

Генетическая изменчивость исходного стада внутри породного типа породы сарбоянский карп (*Cyprinus carpio* L.) на основе фрагмента гена цитохром оксидаза I митохондриальной ДНК

DOI: 10.37663/0131-6184-2023-5-

Научная статья
УДК 639.371.5 /575.22

Морузи Ирина Владимировна – доктор биологических наук, профессор, зав. кафедрой биологии, биоресурсов и аквакультуры, @ moruzi@ngs.ru, Новосибирск, Россия

Елисева Елизавета Андреевна – аспирант кафедры биологии, биоресурсов и аквакультуры, @ e.e-2@mail.ru, Новосибирск, Россия

Разоков Наимджон Насимджонович – аспирант кафедры биологии, биоресурсов и аквакультуры, @ naimchon_1999@mail.ru, Новосибирск, Россия

Бочкарев Николай Анатольевич – доктор биологических наук, старший научный сотрудник Научно-исследовательской группы физиологии и генетики гидробионтов Института систематики и экологии животных Сибирского отделения Российской академии наук, @ Nikson_1960@mail.ru, Новосибирск, Россия

Пищенко Елена Витальевна – доктор биологических наук, профессор, профессор кафедры биологии, биоресурсов и аквакультуры, @ epishenko@ngs.ru, Новосибирск, Россия –

Новосибирский государственный аграрный университет

Адреса:

630039, г. Новосибирск, ул. Добролюбова, 160 – Новосибирский государственный аграрный университет
630091, Новосибирск, Россия, ул. Фрунзе, д. 11 – Институт систематики и экологии животных Сибирского отделения Российской академии наук

Аннотация.

В современном исследовании эволюционных и таксономических связей рыб митохондриальный геном используется из-за своего небольшого размера и высокой скорости мутаций, по сравнению с ядерным геномом. Исследование мтДНК помогает выявить географические и генетические закономерности, а также – происхождение видов, пород и разновидностей. В настоящей работе было изучено генетическое разнообразие стада сарбоянского карпа северного типа с использованием фрагмента COX1 митохондриальной ДНК, а также проанализированы филогенетические связи между современными породами, подвидами и видами рода *Cyprinus*. У проанализированных гаплотипов сарбоянского карпа, разводимого в Мошковском районе в хозяйстве ООО «ЭКО-ПАРК» выявлены относительно невысокие показатели генетического полиморфизма. Филогенетический анализ, проведенный на основе собственных гаплотипов и гаплотипов, взятых из международной базы данных NCBI, позволяет утверждать, что сарбоянский карп представляет собой глубоко гибридную группировку, что подтверждает известные данные о происхождении данной породы. Исследование медианной сети гаплотипов показало, что гаплотипы карпа и дикого сазана образуют связанные гаплогруппы через один общий гаплотип. Сарбоянский карп представлен тремя гаплотипами, 75% из которых принадлежат к звездообразной структуре (H1), а оставшиеся 25% представлены различными породами карпа и сазана, как из Евразии, так и из Северной Америки.

Ключевые слова:

митохондриальная ДНК, цитохром оксидаза I, филогенетическая связь, гаплотип, сарбоянский карп

Для цитирования:

Морузи И.В., Елисева Е.А., Разоков Н.Н., Бочкарев Н.А., Пищенко Е.В. Генетическая изменчивость исходного стада внутри породного типа породы сарбоянский карп (*Cyprinus carpio* L.) на основе фрагмента гена цитохром оксидаза I митохондриальной ДНК // Рыбное хозяйство. 2023. № 5. С.

DOI: 10.37663/0131-6184-2023-5-

GENETIC VARIABILITY OF THE INITIAL HERD OF THE INTRA-BREED TYPE OF THE SARBOYAN CARP (*CYPRINUS CARPIO* L.) BREED BASED ON A FRAGMENT OF THE CYTOCHROME OXIDASE I GENE OF MITOCHONDRIAL DNA

Irina V. Moruzi – Doctor of Biological Sciences, Professor, Head of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture, @moryzi@ngs.ru, Novosibirsk, Russia

Elizaveta A. Eliseeva – Postgraduate student of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture, e.e-2@mail.ru, Novosibirsk, Russia

Naimjon N. Razokov – Postgraduate student of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture,

@naimchon_1999@mail.ru, Novosibirsk, Russia

Nikolay A. Bochkarev – Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher of the Research Group of Physiology and Genetics of Hydrobionts of the Institute of Systematics and Ecology of Animals of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, @Nikson_1960@mail.ru, Novosibirsk, Russia

Elena V. Pishchenko – Doctor of Biological Sciences, Professor, Professor of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture,

@epishenko@ngs.ru, Novosibirsk, Russia –

Novosibirsk State Agrarian University

Addresses:

1. 630039, Novosibirsk, Dobrolyubova str., 160 – Novosibirsk State Agrarian University

2. 11 Frunze Str., Novosibirsk, 630091, Russia – Institute of Systematics and Ecology of Animals of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences

