

С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университетінің Ғылым жаршысы (пәнаралық) = Вестник науки Казахского агротехнического университета им. С.Сейфуллина (междисциплинарный). - 2022. - №3 (114). –Ч.1. - Б. 211-221

ТҰҚЫНЫҢ МОЛЕКУЛАЛЫҚ-ГЕНЕТИКАЛЫҚ ТАЛДАУЫ

Асылбекова Айнур Серикбаевна

*Ауылшаруашылығы ғылымдарының кандидаты,
қауымдастырылған профессор*

*С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университеті
Нұр-Сұлтан қ., Қазақстан
E-mail: gamily-05@mail.ru*

Баринова Гулназ Калдыбаевна

Биология ғылымдарының кандидаты

*С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университеті
Нұр-Сұлтан қ., Қазақстан
E-mail: gul_b83@mail.ru*

Аубакирова Гульжан Аманжоловна

PhD, қауымдастырылған профессор

*С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университеті
Нұр-Сұлтан қ., Қазақстан
E-mail: gulzhikk@bk.ru*

Мусина Айнура Даниаровна

*С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университеті
Нұр-Сұлтан қ., Қазақстан
E-mail: ms.ikrambaeva@mail.ru*

Түйін

Біздің елімізде балықтардың популяциясын молекулалық-генетикалық деңгейде зерттеу бастапқы кезеңде. Құнды балық түрлерінің ядролық микросателлиттік ДНҚ-маркерлері бойынша қалыптастырылатын деректер базасы жобаны орындау нәтижесінде балықтардың генетикалық полиморфизмі туралы деректерді және жасанды түрде молайту үшін жаңа биотехнологиялық тәсілдерді құру мүмкіндігін ұсынады. Молекулалық-генетикалық зерттеу жүргізу мақсатында Қарағанды балық питомнигінен тұқы балық отырғызу материалының үлгілері алынды. Сынамалар тірі балықтардың кеуде қанатының фрагментін кесу арқылы алынды және 96% этил спиртінде бекітілді. Тұқының микросателлиттік локустарының аллельдік полиморфизмін анықтау бойынша зерттеулер жүргізілді. Сыналған микросателлиттік праймерлердің ішінен

полиморфты болып келесі бес жұп анықталды: Cca30, Koi49-50, Koi75-76, Hlj1080, Hlj1123. Тұқының генетикалық әртүрлілігін зерттеу үшін олигонуклеотидті праймерлер талданды және таңдалды. Қарағанды балық питомнигіндегі тұқы балық отырғызу материалынан ДНҚ бөлініп тазартылды, оның сапасы агарозды гельмен электрофорезде тексерілді. Зерттеу нәтижесі бойынша тұқыға генетикалық талдау жасау үшін полиморфты локустар панелі, сонымен қатар микросателлиттік аллельдердің өлшемі мен кездесу жиілігі анықталды. ҒЗЖ-ның техникалық-экономикалық деңгейін осы саладағы үздік жетістіктермен салыстыру нәтижесінде молекулалық-генетикалық әдістерді пайдалана отырып, балықтардың шаруашылық маңызы бар түрлерінің гендік қорын зерттеу балық шаруашылығын дамытудың маңызды міндеттерінің бірі болып табылатыны анықталды. ДНҚ тізбегін талдау, микросателлиттік локустардың аллельді полиморфизмі негізінде популяциялардың генетикалық құрылымын зерттеп, аквакультурада жасанды балық өсірудің дамуына ықпал етуге болады.

Кілт сөздер: тұқы; Қарағанды балық питомнигі; молекулалық-генетикалық талдау; микросателлиттік локус; ДНҚ; праймер.

Кіріспе

Құнды балық түрлерінің саны мен генетикалық әртүрлілігінің төмендеуі су объектілерінің шамадан тыс аулануымен және экологиялық жағдайының нашарлауымен байланысты. Балықтардың тіршілік ету ортасына антропогендік қысымның артуы популяция аралық және популяция ішілік қарым-қатынастардың терең өзгеруіне, өндірушілер санының азаюына, полиморфты локустарға, гетерозиготаның төмендеуіне және сирек аллельдердің жойылуына алып келеді.

Молекулалық генетика, микросателлиттік талдау, ПТР деректерін статистикалық талдау әдістерін қолдана отырып, генетикалық әртүрлілікті бағалау, жекелеген түрлерді түрлік сәйкестендіру үшін ДНҚ маркерлерін іріктеу және әзірлеу, өндірушілер үшін генетикалық төлқұжаттарды әзірлеу жануарларды жасанды өсіру жағдайында

генетикалық әртүрлілікті басқаруға мүмкіндік береді [1-3].

