

ISSN 1561-8323 (Print)
ISSN 2524-2431 (Online)

УДК 639.3.034.2; 575.174.015.3
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2019-63-1-79-86>

Поступило в редакцию 21.01.2019
Received 21.01.2019

**А. Ю. Носова¹, В. Н. Кипень¹, А. И. Царь¹, С. Н. Пантелей², И. А. Савченко²,
В. Д. Сенникова², В. Ю. Агеец², В. А. Лемеш¹**

¹Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь

²Институт рыбного хозяйства, Минск, Республика Беларусь

**ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ У БЕЛОГО
(*HYPOPHthalmichthys MOLITRIX* VAL.)
И ПЕСТРОГО (*HYPOPHthalmichthys NOBILIS* RICH.) ТОЛСТОЛОБИКОВ,
ВЫРАЩИВАЕМЫХ В АКВАКУЛЬТУРЕ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ**

(Представлено академиком А. В. Кильчевским)

Аннотация. Дана оценка генетического разнообразия белого (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) и пестрого (*Hypophthalmichthys nobilis* Rich.) толстолобиков, выращиваемых в аквакультуре на территории Республики Беларусь, по данным генотипирования 11 микросателлитных локусов – Hmo11, Hmo13, Hmo15, Hmo25, Hmo26, Hmo31, Hmo33, Hmo34, Hmo36, Hmo37, Hmo40. Рассчитаны следующие показатели: среднее число аллелей на локус, эффективное число аллелей, уровни ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности, значение информационного индекса Шеннона, индексы фиксации F_{IS} и F_{ST} . Полученные результаты свидетельствуют об умеренном (для пестрого толстолобика) и достаточно высоком (для белого толстолобика) генетическом разнообразии изученных выборок, что дает возможность выделить несколько групп для получения линейного материала и дальнейшего воспроизводства, в том числе товарной рыбы. Вместе с тем следует уделить особое внимание подбору пар производителей с учетом результатов молекулярно-генетического анализа. На основании молекулярно-генетического анализа пяти микросателлитных локусов предложена схема по дифференциации гибридных особей между пестрым и белым толстолобиками, что может быть использовано в качестве малоинвазивного экспресс-теста в селекционных и воспроизводительных программах для данных видов растительноядных рыб.

Ключевые слова: белый толстолобик, *Hypophthalmichthys molitrix* Val., пестрый толстолобик, *Hypophthalmichthys nobilis* Rich., микросателлитные локусы, генетическое разнообразие, аллель, гетерозиготность, индекс Шеннона, индексы фиксации F_{IS} и F_{ST}

Для цитирования. Полиморфизм микросателлитных локусов у белого (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) и пестрого (*Hypophthalmichthys nobilis* Rich.) толстолобиков, выращиваемых в аквакультуре в Республике Беларусь / А. Ю. Носова [и др.] // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2019. – Т. 63, № 1. – С. 79–86. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2019-63-1-79-86>

**Aliaksandra Yu. Nosova¹, Viachaslau N. Kipen¹, Nastassia I. Tsar¹, Sergej N. Pantelej², Irina A. Savchenko²,
Violetta D. Sennikova², Vladimir Yu. Ageyets², Valentina A. Lemesh¹**

¹Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

²Fish Industry Institute, Minsk, Republic of Belarus

**POLYMORPHISM OF MICROSATELLITE LOCI IN SILVER
(*HYPOPHthalmichthys MOLITRIX* VAL.) AND BIGHEAD (*HYPOPHthalmichthys NOBILIS* RICH.)
CARPS GROWN IN AQUACULTURE IN THE REPUBLIC OF BELARUS**

(Communicated by Academician A. V. Kilchevsky)

Abstract. In this study, we evaluated the genetic diversity of silver (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) and bighead (*Hypophthalmichthys nobilis* Rich.) carps grown in aquaculture in the territory of the Republic of Belarus. Genotyping was obtained for 11 STR-loci – Hmo11, Hmo13, Hmo15, Hmo25, Hmo26, Hmo31, Hmo33, Hmo34, Hmo36, Hmo37, and Hmo40. The following parameters were calculated: the average number of alleles per locus, the effective number of alleles, the levels of expected and observed heterozygosity, the value of the Shannon information index and the fixation indexes F_{IS} and F_{ST} . The obtained results indicate a moderate (for silver carp) and sufficiently high (for bighead carp) genetic diversity of the studied samples of carps up to the possibility to allocate several groups for subsequent work on obtaining linear material and further reproduction, including commercial fish. However, to achieve these goals, it is necessary to pay special attention to the selection of pairs of producers taking into account the results of molecular genetic analysis. The scheme for the differentiation

of hybrid individuals between silver and bighead carps and the use of molecular genetic analysis of STR-loci would be proposed. This approach can be used as a minimally invasive rapid test in breeding and reproductive programs for the studied fish species.

