

Volume 17, 2020 International Scientific Practical Conference “Agriculture and Food Security: Technology, Innovation, Markets, Human Resources”. DOI: <https://doi.org/10.1051/bioconf/20201700146> (или так? Medetkhanov F.A. et al. Comparative assessment of the parameters of acute toxicity of natural products // BIO Web Conf. – 2020. - Vol.17. – 5 p.

22 GOST 12.1.007 -76. Sistema standartov bezopasnosti truda. Vrednye sredstva. Klassifikaciya i obshchie trebovaniya bezopasnosti [Tekst] / Vved. 01.01.77 // М.: Standartiform, 2007. – 7 s.

РЕЗЮМЕ

Мақалада емдік қасиеті бар дәрілік өсімдіктер жиынтығынан дайындалған кешенді фитопрепараттың және оның жекеленген компоненттерінің жіті, кумулятивті және созылмалы уыттылық көрсеткіштері зертханалық жануарларда жан-жақты зерттелінген. Зерттеу жүргізу нәтижесінде алынған мәліметтер кешенді фитопрепараттың және оның жеке компоненттерінің ешқайсысының бұлшық ет және ауыз қуысы арқылы енгізген кезде сынақ тобындағы жануарларының өліміне душар еткізбейтіндігі анықталды. Өсімдік экстрактілерін енгізгеннен кейін жануарларда реакциялар бірден пайда болады және қысқа мерзімді мазасыздық түрінде жалпы реакцияларды көрсетті. Әлсіз интоксикацияның клиникалық белгілері 5-7 минутқа созылып, сонан кейін толығымен тоқтайды. Препарат компоненттерінің метатоксикалық әсерінің ықтимал салдарын зерттеу үшін сойып-зерттеу кезінде ішкі ағзаларда айқын патологиялық ауытқулар анықталған жоқ. Салыстырылған топтардағы патологиялық көрініс бір типті болды және ерекше белгілері айқындалмады. Деректерді талдау нәтижесінде фитопрепаратты жоғары дозада бірнеше рет енгізу сынақ топтарындағы тышқандардың дене салмағының төмендеуіне әкеледі. Әсіресе бұл көрсеткіш фитопрепаратты күн сайын 30 тәулік ішінде 1,0 мл дозада енгізген кезде байқалды, сынақ тобындағы тышқандарының дене салмағының абсолютті өсуі фондық мәндерден 10,7%, ал бақылау және интакті топтардың көрсеткіштерімен салыстырғанда оның сенімді төмендеуі байқалды, орта есеппен 8,9%-ға дейін. Поликомпонентті фитопрепарат оңтайландырылған дозада қанның морфологиялық және биохимиялық көрсеткіштеріне қуаттандырып әсер етсе, ал жоғары дозаларында, керісінше, тежеп әсер ететіндігі анықталды.

УДК 639.3.032
МРНТИ: 69.25.00

DOI 10.52578/2305-9397-2024-3-1-105-114

Гинаятов Н.С., PhD, ассоциированный профессор, руководитель проекта, **основной автор**, <https://orcid.org/0000-0002-9608-002X>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», 090009, Республика Казахстан, г. Уральск, ул. Жангир хана 51, nginayatov@mail.ru

Ковальчук А.М., PhD, научный сотрудник проекта, <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г.Уральск, ул. Жангир хана,51, 090009, Республика Казахстан, kovalchuk_s89@mail.ru

Ульянова Т.В., PhD, научный сотрудник проекта, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», 090009, Республика Казахстан, г. Уральск, ул. Жангир хана 51, tatyana.poddudinskaya@gmail.com

Сариев Б.Т., PhD, исполнитель проекта, <https://orcid.org/0000-0002-4410-8879>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», 090009, Республика Казахстан, г. Уральск, ул. Жангир хана 51, sariev-84@mail.ru

Сидарова А.Ж., м.е.н., младший научный сотрудник проекта, <https://orcid.org/0000-0001-8917-3570>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», 090009, Республика Казахстан, г. Уральск, ул. Жангир хана 51, sidarova.a@mail.ru

Ginayatov N.S., PhD, associate professor, **the main author**, <https://orcid.org/0000-0002-9608-002X>
NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», 51 Zhangir Khan St.,
090009, Kazakhstan, nginayatov@mail.ru

Kovalchuk A.M., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>
NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk,
st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, kovalchuk_s89@mail.ru

Ulyanova T.V., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>
NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street,
51, 090009, Kazakhstan, tatyana.poddudinskaya@gmail.com

Sariev B.T., Ph.D, <https://orcid.org/0000-0002-4410-8879>
NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», 51 Zhangir Khan St.,
090009, Kazakhstan, sariev-84@mail.ru

Sidarova A.Zh., Master of Natural Sciences, project executor, <https://orcid.org/0000-0001-8917-3570>
NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», 51 Zhangir Khan St.,
090009, Kazakhstan, sidarova.a@mail.ru