Соңғы жылдары балықтардың популяциялық зерттеулері үшін молекулалық генетика әдістері көбірек қолданыла бастады. Морфологиямен бірге ДНҚ маркерлеріне негізделген популяциялық-генетикалық талдау әдістері қолданылады. Генетикалық өзгергіштікті бақылау үшін микросателлитті ДНҚ маркерлері қолданылады, олардың көмегімен генетикалық құрылымды зерттеп қана қоймай, сонымен қатар балық өнімдерін, оның шығу тегін анықтау мүмкін болады [4-6].

Балық популяциясының генетикалық полиморфизмін сақтау белгілі бір экологиялық жағдайларға бейімделген әртүрлі жастағы топтар болған кезде қамтамасыз етіледі, бұл жағдай популяцияның бейімделу қасиеттерін қамтамасыз етеді, осыған байланысты құнды балық түрлерін жасанды көбейту

тұрғысынан генетикалық зерттеулер жүргізу маңызды.

Тауарлы балық өсіру объектілері болып табылатын балықтардың бағалы шаруашылық белгілерін ұстап тұру үшін балық өсіру шаруашылықтарында селекциялық-асыл тұқымдық жұмысты мақсатты жүргізу, аквакультурада өсіру үшін өнімді ремонттық аналық табындарды құру, ұрпақ алу жөніндегі жұмыстарды жүргізу кезінде инбридингті болдырмау қажет. Шаруашылық қызметтің бұл бағыты балық генетикасының негіздерін білмей, тауарлы балық өсіру саласында генетикалық зерттеулер жүргізу мүмкін емес. Осыған байланысты молекулалық-генетикалық әдістерді

Материалдар мен әдістер

Қойылған мақсатты шешу үшін молекулалық-генетикалық әдістер қолданылды. Қарағанды балық питомнигінің тұқы балық отырғызу материалынан 30 үлгілер алынды. Тұқы сынамалары материалды жинау орындарында 96% этил спиртіде бекіте отырып, тірі балықтардың кеуде қанатының фрагментін кесу арқылы алынды. Үлгілерден ДНҚ бағандарда тазарту арқылы бөлінді, ДНҚ концентрациясы мен сапасы спектрофотометрде және агарозды геледе анықталды.

Нуклеин қышқылдарының қосындысының шығуы және оларды тазарту сапасы спектрофотометрдегі оптикалық сипаттамалары бойынша анықталды. Ол үшін ДНҚ

пайдалана отырып, сазан/тұқы сияқты құнды балық түрлерінің гендік қорын зерттеу, гидробионттардың биоалуантүрлілігін сақтау, Қазақстанда балық шаруашылығын дамытуда және азық-түлік қауіпсіздігін нығайтуда осы тақырыптың өзектілігін айқындайды [7-9].

Ғылыми жұмыстың мақсаты тұқының генетикалық құрылымын зерттеу болып табылады. Алға қойылған мақсатты шешу олардың генетикалық құрылымын зерттеу үшін полиморфты аллельдерді тауып, тұқының молекулалық жарамды полиморфты микросателлитті локустарын анықтауға мүмкіндік береді.

препараттары 100 рет иондалған сумен сұйылтылды, ДНҚ ерітінділерінің оптикалық тығыздығын өлшеу 260 және 280 нм жүргізілді. Толқын ұзындығы 260 нм болатын ДНҚ ерітіндісінің сінуін өлшеу оның сынамадағы концентрациясын есептеуге мүмкіндік береді, өйткені $D=1$ оптикалық тығыздығы шамамен 50 мкг/мл қос тізбекті ДНҚ-ға және 40 мкг/мл бір тізбекті ДНҚ-ға сәйкес келеді және праймерлер мен зондтардың концентрациясын анықтауға жарамды.

Молекулалық-генетикалық зерттеулер жалпы қабылданған әдістерге сәйкес жүргізілді: полимеразды тізбекті реакция (ПТР) [10-11].

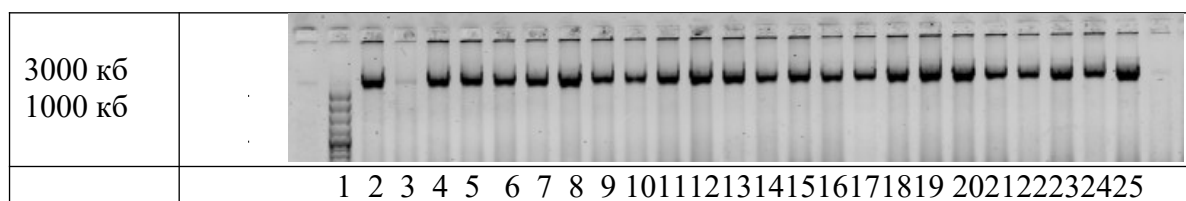
Нәтижелер

Молекулалық-генетикалық талдау жүргізу үшін сынамаларды іріктеу Қарағанды балық питомнигінен тұқы балық отырғызу материалынан үлгілер алынды. Тұқы қанаттарының іріктелген 30 үлгісінен ДНҚ оқшауланған және тазартылған. ДНҚ-ын оқшаулау және тазарту лизингті буферді, 2 мМ ЭДТА, сондай-ақ 40 мкл 20% SDS және 5 мкл «К» (10 мг/мл) протеиназасын қолдану арқылы жүргізілді. Ақуыздар мен полисахаридтерден тазарту 6 М натрий хлориді ерітіндісімен тұздау арқылы жүргізілді. Центрифугалаудан кейін супернатанттағы ДНҚ изопропанолмен тұндырылып, 70%

этил спиртімен қайта тұндырылды. Кептірілген ДНҚ тұнбасы деионизацияланған суда немесе 10 мМ Трис-НС1, 1 мМ ЭДТА, рН 7,4 буферде ерітілді.