Annotation. In the modern study of evolutionary and taxonomic relationships of fish, the mitochondrial genome is used because of its small size and high mutation rate compared to the nuclear genome. mtDNA research helps to identify geographical and genetic patterns, as well as the origin of species, breeds and varieties. In this work, the genetic diversity of the herd of the northern type Sarboyan carp was studied using the COX1 fragment of mitochondrial DNA, and phylogenetic relationships between modern breeds, subspecies and species of the genus *Cyprinus* were analyzed. The analyzed haplotypes of Sarboyan carp bred in the Moshkovsky district on the farm of ECO-PARK LLC revealed relatively low indicators of genetic polymorphism. Phylogenetic analysis conducted on the basis of its own haplotypes and haplotypes taken from the NCBI international database suggests that the Sarboyan carp is a deeply hybrid grouping, which confirms the known data on the origin of this breed. The study of the median haplotype network showed that the haplotypes of carp and wild carp form related haplogroups through one common haplotype. The Sarboyan carp is represented by three haplotypes, 75% of which belong to the star-shaped structure (H1), and the remaining 25% are represented by various breeds of carp and carp from both Eurasia and North America.

Keywords:

mitochondrial DNA, cytochrome oxidase I, phylogenetic relationship, haplotype, Sarboyan carp

For citation:

Moruzi I.V., Eliseeva E.A., Razokov N.N., Bochkarev N.A., Pishchenko E.V. Genetic variability of the initial herd within the breed type of the Sarboyan carp (*Cyprinus carpio* L.) breed based on a fragment of the cytochrome oxidase I mitochondrial DNA gene // Fisheries. 2023. No. 5. p. DOI: 10.37663/0131-6184-2023-5-

ВВЕДЕНИЕ

Прудовое рыбоводство в Западной Сибири развивается в специфических условиях резко континентального климата с длительными зимними периодами. Водоемы на 6-7 месяцев покрываются льдом. Диапазон суммы положительных температур от 10°C составляет 1600-2400 градусо-дней. Благоприятный период для выращивания карпа (*Cyprinus carpio* L.) составляет 90-100 дней. На территории Западной Сибири до 40-х годов XX века сазан, а в особенности его культурная форма (карп), не выживали, так как не могли акклиматизироваться к естественным условиям окружающей среды [1]. Только благодаря упорной селекционной работе появилась возможность использовать в аквакультуре одомашненные породы карпа [2].

Обыкновенный карп относится к отряду карпообразных (*Cypriniformes*) и семейству карповых (*Cyprinidae*), которое является самым многочисленным семейством среди пресноводных рыб. Этот вид обитает в пресноводных

прудах, озерах и реках, редко встречается и солоноватых водах [3; 4]. За последние столетия карп был завезен на большинство континентов и в 59 стран, а также является одним из наиболее широко культивируемых видов рыб в мире [5; 6; 7]. Многочисленные подвиды, экологические формы были сформированы в результате географической изоляции, давления отбора, а также – накопления мутаций [6]. От своего дикого предка, сазана, одомашненный карп отличается морфологическими признаками, поведенческими, репродуктивными и физиологическими признаками [8; 9]. Помимо ценного источника белка карп также является важным декоративным объектом аквакультуры. Один из его ярких представителей карп кои, который, благодаря своему яркому окрасу и рисунку на чешуе, считается одним из самых популярных объектов рыборазведения [8].

Во многих природных водоемах, где обыкновенный карп был интродуцирован, он считается инвазивным видом, так как, по мнению ученых, может оказывать негативное воздействие



на ихтиофауну водоемов [3; 10]. Его инвазивная активность имеет различные показатели в разных регионах обитания. Стоит отметить, что в некоторых странах обыкновенного карпа исключили из перечня инвазивных видов, так как он имеет промысловую ценность [2].

Для исследования генетической структуры и филогенетических связей карпа используются различные молекулярные маркеры и генетические инструменты. К ним относятся: случайная амплификация полиморфной ДНК (RAPD-маркеры), полиморфизм длины рестриционного фрагмента (RLFP-маркеры), полиморфизм длины амплифицированного фрагмента (AFLP-маркеры), микросателлиты и анализ митохондриальной ДНК [11; 8; 12; 13].

Современный прогресс в изучении эволюционных, таксономических и филогенетических взаимоотношений рыб в настоящее время связывают с использованием молекулярно-генетических маркеров [14; 15; 16; 17; 19]. Митохондриальный геном используется для этих целей в связи с тем, что относительно ядерного генома мтДНК имеет небольшой размер, а так-

же высокую скорость мутационных процессов [18]. Важно сказать о том, что мтДНК подходит только для реконструкции материнской филогении и непригодна для обнаружения гибридизации между филогеографическими линиями или подвидами [17; 16]. Тем не менее, мтДНК пригодна для лучшего понимания географических и генетических закономерностей, а также происхождения видов, пород и разновидностей [20; 17; 16].

