

УДК 577.213/.215: 639.3

DOI: 10.15587/2313-8416.2015.54039

**ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ПЛІДНИКІВ СТЕРЛЯДІ (*ACIPENSER RUTHENUS*) ЗА МІКРОСАТЕЛІТНИМИ ДНК-МАРКЕРАМИ**

© О. О. Малишева, Х. М. Курта, Л. І. Калакайло, Л. М. Шинкаренко, В. Г. Спиридонов

На основі мікросателітного аналізу ДНК за трьома маркерами (LS-19, LS-68 та LS-39) розглянуто внутрішньовидову генетичну структуру плідників стерляді. В результаті проведених робіт було встановлено, що за показниками генетичного поліморфізму дана група риб знаходиться у збалансованому стані. На основі визначених індивідуальних відмінностей в алельних варіантах здійснено підбір і комбінування батьківських пар за альтернативними генотипами. Результати проведених досліджень дозволяють оптимізувати подальші роботи з відтворення осетрових видів риб в умовах штучного вирощування

**Ключові слова:** осетрові види риб, стерлядь, аквакультура, плідники, мікросателітні ДНК-маркери, локус, алель, генотип, поліморфізм, підбір батьківських пар

Based on microsatellite DNA markers in three (LS-19, LS-68 and LS-39) it is examined intraspecific genetic structure of sterlet fertilizers. As a result of this work it was found that this group of fish is in a balanced state in terms of the genetic polymorphism. On the basis of certain individual differences in allelic variants have been selected and combined the parental pairs for alternative genotypes. The results of the research allow optimize further work on the reproduction of sturgeon under artificial cultivation

**Keywords:** sturgeons, sterlet, aquaculture, fertilizers, microsatellite DNA markers, locus, allele, genotype, polymorphism, selection of parental pairs

**1. Вступ**

Риби родини осетрових (*Acipenseridae*) – є цінними та бажаними об'єктами сучасної аквакультури і представляють підвищений інтерес як з наукової, так і з практичної точок зору. Під впливом антропогенного тиску на природні екосистеми більшість представників цієї родини піддаються ризику скорочення своєї чисельності або ж взагалі знаходяться на межі майже повного зникнення [1].

За останні роки роботи зі штучного відтворення осетрових видів риб активно проводяться як для вирощування в умовах аквакультури, так і для відновлення природних популяцій [2, 3].

Поряд з отриманням товарної продукції постає питання контролю за генетичними процесами, які відбуваються у штучних популяціях культивованих видів риб. Нині, поставлені завдання успішно вирішуються шляхом застосування сучасних молекулярно-генетичних методів досліджень [4]. Подібні наукові розробки дозволяють оцінити внутрішньовидовий генетичний поліморфізм та провести підбір і комбінування батьківських пар плідників осетрових з метою збереження їх видового різноманіття в умовах штучного відтворення [5].

**2. Аналіз літературних даних та постановка проблеми**

На даний час одним із основних об'єктів товарного осетрівництва є стерлядь (*Acipenser ruthenus*). Цей вид характеризується відносно невеликими розмірами та більш швидкими, у порівнянні з іншими осетровими, термінами настання статевої зрілості. Роботи зі штучного відтворення стерляді активно проводяться для відновлення запасів і підтримки чисельності даного виду в природних водоймах, а також для задоволення потреб виробництва товарної продукції [3, 4].

Важливим завданням для осетрових господарств при проведенні робіт зі штучного відтворення є формування таких маточних стад плідників, від яких можна отримувати життестійке, продуктивне потомство зі збереженням видового генетичного різноманіття. З метою уникнення негативних проявів близькоспорідненого розведення в умовах аквакультури, виникає необхідність у застосуванні найбільш сучасних способів контролю за генетичними процесами, які відбуваються у штучних популяціях риб, зокрема, – з використанням мікросателітних ДНК-маркерів [5–7].

Мікросателіти – це високо поліморфні короткі повтори ділянок ДНК, що дозволяють проводити популяційну, видову та індивідуальну диференціацію, через високий рівень алельних варіацій. Нині, мікросателітні ДНК-маркери набувають все більшого застосування під час робіт зі здійснення моніторингу за ефективністю відтворення осетрових видів риб [8, 9].