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ОСЕТРОВЫХ РЫБ, ВЫРАЩИВАЕМЫХ В УСЛОВИЯХ АКВАКУЛЬТУРЫ COMPARATIVE ASSESSMENT OF THE GENETIC DIVERSITY OF STURGEON FISH GROWN IN AQUACULTURE

Аннотация

В статье рассмотрены важные аспекты генетической структуры осетровых видов рыб, влияющие на адаптивный потенциал рыб при выращивании в условиях установок замкнутого водоснабжения (УЗВ). Осетровые рыбы, такие как *Acipenser baerii*, *Acipenser gueldenstaedtii* и *Huso huso*, представляют ценность для промышленного применения, но находятся под угрозой из-за сократившейся численности в естественной среде и риска инбридинга в условиях УЗВ.

Главной целью исследования является изучение генетической структуры осетровых, что может послужить основой для разработки стратегий по сохранению этих видов. Исследование генетической структуры осетровых видов рыб проведено с использованием микросателлитных молекулярных маркеров (STR). Анализ показал различия в генетическом разнообразии между выборками сибирского осетра, русского осетра и белуги. Обнаружен дефицит гетерозигот в искусственных выборках осетров, свидетельствующий о возможном инбридинге.

Генетический анализ также выявил некоторую генетическую дифференциацию между популяциями, что может быть обусловлено географической структурой или другими факторами.

Исследование позволяет рекомендовать увеличение генетического разнообразия путем введения особей из естественных условий в популяции осетров в аквакультуре. Регулярный мониторинг генетических параметров в аквакультурных популяциях и контроль динамики разнообразия также важны для сохранения и устойчивости популяций осетровых рыб.

ANNOTATION

Sturgeon species hold significant commercial and ecological value, with many listed as endangered. Understanding their genetic structure is crucial for developing effective conservation strategies. The main aim of this study is to examine the genetic structure of sturgeon, which can provide a foundation for creating strategies to conserve these species. A total of 121 sturgeon individuals were analyzed using microsatellite molecular markers (STR) to conduct the study on the genetic structure of sturgeon fish species. DNA was extracted from fin tissues using a commercial kit, and genotyping was conducted using seven microsatellite loci.

Cluster analysis and principal coordinates analysis (PCoA) were performed to identify genetic differentiation among populations. The analysis showed differences in genetic diversity between the

Siberian sturgeon, Russian sturgeon, and beluga samples. A deficiency of heterozygotes was discovered in artificial samples of sturgeon, indicating possible inbreeding.

Genetic analysis has also revealed genetic differentiation between populations, possibly due to geographic structure or other factors. The study allows us to recommend increasing genetic diversity by introducing individuals from natural environments into sturgeon populations in aquaculture.

Regular monitoring of genetic parameters in aquaculture populations and monitoring diversity dynamics are also crucial for the conservation and sustainability of sturgeon populations. The findings could help shape conservation strategies, especially in managing genetic diversity in aquaculture and reducing the risks associated with inbreeding and genetic drift.

Ключевые слова: *Acipenser baerii*, *Acipenser gueldenstaedtii*, *Huso huso*, генетическая структура, аквакультура, STR

Key words: *Acipenser baerii*, *Acipenser gueldenstaedtii*, *Huso huso*, aquaculture, genetic structure, STR

Введение. При разведении осетровых на установках замкнутого водоснабжения имеется риск близкородственного скрещивания и как следствие – инбридинг, что может привести к снижению продуктивности и плодовитости рыб [1]. Этого можно избежать, если своевременно проводить контроль генетического разнообразия на уровне ядерной или митохондриальной ДНК.

Генетический анализ осетровых имеет некоторые сложности из-за особенностей генома и различной пloidности, так как происходили независимые дубликации их полного генома [2, 3].

В статье о проблемах популяционной генетики полиплоидных организмов, можно перечислить некоторые из трудностей проведения анализа генетической структуры: наследование может отклоняться от строго дисомного или полисомного и может варьироваться от локуса к локусу; неопределенность количества копий и нулевые аллели препятствуют надежной оценке наблюдаемых частот аллелей и генотипов; различия в уровне пloidности внутри таксона или между близкородственными таксонами, включенными в один и тот же анализ, добавляют дополнительный уровень сложности к популяционно-генетическому анализу полиплоидных видов; от выбора методов и алгоритмов анализа конечные данные могут значительно различаться [4, 5].

Для более точной идентификации осетровых рыб и выявления возможной гибридизации важно использовать комплексный подход, который включает не только морфологические признаки, но и генетические методы. Генетический анализ, такой как секвенирование ДНК или использование микросателлитных маркеров, позволяет определить генетическую структуру особей, выявить гибридизацию и различия между видами или популяциями.

