

## БИОЛОГИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РАДУЖНОЙ ФОРЕЛИ ПО SSR-МАРКЕРАМ

Ткачев А.В., доктор сельскохозяйственных наук, профессор  
alex.tkachev@rgau-msha.ru  
Стручкова М.В., студент,  
ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева

**Ключевые слова:** биологическое разнообразие, генетическая изменчивость, *Oncorhynchus mykiss*, радужная форель, ISSR-маркеры.

В статье представлены результаты изучения биологического разнообразия радужной форели в разных Федеральных Округах России по SSR-маркерам. Установлена изменчивость генетической структуры *Oncorhynchus mykiss* (радужной форели) локальных популяций Федеральных округов при использовании комплекса молекулярно-генетических маркеров и методов биохимической генетики. Проведена оценка уровня генетического разнообразия *Oncorhynchus mykiss* и выявлено филогенетические связи между ними. Изучена связь между вариациями морфологических признаков и изменчивостью генетической структуры для установления характера процесса адаптации у рыб к условиям форелевых хозяйств.

**Введение.** Радужная форель или *Oncorhynchus mykiss* - один из наиболее распространенных рыбных объектов культивирования в мире, после многочисленной семьи карповых. Благодаря своей биологической пластичности, быстрому накоплению массы тела, высоким вкусовым и диетическим свойствам форель привлекательна для потребителей и производителей, поскольку является коммерчески выгодной. Радужная форель представлена в мировом рыбоводстве подвидами и формами, которые представляют значительный диапазон изменчивости по рыбо-биологическим и генетическим характеристикам. Поэтому важной задачей является изучение изменчивости генетической структуры и разнообразия популяций данного вида с целью установления филогенеза, при использовании

современных инструментов молекулярно-генетического и статистического анализа [1-5].

**Цель исследований.** Изучить биологическое разнообразие радужной форели по SSR и ISSR ДНК маркерам, а также по морфологической изменчивости *Oncorhynchus mykiss* для организации генетического мониторинга биоразнообразия разных популяций форели в разных Федеральных округах России.

**Материалы и методы исследований.** Данный эксперимент проводился в сроки с 01 февраля 2023 года по 24 февраля 2024 года в форелеводческих хозяйствах Западного Федерального Округа, Центрального Федерального Округа и Южного Федерального Округа. Рыба покупалась нами за собственные средства и исследовалась по комплексу показателей, включая ДНК-маркеры. В хозяйствах Западного Федерального Округа нами были отобраны пробы крови и плавников от 58 особей. В хозяйствах Центрального Федерального Округа нами были отобраны пробы крови и плавников от 60 особей. В хозяйствах Южного Федерального Округа нами были отобраны пробы крови и плавников от 57 особей. Для исследования генетической структуры радужной форели были использованы SSR-праймеры OMM 1032, OMM 1077, OMM 1088, STR 15, STR 60, STR 73 [6].

**Результаты исследований и их обсуждение.** Микросателлитный анализ генетической структуры локальных популяций *Oncorhynchus mykiss* (радужной форели) был проведен с использованием шести SSR-маркерам: маркер OMM1032, маркер OMM1077, маркер OMM 1088, маркер STR 15, маркер STR 60, маркер STR 73, которые представлены в таблице.

**Таблица - Микросателлитный анализ генетического разнообразия *Oncorhynchus mykiss* хозяйств разных Федеральных Округов (M±m)**

|          | Размер ампликонов, пар нуклеотидов |            |            |
|----------|------------------------------------|------------|------------|
|          | ЗФО                                | ЦФО        | ЮВО        |
| OMM 1032 | 229-262                            | 206-222    | 200-235    |
| OMM 1077 | 252-296                            | 245-296    | 215-262*   |
| OMM 1088 | 113-147***                         | 99-137 *** | 99-147 *** |
| Str 15   | 258-319                            | 237-294    | 230-264*   |
| Str 60   | 131-150**                          | 114-144*** | 114-127*** |
| Str 73   | 128-148**                          | 138-148**  | 128-138*** |

Примечание: \* - P<0,05; \*\* - P<0,01; \*\*\* - P<0,001 (в сравнении с OMM 1032).

При проведении микросателлитного анализа одними из основных первичных индикаторов полиморфизма генетической структуры являются аллельное разнообразие и гетерозиготность. Аллельное многообразие и частота перечисленных шести микросателлитных локусов отражают особенности генетической структуры локальных популяций *Oncorhynchus mykiss* (радужной форели) (табл.). По исследуемым локусам каждая популяция *Oncorhynchus mykiss* характеризовалась специфическими диапазонами аллелей и частотами, с которыми они встречаются. По локусу ОММ 1088 наблюдалось наименьшее расхождение по диапазонам ампликонов среди трех локальных популяций (табл.). По данному локусу аллель размером 125 пар нуклеотидов встречался во всех трех группах с высокой частотой. Наиболее узкий диапазон аллелей наблюдался по локусу STR 73. Для эколого-генетической характеристики особенностей генетической структуры популяций радужной форели в разных регионах были определены частоты специфических или так называемых «частных» аллелей, характерных для каждой из трех обследованных популяций.

