

УДК 606:62:639.3:639.212

## ІДЕНТИФІКАЦІЯ АЛЕЛЬНИХ ВАРІАНТІВ МІКРОСАТЕЛІТНОЇ ДНК ВЕСЛОНОСА (*POLYODON SPATHULA*)

**Х. М. КУРТА**, молодший науковий співробітник

Українська лабораторія якості і безпеки продукції АПК

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

Інститут ветеринарної медицини НААН України

**Б. О. ГРІШИН**, молодший науковий співробітник

Інститут рибного господарства НААН України

**А. А. ГЕТЯ**, доктор сільськогосподарських наук, завідувач кафедри генетики розведення та біотехнології тварин

Національний університет біоресурсів і природокористування України

**Л. М. ШИНКАРЕНКО**, молодший науковий співробітник

Українська лабораторія якості і безпеки продукції АПК

**В. Г. СПИРИДОНОВ**, доктор сільськогосподарських наук, провідний науковий співробітник

Інститут ветеринарної медицини НААН України

E-mail: khrystyna.kurta@gmail.com

У даній роботі було досліджено генетичний поліморфізм мікросателітних локусів ДНК веслоноса (*Polyodon spathula*) ( $n = 38$ ) за обраною панеллю маркерів: Psp12, Psp21, Psp26 та Psp28. На основі мікросателітного аналізу за всіма локусами було виявлено 24 алельних варіанти. Найбільшим рівнем поліморфізму характеризувалися локуси Psp26 та Psp28 (по 7 алельних варіантів), а найменшим – локус Psp21 (4 алельні варіанти). Для локусу Psp12 було ідентифіковано два нові алельні варіанти 214 п.н.(5,26 %) та 216 п.н. (34,21 %), а для локусу Psp26 – один новий алельний варіант – 164 п.н.(7,90 %). Згідно популяційних розрахунків було встановлено, що в даній групі риб переважають особини з гетерозиготними генотипами та спостерігається достатньо високий рівень генетичної мінливості.

*Ключові слова:* веслоніс (*Polyodon spathula*), мікросателіти, ДНК-маркери, локус, алель, поліморфізм, генетична структура

**Актуальність.** У сучасних умовах розвитку вітчизняної аквакультури рибництво господарства України орієнтовані на виробництво харчової продукції для комерційної реалізації як на внутрішньому ринку, так і для експорту цінних об'єктів рибництва [1]. На сьогоднішній день до таких об'єктів риборозведення належать представники

ряду осетроподібних, у тому числі і веслоніс. Інтенсивне господарське використання даного об'єкту обумовлено його біологічними особливостями та цінними господарськими властивостями: швидкі темпи росту, висока екологічна пластичність до різних умов вирощування, смакові якості м'яса та делікатесна ікра [2, 3].

Нині збільшення виробництва товарної продукції веслоноса потребує істотного розширення чисельності маточних стад у межах господарств. Тому, питання контролю та підтримання генетичної різноманітності ремонтних та маточних стад даного виду риб є пріоритетним для рибницьких господарств, які орієнтовані на збільшення масштабів штучного відтворення та підвищення продуктивності аквакультури [3, 4].

Аналіз останніх досліджень та публікацій. Українські популяції веслоноса були сформовані у 60-х роках минулого століття шляхом інтродукції обмеженої кількості іхтіологічного матеріалу зі США та Росії [1]. Розведення іхтіологічного матеріалу з обмеженої кількості може призвести до низької генетичної різноманітності та високої ймовірності появи інбредної депресії у нащадків. Як наслідок, це може призвести до поступового зниження відтворних та продуктивних якостей, резистентності риб до захворювань та стійкості до впливу несприятливих зовнішніх чинників середовища [4, 5].

Однією з важливих складових ефективної селекції при формуванні маточних стад є здійснення комплексної оцінки генетичної різноманітності племінних груп риб. За таких умов виникає необхідність застосування сучасних способів моніторингу генетичних процесів, які відбуваються у штучних популяціях веслоноса [5, 6].