Микросателлиты, представляющие собой короткие tandemные повторы в ДНК, являются распространёнными молекулярными маркерами в генетических исследованиях. Высокий уровень полиморфизма, кодоминантный характер наследования и вероятная селективная нейтральность микросателлитов делают их удобными для оценки генетического разнообразия естественных и аквакультурных популяций рыб [6].

Материалы и методы исследований. Всего в нашем исследовании была проанализирована 121 особь, относящаяся к семейству осетровых (40 – представители вида *Acipenser baerii* (ABa), 59 – *Acipenser gueldenstaedtii* (AGn), 21 – *Huso huso* (HNn) и 1 гибрид – *Huso huso* x *Acipenser ruthenus*).

Образцы отобраны у 40 особей *Acipenser baerii* и 40 особей *Acipenser gueldenstaedtii*, содержащихся в условиях УЗВ в лаборатории ихтиологии и аквакультуры НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана» (рисунок 5). *Huso huso* и *Huso huso* x *Acipenser ruthenus*, а также 19 особей *Acipenser gueldenstaedtii* (AGa) – представители естественной популяции, выловленных в дельте реки Урал и содержащихся в условиях УЗВ РГП «Урало-Атырауский осетровый рыболовный завод», представляющего собой комплекс инженерных сооружений, предназначенных для выращивания молоди осетровых видов рыб с целью восполнения запасов осетров бассейна Каспийского моря.

В качестве исходного материала для выделения ДНК и проведения микросателлитного анализа была отобрана эктодермальная ткань – фрагменты грудного плавника. От каждой особи

было взято две пробы, одна из них была зафиксирована в 96% этиловом спирте на месте забора материала, другая помещена в пластиковую пробирку без фиксации спиртом. Выделение ДНК производили из пробы, не зафиксированной этиловым спиртом, пробы со спиртом помещены в низкотемпературный холодильник для создания банка-депозитария биоматериала с которым будут проводится дальнейшие исследования. Каждому отобранному образцу был присвоен идентификационный лабораторный номер.

Выделение ДНК, генотипирование и обработка результатов выполнены в лаборатории биотехнологии и диагностики инфекционных болезней Испытательного центра НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана».

ДНК была экстрагирована из тканей плавников с использованием коммерческого набора «ДНК-Экстран-2» (Компания ООО «Синтол», РФ). Для генотипирования использовали набор реагентов «ГенЭксперт-Осетр» (Компания ООО «СИНТОЛ», РФ) предназначенный для генетической паспортизации и определения родства осетровых видов рыб. Генотипирование проводилось по 7 микросателлитным локусам (AoxD161, AfuG41, AfuG135, AfuG37 и AoxD165), характеристики которых указаны в таблице 1. Нами были выбраны именно эти локусы, так как они амплифицируются у большинства особей осетровых видов рыб, результаты генотипирования по данным локусам можно воспроизвести в условиях других лабораторий, все перечисленные локусы амплифицируются в мультиплексной ПЦР.

Таблица 1 – Характеристика 7 микросателлитных локусов

Локус	Прямая и обратная последовательность (5'-3')	Структура повтора	Ссылка на источник
AoxD161	F:GTTTGAAATGATTGAGAAAATGC R:TGAGACAGACACTCTAGTTAAACAGC	ATCT	[7]
Afug41	F:TGACGCACAGTAGTATTATTTATG R:TGATGTTTGCTGAGGCTTTTC	ATCT	[8]
LS19	F:CATCTTAGCCGCTCTGGGTAC R:CAGGTCCCTAATACAATGGC	GTT	[9]
Afug135	F:GCCAATTCCTGAAATATACCAG R:CGAAACCGCTTCAGACCTT	ATCT	[8]
Afug37	F:CAGGGAATCATGAGCACACG R:TGGCGCAGGATTTTGACAC	ATCT	[8]
Spl173	F:GGCTTTTGTCTGAAACGTCC R:TGGTGTGTGATTTTGAAGGC	ATCT	[10]
AoxD165	F:TTTGACAGCTCCTAAGTGATACC R:AAGCCCTACAACAAATGTCAC	ATCT	[7]

Реакцию амплификации проводили согласно инструкции производителя набора для генотипирования на термоциклере ProFlex PCR system (Applied Biosystems, США). Разделение полученных фрагментов ДНК проводилось методом капиллярного электрофореза в полимерном геле с использованием генетического анализатора AB 3500 (Applied Biosystems, США). Интерпретацию результатов анализа проводили при помощи программного обеспечения GeneMapper 6.0 (Applied Biosystems).

Генетическое разнообразие анализировали с использованием специализированной надстройки для Microsoft Excel – GenAlEx 6.51 [11], при этом оценивали следующие показатели: частота аллелей, количество аллелей на локус, эффективное число аллелей (Na), наблюдаемая (Ho) и ожидаемая (He) гетерозиготность, индекс фиксации (Fis), индекс генетической дистанции по Nei [12]. Кластерный анализ был выполнен с использованием программы STRUCTURE 2.3.4, которая использует метод марковской цепи (MCMC) [13].