Keywords: silver carp, *Hypophthalmichthys molitrix* Val., bighead carp, *Hypophthalmichthys nobilis* Rich., short tandem repeat (STR), genetic diversity, allele, heterozygosity, Shannon index, F_{IS} fixation index, F_{ST} fixation index

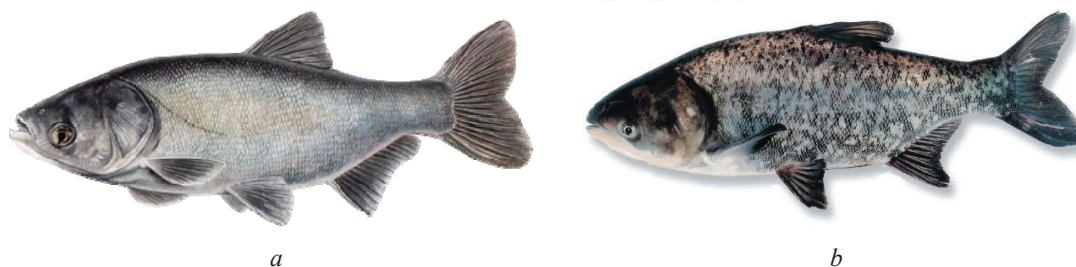
For citation: Nosova A. Yu., Kipen V. N., Tsar N. I., Pantelej S. N., Savchenko O. A., Sennikova V. D., Ageyets V. Yu., Lemesh V. A. Polymorphism of microsatellite loci in silver (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) and bighead (*Hypophthalmichthys nobilis* Rich.) carps grown in aquaculture in the Republic of Belarus. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2019, vol. 63, no. 1, pp. 79–86 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2019-63-1-79-86>

Введение. Дальневосточные растительноядные рыбы – экологическая группа видов, потребляющих первичную продукцию водоемов (фитопланктон и высшую водную растительность), практически не используемую карпом. К ним относятся белый (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) и пестрый (*Hypophthalmichthys nobilis* Rich.) толстолобики (рисунок). Растительноядные рыбы обладают большой экологической пластичностью и высокими товарными качествами. В связи с этим они акклиматизированы во многих странах мира, расположенных на различных континентах. В производимой в аквакультуре рыбной продукции растительноядные рыбы занимают 18,6 % от продукции общемировой аквакультуры или 29,0 % от общемировой аквакультуры в пресной воде [1].

В Республике Беларусь работы по акклиматизации растительноядных рыб начаты в 1963 г. Исходные ремонтно-маточные стада рыб были завезены из Казахстана. Из их потомства впоследствии сформировано ремонтно-маточное стадо в отделении «Белоозерское» ОАО «Опытный рыбхоз «Селец», где и происходит воспроизводство. Однако при акклиматизации в новых условиях и одомашнивании диких видов рыб наблюдаются генетические и морфофизиологические изменения, снижается их гетерозиготность и жизнестойкость. Часто происходит близкородственное скрещивание из-за того, что производители имеют общее происхождение. В связи с этим высока вероятность инбридинга, что значительно снижает рыболовные результаты. При сравнении диких и искусственных (заводских) популяций карпа из разных частей ареала показано, что максимальные оценки генетической изменчивости характерны для природных аутбредных популяций [2]. При искусственном воспроизводстве наблюдается снижение уровня полиморфизма за счет эффекта основателя и значительного инбридинга. Для оценки генетического разнообразия белого и пестрого толстолобиков активно используется полиморфизм микросателлитных локусов (англ. Short Tandem Repeat, STR) [3–7].

В условиях коммерческой аквакультуры с довольно высокой частотой происходит скрещивание между белым (БТ) и пестрым (ПТ) толстолобиками. Предполагается, что дальнейшая межвидовая гибридизация и последующая интрогрессия между этими видами в аквакультуре будут иметь негативные последствия для маточных и ремонтных стад, а также для эффективности их применения в аквакультуре [7]. По данным М. У. Миа и соавт., аллельные вариации по ряду микросателлитных локусов позволяют различать белого и пестрого толстолобиков малоинвазивными методами, сводя к минимуму ошибки идентификации по фенотипическим признакам [7].