В останні роки у популяційно-генетичні дослідження широко впроваджені ДНК-маркери, що дозволяють визначати поліморфізм мікросателітної ДНК біологічних об'єктів [7, 8]. Мікросателіти – це високополіморфні локуси ДНК, які ефективно використовують як ДНК-маркери [9]. Крім того, такі маркери можуть бути застосовані для індивідуальної ідентифікації, що дозволяє досліджувати особливості генотипу як кожної окремої особи-

ни, так і популяції в цілому [4, 10, 11, 12]. Не зважаючи на високу екологічну адаптивність осетроподібних видів риб, швидкість молекулярної еволюції їх геному є доволі низькою, що визначається рівнем поліморфізму мікросателітної ДНК [7, 13].

Таким чином, використання мікросателітного ДНК-аналізу забезпечить ефективний генетичний моніторинг маточних стад для їх раціонального використання.

Тому, метою даної роботи було вивчення генетичної структури та ідентифікація алельних варіантів мікросателітної ДНК у вітчизняної популяції веслоноса (*Polyodon spathula*).

**Матеріали і методи дослідження.** Матеріалом для дослідження була ДНК, виділена з біологічних зразків веслоноса ( $n = 38$ ), відібраних на рибницькому господарстві «Меркурій» (Вінницька обл., 2017 рік).

Виділення ДНК проводили з використанням методу сорбції ДНК на диоксиді кремнію ( $\text{SiO}_2$ ) [14, 15].

Полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) проводили на ампліфікаторі Veriti 96 Well (Applied Biosystems, США) з попередньо оптимізованими параметрами: початкова денатурація – 5 хв, 95 °С; 30 циклів денатурації – 15 с, 95 °С; відпалювання праймерів – 25 с, 56 °С; елонгація – 5 с, 72 °С та пролонгування – 5 хв, 72 °С [16].

Реакційна суміш загальним об'ємом 20,0 мм<sup>3</sup> містила наступні компоненти: 50,0 мМ Трис-НСІ (рН 8,3), 1,5 мМ  $\text{MgCl}_2$ , 0,2 мМ кожного з дезоксинуклеотидтрифосфатів (dNTP), по 5 рМ прямого і зворотного локус-специфічних праймерів та 1,5 од. Таq-ДНК-полімерази. Зразки виділеної ДНК вносили в кількості 5 мм<sup>3</sup>.

Продукти ампліфікації денатурували формамідом (Sigma, США) та розділяли шляхом капілярного електрофорезу на генетичному аналізаторі «ABI Prism 3130» 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 досліджуваних мікросателітних локусів ДНК веслоноса: Psp12, Psp21, Psp26 та Psp28 (Applied Biosystems, США) [10, 16].

Визначення спектру та частот ідентифікованих алелів, кількості алелів на локус (Na) проводили методом прямого підрахунку та аналізу отриманих генотипів досліджуваних особин. Розрахунки показників фактичної (Ho) та очікуваної гетерозиготності (He), індексу поліморфізму (PIC), вірогідності виключення випадкового збігу алелів (PE) та критерія Пірсона ( $\chi^2$ ) проводили із застосуванням програм MS Excel 2010, PowerStats V12 (Promega), Cervus v. 3.0.3, GENALEX 6.5 [17-19].

**Результати дослідження та їх обговорення.** За результатами мікросателітного ДНК-аналізу було виявлено 24 алельні варіанти у досліджуваній групі веслоноса (рис. 1).

Згідно отриманих даних, за локусом Psp12 було виявлено 6 алельних варіантів, серед яких найчастіше зустрічався алель 218 пар нуклеотидів – п.н. (48,68%), а найрідше – алелі 222 п.н. та 228 п.н. з однаковими частотами (1,32%). Локус Psp21 був найменш поліморфним серед досліджуваних маркерів і складався з 4 алельних варіантів, при чому частота алелю 150 п.н. сягала 73,38%, а алелю 156 п.н. не перевищувала 1,32%.