Результаты запусков STRUCTURE были обобщены с помощью программы CLUMPP [14]. Полученные Q-матрицы были представлены в виде гистограмм.

Результаты и их обсуждение. Основным ограничением микросателлитного анализа осетровых является сложная организация их генома. Изучение генетического разнообразия диких популяций или выращиваемых в аквакультуре является важным подспорьем в управлении их ресурсами.

В нашей работе были получены генотипы по всем семи микросателлитным локусам для большинства из исследуемых образцов осетровых рыб.

В целом, в выборках русского осетра и сибирского осетра выявлено тетраплоидное наследование микросателлитных локусов, а в выборке белуги – дисомное, что согласуется с большинством проведенных ранее исследований осетровых [15-17].

По результатам анализа в 4 образцах, морфологически идентифицированных как белуга (*Huso huso*), было выявлено более двух аллелей в большинстве из 7 локусов, соответственно данные образцы не относятся к виду *H. huso* и были исключены из дальнейшей обработки, так как известно, что *H. huso* является диплоидом [6]. Также из генетического анализа был исключен гибрид (*Huso huso* x *Acipenser ruthenus*), так как он представлен единичным образцом, что недостаточно для дальнейшего анализа.

Всего во всех изученных выборках осетровых по 7 STR-локусам выявлено 127 аллелей: в АВa – 69 аллелей, в АGn – 102 аллель, в ННn – 25 аллелей, в АGа – 73 аллеля. Локус Afug135 показал максимальную изменчивость в диапазоне частот от 0,006 до 0,706 (рисунок 8).

Таблица 2 – Индексы генетического разнообразия по 7 микросателлитным маркерам

Выборка	Locus	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
1	2	3	4	5	6	7	8	9
АВa	AoxD161	7	5,408	1,765	0,688	0,815	0,820	0,157
	Afug41	12	6,497	2,115	0,750	0,846	0,851	0,114
	LS19	6	2,685	1,252	0,600	0,628	0,632	0,044
	Afug135	9	6,356	1,950	0,663	0,843	0,848	0,214
	Afug37	12	7,223	2,134	0,788	0,862	0,867	0,086
	Spl173	11	6,511	2,048	0,213	0,846	0,852	0,749
	AoxD165	12	5,717	1,983	0,763	0,825	0,830	0,076
АGn	AoxD161	12	6,894	2,147	0,778	0,855	0,867	0,090
	Afug41	21	13,559	2,784	0,789	0,926	0,939	0,148
	LS19	10	4,614	1,866	0,600	0,783	0,795	0,234
	Afug135	13	8,727	2,310	0,472	0,885	0,898	0,467
	Afug37	19	13,600	2,749	0,765	0,926	0,940	0,175
	Spl173	13	7,877	2,274	0,344	0,873	0,887	0,606
	AoxD165	14	5,565	2,079	0,632	0,820	0,831	0,230
ННn	AoxD161	2	1,895	0,665	0,765	0,472	0,487	-0,619
	Afug41	6	4,857	1,657	0,824	0,794	0,818	-0,037
	LS19	5	4,219	1,504	1,000	0,763	0,786	-0,311
	Afug135	3	1,847	0,810	0,353	0,458	0,472	0,230
	Afug37	3	2,738	1,051	0,750	0,635	0,655	-0,182
	Spl173	4	2,173	0,900	0,176	0,540	0,556	0,673
	AoxD165	3	2,028	0,783	0,824	0,507	0,522	-0,625

1	2	3	4	5	6	7	8	9
AGa	AoxD161	11	5,127	1,901	0,541	0,805	0,810	0,328
	Afug41	14	7,711	2,247	0,888	0,870	0,876	-0,020
	LS19	8	6,213	1,940	0,774	0,839	0,844	0,077
	Afug135	9	4,789	1,803	0,438	0,791	0,796	0,447
	Afug37	10	5,731	1,960	0,649	0,826	0,831	0,214
	Spl173	12	5,729	1,983	0,603	0,825	0,831	0,270
	AoxD165	9	6,560	2,027	0,731	0,848	0,853	0,138
Na - число аллелей на локус; Ne - эффективное количество аллелей на локус; I - информационный индекс Шеннона; Ho - наблюдаемая гетерозиготность; He - ожидаемая гетерозиготность; uHe - ожидаемая гетерозиготность с поправкой на размер выборки; F - уровень фиксации Райта (Wright)								

Число аллелей (Na) на локус колебалось в следующих пределах: в выборке ABa – от 6 до 12, в AGn – от 10 до 21, в HHn – от 2 до 6, в AGa – от 8 до 14. Выборка AGn имеет более высокое среднее количество аллелей на локус (от 10 до 21), также большее количество эффективных аллелей (Ne) (от 4,614 до 13,600) по сравнению с другими группами. Это может указывать на большую генетическую изменчивость и разнообразие в данной выборке.