Результати таких досліджень дозволяють ідентифікувати особливості генотипів плідників осетрових, що в подальшому дозволить ефективно формувати ремонтно-маточні стада для раціонального ведення аквакультури [9–11].

Метою дослідження було дослідження поліморфізму плідників стерляді для підбору та комбінування батьківських пар за мікросателітними ДНК-маркерами.

### 3. Матеріали та методи дослідження генетичного поліморфізму плідників стерляді за мікросателітними ДНК-маркерами

#### 3.1. Досліджувані матеріали та обладнання, що використовувалися в експерименті

Дослідження проводили на базі науково-дослідного відділу молекулярно-діагностичних досліджень Української лабораторії якості та безпеки продукції АПК.

Матеріалом для дослідження були плідники стерляді, отримані умовах штучного розведення Немішаївської навчально-наукової виробничої лабораторії рибництва (ННВЛ рибництва) Національного університету біоресурсів і природокористування України. Для проведення спеціальних досліджень від плідників окремо за статтю були прижиттєво відібрані зразки біоптату грудних плавців (n=34).

Для робіт з генотипування плідників було використано три пари мікросателітних ДНК-маркерів: LS-19, LS-68 та LS-39, які є загальноприйнятими у світі і ефективно використовуються для таксономії та генетичної ідентифікації осетрових риб [11], (табл. 1).

Таблиця 1

Мікросателітні маркери ДНК для генотипування осетрових видів риб

Назва локусу	Тандемні повтори	Розмір (п.н.)	Флуоресцентний барвник	Номер GenBank
LS-19	(TTG) <sup>9</sup>	112-213	FAM	U72730
LS-68	(GATA) <sup>13</sup>	104-264	R6G	U72739
LS-39	(GTT) <sup>10</sup>	90-160	TAMRA	U72734

#### 3.2. Методика визначення показників власливості зразків

Виділення ДНК проводили з використанням набору "ДНК-сорб-В" («Амплі-Сенс», Росія), згідно з інструкцією виробника [12]. Полімеразну ланцюгову

реакцію (ПЛР) проводили згідно умов, оптимізованих на базі відділу молекулярно-генетичних досліджень Української лабораторії якості та безпеки продукції АПК [13]. 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 S-450 (Синтол, Росія).

Ідентифіковані алелі позначалися буквами латинської абетки згідно попередньо розробленої номенклатури для даних мікросателітних ДНК-маркерів [4, 5]. Визначення спектру частот алелів проводили шляхом підрахунку та аналізу отриманих генотипів досліджуваних особин із застосуванням програми Power Stats V12 (Promega) [14,15].

#### 4. Результати досліджень

За результатами мікросателітного аналізу були встановлені індивідуальні відмінності алельних варіантів між плідниками стерляді Немішаївської ННВЛ рибництва НУБіП України.

На основі проведеної роботи за мікросателітним аналізом ДНК у плідників стерляді було ідентифіковано 21 алельний варіант (рис. 1).

В результаті ідентифікації алельних варіантів, за локусом LS-19 було виявлено 5 алелів, з яких найчастіше зустрічався алель E з частотою 54,40 %, а найрідше – алель G з частотою 4,40 %. Локус LS-68 був найбільш поліморфним, за ним було виявлено 12 алельних варіантів. Найчастіше зустрічався алель T (29,40 %), а найрідше – алельні варіанти O, Z1 і Z2 (1,50 %). Локус LS-39 був найменш поліморфним і за ним було ідентифіковано лише 4 алелі, серед яких алель N зустрічався з найбільшою частотою (73,50 %), а алелі K і P – з найменшою частотою (1,50 %).

Результати генотипування плідників стерляді за мікросателітними ДНК-маркерами наведено в табл. 2.

Як представлено в табл. 2, між плідниками стерляді Немішаївської ННВЛ рибництва простежувалася наявність ідентичних алельних варіацій за окремими ДНК-маркерами. За локусом LS-19 алель E був присутнім майже у всіх плідників, за виключенням самиць №2, №14, №15, №16, №17 та №19. Локус LS-68 був найбільш поліморфним і за ним простежувалася найбільша кількість гетерогенних генотипів. Локус LS-39 був найменш поліморфним, за ним спостерігалася наявність алелів N та O в усіх плідників стерляді.