ДНҚ-ның оқшауланған үлгілері 1,8-1,9 аралығында Д260/Д280 болды, бұл РНҚ мен ақуыз қоспалары жоқ таза ДНҚ препараттарының көрсеткіштеріне сәйкес келеді.

Алынған ДНҚ сынамалары агарозды гелге түсіріліп, көлденең электрофорез әдісімен бөлінудің тазалығы мен сапасына тексерілді. 1-суретте 24 үлгідегі № 2-25 аралығында тұқының оқшауланған және тазартылған ДНҚ көрсетілген.



1-сурет - Тұқының ДНҚ үлгілерінің электрофорограммасы

1-суреттен бөлінген ДНҚ бөліну жиілігі мен сандық шығысы бойынша ПТР жүргізу талаптарына сәйкес келетіндігін көруге болады. Таңдалған STR маркерлерімен ПТР өңдеу.

Арнайы STR тұқы праймерлерімен полимеразды тізбекті реакцияны жүргізу шарттары пысықталды. Зерттелетін ДНҚ концентрациясы пысықталды, микросателлиттік талдау үшін праймерлер таңдалды, праймерлердің концентрациясы, праймерлердің балқу температурасы, ДНҚ полимеразасының сапасы, магний

иондарының дезоксинуклеотид трифосфаттарының концентрациясы және термоциклдену таңдалды.

Күшейту үшін келесі компоненттер қажет:

- ДНҚ, ұзындығы 15-35 базалық жұптан басталатын праймерлер, анықталған нақты фрагмент шекарасындағы ДНҚ тізбегін толықтыратын, дезоксинуклеотид трифосфаттар қоспасы, Тақ-полимераза ферменті және буферлік ерітінді.

Осылайша, күшейту соңғы көлемде 20 мкл [75 мМ Трис-НС1 (рН 8,6); 15,6 мМ (NH₄)₂SO₄; 1,5 мМ MgCl₂]; әр дезоксирибонуклеозид

трифосфаттың 150 мкМ; FAM, HEX немесе TAMRA флуоресцентті бояғышпен 5'соңында өзгертілген 2 пкМ праймер; 5 пкМ кері праймер;

1,5 мкл (50-100 нг) ДНҚ матрицасы және 0,2 мкл немесе 1,2 бірлік Тақ-полимераза 1-кестеде көрсетілген келесі схема бойынша жүргізілді.

1-кесте. Тұқының ДНҚ-на ПТР талдауын жүргізу тәртібі

№	Температура	Уақыт	Процесс	Цикл саны
1	95 °С	5 мин	ДНҚ-ның алдын-ала денатурациясы	1
2	92 °С	15 сек	Балқыту	36
3	55 °С	45 сек	Праймерлерді күйдіру	
4	73 °С	55 сек	ДНҚ синтезі	
5	73 °С	4 мин	синтезге дейін ДНҚ	1

Микросателлитті локустарды таңдау.

Зерттелген аквакультура объектісіне микросателлиттік талдау үшін тұқының микросателлиттік локустарының аллельдік полиморфизмін зерттеу бойынша зерттеулер жүргізілді және полиморфты STR локустарының панельдері анықталды.

Әдеби көздерден микросателлиттік локустар таңдалды: Са01, Сса30, Коi17-18, Коi49-50, Коi55-56, Коi75-76, Коi79-

80, Коi83-84, Нj1080, Нj1123, Нj1145b, Нj1159 [1]. 12 локусты сынақтан өткізгеннен кейін тұқының генетикалық әртүрлілігін зерттеу үшін бес олигонуклеотидті праймер таңдалды.

Сыналған микросателлиттік праймерлердің ішінен полиморфты болып келесі бес жұп анықталды: Сса30, Коi49-50, Коi75-76, Нj1080, Нj1123. Праймерлердің реттілігі және әрбір микросателлиттік локус үшін басқа да сипаттамалар 2-кестеде келтірілген.