Обобщая данные исследования генетической структуры нами были рассчитаны усредненные значения по всем локусам числа аллелей на локус, эффективного числа аллелей, гетерозиготности, индекса фиксации Шеннона и др., данные представлены в таблице 3.

Таблица 3 – Средние значения индексов генетического разнообразия для исследованных выборок осетровых

Выборка		Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
ABa	Mean	9,857	5,771	1,893	0,638	0,809	0,814	0,206
	SE	0,962	0,560	0,117	0,075	0,031	0,031	0,093
AGn	Mean	14,571	8,691	2,316	0,626	0,867	0,880	0,278
	SE	1,494	1,364	0,129	0,064	0,020	0,020	0,071
HHn	Mean	3,714	2,822	1,053	0,670	0,596	0,614	-0,124
	SE	0,522	0,462	0,144	0,111	0,052	0,054	0,176
AGa	Mean	10,429	5,980	1,980	0,660	0,829	0,834	0,208
	SE	0,782	0,367	0,052	0,057	0,010	0,010	0,060
Total	Mean	9,643	5,816	1,810	0,648	0,775	0,786	0,142
	SE	0,884	0,548	0,105	0,038	0,025	0,025	0,060

Так же, как и в разбивке по локусам, атырауская выборка *A. gueldenstaedtii* (AGn), характеризовалась наибольшими средним количеством аллелей на локус (Na) и эффективным количеством аллелей на локус (Ne), которые составили 14,571 и 8,691, соответственно.

Таблица 4 – Показатели F-статистики Райта (Wright's F-statistics) для каждого локуса

Locus	Fis	Fit	Fst	Nm
1	2	3	4	5
AoxD161	0,060	0,209	0,158	1,328
Afug41	0,054	0,118	0,068	3,429
LS19	0,013	0,121	0,109	2,034
Afug135	0,353	0,435	0,127	1,723

1	2	3	4	5
Afug37	0,092	0,181	0,098	2,294
Spl173	0,567	0,612	0,105	2,142
AoxD165	0,017	0,114	0,099	2,287
Mean	0,165	0,256	0,109	2,177
SE	0,080	0,073	0,011	0,246

Fis, Fit, Fst - коэффициенты инбридинга на разных уровнях популяционной иерархии; Nm - показатель интенсивности потока генов

Оценки коэффициента инбридинга или значения FIS семи микросателлитов были положительными и находились в диапазоне от 0,013 для LS-19 до 0,567 для Spl173 (среднее значение FIS = 0,165± 0,080), среднее значение FIT = 0,256± 0,073.

Значения Nm и Fst по частоте варьировали от 1,328 до 3,429 и от 0,068 до 0,158 при средних значениях 2,177 и 0,109, соответственно.

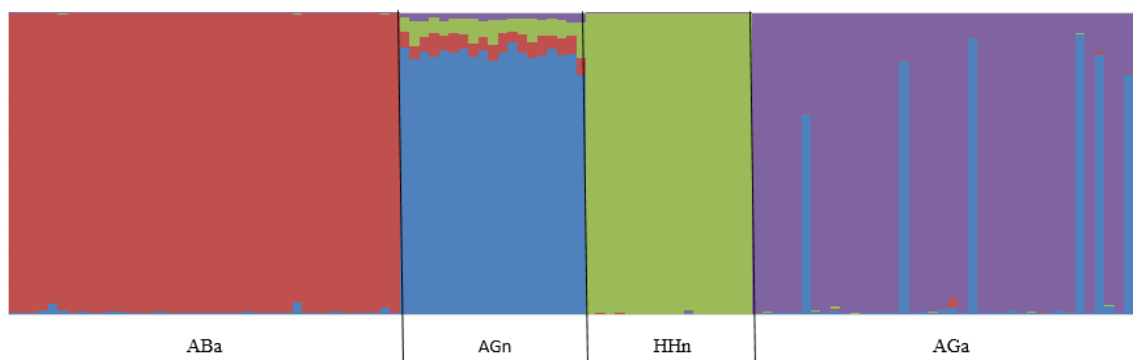


Рисунок 11 – Результаты кластеризации осетров в программе STRUCTURE при K=4

Для описания генетической структуры и исследования соответствия между кластерами генотипов и выборками нами применялась программа STRUCTURE 2.3.4. В ней реализован байесовский алгоритм кластеризации генотипов в K кластеров с учетом априорной информации о географическом положении рассматриваемых популяций. Для выбора оптимального K, где $1 \leq K \leq 8$, использовался коэффициент Delta K.

В результате данной работы была выявлена популяционная структура выборок из двух популяций русского осетра, одной искусственной популяции сибирского осетра и одной естественной популяции белуги.