За розрахунками параметрів гетерозиготності у плідників стерляді, було встановлено, що рівень фактичної гетерозиготності (Ho) коливався від 0,529 для локусу LS-39 до 0,735 для локусу LS-19 (табл. 3).

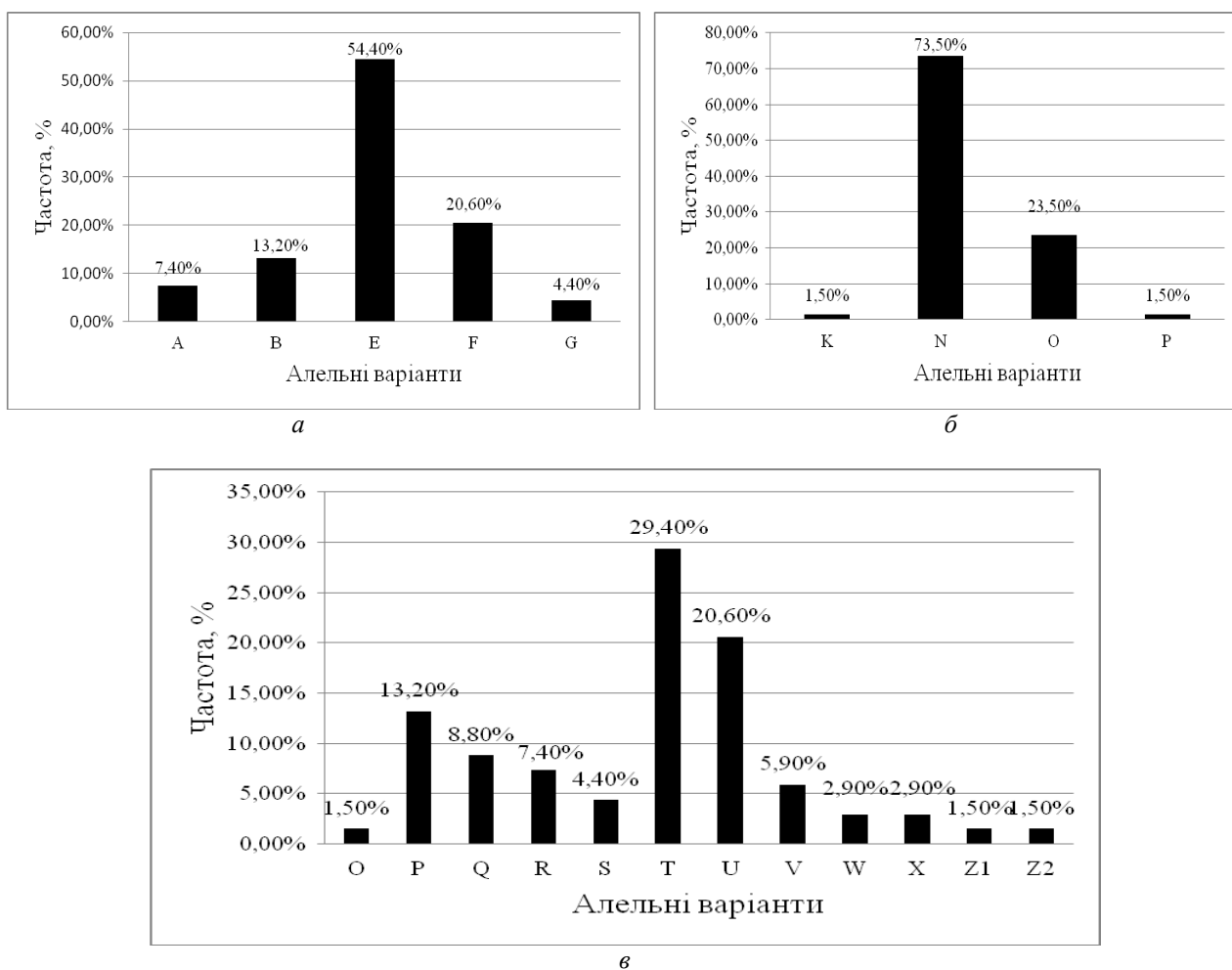


Рис. 1. Ідентифіковані алельні варіанти плідників стерляді за трьома мікросателітними ДНК-маркерами: а – ДНК-маркер LS-19; б – ДНК-маркер LS-39; в – ДНК-маркер LS-68