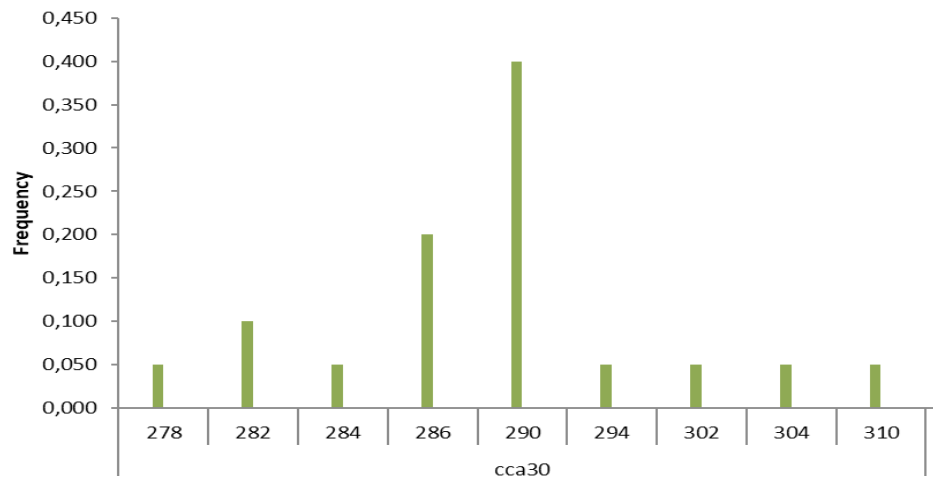
2-кесте. Микросателлиттік праймерлердің сипаттамасы

Локус атауы	Тікелей праймер (5'-3') (праймердің 5' соңынан флуоресцентті белгі)	Кері праймер (5'-3')
Нj1080	(R6G)-acacatgggctttggcat	actggtgcttttcgagagagt
Нj1123	(R6G)-agaccgtacacctcaacct	gagaacaggcattttcctgctgg
Сса30	(FAM)-cgctcttcttactctacac	ttgcctctaagcttgatttt
Коi49-50	(FAM)-cagaggggaagaagtgag	ggacaaggatttcagaca
Коi75-76	(FAM)-cctgaaaaaagacataata	aataaactgcctaccatac

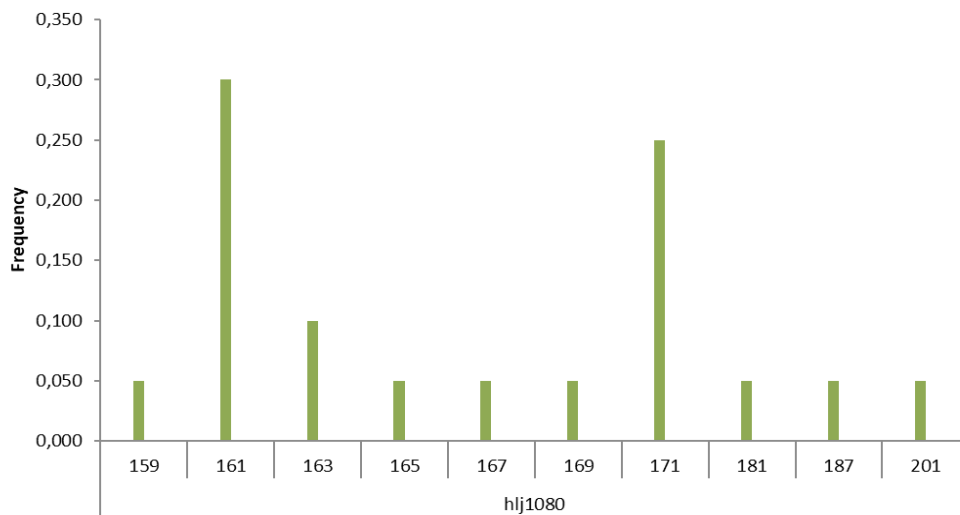
2-кестеде ДНҚ ПТР талдауы үшін тікелей және кері праймерлер көрсетілген.

Қарағанды балық питомнигіндегі тұқы *Cyprinus carpio* балық отырғызу материалының микросателиттері бойынша генетикалық әртүрлілігі 2-б-

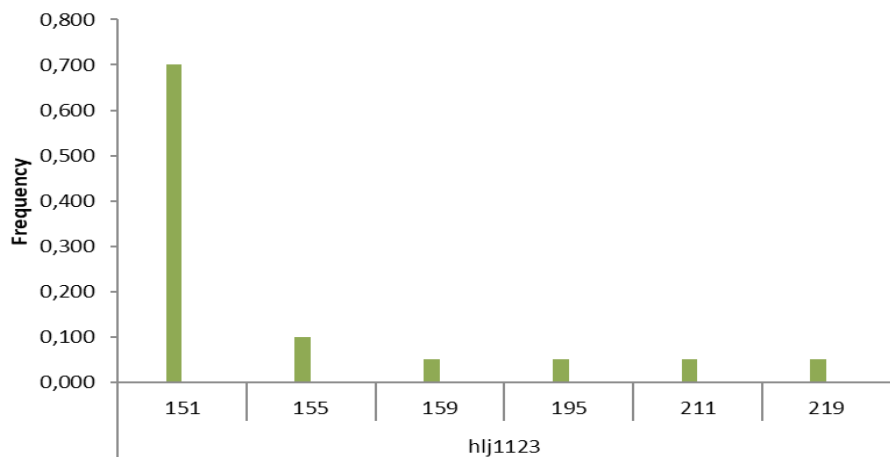
суреттерде көрсетілген. Аллельдердің өлшемдері (көлденең) және әр аллельдің кездесу жиілігі (тігінен) көрсетілген.