Найбільшим рівнем поліморфізму характеризувалися локуси Psp26 та Psp28, за якими було виявлено по 7 алельних варіантів. Для локусу Psp26 був характерним алель 142 п.н. (48,68%), а алель 146 п.н. зустрічався на рівні 2,63% у досліджуваній

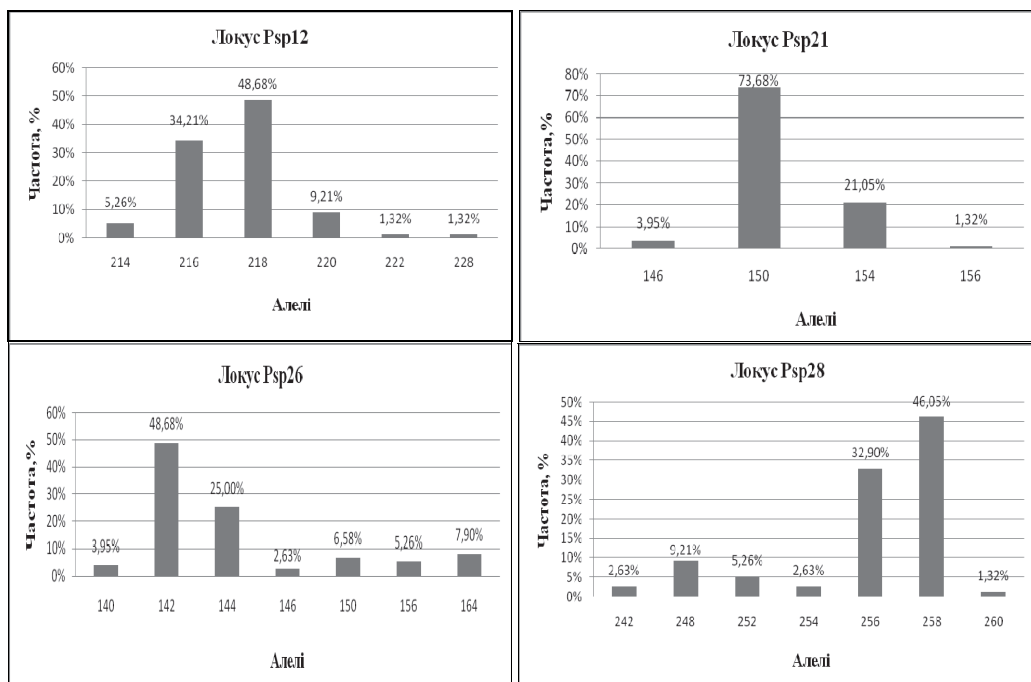


Рис. 1. Ідентифіковані алельні варіанти веслоноса за мікросателітними ДНК-маркерами

вибірці веслоноса. Для локусу Psp28 з найбільшою частотою 46,05 % зустрічався алель 258 п.н., тоді як алель 260 п.н. зустрічався з найменшою частотою – 1,32 %.

На основі проведених нами досліджень за локусами Psp12 та Psp26 були виявлені нові алельні варіанти, що раніше не були описані іншими авторами при дослідженні веслоноса. Згідно попередніх досліджень Heist [10, 11] для локусу Psp12 розмір алельних варіантів коливався від 218 до 228 п.н., а за локусом Psp26 – від 130 до 160 п.н. Серед алелів локусу Psp12 нами були виявлені такі нові алельні варіанти, як 214 п.н та 216 п.н. (рис. 2), які зустрічалися у досліджуваних особин з частотою відповідно 5,26 % та

34,21 %. За локусом Psp26 нами був виявлений новий алельний варіант 164 п.н. (рис. 3), який зустрічався у досліджуваній популяції веслоноса з частотою 7,90 %.

Схематично виявлені нові алельні варіанти для локусів Psp12 та Psp26 представлено на рисунку 4.