Порода сарбоянского карпа была выведена путем обратного скрещивания амурского сазана с ропшинским карпом. Над созданием породы работали ученые В.А. Коровин и А.С. Зыбин (1987). Сарбоянский карп от-



Таблица 1. Полиморфизм последовательностей гена *COXI* мтДНК у сарбоянского карпа Мошковского рыбноводного хозяйства ООО «Эко-Парк» / **Table 1.** Polymorphism of sequences of the *COXI* mtDNA gene in the Sarboyan carp of the Moshkovsky fish farm of "Eco-Park LLC"

Вид	<i>n</i>	<i>S</i>	<i>h</i>	<i>Hd</i>	π	<i>k</i>
Сарбоянский карп	77	3	4	0.374	0.0007	0.386

Примечание: **n* – число образцов; *S* – число полиморфных (сегрегирующих сайтов); *h* – число гаплотипов; *Hd* – гаплотипическое разнообразие; π – нуклеотидное разнообразие; *k* – среднее число нуклеотидных различий (на сайт).

Таблица 2. Список использованных нуклеотидных последовательностей карповых рыб /
Table 2. List of used nucleotide sequences of cyprinid fish

№№ п/п	Название	NCBI
1	Cyprinus carpio изолят SWU183	MW649289.1
2	Cyprinus carpio voucher Fish242	ON097884.1
3	Jinbian carp Cyprinus carpio	MH202953.1
4	Cyprinus carpio	OL457418.1
5	German mirror carp	KP993139.1
6	Cyprinus carpio voucher Fish247	ON097801
7	Изолят Cyprinus carpio SWU021	MW649282
8	Cyprinus carpio изолят SWU079	MW649287
9	Cyprinus carpio изолят SWU013	MW649281
10	Cyprinus carpio изолят SWU154	MW649288
11	Cyprinus carpio изолят NEFC F16-042	MG570426.1
12	Cyprinus carpio	OM234682
13	Cyprinus carpio изолят SWU022	MW649283
14	Cyprinus carpio voucher LBPV-45304	JN988851.1
15	Венгерский карп	KJ511883.1
16	Songpu mirror carp	MW125611.1
17	Cyprinus carpio	KF856965.1
18	Cyprinus carpio изолят SWU078	MW649286.1
19	Cyprinus carpio изолят Ccvs_1	MT571755.1
20	Cyprinus carpio 'Guilin'	MK291479.1
21	Cyprinus carpio изолят NEFC F16-248	MG570435.1
22	Cyprinus carpio изолят NEFC F16-117	MG570427.1
23	Cyprinus carpio 'xingguonensis' (Xingguo red carp)	JN105353.1
24	Cyprinus carpio haematopterus	JN105354.1
25	Cyprinus carpio haematopterus (Yangtze River wild common carp)	NC_018037.1
26	Cyprinus carpio 'xingguonensis'	KU146530.1
27	Cyprinus carpio изолят Oujiang	KP993136.1
28	Cyprinus carpio изолят Pearl river	MN793139.1
29	Cyprinus carpio haematopterus	KP993138.1
30	Cyprinus carpio nudus	KU301745.1
31	Cyprinus carpio haematopterus (Amur carp)	MK455071.1
32	Cyprinus carpio 'wananensis' (glass red common carp)	KF856964.1
33	Cyprinus carpio carpio	KU146529.1
34	Cyprinus carpio изолят Cc_4	MT571748.1
35	Cyprinus carpio	MK088487.1
36	Cyprinus carpio haematopterus (Huanghe carp)	JX188254.1
37	Cyprinus carpio 'wuyuanensis' (Wuyuan red carp)	JN105357.1
38	Cyprinus carpio 'wuyuanensis' (Wuyuan red carp)	NC_018039.1
39	Cyprinus carpio 'longfin'	KF932266.1
40	Cyprinus carpio var. baisenensis	MT780875.1
41	Cyprinus carpio voucher CCT	KX254108.1
42	Cyprinus carpio изолят Zujiang	KP993137.1
43	Cyprinus carpio	KU159761.1
44	Cyprinus carpio изолят Taiwan Jiayi	MZ713633.1
45	Cyprinus carpio 'color' (Oujiang color common carp)	JX188253.1
46	Cyprinus carpio 'color' (Oujiang color common carp)	NC_018366.1
47	Cyprinus carpio 'koi'	KJ511882.1
48	Cyprinus carpio voucher LodgeLab Ccarpio_1	KP013086.1
49	Cyprinus carpio	NC_001606.1
50	Cyprinus carpio изолят Cc_1	MT571745.1
51	Cyprinus carpio	MN544290.1
52	Cyprinus carpio изолят Cc_2	MT571746.1
53	Cyprinus rubrofuscus изолят DAN07-74.06	KP712147.1
54	Cyprinus carpio voucher NSMK-PI-0159098	OL674374.1
55	Cyprinus carpio	KU050703.1
56	Cyprinus carpio carpio (Russian scattered scale mirror carp)	JN105352.1
57	Cyprinus carpio carpio (Russian scattered scale mirror carp)	NC_018035.1
58	Cyprinus carpio изолят Cc_7	MT571751.1

личается повышенной способностью к адаптации, высокой плодовитостью, а также устойчивостью к гипоксии, что обуславливает жизнестойкость молоди на разных этапах развития [21]. Ранее порода включала в себя 3 типа: омский или степной, северный и красноозерский. Северный тип не был включен в породу, так как на момент регистрации племенного достижения северная популяция заболела краснухой. За короткий период (1990-2005 гг.) внутривидовые карпы красноозерского и омского типов были утрачены [2; 22]. В рыбноводном хозяйстве «ЭКО-ПАРК» Мошковского района Новосибирской области сохранились потомки северного типа сарбоянского карпа. Гибридизация с другими породами карпа не была отмечена, так как другой породы карпов в данной местности не выращивалось. В течение 20 лет северный тип сарбоянского карпа не подвергался массовому направленному отбору. В настоящее время работа ведется на исходном стаде, взятом для селекции из числа потомков сарбоянского карпа.