Таблиця 2

Генотипи плідників стерляді Немішаєвської ННВЛ рибиництва

Інвентаризаційний номер	Самиці ♀♀			Інвентаризаційний номер	Самці ♂♂		
	Генотипи LS-19	Генотипи LS-68	Генотипи LS-39		Генотипи LS-19	Генотипи LS-68	Генотипи LS-39
1	B/E	P/Q	N/O	6	E/F	T/U	N/N
2	A/F	Q/W	N/N	7	E/E	P/T	N/P
3	E/F	Q/U	K/N	8	E/F	T/T	N/N
4	E/F	U/U	N/O	9	A/E	P/U	N/O
5	E/G	Q/Z <sub>2</sub>	N/N	10	E/F	T/T	N/O
6	B/E	Q/U	N/O	11	E/E	P/T	N/N
7	B/E	S/T	N/O				
8	B/E	P/Z <sub>1</sub>	N/O	12	E/E	P/V	N/O
9	E/G	P/U	N/N				
10	B/E	R/V	N/N	13	E/E	W/X	N/O
11	E/F	S/T	N/N				
12	E/F	T/T	N/O	14	E/E	R/T	N/N
13	E/F	P/U	N/O				
14	A/F	T/U	N/N	15	E/E	T/X	N/O
15	A/F	O/P	N/N				
16	F/G	P/S	N/N	16	E/E	T/V	N/O
17	A/F	T/T	N/O				
18	B/E	R/T	N/N	17	E/E	T/T	N/N
19	B/F	U/U	N/N				
20	B/E	U/V	N/O	18	E/E	R/R	N/N
21	B/E	U/U	N/O				

Таблиця 3  
Показники внутрішньовидового поліморфізму плідників стерляді за мікросателітними локусами

Назва локусу	N <sub>a</sub>	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>	PIС	PE
LS-19	5	0,735	0,637	0,590	0,485
LS-68	12	0,735	0,833	0,810	0,485
LS-39	4	0,529	0,404	0,340	0,215
Середнє	7	0,666	0,624	0,580	0,395

Рівень теоретично очікуваної гетерозиготності (H<sub>e</sub>) коливався в межах від 0,404 до 0,833 для локусів LS-39 та LS-68, відповідно. В середньому фактична гетерозиготність була на рівні 0,666, тоді як середнє значення теоретично очікуваної гетерозиготності становило 0,624, що свідчить збалансованість досліджуваної популяції стерляді та відсутність на даному

етапі робіт з відтворення негативних наслідків впливу штучного розведення на генетичну структуру цього виду риб.

Індекс поліморфізму (PIС) для стерляді коливався в межах від 0,340 для локусу LS-39 до 0,810 для локусу LS-68. Середнє значення індексу поліморфізму становило 0,580, що підтверджує достатній рівень поліморфізму обраних маркерів для даного виду риб (PIС>0,500). Показник вірогідності виключення випадкового збігу алелів (PE) коливався від 0,215 до 0,485 для локусів LS-39 та LS-19 відповідно і в середньому становив 0,395.

Отримані дані дозволили визначити альтернативні генотипи за окремими особинами плідників стерляді та здійснити підбір батьківських пар для подальших робіт з відтворення (табл. 4).

Таблиця 4

Варіанти підбору батьківських пар плідників стерляді

Самиці ♀♀				Самці ♂♂			
Інвентаризаційний номер	Генотипи			Інвентаризаційний номер	Генотипи		
	LS-19	LS-68	LS-39		LS-19	LS-68	LS-39
2	A/F	Q/W	N/N	7	E/E	P/T	N/P
				12	E/E	P/V	N/O
14	A/F	T/U	N/N	12	E/E	P/V	N/O
				13	E/E	W/X	N/O
15	A/F	O/P	N/N	7	E/E	P/T	N/P
				13	E/E	W/X	N/O
				15	E/E	T/X	N/O
16	F/G	P/S	N/N	10	E/F	T/T	N/O
				15	E/E	T/X	N/O
17	A/F	T/T	N/O	18	E/E	R/R	N/N

Дані табл. 4 свідчать, що за альтернативними генотипами для самиць № 2 та № 15 оптимально відповідав самець № 7. Для самиці № 14 оптимальними були самці № 12 та № 13. Самиці № 15 за генотипами оптимально відповідали самці № 7, № 13 та № 15. Для самиці № 16 оптимальними були самці № 10 та № 15. Самиці № 17 за альтернативними генотипами відповідав самець № 18.