Середня кількість алелів на локус ( $N_a$ ) становила 6,0 і коливалася в межах від 4,0 (Psp21) до 7,0 (Psp26, Psp28). Середні значення фактичної ( $H_o$ ) та теоретично очікуваної ( $H_e$ ) гетерозиготності становили відповідно 0,671 та 0,599, що вказує на загальне переважання гетерозиготних генотипів над гомозиготними. Максимальне значення  $H_o$  було виявлено за локусом Psp28 – 1,000, мінімальне (0,395) – за локусом

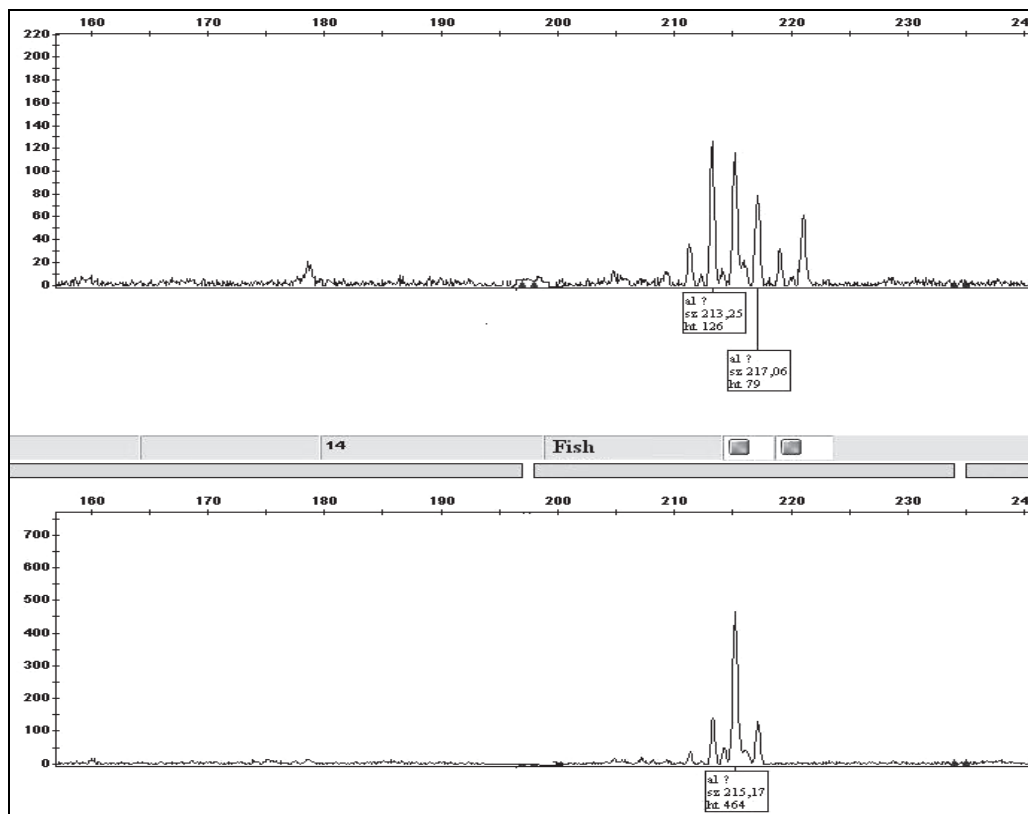


Рис. 2. Приклад електрофореграми ідентифікації нових алельних варіантів 214 та 216 п.н. у веслоноса за локусом Psp12