В целом, по предоставленным данным можно сделать следующие заключения:

1. Для каждой из исследуемых выборок были выявлены уникальные аллели, однако необходимо проводить дальнейшие исследования с большей численностью особей, чтобы выявить обусловлено это генетическим дрейфом или случайными факторами.

2. При анализе показателя F был выявлен дефицит гетерозигот у особей, отобранных из ремонтно-маточных стад, содержащихся в НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана» (популяция сибирского осетра и популяция русского осетра). Данный факт может свидетельствовать о том, что в искусственных стадах имеет место инбридинг, связанный с ограниченностью данных популяций.

3. Обобщая значения всех исследуемых показателей генетической структуры можно сказать, что наибольшим уровнем разнообразия отличалась выборка из естественной популяции русского осетра (AGn), а наименьшим выборка из естественной популяции белуги (HHn).

4. Наблюдается некоторая генетическая дифференциация между выборками осетровых рыб, что подтверждается значениями индекса Фиксации (Fst). Это может указывать на наличие географической структуры или других факторов, способствующих генетической разделенности популяций. В целом следует отметить низкие генетические дистанции между исследуемыми выборками, что говорит о необходимости большего количества информативных маркеров.

5. Уровень генетического потока (эффективный размер миграции, N_m) между популяциями осетровых рыб может быть относительно высоким. Значения N_m свидетельствуют о некотором уровне генетического обмена между популяциями.

6. Структурный анализ показал четкие различия среди исследуемых выборок, что позволяет с большой вероятностью отнести отдельный образец к одной из изученных популяций.

На основании полученных выводов можно сделать следующие рекомендации, связанные с разведением групп осетровых рыб в условиях аквакультуры:

для повышения генетического разнообразия и устойчивости популяций увеличивать и пополнять фонд маточно-воспроизводительного поголовья за счет особей, выловленных из естественных условий и других аналогичных аквакультурных популяций;

регулярно проводить анализ вновь прибывших особей и полученного молодняка с целью контроля и изучения динамики значимых показателей генетического разнообразия.

Работа выполнена в рамках проекта грантового финансирования по научным и (или) научно-техническим проектам Министерства образования и науки Республики Казахстан на 2022-2024 гг «Изучение специфических особенностей генетической структуры осетровых рыб и их гибридов, выращиваемых в установках замкнутого водоснабжения» ИРН АР14870980, № государственной регистрации 0122РК00243.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1 Чебанов, М.С. Формирование генетической коллекции осетровых в южном филиале ФГУП ФСГЦР. Материалы Первой Всероссийской конференции «Генетика, селекция и воспроизводство рыб», СПб, Российская Федерация, 2002, – С. 73-80

2 Peng, Z. Age and biogeography of major clades in sturgeons and paddlefishes (Pisces: *Acipenseriformes*) // Mol. Phylogenetics Evol. 2007, – V. 42, – P. 854-862.

3 Fontana, F., Congiu L., Mudrak V.A., Quattro J.M., Smith T.I., Ware K., Doroshov S.I. Evidence of hexaploid karyotype in shortnose sturgeon // Genome. 2008, – V. 51, – P. 113-119.

4 Dufresne, F. Recent progress and challenges in population genetics of polyploid organisms: an overview of current state-of-the-art molecular and statistical tools// Mol. Ecol. 2014, – V. 23. – P. 40-69.

5 Васильев, В.П. Эволюционная кариология рыб. Наука, Москва, Российская Федерация. 1985. – 300 с.

6 Семенова, А.В. Анализ микросателлитной ДНК у камчатской микижи (*Parasalmo (Oncorhynchus) mykiss*). Подбор локусов и оптимизация методики// Russ J Genet. 2010, – № 46 (6), – С. 1-4.

7 McQuown E.C. Microsatellite analysis of genetic variation in sturgeon: new primers sequences for *Scaphirhynchus* and *Acipenser*. Trans. Am. Fish. Soc. 2000, – V. 129, – P. 1380-1388.

8 Henderson-Arzapalo, A. Novel microsatellite markers for Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus*) population delineation and broodstock management. Mol. Ecol. Notes. 2002, – V. 2. – P. 437-439.

9 Welsh A.B., Blumberg, M., May B. Identification of microsatellite loci in lake sturgeon, *Acipenser fulvescens*, and their variability in green sturgeon, *A. medirostris*. Mol. Ecol. Notes. 2003. – P. 3. – P. 47-55.

10 May, B. Genetic variation at microsatellite loci in sturgeon: primer sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus* // Can. J. Fish. Aquat. Sci. 1997, – V. 54, – P. 1542-1547.

11 Peakall, R. Genetic analysis in Excel, population genetic software for teaching and research. Mol. Ecol. Notes. 2006. – V. 6(1). – P. 288-295.