Цель исследования – охарактеризовать генетическое разнообразие белого (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) и пестрого (*Hypophthalmichthys nobilis* Rich.) толстолобиков, выращиваемых в аква-



Внешний вид белого (a) и пестрого (b) толстолобиков
Appearance of silver (a) and bighead (b) silver carp

культуре в Республике Беларусь, по результатам генотипирования 11 STR-локусов и оценить их дифференцирующий потенциал для идентификации гибридных особей.

Материалы и методы исследования. Материалом для исследований служили образцы тканей (участок хвостового плавника) от 129 производителей растительноядных рыб (ПТ – 63 особи, БТ – 66 особей) и от 90 сеголеток (ПТ – 61, БТ – 29), разводимых в аквакультуре в отделении «Белоозерское» ОАО «Опытный рыбхоз «Селец».

Проведен анализ разнообразия аллелей по одиннадцати STR-локусам – Hmo11, Hmo13, Hmo15, Hmo25, Hmo26, Hmo31, Hmo33, Hmo34, Hmo36, Hmo37, Hmo40 [7; 8]. ПЦР проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей буфер для Taq-полимеразы (650 mM Трис-НСl, 166 mM (NH₄)₂SO₄, 0,2 % Твин 20, рН 8,8), 0,2 mM дНТФ, 2,5 пМ каждого праймера, 2,5 mM MgCl₂, 0,5 ед. High-Fidelity ДНК-полимеразы (ОДО «Праймтех»), 10–20 нг исследуемой ДНК. Температурный режим соответствовал [7; 8]. Электрофоретическое разделение продуктов амплификации проводили с использованием системы капиллярного электрофореза ABI PRISM 3500 Genetic analyzer относительно маркера молекулярного веса Orange 500 DNA Size Standard (Nimagen), определение длин аллелей осуществляли с использованием программного обеспечения GeneMarker 5. Для статистической обработки данных использовали специализированное программное обеспечение GenAIEx v.6.5 [9], STRUCTURE v.2.3.4 [10], PAST v.3.17 [11] и POPHELPER v1.0.10 [12].

Результаты и их обсуждение. Нами показано, что для производителей ПТ в 11 исследованных STR-локусах было идентифицировано 73 аллеля, для БТ – 108 аллелей. Число аллелей в каждом локусе варьировало от 2 до 15 для ПТ и от 6 до 14 для БТ, при среднем значении $6,636 \pm 1,038$ и $9,818 \pm 0,761$ аллелей на локус соответственно (табл. 1, 2).

Для сеголеток аллельное разнообразие было менее выраженным: для ПТ выявлено 53 аллеля (в садке № 57, ПТ-57) и 44 аллеля (в садке № 60, ПТ-60), для БТ – 65 аллелей (в садке № 52, БТ-52) (табл. 1). Число аллелей в каждом локусе варьировало от 1 до 12 для ПТ-57 и от 2 до 8 для ПТ-60, при среднем значении $4,818 \pm 0,923$ и $4,000 \pm 0,467$ аллеля на локус соответственно. Среди сеголеток БТ число аллелей в каждом локусе варьировало от 3 до 9, при среднем значении $5,909 \pm 0,547$ аллеля на локус (табл. 2).

Для производителей ПТ наибольшее число аллелей наблюдалось в локусах Hmo26, Hmo25 и Hmo31 (табл. 1), для БТ – в локусах Hmo37, Hmo26, Hmo33, Hmo25, Hmo36 (табл. 2). Среди сеголеток ПТ STR-локус Hmo26 также был наиболее полиморфным из всех 11 локусов (табл. 1). Среди сеголеток БТ наиболее полиморфными оказались STR-локусы Hmo37, Hmo26 и Hmo33 (табл. 2). Для некоторых высокополиморфных у производителей ПТ и БТ STR-локусов (например, Hmo25, Hmo31, Hmo15) число эффективных аллелей оказалось значительно меньше, чем количество выявленных аллелей. Данный факт объясняется наличием в локусах редких аллелей с частотой встречаемости менее 5,0 %. В частности, у производителей ПТ нами было идентифицировано 29 редких аллелей (или 39,73 % от всех выявленных аллелей), у БТ – 50 (46,30 %) аллелей.