Таким чином, за отриманими результатами дослідження поліморфізму плідників стерляді за мікросателітними ДНК-маркерами, було здійснено оцінку генетичної структури досліджуваного виду риб. На основі встановлених індивідуальних відмінностей генотипів між плідниками, було проведено підбір батьківських пар для оптимізації подальших робіт зі штучного відтворення стерляді.

## 5. Висновки

Результати досліджень внутрішньовидового генетичного поліморфізму плідників стерляді за мікросателітними ДНК-маркерами показали, що досліджувана популяція стерляді знаходиться у збалансованому стані, що вказує на відсутність на даному етапі робіт з відтворення негативних наслідків впливу штучного розведення на генетичну структуру цього виду риб.

На основі визначених індивідуальних відмінностей алельних варіантів здійснено підбір і комбінування батьківських пар плідників стерляді за альтернативними генотипами. Дослідження подібного плану є важливою складовою у подальших роботах зі штучного відтворення осетрових риб з метою збереження генетичного різноманіття, уникнення негативних наслідків близькоспорідненого схрещування та підтримання високого рівня показників життєстійкості і продуктивності отриманого потомства.

Результати проведених досліджень можна рекомендувати до практичного застосування на виробництві як для внутрішньогосподарського, так і для міжгосподарського обміну та доповнення своїх ремонтно-маточних стад плідниками інших господарств з альтернативними генотипами, що дозволить оптимізувати роботи зі штучного відтворення та вирощування осетрових видів риб в умовах сучасного ведення аквакультури.

## Література

1. Челоміна, Г. Н. Дискримінація межвидових гібридів в природних популяціях осетрових риб амура с помощью мультилокусных *gapd\_pcr* маркерів [Текст] / Г. Н. Челоміна, К. В. Рожкован, С. А. Іванов // Цитология і генетика. – 2008. – № 5. – С. 61–71.

2. Баранникова, И. А. Проблема сохранения осетровых в современный период [Текст]: тезисы докладов междунар. конф. / И. А. Баранникова, С. И. Никоноров, А. Н. Белоусов // Осетровые на рубеже XXI века. – Астрахань, 2000. – С. 7–9.

3. Третяк, О. М. Стан запасів осетрових риб та розвиток осетрової аквакультури в Україні [Текст] / О. М. Третяк, Б. О. Ганкевич, О. М. Колос, Т. В. Яковлева // Рибогосподарська наука України. – 2010. – № 4. – С. 4–22.

4. Малишева, О. О. Генетична структура популяції стерляді (*Acipenser ruthenus*) за мікросателітними маркерами ДНК [Текст] / О. О. Малишева, В. Г. Спиридонов, С. Д. Мельничук // Вісник сумського національного аграрного університету: Серія «Тваринництво». – 2014. – Вип. 2/1 (24). – С. 212–215.

5. Малишева, О. О. Використання мікросателітних ДНК-маркерів для підбору та комбінування пар плідників стерляді та бестера [Текст] / О. О. Малишева, В. Г. Спиридонов, С. Д. Мельничук, Х. М. Курта // Науково-технічний бюлетень Інституту Біології тварин і ДМДКІ ветпрепаратів та кормових добавок. – 2014. – Вип. 15, № 2, 3. – С. 245–251.

6. Барминцева, А. Е. Использование микросателлитных локусов для установления видовой принадлежности осетровых (*Acipenseridae*) и выявления особей гибридного происхождения [Текст] / А. Е. Барминцева, Н. С. Мюге // Генетика животных. – 2013. – Т. 49, № 9. – С. 1093–1105.

7. Лесюк, М. И. Молекулярно-генетические исследования производителей стерляди [Текст] / М. И. Лесюк, О. Ю. Конева, Е. А. Ровба, А. М. Слуквин // Молекулярная и прикладная генетика. – 2012. – Т. 13. – С. 110–117.

8. Dudu, A. A. Microsatellites Variation in Sterlet Sturgeon, *Acipenser Ruthenus* from the Lower Danube [Text] / A. A. Dudu, S. E. Georgescu, A. Burcea, I. Florencu, M. Costache // Animal Science and Biotechnologies. – 2013. – Vol. 46, Issue 1. – P. 90–94.