Целью нашей работы является исследование генетического разнообразия стада сарбоянского карпа северного типа, на основе фрагмента *COX1* мтДНК, и анализ филогенетических связей между современными породами, подвидами и видами р. *Cyprinus*.

ОБЪЕКТЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Объектом исследования были самки и самцы сарбоянского карпа, рыбноводного хозяйства ООО «ЭКО-ПАРК» Мошковского района Новосибирской области. Пробы были взяты у 77 экз. самцов и самок. Материал для изучения собирали прижизненно. Фрагмент спинного плавника размером (15-20 мм) отрезали и фиксировали в 96% этиловом спирте на местах сбора материала. ДНК экстрагировали из отдельно взятых особей с помощью 8%-ного раствора Chelex 100 resin (BioRad, США). Общую геномную ДНК выделяли с помощью Chelex 100. Выделенную ДНК хранили при температуре 4°C. Амплификацию фрагмента гена *COX1* мтДНК проводили в реакционной смеси объемом 20 мкл с использованием разработанных внешних праймеров 5'-TCAACCAACCACAAGACATTGGCAC-3' Forward и 5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3' Reverse. Продукты реакции амплификации разделяли методом электрофореза в 1%-ном агарозном геле в 1×TAE-буфере, окрашенном бромистым этидием, и фотодокументировали. Полученные ПЦР-продукты очищали с помощью набора реактивов «Биосилика» (Россия). Секвенирование в прямом-обратном направлении проводили в компании «Евроген» (evrogen.ru). В итоге были получены последовательности длиной 566 нуклеотидных оснований. Нуклеотидные последовательности выравнивали с помощью алгоритма ClustalW и редактировали вручную в программе BioEdit v.7 [23].

Оригинальные последовательности нуклеотидов для каждой исследованной особи де-



понировали в международную базу данных GenBank (табл. 1). Для анализа полиморфизма митохондриальных последовательностей вычисляли следующие параметры: число полиморфных (сегрегирующих сайтов, *S*), число гаплотипов (*h*), гаплотипическое разнообразие (*Hd*) и нуклеотидное разнообразие (π). Все расчеты выполняли в программе DnaSP v.5.10 [24].

Филогенетический анализ последовательностей нуклеотидов проводили с помощью пакета программ MEGA v.6.06 [25]. Анализ генетической изменчивости и филогенетических связей проводили в программе dnsp5. Кроме собственных сиквенсов использовали сиквенсы из NCBI (табл. 1).