Среднее значение индекса Шеннона (I), который отражает сложность структуры сообщества по данным количественной представленности объектов в популяции (изменяется от 0 до 5), и рассчитанного для всех 11 STR-локусов, составляет $1,209 \pm 0,158$ для производителей ПТ и $1,716 \pm 0,142$ для производителей БТ, что указывает на среднюю сложность структуры сообществ исследованных выборок. Наименьшие значения показателя наблюдаемой гетерозиготности (H_o) для производителей ПТ были отмечены для Hmo15 (при генотипировании выявлены только гомозиготные особи), Hmo34 и Hmo40 (табл. 1), для производителей БТ – для Hmo15 и Hmo25 (табл. 2). Данный факт свидетельствует о незначительной вариабельности генетических признаков, однако при условии того факта, что для ПТ и БТ могут быть представлены различные аллельные варианты, значимость генотипирования по данным STR-локусам возрастает, если необходимо дифференцировать ПТ и БТ, а также гибридные особи.

F_{IS} – индивидуальный индекс фиксации, который указывает на редукцию гетерозиготности из-за неслучайного спаривания, и означает меру отклонения генотипических частот от таковых при HWE (Hardy–Weinberg equilibrium) внутри субпопуляций с точки зрения недостатка или избытка гетерозигот. При $F_{IS} > 0$ имеет место дефицит гетерозиготных особей (родственное спаривание); при $F_{IS} < 0$ – избыток гетерозигот (неродственное спаривание); при $F_{IS} = 0$ – случай-

Таблица 1. Генетическая характеристика производителей и сеголеток ПТ по 11 STR-локусам ДНК

Table 1. Genetic characteristic of producers and fingerlings of monley and white silver carp through 11 STR-loci of DNA

STR	Na	Ne	I	Ho	He	F_{IS}
<i>ПТ (производители*)</i>						
Hmo11	7	4,841	1,661	0,650	0,793	0,181
Hmo13	7	2,560	1,177	0,225	0,609	0,631
Hmo15	2	1,973	0,686	0	0,493	1
Hmo25	9	2,098	1,213	0,370	0,523	0,294
Hmo26	15	6,751	2,263	0,575	0,852	0,325
Hmo31	8	2,522	1,284	0,333	0,603	0,448
Hmo33	5	1,136	0,311	0,104	0,120	0,130
Hmo34	4	2,032	0,821	0,025	0,508	0,951
Hmo36	7	4,320	1,595	0,953	0,769	-0,241
Hmo37	5	2,885	1,258	0,400	0,653	0,388
Hmo40	4	2,475	1,025	0,047	0,596	0,922
<i>ПТ-57 (сеголетки, 57 садок)</i>						
Hmo11	3	2,442	0,981	0,556	0,591	0,059
Hmo13	6	3,290	1,397	0,731	0,696	-0,050
Hmo15	1	1	0	0	0	-
Hmo25	3	2,301	0,952	0,517	0,565	0,085
Hmo26	12	5,262	1,993	1	0,810	-0,235
Hmo31	7	2,691	1,333	0,586	0,628	0,067
Hmo33	3	1,232	0,379	0,207	0,188	-0,098
Hmo34	5	1,690	0,810	0,214	0,408	0,475
Hmo36	3	2,386	0,957	0,655	0,581	-0,128
Hmo37	7	2,859	1,359	0,556	0,650	0,146
Hmo40	3	1,192	0,352	0,034	0,161	0,786
<i>ПТ-60 (сеголетки, 60 садок)</i>						
Hmo11	3	2,826	1,069	0,833	0,646	-0,290
Hmo13	3	1,456	0,543	0,379	0,313	-0,211
Hmo15	2	1,430	0,478	0,368	0,301	-0,226
Hmo25	4	1,205	0,399	0,182	0,170	-0,067
Hmo26	8	4,699	1,734	0,864	0,787	-0,097
Hmo31	4	1,956	0,904	0,182	0,489	0,628
Hmo33	4	3,267	1,272	0,895	0,694	-0,289
Hmo34	3	1,909	0,725	0,733	0,476	-0,540
Hmo36	4	1,857	0,906	0,381	0,461	0,174
Hmo37	5	4,083	1,480	0,897	0,755	-0,187
Hmo40	4	2,527	1,082	0,714	0,604	-0,182

Примечания: * – по результатам генотипирования 11 STR-локусов в анализируемой выборке отсутствуют гибридные особи; Na – количество выявленных аллелей, Ne – количество эффективных аллелей, I – информационный индекс Шеннона, Ho – наблюдаемая гетерозиготность, He – ожидаемая гетерозиготность, F_{IS} – индекс фиксации.