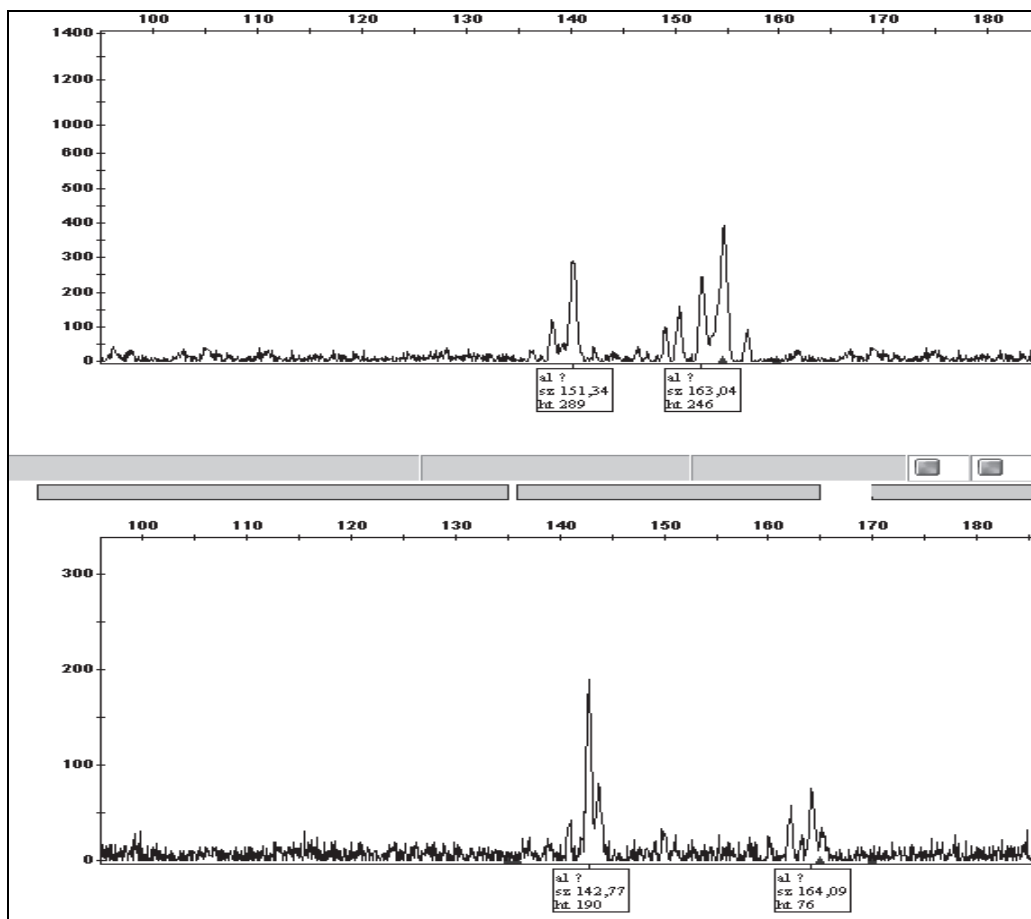
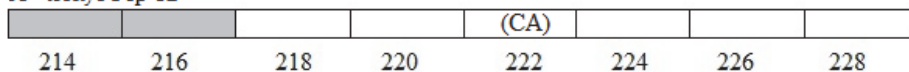


Рис. 3. Приклад електрофореграми ідентифікації нового алельного варіанту 164 п.н. у веслоноса за локусом Psp26

А - локус Psp 12



В - локус Psp 26

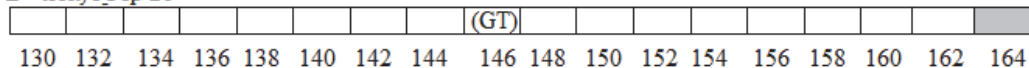


Рис. 4. Схематичне зображення динуклеотидних повторів досліджуваних локусів ДНК веслоноса (вказані розміри мікросателітних алелів у п.н.; темним фоном виділено нові ідентифіковані алелі)

Psp21. Рівень теоретично очікуваної гетерозиготності (He) коливався в межах від 0,411 до 0,685 для локусів Psp21 та Psp26, відповідно (табл. 1).

Крім того, нами було встановлено достовірний ( $p < 0,05$ ) дефіцит гетерозиготних генотипів за локусом Psp26, в той час як за локусом Psp28, навпаки, було

**1. Показники генетичного поліморфізму веслоноса за мікросателітними локусами**

Назва локусу	Na	Ho	He	PIС	$\chi^2$	PE
Psp12	6,0	0,658	0,634	0,571	13,720	0,366
Psp21	4,0	0,395	0,411	0,361	0,763	0,111
Psp26	7,0	0,632	0,685	0,646	65,867*	0,331
Psp28	7,0	1,000	0,667	0,613	41,387**	1,000
Середнє	6,0	0,671	0,599	0,548	-	0,452

*Примітка:* \*  $p < 0,05$ , \*\*  $p < 0,01$  – достовірні відмінності між рівнем фактичної та теоретично очікуваної гетерозиготності

виявлено достовірний надлишок гетерозиготних генотипів ( $p < 0,01$ ). Такі результати, ймовірно, вказують на підвищену чутливість популяції веслоноса до штучного відбору за умов використання обмеженої кількості плідників та є наслідком генетичних пристосувань до нових умов утримання та культивування.