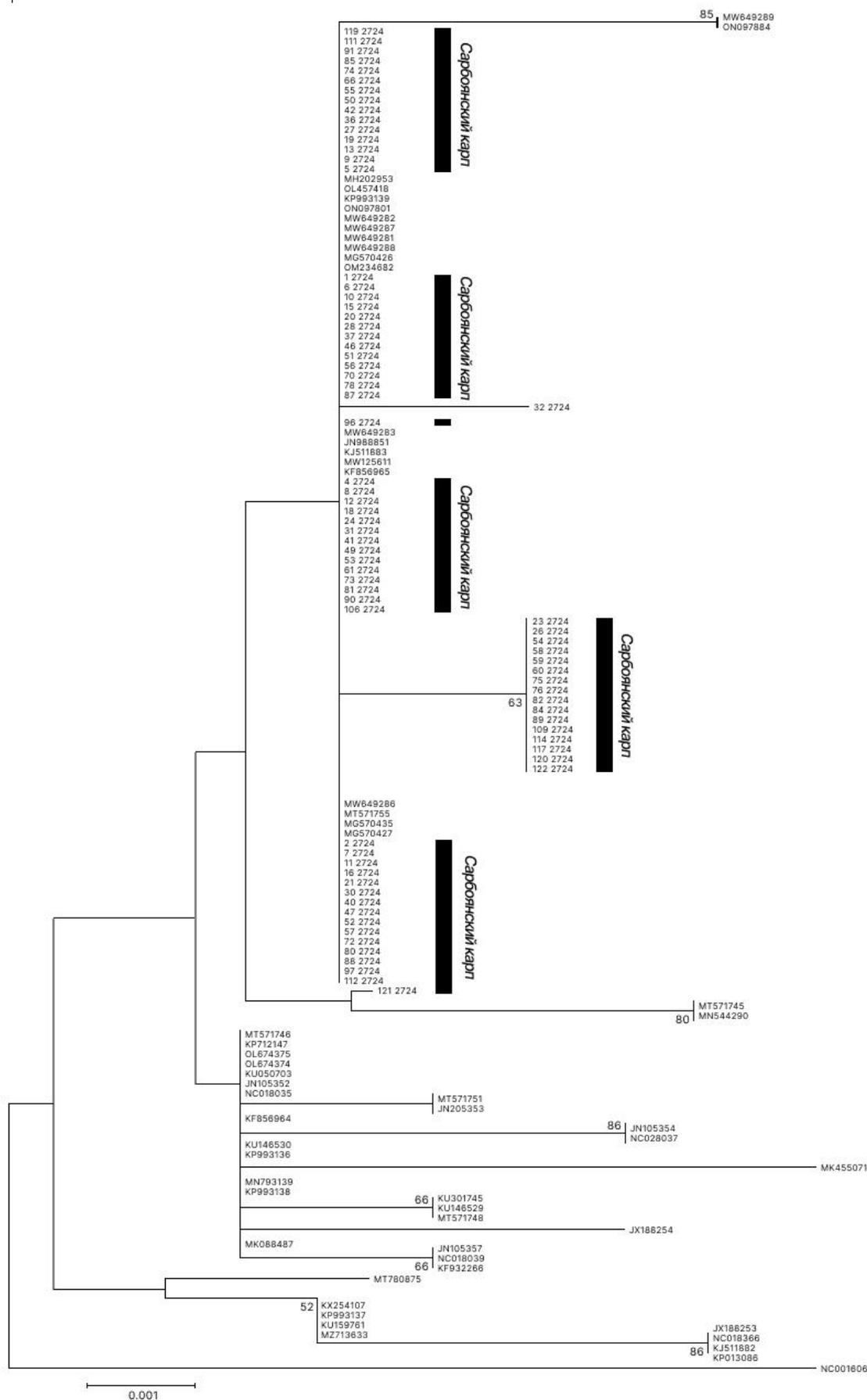


Таблица 3. Структура стада по гаплотипам / **Table 3.** Herd structure by haplotypes

Гаплотипы	Количество особей, экз	Структура, %
H1	57	77,03
H15	1	1,35
H16	15	20,27
H17	1	1,35
Итого	74	100

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ОБСУЖДЕНИЕ

Популяция сарбянской породы карпа из прудов Новосибирской области характеризуется невысокими показателями генетического полиморфизма по фрагменту (566 bp) гена *COX1*. Нужно отметить относительно высокое нуклеотидное и гаплотипическое разнообразие сарбянского карпа. Это позволяет утверждать, что при селекционной работе со стадом использовали несколько генетически отличных самок, возможно различных породных линий (табл. 1).

По данным автора породы В.А. Коровина, для селекции использовали рыб ропшинского карпа и амурского сазана из рыбхозов европейской части России.

Генетический полиморфизм и филогения. При анализе общего полиморфизма фрагментов *COX1* мтДНК были обнаружены (как и предполагалось) относительно невысокие общие генетические показатели.

По данным Национального центра биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information), было построено NJ-дерево филогенетических отношений породы сарбянского карпа внутри вида *Cyprinus carpio*, созданное на основе нуклеотидных последовательностей митохондриального фрагмента гена *COX1*.

Филогенетический анализ, проведенный на основе собственных гаплотипов и гаплотипов, взятых из международной базы данных NCBI, позволяет утверждать, что сарбянский карп представляет собой глубоко гибридную группировку (рис. 1).

Филогенетические взаимоотношения, изученные методом построения медианной сети гаплотипов на основе нуклеотидных последовательностей гена *COX1* мтДНК, показал, что рассматриваемые гаплотипы карпа и дикого сазана формируют две гаплогруппы, связанные через 1 гаплотип (рис. 2). Сарбянский карп представлен тремя гаплотипами, 75% из которых входят в звездообразную структуру (H1). Остальные 25% представлены различными породами карпа и сазана как Евразии, так и Северной Америки. Оставшиеся 3 гаплотипа (H15, H16, H17) карпа сарбянской породы связаны с центральным гаплотипом через одну замену.

Для анализа генетического полиморфизма по фрагменту (566 bp) гена *COX1* были выбраны 74 самки и самца в соотношении 1:2.

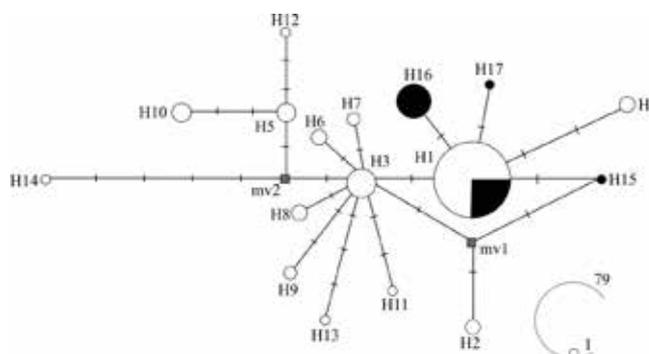


Рисунок 2. Медианная сеть гаплотипов на основе нуклеотидных последовательностей фрагмента митохондриального гена *COX1*. Черным выделены гаплотипы сарбянской породы карпа

Figure 2. Median haplotype network based on nucleotide sequences of a fragment of the mitochondrial gene *COX1*. The haplotypes of the Sarboyan carp breed are highlighted in black

Гаплогруппа H1 является самой большой по количеству рыб, она состоит из 57 экз., что в процентном соотношении составляет 77,03%. Наименьшее количество особей представлено в гаплогруппах H15 и H17. В группу H16 входят 15 рыб, что занимает 20,27% от общего количества.