Notes: * – hybrid individuals are excluded; Na – no. of Different Alleles, Ne – no. of Effective Alleles; I – Shannon's Information Index; Ho – Observed Heterozygosity; He – Expected Heterozygosity; F_{IS} – Fixation Index.

ное спаривание. Наибольшие рассчитанные значения коэффициента F_{IS} для производителей ПТ были показаны для локусов Hmo15, Hmo34 и Hmo40, при среднем значении по 11 STR-локусам $0,457 \pm 0,117$ (табл. 1). Для производителей БТ наибольшее значение F_{IS} выявлено для локуса Hmo25 при среднем значении $0,202 \pm 0,072$ (табл. 2).

В целом для производителей БТ показатели среднего числа аллелей на локус, эффективного числа аллелей, значения информационного индекса Шеннона, уровни ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности статистически значимо выше, чем для ПТ ($p < 0,001$). Коэффициент же F_{IS} для

Таблица 2. Генетическая характеристика производителей и сеголеток БТ по 11 STR-локусам ДНК

Table 2. Genetic characteristic of producers and fingerlings of white silver carp through 11 STR-loci of DNA

STR	Na	Ne	I	Ho	He	F_{IS}
БТ (производители*)						
Hmo11	6	3,215	1,422	0,490	0,689	0,289
Hmo13	9	7,205	2,056	0,784	0,861	0,089
Hmo15	8	1,517	0,821	0,227	0,341	0,333
Hmo25	11	3,452	1,575	0,238	0,710	0,665
Hmo26	12	5,147	1,979	0,615	0,806	0,236
Hmo31	10	4,990	1,914	0,714	0,800	0,107
Hmo33	12	6,324	2,064	0,825	0,842	0,020
Hmo34	9	4,556	1,755	0,571	0,781	0,268
Hmo36	11	3,727	1,662	0,955	0,732	-0,305
Hmo37	14	11,211	2,502	0,680	0,911	0,253
Hmo40	6	2,423	1,123	0,429	0,587	0,270
БТ-52 (сеголетки, 52 садок)						
Hmo11	6	3,645	1,475	0,704	0,726	0,030
Hmo13	5	2,641	1,125	0,741	0,621	-0,192
Hmo15	3	2,280	0,904	0,654	0,561	-0,165
Hmo25	6	3,005	1,309	0,360	0,667	0,460
Hmo26	8	5,261	1,819	0,615	0,810	0,240
Hmo31	6	3,388	1,438	0,840	0,705	-0,192
Hmo33	8	5,365	1,850	1	0,814	-0,229
Hmo34	4	1,505	0,664	0,143	0,335	0,574
Hmo36	5	2,156	1,092	0,577	0,536	-0,076
Hmo37	9	6,969	2,037	0,821	0,857	0,041
Hmo40	5	1,572	0,778	0,385	0,364	-0,057

Примечания: * – по результатам генотипирования 11 STR-локусов в анализируемой выборке отсутствуют гибридные особи; Na – количество выявленных аллелей, Ne – количество эффективных аллелей, I – информационный индекс Шеннона, Ho – наблюдаемая гетерозиготность, He – ожидаемая гетерозиготность, F_{IS} – индекс фиксации.

Note: * – hybrid individuals are excluded; Na – no. of Different Alleles, Ne – no. of Effective Alleles, I – Shannon's Information Index, Ho – Observed Heterozygosity, He – Expected Heterozygosity, F_{IS} – Fixation Index.

производителей ПТ оказался ниже ($p < 0,001$), чем для БТ. Данные результаты позволяют сделать заключение, что генетическое разнообразие производителей БТ больше, чем для ПТ.

В результате проведенного анализа субпопуляционной структуры исследуемых групп толстолобиков с использованием моделирования в STRUCTURE v.2.3.4 [10] по результатам генотипирования для 11 STR-локусов показано, что имеется два четко выраженных кластера ($K = 2$). Точность классификации подавляющего большинства особей в пределах группы «Пестрый толстолобик (ПТ)» (44 особи из 47, включенных в анализ) варьировала в пределах $99,8 \pm 0,1$ %, аналогичный показатель для особей в пределах группы «Белый толстолобик (БТ)» (45/46) – $99,7 \pm 0,3$ % (результаты усреднены на основании 10 итераций). При значении $K = 3$ в группе «БТ» представляется возможным выделить уже 2 субкластера, для группы «ПТ» данное подразделение наблюдается только при $K = 5$. Данный факт еще раз подтверждает полученные нами данные о более высоком генетическом разнообразии производителей БТ в сравнении с ПТ. В первом кластере – «ПТ» – было выявлено три особи, вероятность отнесения которых к группе колебалась в пределах 43,0–46,9 %; во втором кластере – «БТ» – выявлена одна особь, вероятность отнесения которой к группе составила 36,3 %. Предположительно, данные четыре особи являются гибридами между ПТ и БТ.