Встановлений індекс поліморфізму (PIС) для досліджуваних локусів веслоноса коливався від 0,361 для локусу Psp21 до 0,646 для локусу Psp26, що свідчить про те, що локус Psp21 є найменш поліморфним, а локус Psp26 – найбільш поліморфним. Середнє значення індексу поліморфізму для досліджуваних локусів ДНК дорівнювало 0,548, що говорить про високий рівень поліморфізму за обраними маркерами для даного виду риб (PIС>0,500).

Показник вірогідності виключення випадкового збігу алелів (PE) в середньому становив 0,452 і коливався в межах від 0,111 (Psp21) до 1,000 (Psp28). Високе значення показника PE для локусу Psp28 (1,000) пояснюється наявністю у 100 % досліджуваних особин веслоноса лише гетерозиготних генотипів за вказаним ДНК-маркером.

Таким чином, у результаті проведених досліджень мікросателітної ДНК веслоноса було ідентифіковано нові алельні варіанти для мікросателітних локусів Psp12 та Psp26 та здійснено оцінку внутрішньовидового генетичного поліморфізму даної групи риб.

**Висновки і перспективи.** На основі проведеного аналізу генетичної структури досліджуваної групи веслоноса за мікросателітними ДНК-маркерами нами було виявлено 24 алельних варіанти. Найбільш поліморфними були локуси Psp26 та Psp28 (по 7 алельних варіантів), а найменш поліморфним виявився локус Psp21 (4 алельні варіанти). Для локусу Psp12 було ідентифіковано два нові алельні варіанти 214 п.н. (5,26 %) та 216 п.н. (34,21 %), а для локусу Psp26 – один новий алельний варіант 164 п.н. (7,90 %).

Виявлені зміни у генетичній структурі веслоноса, ймовірно, вказують на підвищену чутливість до штучного відбору за умов використання обмеженої кількості плідників та виникнення адаптації до нових умов утримання та культивування даного виду риб.

Згідно популяційних розрахунків було встановлено, що в даній групі риб переважають особини з гетерозиготними генотипами та спостерігається достатньо високий рівень генетичної мінливості. Використання вказаної панелі мікросателітних ДНК-маркерів дозволяє здійснювати генотипування веслоноса з високим рівнем інформативності.

Таким чином, виявлені специфічні алельні варіанти дозволять здійснювати ідентифікацію наявних племінних груп даного виду риб, що може бути застосовано для моніторингу за генетичним станом та ефективністю збереженням біорізноманіття у штучних популяціях веслоноса в умовах сучасних рибницьких господарств України.