9. Козлова, Н. В. Применение молекулярно-генетических исследований в аквакультуре осетровых рыб [Текст] / Н. В. Козлова, Н. Н. Базельюк, Д. Р. Файзулина, Е. В. Стоногина // Вестник АГТУ. Серия: Рыбное хозяйство. – 2013. – № 3. – С. 113–117.

10. Слуквин, А. М. Результаты популяционной идентификации производителей стерляди (*Acipenser ruthenus*) ОАО «Рыбхоз»Полесье» (Брестская область, Беларусь), полученные с помощью микросателлитного анализа ДНК [Текст] / А. М. Слуквин, О. Ю. Конева, М. И. Лесюк // Первая конференция молодых ученых NACEE. Вопросы аквакультуры. – 2009. – С. 46–47

11. May, B. Genetic variability at microsatellite loci in sturgeon: primer sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus* [Text] / B. May, C.C. Krueger, H.L. Kincaid // Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. – 1997. – Vol. 54, Issue 7. – P. 1542–1547. doi: 10.1139/cjfas-54-7-1542

12. Boom, R. Rapid and Simple Method for Purification of Nucleic Acids [Text] / R. Boom, C. Sol, M. Salimans et al. // Journal of clinical microbiology. – 1990. – Vol. 28. – P. 495–503.

13. Резникова-Галашевич, І. С. Генетична ідентифікація промислових видів риб [Текст] / І. С. Резникова-Галашевич, В. В. Степура, А. В. Шельов, В. Г. Спиридонов, П. П. Табака, С. Д. Мельничук, С. І. Алимов // Методичні рекомендації. – К.: Видавничий центр НУБіП України, 2011. – 35 с.

14. Kalinowski, S. T. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment [Text] / S. T. Kalinowski,

M. L. Taper, T. C. Marshall // Molecular Ecology. – 2007. – Vol. 16, Issue 5. – P. 1099–1106. doi: 10.1111/j.1365-294x.2007.03089.x

15. Marshall, T. C. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations [Text] / T. C. Marshall, J. Slate, L. E. B. Kruuk, J. M. Pemberton // Molecular Ecology. – 1998. – Vo. 7, Issue 5. – P. 639–655. doi: 10.1046/j.1365-294x.1998.00374.x

## References

1. Chelomina, G. N., Rozhkovan, K. V., Ivanov, S. A. (2008). Diskriminatsiya mezhvidovykh gibridov v prirodnykh populyatsiyakh osetrovykh ryb amura s pomoshch'yu mul'tilokusnykh rapd\_pcr markerov. Tsitologiya i genetika, 5, 61–71.

2. Barannikova, I. A., Nikonorov, S. I., Belousov, A. N. (2000). Problema sokhraneniya osetrovykh v sovremennyy period. Osetrovye na rubezhe KhKhI veka. Astrakhan', 7–9.

3. Tretjak, O. M., Ghankevych, B. O., Kolos, O. M., Jakovljeva, T. V. (2010). Stan zapasiv osetrovykh ryb ta rozvytok osetrovoji akvakul'tury v Ukraini. Rybogospodarsjka nauka Ukrainy, 4, 4–22.

4. Malysheva, O. O., Spyrudonov, V. Gh., Melnychuk, S. D. (2014). Ghenetychna struktura populjaciji sterljadi (*Acipenser ruthenus*) za mikrosatelitnymy markeramy DNK. Visnyk sumsjkogho nacionalnogho aghrarnogho universytetu: Serija «Tvarynnyctvo», 2/1 (24), 212–215.

5. Malysheva, O. O., Spyrudonov, V. Gh., Melnychuk, S. D., Kurta, Kh. M. (2014). Vykorystannya mikrosatelitnykh DNK-markeriv dlja pidboru ta kombinuvannya par plidnykiv sterljadi ta bestera. Naukovo-tehnychnyj bjuletenj Instytutu Biologhiji tvaryn i DMDKI vetpreparativ ta kormovykh dobavok, 15 (2, 3), 245–251.

6. Barmintseva, A. E., Myuge, N. S. (2013). Ispol'zovanie mikrosatelitnykh lokusov dlya ustanovleniya vidovoy prinaldzhnosti osetrovykh (*Acipenseridae*) i vyyavleniya osobey gibridnogo proiskhozhdeniya. Genetika zhivotnykh, 49 (9), 1093–1105.