Из 11 STR-локусов, используемых в рамках данного исследования, наибольшим потенциалом для решения задачи по дифференциации белого и пестрого толстолобиков обладают те, для которых рассчитанные значения F_{ST} являются максимальными. Наибольшие рассчитанные зна-

чения F_{ST} показаны для пяти STR-локусов – Hmo15 (0,5235), Hmo33 (0,4957), Hmo40 (0,3500), Hmo25 (0,3365) и Hmo31 (0,2458). Аллельные диапазоны в данных локусах для групп «ПТ» и «БТ» либо не пересекаются (например, для Hmo40), либо представленность мажорных аллелей значительно различается. На основании полученных данных был проведен повторный анализ субпопуляционной структуры исследуемых двух групп толстолобиков с использованием программы STRUCTURE v.2.3.4, но по результатам генотипирования только 5 из 11 STR-локусов. Установлено, что точность классификации (отнесения к одной из двух групп) оказалась сопоставима с результатами, полученными с использованием 11 STR-локусов – точность дифференциации ПТ составила $99,5 \pm 0,3$ %, БТ – $99,4 \pm 0,8$ %. В частности, как и на основе анализа всех 11 STR-локусов, так и при использовании только пяти STR-локусов были выявлены 4 гибридные особи.

Заключение. Для Республики Беларусь белый и пестрый толстолобики являются интродуцированными видами. Исследования генетического разнообразия и быстрой адаптации интродуцированных видов дают важную информацию о причинах того, как чужеродные виды становятся инвазивными. В подобных условиях виды часто испытывают «эффект основателя» и демонстрируют снижение генетического разнообразия внутри популяций, а также усиление изоляции от прочих популяций. Адаптивная эволюция видов, привнесенных в новые места обитания, часто сопровождается генетическими изменениями [3; 4]. Изучение генетической изменчивости в искусственных популяциях представляет интерес не только для фундаментальных исследований биоразнообразия, но и для практического применения при доместикации новых видов в условиях рыбного хозяйства.

Несмотря на то что изученные популяции белого (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) и пестрого (*Hypophthalmichthys nobilis* Rich.) толстолобиков, разводимые в отделении «Белоозерское» ОАО «Опытный рыбхоз «Селец», можно считать в достаточно выраженной степени инбредными (с учетом истории селекции и разведения в Республике Беларусь), нами выявлены относительно высокие показатели наблюдаемой гетерозиготности как в популяции производителей БТ, так и сеголеток, а также умеренные показатели наблюдаемой гетерозиготности для ПТ. Учитывая, что сеголетки ПТ и БТ получены от малого числа производителей, умеренные (для ПТ) и средние (для БТ) показатели среднего числа аллелей на locus (N_a), эффективного числа аллелей (N_e), наблюдаемой гетерозиготности (H_o) и значения информационного индекса Шеннона (I) свидетельствуют о достаточном генетическом потенциале исследованных производителей. Исходя из того, что потенциал – это нереализованная возможность, генетический потенциал исследованных производителей толстолобиков может быть охарактеризован как степень возможной передачи потомству продуктивных качеств.

Особенностью доместикации белого и пестрого толстолобиков, отличающей их от традиционного объекта рыбоводства – карпа, является способ их воспроизводства. В прудовых условиях эти рыбы не размножаются, и их разведение основывается лишь на физиологическом методе стимуляции созревания с применением гормональных препаратов. Известно, что в условиях коммерческой аквакультуры с довольно высокой частотой происходит скрещивание между белым и пестрым толстолобиками, а дальнейшая межвидовая гибридизация и последующая интрогрессия между этими видами может иметь губительные последствия для маточных и ремонтных стад.