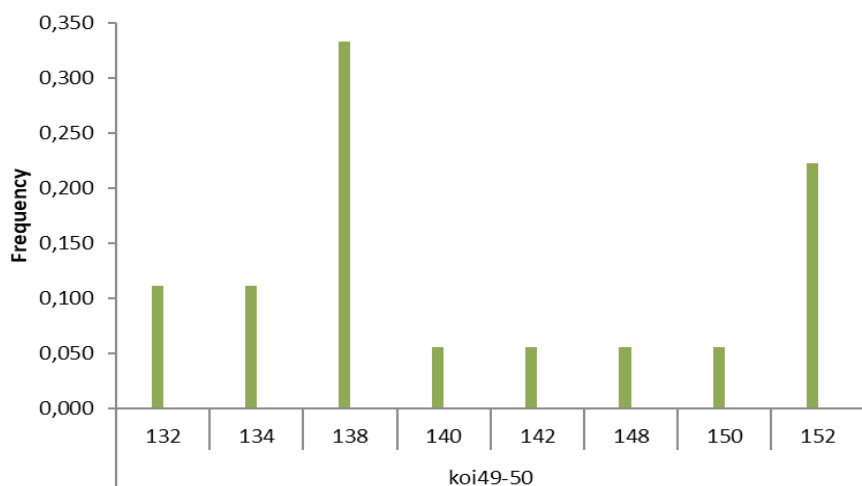
2-сурет – Cca 30 микросателлиттік локусы



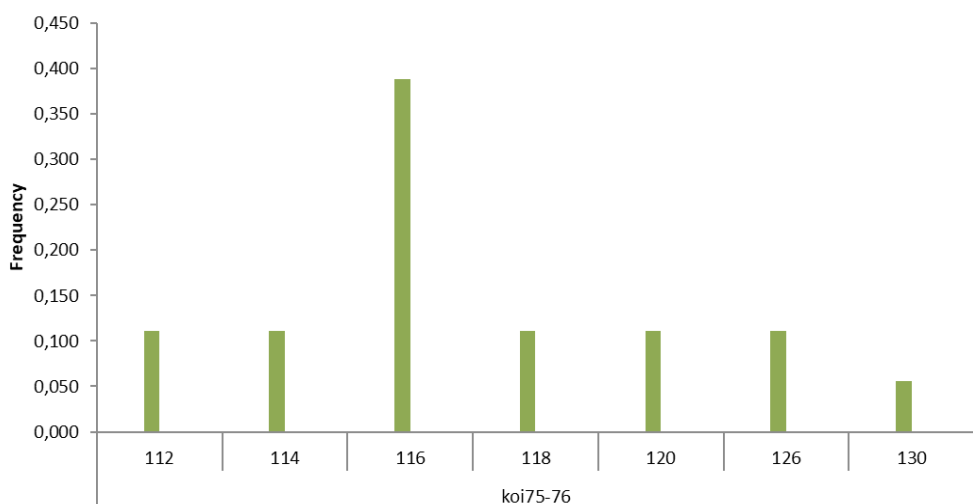
3-сурет – Hlj 1080 микросателлиттік локусы



4-сурет – Hlj 1123 микросателлиттік локусы



5-сурет – Koi 49-50 микросателлиттік локусы



6-сурет – Koi 75-76 микросателлиттік локусы

2-6 суреттерден Қарағанды балық питомнигінің талданған тұқы үлгілерінде 5 локус бойынша аллельдердің ең көп саны 6-дан 10-ға дейін болатындығын көруге болады.

Талқылау

Тұқы ДНҚ полиморфизмін зерттеу үшін таңдалған микросателлиттік локустарды талдау нәтижелері Csa 30, Hlj 1080, Hlj 1123, Koi 49-50 және Koi 75-76 локустары құнды балық түрлерінің ремонттық аналық табындарын қалыптастыру кезінде генетикалық өзгергіштікті талдау үшін қолдануға болатындығын көрсетеді. Микросателлиттік локустардың сипаттамасы 3-кестеде келтірілген