ОБСУЖДЕНИЕ

Представленные результаты анализа фрагмента гена *COX1* мтДНК сопоставимы с известными данными, опубликованными авторами породы в статьях, а также описанные в материалах селекционного достижения породы сарбянский карп. Эта порода была выведена скрещиванием ропшинского карпа и амурского сазана. Сохранившаяся отводка имела по окончанию селекции 1/8 кровности амурского сазана [22]. В свою очередь, ропшинская порода была создана путем скрещивания в 1947 г. галицийского зеркального карпа с амурским сазаном и последующей направленной селекцией гибридов на протяжении 8 поколений. Во 2-ом поколении было осуществлено возвратное скрещивание амурского сазана, к 4-му поколению сформирована внутривидовая структура, включающая три группы: межлинейная (ММ), возвратная (ВВ), возвратно-межлинейная (ВМ), различающиеся между собой долей наследственности амурского сазана» (Голод, 2021). Кровность амурского сазана обеспечивала генетическую раз-

нокачественность и разную адаптивную способность карпа к условиям существования. Это позволяло накопить большое количество гетерозигот в генотипах особей и избегать проявления инбридинга при внутривидовом скрещивании. Рыбы этой породы отличались высокой устойчивостью к кислородному голоданию и выживаемостью в зимний подледный период.

Именно поэтому при анализе по митохондриальной ДНК отмечается сходство между основными стадами карпа, взятыми для сравнения. В литературе по селекции карпа есть сведения, что в период его одомашнивания было два центра – это Китай и территория Восточной Европы – р. Дунай. Затем различные его модификации были адаптированы к разным климатическим условиям Земли.

Нужно отметить что из результатов генетического анализа видно, что кроме двух основных гаплотипов присутствуют посторонние гаплотипы карпов, возможно дикого типа, попавшие в племенную работу

ВЫВОДЫ

1. У проанализированных гаплотипов сарбоянского карпа, разводимого в Мошковском районе в хозяйстве ООО «ЭКО-ПАРК» выявлены относительно невысокие показатели генетического полиморфизма. Филогенетический анализ, проведенный на основе собственных гаплотипов и гаплотипов, взятых из международной базы данных NCBI, позволяет утверждать, что сарбоянский карп представляет собой глубоко гибридную группировку, что подтверждает известные данные о происхождении данной породы.

2. В изучаемом стаде было отмечено преимущество в численности в гаплогруппах H15 и H17.

3. Анализ медианной сети гаплотипов показал, что рассматриваемые гаплотипы карпа и дикого сазана формируют, связанные через 1 гаплотип, гаплогруппы. Сарбоянский карп представлен тремя гаплотипами, 75% из которых входят в звездообразную структуру (H1). Остальные 25% представлены различными породами карпа и сазана как Евразии, так и Северной Америки.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Вклад в работу авторов: **И.В. Моружи** – идея статьи, корректировка текста ее окончательная проверка; **Е.А. Елисева** – подготовка обзора литературы, подготовка статьи, проведение генетических исследований; **Н.Н. Разоков** – сбор и анализ данных, подготовка статьи; **Н.А. Бочкарев** – подготовка статьи, проведение генетических исследований; **Е.В. Пищенко** – сбор данных, подготовка статьи.

The authors declare that there is no conflict of interest.

Contribution to the work of the authors: **I.V. Moruzi** – the idea of the article, correction of the text, its final verification; **E.A. Eliseeva** – preparation of a literature review, preparation of the article, conducting genetic research; **N.N. Razokov** –

data collection and analysis, preparation of the article; **N.A. Bochkarev** – preparation of the article, conducting genetic research; **E.V. Pishchenko** – data collection, preparation of the article.

