R., Smouse P.E. (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288–295.

SUMMARY

Kh. Kurta, O. Malysheva, V. Spyrydonov. Comparative analysis of genetic structure of ukrainian paddlefish (*polyodon spathula*) populations // *Biological Resources and Nature Managment*. – 2018. – 10, №3–4. – P.193–201. <https://doi.org/10.31548/bio2018.03.025>

The comparative analysis of the genetic structure of three paddlefish populations was carried out by using microsatellite DNA markers. As the result, Kherson population (25 allelic variants) was the most polymorphic, and the least polymorphous was Chernihiv population (21 allelic variants). It was

identified that the maximum number of alleles per locus (N_a) at 6,25 was for the population from Kherson region, and the minimum N_a at 5,25 was for the population from Chernihiv region. According to the analysis of levels of heterozygosity for each of three Ukrainian populations, it was determined the

predominance of the observed heterozygosity ($H_o = 0,730$), over the expected heterozygosity ($H_e = 0,619$). The mean values of fixation index (F_{is}) ranged from $F_{is} = -0,176$ (Chernihiv population) to $F_{is} = -0,129$ (Vinnytsia population), indicating the high level of the genetic polymorphism in paddlefish artificial populations under aquaculture conditions. The mean values of PIC index indicated that the

investigated loci were polymorphic ($P > 0,550$). The mean combined probability of exclusion (CPE) for the paddlefish populations was 0,912, which indicates 91,2% of the information content of the panel of analyzed microsatellite DNA markers.

Keywords: paddlefish, microsatellites, DNA markers, loci, allele, heterozygosity, polymorphism, genetic structure

АННОТАЦІЯ

К. Н. Курта, О. А. Мальшева, В. Г. Спиридонов. Сравнительный анализ генетической структуры веслоноса (*polyodon spathula*) украинских популяций // Биоресурсы и природопользование. – 2018. – 10, №3–4. – С.193–201. <https://doi.org/10.31548/bio2018.03.025>

Проведен сравнительный анализ генетической структуры трех популяций веслоноса по микросателлитным ДНК-маркерами и, что наиболее полиморфной была херсонская популяция (25 аллельных вариантов), а наименее полиморфной – черниговская популяция (21 аллельных вариантов). Максимальное значение количества аллелей на локус (N_a), было установлено для популяции Херсонской обл. – 6,25, а минимальное – 5,25 – для популяции Черниговской обл. Согласно анализа уровней гетерозиготности, для каждой из трех украинских популяций зафиксировано преобладание фактической гетерозиготности ($H_o = 0,730$), над теоретической ($H_e = 0,619$). Средние значения индекса фиксации (F_{is}) колебались от $F_{is} = -0,176$ (черниговская популяция) до $F_{is} = -0,129$

(винницкая популяция), что свидетельствует о сохранении генетического полиморфизма в искусственных популяциях веслоноса в условиях аквакультуры. Рассчитанные средние значения индекса PIC свидетельствуют о том, что исследуемые локусы были достаточно полиморфными ($P > 0,550$). Значение комбинированной вероятности исключения случайного совпадения аллелей (CPE) в среднем для популяций веслоноса составило 0,912, что указывает на 91,2 % информативности выбранной панели микросателлитных ДНК-маркеров.

Ключевые слова: веслонос, микросателлиты, ДНК-маркеры, локус, аллель, гетерозиготность, полиморфизм, генетическая структура