3-кесте. Микросателлиттік локустардың сипаттамасы

№	Локус атауы	Аллельдер саны	Аллельдердің көлемдері (нуклеотидтер жұбы)	Аллель жиілігі (сәйкесінше)
1	Csa 30	9	278, 284, 286, 290, 292, 294, 308, 310, 314	0,182; 0,023; 0,091; 0,500; 0,068; 0,068; 0,023; 0,023; 0,023
2	Hlj 1080	9	159, 161, 163, 135, 169, 171, 173, 181, 183	0,021; 0,417; 0,021; 0,042; 0,042; 0,250; 0,021; 0,146; 0,042
3	Hlj 1123	6	151, 155, 159 171, 195, 211	0,604; 0,042; 0,021; 0,063; 0,021; 0,250
4	Koi 49-50	9	132, 136, 138, 140, 148, 150, 152, 156, 164	0,042; 0,479; 0,146; 0,021; 0,021; 0,021; 0,188; 0,021; 0,063
5	Koi 75-76	6	114 ,116, 118, 122, 130, 136	0,048; 0,286; 0,143; 0,119; 0,167; 0,238

Микросателлиттік локустардың сипаттамалары іріктелетін құнды балық түрлерін генотиптеу кезінде жасанды көбейту, ремонттық аналық табындарын қалыптастыру және т.б. мақсатта пайдаланылуы мүмкін.

Ғылыми зерттеу жұмысының нәтижелерін практикада пайдалану үшін зерттелетін құнды балық түрлері популяциясының генетикалық әртүрлілігін бағалау

Қорытынды

Тұқы тұқымының генетикалық әртүрлілігін зерттеу үшін олигонуклеотидті праймерлер талданды және таңдалды. Қарағанды балық питомнигінің тұқы балық отырғызу материалынан ДНҚ бөлініп, тазартылды; оның сапасы агарозды геледегі электрофорезбен тексерілді. Микросателлиттік талдау жүргізіліп, тұқы генетикалық талдауы үшін полиморфты локустар панелі, микросателлиттік аллельдердің өлшемдері мен кездесу жиілігі анықталды.

үшін анықталған олигонуклеотидті праймерлер мен полиморфты микросателлитті локустар панелін қолдану және жасанды өсімін молайту, биоалуантүрлілікті сақтау, су айдындарында тұрақты балық аулау және елдегі азық-түлік қауіпсіздігін нығайту үшін балық өндірушілер мен аналықты іріктеу кезінде талдау нәтижелерін басшылыққа алу қажет.

Енгізудің техникалық-экономикалық тиімділігі STR праймерлер панелін қолдана отырып, зерттелген құнды балық түрлерінің генетикалық әртүрлілігін және полиморфты микросателлиттік локустардың аллельдік әртүрлілігін анықтауда көрінеді.

ҒЗЖ-ның техникалық-экономикалық деңгейін осы саладағы үздік жетістіктермен салыстыру нәтижесінде молекулалық-генетикалық әдістерді пайдалана отырып, балықтардың шаруашылық маңызы бар түрлерінің

гендік қорын зерттеу ҚР балық шаруашылығын дамытудың маңызды міндеттерінің бірі болып табылатыны анықталды. ДНҚ тізбегін талдау, микросателлиттік локустардың аллельді полиморфизмі

негізінде популяциялардың генетикалық құрылымын зерттеп, аквакультурада жасанды балық өсірудің дамуына ықпал етуге болады.

Қаржыландыру туралы ақпарат

Ғылыми жұмыс 2021-2023 жылдарға арналған ғылыми-техникалық жобалар бойынша жас ғалымдарды гранттық қаржыландыру жобасы шеңберінде №АР09058175 «Қазақстан құнды балықтарының репродуктивті жасушаларының криобанкін құру» тақырыбы бойынша орындалды.

Алғыс білдіру

Мақала авторлары Қарағанды балық питомнигі басшылығына молекулалық-генетикалық талдау жүргізуде тұқы үлгілерін алуға көмек көрсеткені үшін алғыс білдіреді.

Әдебиеттер тізімі

1 Kohlmann, K. Isolation and characterization of nine microsatellite loci from the pike-perch, *Sander lucioperca* (Linnaeus, 1758) [Text] / K. Kohlmann, P. Kersten / *Molecular Ecology Resources*, - 2008. - Vol.8. - P. 1085 - 1087.

2 Khurshut, E. Application of nine species-specific microsatellite loci to characterize three pike-perch (*Sander lucioperca*) populations from the Aral Sea basin in Uzbekistan [Text] / E. Khurshut, K. Kohlmann / *Environmental biotechnology*, - 2009. - Vol.5 (1). - P. 3 - 10.

3 Leclerc, D. Isolation and characterization of microsatellite loci in the yellow perch (*Perca flavescens*), and cross-species amplification within the family Percidae [Text] / D. Leclerc, T. Wirth, L. Bernatchez / *Molecular Ecology*, - 2000. - Vol.9. - P. 995 - 997.

4 Björklund, M. Genetic differentiation in pikeperch (*Sander lucioperca*): the relative importance of gene flow, drift and common history [Text] / M. Björklund, T. Aho, L.C. Larsson / *Journal of Fish Biology* 71 (Supplement B), -2007. - Vol.71. - P. 264 - 278.