ЛИТЕРАТУРА И ИСТОЧНИКИ

1. Pishchenko E.V., Moruzi I.V., Zakonnova L.I., Vesnina L.V., Kropachev D.V. (2021). Microevolutionary processes in the creation of the Siberian species of carp // E3S Web of Conferences. 14-th International Scientific and Practical Conference on State and Prospects for the Development of Agribusiness, INTERAGROMASH 2021. Rostov-on-Don. С. 03006. <https://doi.org/10.1051/e3sconf/202127303006>.
2. Moruzi I.V., Pishchenko E.V., Belyosov P.V., Gart V.V., Kropachev D. A. (2021). Selection and breeding work with a modern population of Sarboyan carp. Серия конференций IOP: Earth and Environmental Science 937 (2021). DOI: 10.1088/1755-1315/937/3/032034.
3. Rahman M.M. (2015) Role of common carp (*Cyprinus carpio*) in aquaculture production systems. *Frontiers in Life Science*. № (3) 15. P. 399-410. Doi:10.1080/21553769.2015.1045629.
4. Голод В.М. Породы рыб России // Генетика, селекция и воспроизводство рыб: сб. науч. тр. – СПб. 2002. С.19-25.
5. Xu, P., Jiang, Y., Xu, J., Li, J., Sun, X. (2016). Genomics in the common carp. *Genomics in Aquaculture* 16. Pp. 247. DOI: 10.1016/B978-0-12-801418-9.00010-X.
6. Liu, X., Ye, X., Liang, H., Zhou, L., Zhou, X., Zou, G., et al. (2019). Mitochondrial genome sequences reveal the evolutionary relationship among different common carp varieties (*Cyprinus carpio* L.). *Meta Gene*. № 19. Pp. 82-90. DOI: 10.1016/j.mgene.2018.11.001.
7. Saikia S.K., Das D.N. (2009). Feeding ecology of Common Carp (*Cyprinus carpio* L.) in a rice-fish culture system of the Apatani plateau (Arunachal Pradesh, India). *Aquatic Ecology*. № 43 (2). Pp. 559-568.
8. Xu J., Jiang Y., Zhao Z., Zhang H., Peng W., Dong C. et al. (2019). Patterns of Geographical and Potential Adaptive Divergence in the Genome of the Common Carp (*Cyprinus carpio*). *Livestock Genomics*. (10) 19. DOI: 10.3389/fgene.2019.00660.
9. Balon E. K. (1995) Origin and domestication of the wild carp, *Cyprinus carpio*: from Roman gourmets to the swimming flowers. *Aquaculture* (129) 91. Pp.3-48. DOI: 10.1016/0044-8486(94)00227-F.
10. Jackson M. C., Britton R. (2014). Divergence in the tropic niche of sympatric freshwater invaders. *Biological Invasion*. 16(5). Pp.1095-1103. Doi: 10.1007/s10530-013-0563-3.
11. Napora Rutkowski L., Rakus K., Nowak Z., Pilarczyk A., Ostaszewska T., Irnazarow I. et al. (2017). Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains breed in Poland based on microsatellite, AFLP, and mtDNA genotype data. *Aquaculture*. 2017. № (473) 17. Pp. 433-442. DOI:10.1016/j.aquaculture.03.005.
12. Zhao Y., Zheng X., Zhu X. (2020). Genetic variation of common carp *Cyprinus carpio* L. in China based on mitochondrial COII gene. *Aquaculture Reports*. № (18) 20. p. 100462 DOI: 10.1016/j.aqrep.2020.100462.
13. J P., Zhang Y., Li C., Zhao Z., Wang J., Li J. (2012). High Throughput Mining and Characterization of Microsatellites from Common Carp Genome. *International Journal of Molecular Sciences*. № (8) 13. Pp. 9798-9807. DOI: 10.3390/ijms13089798.
14. Lin M., Zou J., Wang C. (2016). Complete mitochondrial genomes of domesticated and wild common carp (*Cyprinus carpio* L.). *PubMed*. № 27(1). 50-1. DOI:10.3109/19401736.2013.869690.
15. Xu P., Zhang X., Wang X., Li J., Liu G., Kuang Y et al. (2014). Genome sequence and genetic diversity of the common carp, *Cyprinus carpio*. *Nat Genet*. № (46). 14. Pp.1212-1219. DOI: 10.1038/ng.3098.
16. Toth B., Ashrafzadeh M.R., Khosravi R., Bagi Z., Feher M., Barsony P. et al, (2022). Insights into mitochondrial DNA variation of common carp *Cyprinus carpio* strains in the Centre