Анализ субпопуляционной структуры исследуемых двух групп толстолобиков позволил сделать заключение, что на основании результатов генотипирования по 11 STR-локусам точность классификации особей пестрого толстолобика составляет $99,8 \pm 0,1$ %, особей белого толстолобика – $99,7 \pm 0,3$ %. Точность классификации сохраняется и при генотипировании только 5 STR-локусов, дифференцирующий потенциал которых по данным F_{ST} был наибольшим. Таким образом, генотипирование по пяти STR-локусам позволяет с высокой точностью выявлять гибридные особи между пестрым и белым толстолобиками, что может быть использовано в качестве малоинвазивного экспресс-теста в селекционных и воспроизводительных программах по выращиванию в аквакультуре данных видов растительноядных рыб.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Благодарности. Работа выполнена в рамках мероприятия 21 «Разработать и внедрить технологию генетической идентификации растительноядных и лососевых видов рыб» подпрограммы 1 «Инновационные биотехнологии–2020» ГП «Научно-технологические технологии и техника» на 2016–2020 гг.

Conflict of interests. The authors declare no conflict of interests.

Acknowledgements. The work is done within the framework of the plan 21 “Developing and introducing the technology of genetic identification of vegetable and salmon fish” of subprogram 1 “Innovation Biotechnologies–2020” of the State Program “Science-Consuming Technologies and Technique” for the period 2016–2020.

Список использованных источников

1. Contributing to food security and nutrition for all: The state of world fisheries and aquaculture. – Rome, 2016. – 190 p.
2. Власов, В. А. Сохранение и восстановление генофонда рыб аквакультуры России / В. А. Власов, Н. И. Маслова, А. Д. Павлов // Изв. Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2012. – № 5. – С. 83–92.
3. A second-generation genetic linkage map for bighead carp (*Aristichthys nobilis*) based on microsatellite markers / C. Zhu [et al.] // Anim. Genet. – 2014. – Vol. 45, N 5. – P. 699–708. <https://doi.org/10.1111/age.12194>
4. Microsatellite genetic diversity and differentiation of native and introduced grass carp populations in three continents / Q. Chen [et al.] // Genetica. – 2012. – Vol. 140, N 4–6. – P. 115–123. <https://doi.org/10.1007/s10709-012-9663-8>
5. Залепухин, В. В. Оптимизация оценки качества производителей карповых рыб в аквакультуре / В. В. Залепухин. – Астрахань, 2009. – 48 с.
6. Федорова, Н. Н. Некоторые диагностические аспекты концепции эндогенной разнокачественности / Н. Н. Федорова, В. В. Залепухин // Вестн. Астраханского государственного технического университета. – 2007. – № 3. – С. 51–55.
7. Detection of hybridization between Chinese carp species (*Hypophthalmichthys molitrix* and *Aristichthys nobilis*) in hatchery broodstock in Bangladesh, using DNA microsatellite loci / M. Y. Mia [et al.] // Aquaculture. – 2005. – Vol. 247, N 1–4. – P. 267–273. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2005.02.018>
8. Characterization of microsatellite loci in silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*), and cross-amplification in other cyprinid species / A. A. Gheyas [et al.] // Mol. Ecol. Notes. – 2006. – Vol. 6, N 3. – P. 656–659. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01288.x>
9. Peakall, R. GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update / R. Peakall, P. E. Smouse // Bioinformatics. – 2012. – Vol. 28, N 19. – P. 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
10. Pritchard, J. K. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data / J. K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly // Genetics. – 2000. – Vol. 155, N 2. – P. 945–959.
11. Hammer, Ø. Past: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis / Ø. Hammer, D. A. T. Harper, P. D. Ryan // Palaeontologia Electronica. – 2001. – Vol. 4, N 1. – P. 1–9.
12. Francis, R. M. Pophelper: an R package and web app to analyse and visualize population structure / R. M. Francis // Mol. Ecol. Resour. – 2017. – Vol. 17, N 1. – P. 27–32. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12509>