**Література**

1. Курта Х. М. Сучасний стан та перспективи досліджень генетичної структури веслоноса (*Polyodon spathula*) / Х. М. Курта, О. О. Малишева, В. Г. Спиридонов // Наукові доповіді Національного університету біоресурсів і природокористування України. – К., 2016. – № 6 (63). – URL: <http://journals.nubip.edu.ua/index.php/Dopovidi/issue/view/308>
2. Mims, S. Aquaculture of Paddlefish in the United States Aquat / S. Mims // Living Resour. – 2001. – 14. – P. 391–398.
3. Zheng X. Genetic structure among four populations of paddlefish, *Polyodon spathula* (Actinopterygii: Acipenseriformes: Polyodontidae), based on disomic microsatellite markers / X. Zheng, K. Schneider, J. D. Lowe [et al] // Acta. Ichthyol. Piscat. – 2014. – 44 (3). – P. 213–219.
4. Choosing spawning pairs based on individual genetic characteristics: a new tool for the management of American paddlefish (*Polyodon spathula*) resources / D. Kaczmarczyk, R. Kolman, M. Luczynski, A. M. Tretyak // Actual status and active protection fish populations endangered by extinction. – Olsztyn, 2008. – P. 211-221.
5. Малишева О. О. Генетична структура популяції стерляді (*Acipenser ruthenus*) за мікросателітними маркерами ДНК / Малишева О.О., Спиридонов В.Г., Мельничук С.Д. // Вісник сумського національного аграрного університету: Серія «Тваринництво». – Суми, 2014. – Вип. 2/1 (24). – С. 212-215.
6. Малишева О. О. Ідентифікація алейних варіантів мікросателітної ДНК в генетичній структурі популяції бестера (*Acipenser Nikoljukini*) / О. О. Малишева, В. Г. Спиридонов, С. Д. Мельничук // Науковий вісник НУБіП України. – К. – 2014. – № 202. – С. 24-30
7. 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 // Review. Aquacul. – 2005. – P. 29.
8. 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.
9. Dudu A. Nuclear Markers of Danube Sturgeons Hybridization / A. Dudu, R. Suci, M. Parashiv [et al] // Molecular Sciences. – 2011. – №12. – P. 6796-6809.
10. Heist E.J. Microsatellite markers for the paddlefish (*Polyodon spathula*) / E.J. Heist, E.H. Nicholson, J.T. Sipiorski [et al] // Conservation Genetics. – 2002. – Vol. 3. – P. 205-207.
11. 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.
12. Kaczmarczyk D. Polymorphism of microsatellite loci – a tool in studying biodiversity of paddlefish aquaculture broodstock / D. Kaczmarczyk, K. Kohlmann, P. Kersten [et al] // Environmental Biotechnology. – 2007. – Vol. 3. – P.44–48.
13. Krieger J Fuerst PA. Evidence for a slowed rate of molecular evolution in the order Acipenseriformes / J. Krieger, P.A. Fuerst // Mol Biol Evol. – 2002. – 19(6). – 891-897.
14. Boom R Rapid and Simple Method for Purification of Nucleic Acids / R. Boom et al. // Journal of Clinical Microbiology. 1990. Vol. 28. P. 495–503.
15. Carter M. J., Milton I. D. An inexpensive and simple method for DNA purifications on silica particles // Nucleic Acids Res. 1993. Vol. 21. P. 1044-1046.
16. 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.
17. 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.
18. Marshall T.C. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations / T.C. Marshall [et al] // Mol. ecol. – 1998. – P. 639-655.
19. 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. Kurta Kh.M., Malysheva O.O., Spirydonov V.H. (2016) Suchasnyi stan ta perspektyvy doslidzhen henetychnoi struktury veslonosa (*Polyodon spathula*). Naukovi dopovidi Natsionalnoho universytetu bioresursiv i pryrodokorystuvannia Ukrainy, 6 (63).  
URL: <http://journals.nubip.edu.ua/index.php/Dopovidi/issue/view/308>
2. Mims, S. (2001) Aquaculture of Paddlefish in the United States Aquat. Living Resour, 14, 391-398.
3. Zheng X., Schneider K., Lowe J. D. [et all] (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.
4. Kaczmarczyk D., Kolman R., Luczynski M., Tretyak A. M. (2008) Choosing spawning pairs based on individual genetic characteristics: a new tool for the management of American paddlefish (*Polyodon spathula*) resources. Actual status and active protection fish populations endangered by extinction. – Olsztyn, 211-221.
5. Malysheva O.O., Spirydonov V.H., Melnychuk S.D. (2014) Henetychna struktura populatsii sterliadi (*Acipenser ruthenus*) za mikrosatelitnymi markeramy DNK. Visnyk sumskoho natsionalnoho ahrarnoho universytetu: Seriiia «Tvarynnystvo», 2/1 (24), 212-215.
6. Malysheva O.O., Spirydonov V.H., Melnychuk S.D (2014) Identyfikatsiia alelnykh variantiv mikrosatelitnoi DNK v henetychnii strukturi populatsii bestera (*Acipenser Nikoljukini*). Naukovyi visnyk NUBiP Ukrainy, 202, 24-30.
7. Chistiakov D.A, Hellemans B. (2005) Microsatellites and their genomic distribution evolution function and applications: A review with special reference to fish genetics. Review. Aquacul, 29.
8. 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.
9. Dudu, R. Suci, M. Parashiv [et all] (2011) Nuklear Markers of Danube Sturgeons Hybridization. Melecular Sciences, 12, 6796-6809.
10. Heist E.J., Nicholson E.H., Sipiorski J.T. [et all] (2002) Microsatellite markers for the paddlefish (*Polyodon spathula*). Conservation Genetics, 3, 205-207.
11. 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.
12. Kaczmarczyk D., Kohlmann K., Kersten P. [et all] (2007) Polymorphism of microsatellite loci – a tool in studying biodiversity of paddlefish aquaculture broodstock. Environmental Biotechnology, 3, 44–48.
13. Krieger J., Fuerst P.A. (2002) Evidence for a slowed rate of molecular evolution in the order acipenseriformes. Mol Biol Evol, 19 (6), 891-897.
14. Boom R et al (1990) Rapid and Simple Method for Purification of Nucleic Acids. Journal of Clinical Microbiology, 28, 495–503.
15. Carter M. J., Milton I. D. (1993) An inexpensive and simple method for DNA purifications on silica particles. Nucleic Acids Res, 21, 1044–1046.
16. Kurta Kh.M. Malysheva O.O., Spirydonov V.H. (2017) Optymizatsiia umov polimeraznoi lantsiuhovoi reaktsii dlia doslidzhennia mikrosatelitnoi DNK veslonosa (*Polyodon spathula*). Biolohiia tvaryn, 19, № 2, 56-63.
17. 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.
18. Marshall T.C. et al (1998) Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. Mol.ecol, 639-655.
19. 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, A. Getya, B. Hrishyn, L. Shynkarenko, V. Spirydonov. Identification of the allelic variants of paddlefish (polyodon spathula) microsatellite dna/ Biological Resources and Nature Management. – 2017. – 9, №5–6. – P.49–57.*

