

**ОЦЕНКА ПРЕДСТАВЛЕННОСТИ В BOLD НУКЛЕОТИДНЫХ  
ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНА COI, ИСПОЛЬЗУЕМОГО В КАЧЕСТВЕ  
ДНК-ШТРИХКОДА ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ГИБРИДНЫХ И РЕКОМБИНАНТНЫХ  
ФОРМ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА *CARASSIUS***

**М.М. Воробьева, Н.П. Дмитривич, Н.А. Кузнецов, Т.В. Козлова**

Полесский государственный университет,

[masch.89@mail.ru](mailto:masch.89@mail.ru), [dmitrovich.n@polessu.by](mailto:dmitrovich.n@polessu.by), [ggau@ggau.by](mailto:ggau@ggau.by), [kozlova.tv@polessu.by](mailto:kozlova.tv@polessu.by)

**Аннотация.** Оценили представленность в BOLD нуклеотидных последовательностей гена COI, используемого в качестве ДНК-штрихкода для выявления гибридных и рекомбинантных форм *Carassius carassius* и *Carassius auratus*. Заключение, что на сегодняшний день, в BOLD отсутствует информация об экземплярах, коллектированных на территории Беларуси.

**Ключевые слова:** нуклеотидные последовательности, ген COI, ДНК-штрихкодирование, род *Carassius*, *C. carassius*, *C. auratus*, BOLD.

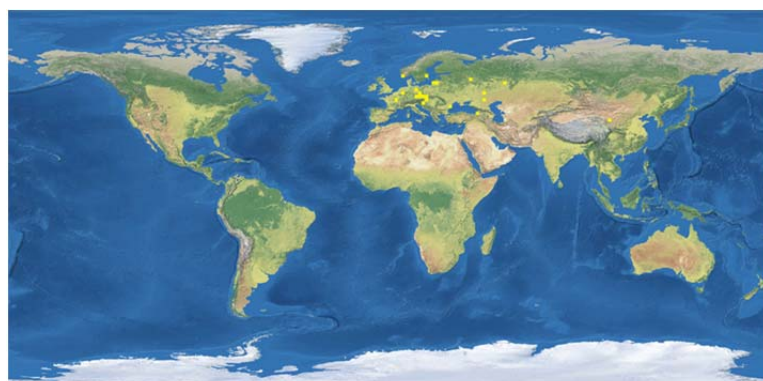
Карповые (Cyprinidae) – одна из наиболее важных и многочисленных промысловых групп пресноводных рыб, включающая более 2000 видов, принадлежащих к 210 родам, распространенных повсеместно, за исключением вод Антарктики и Южной Америки [1].

На сегодняшний день популярными и излюбленными объектами исследования на территории Беларуси – представители рода *Carassius* Nilsson, 1832, вопрос корректной видовой принадлежности которых достаточно сложен. Необходимо отметить, что ранее считалось, что на территории нашей страны обитает два вида этого рода: золотой (обыкновенный) карась *C. carassius* и серебряный карась *C. gibelio* [2]. В последнее время серебряный карась чаще рассматривается как комплекс видов: *C. auratus*, *C. gibelio* и *C. langsdorfii*, которые ранее имели статус подвидов [3]. Поскольку в сопредельных Беларуси регионах широко распространены *C. auratus* и *C. gibelio*, а также в связи с перечисленными выше таксономическими проблемами в данной статье название «серебряный карась» будет использоваться для обозначения всех видов комплекса *C. auratus* без уточнения видовой принадлежности [1].

Согласно литературным данным, *C. carassius* – аборигенный представитель нашей ихтиофауны в сравнении с *C. gibelio*, получившим распространение в результате работ по его акклиматизации [1]. Необходимо отметить, что серебряный карась при попадании в новые водоемы при благоприятных условиях сильно влияет на ихтиофауну, массово размножаясь и подавляя численность других видов рыб [4]. Это обусловлено наличием у серебряного карася двух форм: двуполой амфимиктической и однополой гиногенетической, популяция, которой состоит исключительно из самок. Икру этих самок осеменяют самцы других видов карповых рыб, потомство, которых в результате не несет никаких признаков их видов [2]. Таким образом, их генетический материал расходуется на воспроизводство не собственного вида, а чужеродного серебряного карася. Способность серебряного карася к гибридизации с близкими видами рыб, в том числе и с аборигенным для Беларуси золотым карасем, способствует их вытеснению, а его генофонд постепенно растворяется в генофонде серебряного карася из-за превосходящей численности последнего [1]. Таким образом, на сегодняшний день, необходимо осуществлять диагностику карася серебряного и карася золотого с целью выявления гибридных и рекомбинантных форм, а также чистокровного золотого карася.