Для локальной обследованной популяции *Oncorhynchus mykiss* в ЗФО выявлено, что чаще всего встречались следующие аллели: 253 пар нуклеотидов (50%) по локусу ОММ 1032, 319 пар нуклеотидов (42,9%) по локусу Str 15 и 140 пар нуклеотидов (37,5%) по локусу Str 60.

У особей в обследованной популяции *Oncorhynchus mykiss* в ЦФО чаще встречались следующие аллели: 222 пар нуклеотидов (40%) по локусу ОММ 1032, 245 пар нуклеотидов (40%) по локусу ОММ 1077, 237 пар нуклеотидов и 250 (по 35%) по локусу STR 15, 135 пар нуклеотидов (45%) по локусу STR 60 и 148 пар нуклеотидов (90%) по локусу STR 73.

В генетической структуре обследованной популяции *Oncorhynchus mykiss* в ЮФО чаще встречались следующие аллели: 245 пар нуклеотидов (56,3%) по локусу ОММ 1077, 125 пар нуклеотидов (44,4%) по локусу ОММ 1088, 127 пар нуклеотидов (62,5%) по локусу STR 60 и 134 пар нуклеотидов (50,0%) по локусу STR 73.

**Заключение.** Проведенными исследованиями установлено, что для локальной обследованной популяции *Oncorhynchus mykiss* в ЗФО выявлено, что чаще всего встречались следующие аллели: 253 пар

нуклеотидов (50%) по локусу OMM 1032, 319 пар нуклеотидов (42,9%) по локусу Str 15 и 140 пар нуклеотидов (37,5%) по локусу Str 60. Показано, что у особей в обследованной популяции *Oncorhynchus mykiss* в ЦФО чаще встречались следующие аллели: 222 пар нуклеотидов (40%) по локусу OMM 1032, 245 пар нуклеотидов (40%) по локусу OMM 1077, 237 пар нуклеотидов и 250 (по 35%) по локусу STR 15, 135 пар нуклеотидов (45%) по локусу STR 60 и 148 пар нуклеотидов (90%) по локусу STR 73. Выявлено, что в генетической структуре обследованной популяции *Oncorhynchus mykiss* в ЮФО чаще встречались следующие аллели: 245 пар нуклеотидов (56,3%) по локусу OMM 1077, 125 пар нуклеотидов (44,4%) по локусу OMM 1088, 127 пар нуклеотидов (62,5%) по локусу STR 60 и 134 пар нуклеотидов (50,0%) по локусу STR 73.

#### **Библиографический список:**

1. Голод, В.М. Биологические основы селекции радужной форели по теплоустойчивости: специальность 03.00.10: автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук / Голод Виктор Михайлович. – Санкт-Петербург, 1992. – 19 с. – EDN ZIRZJZ.
2. Перспективные направления пресноводной аквакультуры на европейском севере России / А.П. Новоселов, В.И. Павленко, А.В. Семущин [и др.] // Арктика: экология и экономика. – 2017. – № 2(26). – С. 105-116. – DOI 10.25283/2223-4594-2017-2-105-116. – EDN YUPJXD.
3. Молекулярно-генетические методики в практической физиологии, ветеринарии и животноводстве / А. В. Ткачев, О. Л. Ткачева, Ю. И. Коровин, В. Г. Вертипрахов. – Москва: Российский государственный аграрный университет - МСХА им. К.А. Тимирязева, 2022. – 317 с. – ISBN 978-5-9675-1873-7. – EDN PXDELI.
4. Салменкова, Е.А. Популяционно-генетические процессы при интродукции рыб / Е. А. Салменкова // Генетика. – 2008. – Т. 44, № 7. – С. 874-884. – EDN JHKPUN.
5. Стерлигова, О.П. Состояние и перспективы развитие форелеводства в Республике Карелия / О. П. Стерлигова, Н. В. Ильмаст // Рыбохозяйственные водоемы России: фундаментальные и прикладные исследования: Материалы II Всероссийской научной

конференции с международным участием, Санкт-Петербург, 02–04 апреля 2018 года. – Санкт-Петербург: ФГБНУ "Государственный научно-исследовательский институт озерного и речного рыбного хозяйства им. Л.С. Берга" (ФГБНУ "ГосНИОРХ"), 2018. – С. 591-595. – EDN XWAHGP.

## **BIOLOGICAL DIVERSITY OF RAINBOW TROUT BY SSR MARKERS**

**Tkachev A.V., Struchkova M.V.**

**Keywords:** *biological diversity, genetic variability, Oncorhynchus mykiss, rainbow trout, ISSR markers.*

*The article presents the results of studying the biological diversity of rainbow trout in different Federal Districts of Russia using SSR markers. The variability of the genetic structure of Oncorhynchus mykiss (rainbow trout) in local populations of Federal Districts was established using a complex of molecular genetic markers and methods of biochemical genetics. The level of genetic diversity of Oncorhynchus mykiss was assessed and phylogenetic relationships between them were revealed. The relationship between the variations of morphological features and the variability of the genetic structure has been studied to establish the nature of the adaptation process in fish to the conditions of trout farms.*