The microsatellite DNA assay of paddlefish (*Polyodon spathula*) and the genetic polymorphism of the investigated group of fish ( $n = 38$ ) were performed in this paper for the following DNA-markers: Psp12, Psp21, Psp26 and Psp28. According to the microsatellite analysis, 24 allelic variants were identified for all loci. The Psp26 and Psp28 loci were the most polymorphic (7 allelic variants), and the Psp21 locus was the least polymorphic (4 allelic variants). For the Psp12 loci two new allelic variants of 214 bp (5,26%) and 216 bp (34,21%) were identified, and for the Psp26 loci one new allelic variant 164 bp (7,90%) was identified. According to population calculations, it was found that in this group of fish predominates individuals with heterozygous genotypes and a fairly high level of genetic variability is observed.

**Keywords:** paddlefish (*Polyodon spathula*), microsatellites, DNA markers, loci, allele, polymorphism, genetic structure

АННОТАЦІЯ

*К. Н. Курта, О. А. Мальшьева, А. А. Гетья, Б. А. Гришин, Л. Н. Шинкаренко, В. Г. Спиридонов. Идентификация аллельных вариантов микросателлитной днк веслонос (polyodon spathula)/Биоресурсы и природопользование. – 2017. – 9, №5–6. – С.49–57.*

В данной работе был исследован генетический полиморфизм микросателлитных локусов ДНК веслоноса (*Polyodon spathula*) ( $n = 38$ ) по выбранной панели маркеров: Psp12, Psp21, Psp26 и Psp28. На основании микросателлитного анализа по всем локусам было выявлено 24 аллельных варианта. Наибольшим уровнем полиморфизма характеризовались локусы Psp26 и Psp28 (по 7 аллельных вариантов), а наименьшим – локус Psp21 (4 аллельные варианты). Для локуса Psp12 было идентифицировано два новых аллельных варианта 214 (5,26%) и 216 п.н. (34,21%), а для локуса Psp26 – один новый аллельный вариант 164 п.н. (7,90%). Согласно популяционных расчетов было установлено, что в данной группе рыб преобладают особи с гетерозиготными генотипами и наблюдается достаточно высокий уровень генетической изменчивости.

**Ключевые слова:** веслонос (*Polyodon spathula*), микросателлиты, ДНК-маркеры, локус, аллель, полиморфизм, генетическая структура