5 Gharibkhani, M. Population Genetic Structure of Pikeperch (*Sander lucioperca* Linnaeus, 1758) in the Caspian Sea Using Microsatellite Markers [Text] / M. Gharibkhani, M. Pourkazemi, M. Soltani, S. Rezvani, L. Azizzadeh / *Journal of Fisheries and Aquatic Science*, - 2009. - Vol.4 (3). - P. 161 - 168.

6 Ji, P. High throughput mining and characterization of microsatellites from common carp genome [Text] / P. Ji et al. / *Int. J. Mol. Sci*, -2012. - Vol.13. - P. 9798 - 9807.

7 Zhang, X. A consensus linkage map provides insights on genome character and evolution in common carp (*Cyprinus carpio* L.) [Text] / X. Zhang et al. / *Mar. Biotechnol. (NY)*, - 2013. - Vol.15. - P. 275 - 312.

8 Zheng, X. A genetic linkage map and comparative genome analysis of common carp (*Cyprinus carpio* L.) using microsatellites and SNPs [Text] / X. Zheng et al. / *Mol. Genet. Genomics*, - 2011. - Vol.286. - P. 261 – 277.

9 David, L. Recent duplication of the common carp (*Cyprinus carpio* L.) genome as revealed by analyses of microsatellite loci [Text] / L. David, S. Blum, M.W. Feldman, U. Lavi & J. Hillel / *Mol. Biol. Evol.*, - 2003. -Vol.20. - P. 1425-1434.

10 Маниатис, Т. Методы генетической инженерии. Молекулярное клонирование [Текст] / Т. Маниатис, Э. Фритч, Дж. Сэмбрук / М.: Мир, 1984. - С. 159-172.

11 Mullis, K. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction [Text] / K. Mullis, F. Faloona, S. Scharf / *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.* - 1986. - Vol.5. - P.263 - 273.

References

1 Kohlmann, K. Isolation and characterization of nine microsatellite loci from the pike-perch, *Sander lucioperca* (Linnaeus, 1758) [Text] / K. Kohlmann, P. Kersten / *Molecular Ecology Resources*, - 2008. - Vol.8. - P. 1085 - 1087.

2 Khurshut, E. Application of nine species-specific microsatellite loci to characterize three pike-perch (*Sander lucioperca*) populations from the Aral Sea basin in Uzbekistan [Text] / E. Khurshut, K. Kohlemann / *Environmental biotechnology*, - 2009. - 5 (1). - P. 3 - 10.

3 Leclerc, D. Isolation and characterization of microsatellite loci in the yellow perch (*Perca flavescens*), and cross-species amplification within the family Percidae [Text] / D. Leclerc, T. Wirth, L. Bernatchez / *Molecular Ecology*, - 2000. - Vol.9. - P. 995 - 997.

4 Björklund, M. Genetic differentiation in pikeperch (*Sander lucioperca*): the relative importance of gene flow, drift and common history [Text] / M. Björklund, T. Aho, L.C. Larsson / *Journal of Fish Biology* 71 (Supplement B), -2007. - Vol.71.- P. 264 - 278.

5 Gharibkhani, M. Population Genetic Structure of Pikeperch (*Sander lucioperca* Linnaeus, 1758) in the Caspian Sea Using Microsatellite Markers [Text] / M. Gharibkhani, M. Pourkazemi, M. Soltani, S. Rezvani, L. Azizzadeh // *Journal of Fisheries and Aquatic Science*. - 2009. - Vol.4 (3). - P. 161 - 168.

6 Ji, P. High throughput mining and characterization of microsatellites from common carp genome [Text] / P. Ji et al. // *Int. J. Mol. Sci.* -2012. - Vol.13. - P. 9798 – 9807.

7 Zhang, X. A consensus linkage map provides insights on genome character and evolution in common carp (*Cyprinus carpio* L.) [Text] / X. Zhang et al. / *Mar. Biotechnol. (NY)*, - 2013. - Vol.15. - P. 275 – 312.

8 Zheng, X. A genetic linkage map and comparative genome analysis of common carp (*Cyprinus carpio* L.) using microsatellites and SNPs [Text] / X. Zheng et al. / *Mol. Genet. Genomics*, - 2011. - Vol.286. - P. 261 – 277.

9 David, L. Recent duplication of the common carp (*Cyprinus carpio* L.) genome as revealed by analyses of microsatellite loci [Text] / L. David, S. Blum,

M.W. Feldman, U. Lavi & J. Hillel / Mol. Biol. Evol, - 2003. - Vol.20. - P. 1425 – 1434.

10 Maniatis, T. Metody geneticheskoy inzhenerii. Molekuljarnoe klonirovanie [Tekst] / T. Maniatis, JE. Fritch, Dzh. Sjembruk / M.: Mir, 1984. - S. 159-172.