7. Lesyuk, M. I., Koneva, O. Yu., Rovba, E. A., Slukvin, A. M. (2012). Molekulyarno-geneticheskie issledovaniya proizvoditeley sterlyadi. Molekulyarnaya i prikladnaya genetika, 13, 110–117.

8. Dudu, A. A., Georgescu, S. E., Burcea, A. Florencu, I., Costache, M. (2013). Microsatellites Variation in Sterlet Sturgeon, *Acipenser Ruthenus* from the Lower Danube. Animal Science and Biotechnologies, 46 (1), 90–94.

9. Kozlova, N. V., Bazelyuk, N. N., Fayzulina, D. R., Stonogina, E. V. (2013). Primenenie molekulyarno-geneticheskikh issledovaniy v akvakul'ture osetrovykh ryb. Vestnik AGTU. Seriya: Rybnoe khazyaystvo, 3, 113–117.

10. Slukvin, A. M., Koneva, O. Yu., Lesyuk, M. I. (2009). Rezul'taty populyatsionnoy identifikatsii proizvoditeley sterlyadi (*Acipenser ruthenus*) ОАО «Рыбхоз»Полесье» (Brestskaya oblast', Belarus'), poluchennyye s pomoshch'yu mikrosatelitnogo analiza DNK. Pervaya konferentsiya molodykh uchenykh NACEE. Voprosy akvakul'tury, 46–47.

11. May, B., Krueger, C. C., Kincaid, H. L. (1997). Genetic variation at microsatellite loci in sturgeon: primer sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus*. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 54 (7), 1542–1547. doi: 10.1139/cjfas-54-7-1542

12. Boom, R., Sol, C., Salimans, M. et al. (1990). Rapid and Simple Method for Purification of Nucleic Acids. Journal of clinical microbiology, 28, 495–503.

13. Rjezykova-Ghalashevych, I. S., Stepura, V. V., Sheljov, A. V., Spyrudonov, V. Gh., Tabaka, P. P., Mel-

jnychuk, S. D., Alymov, S. I. (2011). Ghenetychna identyfikacija promyslovykh vydiv ryb. Kyiv: Vydavnychyj centr NUBiP Ukrajinu, 35.

14. Kalinowski, S. T., Taper, M. L., Marshall, T. C. (2007). Revising how the computer program cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assign-

ment. *Molecular Ecology*, 16 (5), 1099–1106. doi: 10.1111/j.1365-294x.2007.03089.x

15. Marshall, T. C., Slate, J., Kruuk, L. E. B., Pemberton, J. M. (1998). Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology*, 7 (5), 639–655. doi: 10.1046/j.1365-294x.1998.00374.x

*Дата надходження рукопису 14.10.2015*

**Малишева Ольга Олексіївна**, науковий співробітник відділу молекулярно-діагностичних досліджень, Українська лабораторія якості та безпеки продукції АПК, вул. Машинобудівників, 7, смт. Чабани, Києво-Святошинський р-н, Київська обл., Україна, 08162  
E-mail: malisheva.sirota@gmail.com

**Курта Христина Миколаївна**, аспірант, кафедра розведення, селекції та репродуктивної біотехнології тварин, Національний університет біоресурсів і природокористування України, вул. Героїв Оборони, 15, м. Київ, Україна, 03041  
E-mail: khrystyna.kurta@gmail.com

**Калакайло Любов Іванівна**, кафедра іхтіології, Національний університет біоресурсів і природокористування України, вул. Героїв Оборони, 15, м. Київ, Україна, 03041

**Шинкаренко Лариса Миколаївна**, провідний фахівець відділу молекулярно-діагностичних досліджень, Українська лабораторія якості та безпеки продукції АПК, вул. Машинобудівників, 7, смт. Чабани, Києво-Святошинський р-н, Київська обл., Україна, 08162  
E-mail: ІВК\_line@mail.ru

**Спиридонов Владислав Геннадійович**, доктор сільсько-господарських наук сільськогосподарських наук, завідувач відділу молекулярно-діагностичних досліджень, Українська лабораторія якості та безпеки продукції АПК, вул. Машинобудівників, 7, смт. Чабани, Києво-Святошинський р-н, Київська обл., Україна, 08162  
E-mail: spirydonov@ukr.net