- of Carpathian Basin. *Aquaculture*. № (554) 22. DOI:10.1016/j.aquaculture.2022.738116
17. Kohlmann K., Kersten P. (2013). Deeper insight into the origin and spread of European common carp (*Cyprinus carpio*) based on mitochondrial D-loop sequence polymorphisms. *Aquaculture*. № (376-379) 13. Pp. 97. 104. DOI:10.3109/19401736.2013.869690
18. Fallahbagheri F., Dorafshan S., Pourkazemi M., Keivany, Y. et al. (2013). Genetic analysis of wild common carp, *Cyprinus carpio* L. in the Anzali wetland, the Caspian Sea. *Iranian Journal of Fisheries Sciences*. № (1)13. 1. 11 DOI:10.22092/IJFS.2018.114256
19. Wang C., Liu H., Lou Z., Wang G., Zou G., Li X. (2010). Mitochondrial genetic diversity and gene flow of common carp from main river drainages in China. *Freshwater Biol.* (9) 11, 1905-1915. DOI: 10.1111/j.1365-2427.2010.02424
20. Ladoukakis E. D. and Zouros E. (2017). Evolution and Inheritance of Animal Mitochondrial DNA: Rules and Exceptions. *J. Biol. Res-thessaloniki*. 17. № (1). Pp. 1-7. DOI:10.1186/s40709-017-0060-4
21. Прудкой Д.С., Белоусов П.В., Моружи И.В. Экстерьерные особенности производителей сарбоянского карпа // Материалы науч.-прак. конф. «Проблемы биологии, зоотехнии и биотехнологии». 2020. С. 86-89.
22. Коровин В.А. Методы выведения и современное состояние сарбоянской породы карпа: Сборник: Селекция рыб. 1989. С. 195-210
23. Hall T.A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT // *Nucl. Ac. Symp. Ser.* 1999. V. 41. P. 95-98.
24. Librado P., Rozas J. (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // *Bioinformatics*. V. 25. Pp. 1451-1452.
25. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipowski A, Kumar S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol Biol Evol.* Dec. 30(12). 2725-9. DOI: 10.1093/molbev/mst197.
9. Balon E. K. (1995) Origin and domestication of the wild carp, *Cyprinus carpio*: from Roman gourmets to the swimming flowers. *Aquaculture* (129) 91. Pp.3-48. DOI: 10.1016/0044-8486(94)00227-F.
10. Jackson M. C., Britton R. (2014). Divergence in the tropic niche of sympatric freshwater invaders. *Biological Invasions*. 16(5). Pp.1095-1103. Doi: 10.1007/s10530-013-0563-3.
11. Napora Rutkowski L., Rakus K., Nowak Z., Pilarczyk A., Ostaszewska T., Irnazarow I. et al. (2017). Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains breed in Poland based on microsatellite, AFLP, and mtDNA genotype data. *Aquaculture*. 2017. № (473) 17. Pp. 433-442. DOI:10.1016/j.aquaculture.03.005.
12. Zhao Y., Zheng X., Zhu X. (2020). Genetic variation of common carp *Cyprinus carpio* L. in China based on mitochondrial COII gene. *Aquaculture Reports*. № (18) 20. p. 100462 DOI: 10.1016/j.aqrep.2020.100462.
13. J P., Zhang Y., Li C., Zhao Z., Wang J., Li J. (2012). High Throughput Mining and Characterization of Microsatellites from Common Carp Genome. *International Journal of Molecular Sciences*. № (8) 13. Pp. 9798-9807. DOI: 10.3390/ijms13089798.
14. Lin M., Zou J., Wang C. (2016). Complete mitochondrial genomes of domesticated and wild common carp (*Cyprinus carpio* L.). *PubMed*. № 27(1). 50-1. DOI:10.3109/19401736.2013.869690.
15. Xu P., Zhang X., Wang X., Li J., Liu G., Kuang Y et al. (2014). Genome sequence and genetic diversity of the common carp, *Cyprinus carpio*. *Nat Genet*. № (46). 14. Pp.1212-1219. DOI: 10.1038/ng.3098.
16. Toth B., Ashrafzadeh M.R., Khosravi R., Bagi Z., Feher M., Barsony P. et al, (2022). Insights into mitochondrial DNA variation of common carp *Cyprinus carpio* strains in the Centre of Carpathian Basin. *Aquaculture*. № (554) 22. DOI:10.1016/j.aquaculture.2022.738116
17. Kohlmann K., Kersten P. (2013). Deeper insight into the origin and spread of European common carp (*Cyprinus carpio*) based on mitochondrial D-loop sequence polymorphisms. *Aquaculture*. № (376-379) 13. Pp. 97. 104. DOI:10.3109/19401736.2013.869690
18. Fallahbagheri F., Dorafshan S., Pourkazemi M., Keivany, Y. et al. (2013). Genetic analysis of wild common carp, *Cyprinus carpio* L. in the Anzali wetland, the Caspian Sea. *Iranian Journal of Fisheries Sciences*. № (1)13. 1. 11 DOI:10.22092/IJFS.2018.114256
19. Wang C., Liu H., Lou Z., Wang G., Zou G., Li X. (2010). Mitochondrial genetic diversity and gene flow of common carp from main river drainages in China. *Freshwater Biol.* (9) 11, 1905-1915. DOI: 10.1111/j.1365-2427.2010.02424
20. Ladoukakis E. D. and Zouros E. (2017). Evolution and Inheritance of Animal Mitochondrial DNA: Rules and Exceptions. *J. Biol. Res-thessaloniki*. 17. № (1). Pp. 1-7. DOI:10.1186/s40709-017-0060-4
21. Prudkoi D.S., Belousov P.V., Moruzi I.V. (2020). Exterior features of Sarboyan carp producers // Materials of the scientific and practical conference "Problems of biology, animal science and biotechnology". Pp. 86-89. (In Russ).
22. Korovin V.A. (1999). Methods of breeding and the current state of the Sarboyan carp breed: Collection: Fish breeding. 1989. pp. 195-210.23. Hall T.A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT // *Nucl. Ac. Symp. Ser.* V. 41. Pp. 95-98. (In Russ.).
24. Librado P., Rozas J. (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // *Bioinformatics*. V. 25. Pp. 1451-1452.
25. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipowski A, Kumar S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol Biol Evol.* Dec. 30(12). 2725-9. DOI: 10.1093/molbev/mst197.

REFERENCES AND SOURCES

Материал поступил в редакцию / Received 18.08.2023

Принят к публикации / Accepted for publication 19.09.2023