12 Nei, M. Genetic distance between populations // Amer. Naturalist. 1972, – V. 106. – P. 283-292.

13 Pritchard, J.K., Stephens M., Donnelly, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. // Genetics. 2000, – V. 155, – P. 945-959.

14 Jakobsson, M. A cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. Bioinformatics. 2007, – V. 23(14), – P. 1801-1806.

15 Ludwig, A. Genome duplication events and functional reduction of ploidy levels in sturgeon (*Acipenser*, *Huso* and *Scaphirhynchus*)// Genetics. 2001. – V. 158(3). – P. 1203-1215.

- 16 Havelka, M. Molecular aspects of interspecific hybridization of sturgeons related to polyploidy and in situ conservation. Ph.D. thesis, USB, FFPW, RIFCH, Vodnany, 2013, – V. 102.
- 17 Georgescu, S. Analysis of the microsatellite variation in the common hybrid between Russian Sturgeon (*Acipenser Gueldenstaedtii* Brandt and Ratzeburg, 1833) and Siberian Sturgeon (*Acipenser Baerii* Brandt, 1869) from aquaculture// *Transylv. Rev. Syst. Ecol. Res.* 2013, – V. 15(2). – P. 117-124.
- 19 Peng, Z. Age and biogeography of major clades in sturgeons and paddlefishes (Pisces: *Acipenseriformes*)// *Mol. Phylogenetics Evol.* 2007. – V. 42. – P. 854-862.
- 20 Welsh, A. Development and standardization of disomic microsatellite loci for lake sturgeon genetic studies// *J. Appl. Ichthyol.*, 2006. – V. 22. – P. 337-344.
- 21 Huson, D.H. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Mol. Biol. Evol.* 2006. – V. 23(2). – P. 254-267.

REFERENCES

- 1 Chebanov, M.S. Formirovanie geneticheskoy kollekcii osetrovyyh v yuzhnom filiale FGUP FSGCR. Materialy Pervoy Vserossiyskoy konferencii «Genetika, selekciya i vosпроизводство ryb», SPb, Rossiyskaya Federaciya, 2002, – S. 73-80
- 2 Peng, Z. Age and biogeography of major clades in sturgeons and paddlefishes (Pisces: *Acipenseriformes*)// *Mol. Phylogenetics Evol.* 2007, – V. 42, – P. 854-862.
- 3 Fontana, F., Congiu L., Mudrak V.A., Quattro J.M., Smith T.I., Ware K., Doroshov S.I. Evidence of hexaploid karyotype in shortnose sturgeon // *Genome.* 2008, – V. 51, – P. 113-119.
- 4 Dufresne, F. Recent progress and challenges in population genetics of polyploid organisms: an overview of current state-of-the-art molecular and statistical tools// *Mol. Ecol.* 2014, – V. 23. – P. 40-69.
- 5 Vasil'ev, V.P. Evolyucionnaya kariologiya ryb. Nauka, Moskva, Rossiyskaya Federaciya. 1985. – 300 c.
- 6 Semenova, A.V. Analiz mikrosatellitnoj DNK u kamchatskoj mikizhi (*Parasalmo* (*Oncorhynchus*) *mykiss*). Podbor lokusov i optimizaciya metodiki// *Russ J Genet.* 2010, – № 46 (6), – C. 1-4.
- 7 McQuown E.C. Microsatellite analysis of genetic variation in sturgeon: new primers sequences for *Scaphirhynchus* and *Acipenser*. *Trans. Am. Fish. Soc.* 2000, – V. 129, – P. 1380-1388.
- 8 Henderson-Arzapalo, A. Novel microsatellite markers for Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus*) population delineation and broodstock management. *Mol. Ecol. Notes.* 2002, – V. 2. – P. 437-439.
- 9 Welsh A.B., Blumberg, M., May B. Identification of microsatellite loci in lake sturgeon, *Acipenser fulvescens*, and their variability in green sturgeon, *A. medirostris*. *Mol. Ecol. Notes.* 2003. – P. 3. – P. 47-55.
- 10 May, B. Genetic variation at microsatellite loci in sturgeon: primer sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus* // *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 1997, – V. 54, – P. 1542-1547.
- 11 Peakall, R. Genetic analysis in Excel, population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes.* 2006. – V. 6(1). – P. 288-295.
- 12 Nei, M. Genetic distance between populations // *Amer. Naturalist.* 1972, – V. 106. – P. 283-292.
- 13 Pritchard, J.K., Stephens M., Donnelly, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. // *Genetics.* 2000, – V. 155, – P. 945-959.
- 14 Jakobsson, M. A cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics.* 2007, – V. 23(14), – P. 1801-1806.
- 15 Ludwig, A. Genome duplication events and functional reduction of ploidy levels in sturgeon (*Acipenser*, *Huso* and *Scaphirhynchus*)// *Genetics.* 2001. – V. 158(3). – P. 1203-1215.
- 16 Havelka, M. Molecular aspects of interspecific hybridization of sturgeons related to polyploidy and in situ conservation. Ph.D. thesis, USB, FFPW, RIFCH, Vodnany, 2013, – V. 102.
- 17 Georgescu, S. Analysis of the microsatellite variation in the common hybrid between Russian Sturgeon (*Acipenser Gueldenstaedtii* Brandt and Ratzeburg, 1833) and Siberian Sturgeon (*Acipenser Baerii* Brandt, 1869) from aquaculture// *Transylv. Rev. Syst. Ecol. Res.* 2013, – V. 15(2). – P. 117-124.