11 Mullis, K. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction [Text] / K. Mullis, F. Faloona, S. Scharf / Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol. - 1986. - Vol.5. - P.263 - 273.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ КАРПА

Асылбекова Айнур Серикбаевна

Кандидат сельскохозяйственных наук,

ассоциированный профессор

Казахский агротехнический университет им. С. Сейфуллина

г. Нур-Султан, Казахстан

E-mail: gamily-05@mail.ru

Баринова Гулназ Калдыбаевна

Кандидат биологических наук

Казахский агротехнический университет им. С. Сейфуллина

г. Нур-Султан, Казахстан

E-mail: gul_b83@mail.ru

Аубакирова Гульжан Аманжоловна

PhD, ассоциированный профессор

Казахский агротехнический университет им. С. Сейфуллина

г. Нур-Султан, Казахстан

E-mail: gulzhikk@bk.ru

Мусина Айнура Даниаровна

Казахский агротехнический университет им. С. Сейфуллина

г. Нур-Султан, Казахстан

E-mail: ms.ikrambaeva@mail.ru

Аннотация

Исследования популяций рыб на молекулярно-генетическом уровне в нашей стране находятся на начальном этапе. Формируемая база данных по ядерным микросателлитным ДНК-маркерам ценных видов рыб в результате выполнения проекта представит данные о генетическом полиморфизме рыб и возможность создания новых биотехнологических подходов для их искусственного воспроизводства. В целях проведения молекулярно-генетического исследования были взяты образцы рыбопосадочного материала карпа Карагандинского рыбопитомника. Пробы отбирались прижизненно,

отсекался фрагмент плавника далее консервация в 96% этиловом спирте. Были проведены исследования по изучению аллельного полиморфизма микросателлитных локусов карпа. Из опробованных микросателлитных праймеров полиморфными были определены следующие пять пар: Csa30, Koi49-50, Koi75-76, Hlj1080, Hlj1123. Проведен анализ и подобраны олигонуклеотидные праймеры для изучения генетического разнообразия карпа. Из рыбопосадочного материала карпа Карагандинского рыбопитомника выделена и очищена ДНК; качество которой проверено электрофорезом в агарозном геле. В результате выявлена панель полиморфных локусов для генетического анализа карпа, определены размеры и частота встречаемости микросателлитных аллелей. В результате сравнения технико-экономического уровня выполненной НИР с лучшими достижениями в данной области было установлено, что изучение генофонда хозяйственно значимых видов рыб с использованием молекулярно-генетических методов является одной из важных задач развития рыбного хозяйства. На основе анализа последовательности ДНК, аллельного полиморфизма микросателлитных локусов удастся изучать генетическую структуру популяций и способствовать развитию искусственного разведения рыб в аквакультуре.

Ключевые слова: карп; Карагандинский рыбопитомник; молекулярно-генетический анализ; микросателлитный локус; ДНК; праймер.

MOLECULAR GENETIC ANALYSIS OF CARP

Assylbekova Ainur Serikbaevna
Candidate of Agricultural Sciences,
associate professor

S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University
Nur-Sultan, Kazakhstan
E-mail: gamily-05@mail.ru

Barinova Gulnaz Kaldybayevna
Candidate of Biological Sciences

S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University
Nur-Sultan, Kazakhstan
E-mail: gul_b83@mail.ru

Aubakirova Gulzhan Amanzholovna
PhD, associate professor

S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University
Nur-Sultan, Kazakhstan
E-mail: ihtiojax@mail.ru

Mussina Ainura Daniyarovna

S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University
Nur-Sultan, Kazakhstan

Abstract

Studies of fish populations at the molecular genetic level in our country are at the initial stage. The database being formed on nuclear microsatellite DNA markers of valuable fish species as a result of the project will present data on the genetic polymorphism of fish and the possibility of creating new biotechnological approaches for their artificial reproduction. In order to conduct a molecular genetic study, samples of the carp planting material of the Karaganda fish nursery were taken. Samples were taken in vivo, a fragment of the fin was cut off, then preservation in 96% ethyl alcohol. Studies have been conducted to study the allelic polymorphism of microsatellite loci of carp. From the tested microsatellite primers, the following five pairs were identified as polymorphic: Ca 30, Koi 49-50, Koi 75-76, Hlj1080, Hlj1123. Oligonucleotide primers were analyzed and selected to study the genetic diversity of carp. DNA was isolated and purified from the fish-planting material of the carp of the Karaganda fish nursery; the quality of which was checked by electrophoresis in agarose gel. As a result, a panel of polymorphic loci for genetic analysis of carp was identified, the sizes and frequency of occurrence of microsatellite alleles were determined. As a result of comparing the technical and economic level of the research performed with the best achievements in this field, it was found that the study of the gene pool of economically significant fish species using molecular genetic methods is one of the important tasks of the development of fisheries. Based on the analysis of DNA sequence, allelic polymorphism of microsatellite loci, it is possible to study the genetic structure of populations and promote the development of artificial fish breeding in aquaculture.

Key words: carp; Karaganda fish nursery; molecular genetic analysis; microsatellite locus; DNA; primer.