References

1. Contributing to food security and nutrition for all: The state of world fisheries and aquaculture. Rome, 2016. 190 p.
2. Vlasov V. A., Maslova N. I., Pavlov A. D. Both preservation and genepool recovery in fish of russian aquaculture. *Izvestiya Timiryazevskoi sel'skokhozyaistvennoi akademii = Proceedings of the Timiryazev Agricultural Academy*, 2012. no. 5, pp. 83–92 (in Russian).
3. Zhu C., Tong J., Yu X., Guo W., Wang X., Liu H., Feng X., Sun Y., Liu L., Fu B. A second-generation genetic linkage map for bighead carp (*Aristichthys nobilis*) based on microsatellite markers. *Animal Genetics*, 2014, vol. 45, no. 5, pp. 699–708. <https://doi.org/10.1111/age.12194>
4. Chen Q., Wang C., Lu G., Zhao J., Chapman D. C., Zsigmond J., Li S. Microsatellite genetic diversity and differentiation of native and introduced grass carp populations in three continents. *Genetica*, 2012, vol. 140, no. 4–6, pp. 115–123. <https://doi.org/10.1007/s10709-012-9663-8>
5. Zalepuhin V. V. *Optimization of estimating the quality of producers of carp in aquaculture*. Astrahan, 2009. 48 p. (in Russian).
6. Fedorova N. N., Zalepuhin V. V. Some diagnostic aspects of endogenous heterogeneity conception. *Vestnik of Astrakhan State Technical University = Vestnik Astrakhanskogo gosudarstvennogo tekhnicheskogo universiteta*, 2007, no. 3, pp. 51–55 (in Russian).
7. Mia M. Y., Taggart J. B., Gilmour A. E., Gheyas A. A., Das T. K., Kohinoor A. H. M., Rahman M. A., Sattar M. A., Husain M. G., Mazid M. A., Penman D. J., McAndrew B. J. Detection of hybridization between Chinese carp species (*Hypophthalmichthys molitrix* and *Aristichthys nobilis*) in hatchery broodstock in Bangladesh, using DNA microsatellite loci. *Aquaculture*, 2005, vol. 247, no. 1–4, pp. 267–273. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2005.02.018>
8. Cheyas A. A., Cairney M., Gilmour A. E., Sattar M. A., Das T. K., McAndrew B. J., Penman D. J., Taggart J. B. Characterization of microsatellite loci in silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*), and cross-amplification in other cyprinid species. *Molecular Ecology Resources*, 2006. vol. 6, no. 3, pp. 656–659. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01288.x>

9. Peakall R., Smouse P. E. GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 2012, vol. 28, no. 19, pp. 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

10. Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 2000, vol. 155, no. 2, pp. 945–959.

11. Hammer Ø., Harper A. T., Ryan P. D. Past: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica*, 2001, vol. 4, no. 1, pp. 1–9.

12. Francis R. M. Pophelper: an R package and web app to analyse and visualize population structure. *Molecular Ecology Resources*, 2017, vol. 17, no. 1, pp. 27–32. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12509>

Информация об авторах

Носова Александра Юрьевна – науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: a.nosova@igc.by.

Кипень Вячеслав Николаевич – канд. биол. наук, науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: v.kipen@igc.by.

Царь Анастасия Ивановна – мл. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: a.tsar@igc.by.

Пантелей Сергей Николаевич – канд. с.-х. наук, заведующий лабораторией. Институт рыбного хозяйства (ул. Стебенева, 22, 220024, Минск, Республика Беларусь). E-mail: pantsialei@yandex.ru.

Савченко Ирина Андреевна – мл. науч. сотрудник. Институт рыбного хозяйства (ул. Стебенева, 22, 220024, Минск, Республика Беларусь). E-mail: irina.ryba1501@yandex.ru.

Сенникова Виолетта Дмитриевна – ст. науч. сотрудник. Институт рыбного хозяйства (ул. Стебенева, 22, 220024, Минск, Республика Беларусь). E-mail: violetta5757@mail.ru.

Агеец Владимир Юльянович – д-р с.-х. наук, профессор, директор. Институт рыбного хозяйства (ул. Стебенева, 22, 220024, Минск, Республика Беларусь). E-mail: belniirh@tut.by.

Лемеш Валентина Александровна – канд. биол. наук, доцент, заведующий лабораторией. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: v.lemesh@igc.by.

Information about the authors

Nosova Aliaksandra Yurevna – Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: a.nosova@igc.by.

Kipen Viachaslau Nikolaevich – Ph. D. (Biology), Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: v.kipen@igc.by.

Tsar Nastassia Ivanovna – Junior researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: a.tsar@igc.by.

Pantelej Sergej Nikolaevich – Ph. D. (Agrarian), Head of the Laboratory. Fish Industry Institute (22, Stebenev Str., 220024, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: pantsialei@yandex.ru.

Savchenko Irina Andreevna – Junior researcher. Fish Industry Institute (22, Stebenev Str., 220024, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: irina.ryba1501@yandex.ru.

Sennikova Violetta Dmitrievna – Senior researcher. Fish Industry Institute (22, Stebenev Str., 220024, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: violetta5757@mail.ru.

Ageyets Vladimir Yulyanovich – D. Sc. (Agrarian), Professor, Director. Fish Industry Institute (22, Stebenev Str., 220024, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: belniirh@tut.by.

Lemesh Valentina Alexandrovna – Ph. D. (Biology), Assistant professor, Head of the Laboratory. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: v.lemesh@igc.by.