19 Peng, Z. Age and biogeography of major clades in sturgeons and paddlefishes (Pisces: Acipenseriformes)// Mol. Phylogenetics Evol. 2007. – V. 42. – P. 854-862.

20 Welsh, A. Development and standardization of disomic microsatellite loci for lake sturgeon genetic studies// J. Appl. Ichthyol., 2006. – V. 22. – P. 337-344.

21 Huson, D.H. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. Mol. Biol. Evol. 2006. – V. 23(2). – P. 254-267.

ТҮЙІН

Мақалада бекіре тұқымдас балықтардың генетикалық құрылымының маңызды аспектілері қарастырылған, олар тұйық сумен қамтамасз ету қондырғыларында (ТСКеК) өсірілген кезде балықтардың бейімделу әлеуетіне әсер етеді. *Acipenser baerii*, *Acipenser gueldenstaedtii* және *Huso huso* сияқты бекіре балықтары өнеркәсіптік қолдану үшін құнды, бірақ табиғи ортадағы санының азаюына және ТСКеК жағдайда инбридингіне байланысты қауіп төндіреді.

Зерттеудің негізгі мақсаты бекіре тұқымдас балықтардың генетикалық құрылымын зерттеу болып табылады, бұл осы түрлерді сақтау стратегияларын әзірлеуге негіз бола алады. Бекіре тұқымдас балықтардың генетикалық құрылымын зерттеу микросателлиттік молекулалық маркерлерді (STR) қолдану арқылы жүргізілді. Талдау сбір бекіресі, орыс бекіресі және қорпа үлгілері арасындағы генетикалық әртүрліліктегі айырмашылықтарды көрсетті. Бекіре тұқымдас балықтардың жасанды үлгілерінде гетерозиготалардың жетіспеушілігі анықталды, бұл мүмкін инбридингті көрсетеді.

Генетикалық талдау сонымен қатар географиялық құрылымға немесе басқа факторларға байланысты болуы мүмкін популяциялар арасындағы кейбір генетикалық дифференциацияны анықтады.

Зерттеу аквамәдениеттегі бекіре популяциясындағы табиғи жағдайлардан дараларды енгізу арқылы генетикалық әртүрлілікті арттыруды ұсынады. Аквамәдени популяциялардағы генетикалық параметрлерді үнемі бақылау және әртүрлілік динамикасын бақылау бекіре тұқымдас балықтардың популяциясын сақтау және тұрақтылық үшін де маңызды.

УДК 619: 606:579. 62

DOI 10.52578/2305-9397-2024-3-1-114-124

МРНТИ 34.27.19, 34.27.51, 34.43.27.

Сейсенбаева М.С., магистр естественных наук, **основной автор**, <https://orcid.org/0009-0004-1586-6736>

ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности», Жамбылская область, Кордайский район, пгт Гвардейский, ул. Б.Момышулы 15, 080409, Казахстан, m.seisenbayeva@biosafety.kz

Жакыпбек А. С., магистр ветеринарных наук, <https://orcid.org/0009-0007-0183-4401>

ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности», Жамбылская область, Кордайский район, пгт Гвардейский, ул. Б.Момышулы 15, 080409, Казахстан, a.zhakypbek@biosafety.kz

Кошеметов Ж. К., доктор биологических наук, профессор, <https://orcid.org/0000-0003-2718-6506>

ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности», Жамбылская область, Кордайский район, пгт Гвардейский, ул. Б.Момышулы 15, 080409, Казахстан, Zh.koshemetov@biosafety.kz

Оразымбетова Н. К., магистр естественных наук, <https://orcid.org/0000-0003-2049-686X>

ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности», Жамбылская область, Кордайский район, пгт Гвардейский, ул. Б.Момышулы 15, 080409, Казахстан, n.orazymbetova@biosafety.kz

Seisenbayeva M. S., Master of Natural Sciences, **the main author**, <https://orcid.org/0009-0004-1586-6736>

«Scientific Research Institute of Biological Safety Problems» LLP, Zhambyl region, Kordaysky district, Gvardeysky village, B.Momyshuly str. 15, 080409, Kazakhstan, m.seisenbayeva@biosafety.kz