Одним из наиболее востребованных и корректных методов установления видовой принадлежности является ДНК-штрихкодирование. Процедура идентификации образца по существующему ДНК-штрихкоду включает выделение тотальной ДНК из биоматериала, проведение ПЦР с универсальными геноспецифическими праймерами, секвенирование полученного ДНК-фрагмента и сравнение с ДНК-штрихкодами, хранящимися в Глобальной базе данных ДНК-штрихкодов живых организмов (BOLD). Поскольку ДНК-штрихкод представляет собой эталон, по которому в будущем будет осуществляться идентификация неизвестных образцов, чрезвычайно важно, чтобы определение видовой принадлежности образца, служащего для получения эталонного ДНК-штрихкода, было проведено специалистом-систематиком максимально тщательно, с учетом всего комплекса морфологических, биологических и экологических признаков. Каждый ДНК-штрихкод, размещенный в BOLD, сопровождается фотографией ваучерного образца с подробным указанием места хранения, географической точки его происхождения и всей сопутствующей информации, необходимой для будущей верификации таксономии, если такая потребность возникнет. В области получения ДНК-штрихкодов для биологических видов, которые ранее не были паспортизированы, требуется тесное сотрудничество ученых-систематиков, работающих с конкретными группами живых организмов, и специалистов в сфере ДНК-технологий [5].

Для того, чтобы использовать метод ДНК-штрихкодирования для осуществления корректной видовой диагностики представителей рода *Carassius* необходимо оценить представленность гена COI (согласно литературным данным, именно этот ген используют в качестве ДНК-штрихкода) в Международных генетических базах данных нуклеотидных последовательностей серебряного карася и золотого карася, в том числе и для территории Беларуси, что и являлось целью настоящего исследования.



**Рисунок 1. – Карта, демонстрирующая представленность нуклеотидных последовательностей COI *C. carassius* в BOLD**

Авторами принято решение использовать имеющуюся информацию о представленности гена COI в Международной базе данных нуклеотидных последовательностей BOLD для видов *C. carassius* и *C. gibelio*. Пройдя по [https://www.boldsystems.org/index.php/TaxBrowser\\_Home](https://www.boldsystems.org/index.php/TaxBrowser_Home) на пане-

ли выбрали «Taxonomy» и в диалоговом окне ввели название интересующего нас вида. Затем выбрали «Public data» и визуально проанализировали информацию о каждом представленном экземпляре.

На сегодняшний день расшифрована 51 нуклеотидная последовательность COI из разных регионов мира для *C. carassius* и депонирована в BOLD (рисунок 1).

Информация о нуклеотидных последовательностях COI также в BOLD представлена и для *C. gibelio*. В открытом доступе содержится 360 нуклеотидных последовательностей COI (рисунок 2).



**Рисунок 2. – Карта, демонстрирующая представленность нуклеотидных последовательностей COI *C. gibelio* в BOLD**

Детальный анализ позволил получить информацию о количестве нуклеотидных последовательностей COI и странах, получивших ДНК-штрихкод для видов, включенных в настоящее исследование (таблица).

Таблица – Оценка в представленности в BOLD информации о нуклеотидных последовательностях *C. carassius* и *C. gibelio*

| Вид                        | Количество последовательностей | Страны, получившие ДНК-штрихкод |
|----------------------------|--------------------------------|---------------------------------|
| <i>Carassius carassius</i> | 17                             | Республика Чехия                |
|                            | 7                              | Германия                        |
|                            | 5                              | Латвия                          |
|                            | 5                              | Россия                          |
|                            | 5                              | США                             |
|                            | 4                              | Австралия                       |
|                            | 2                              | Швеция                          |
|                            | 2                              | Китай                           |
|                            | 2                              | Словакия                        |
|                            | 1                              | Норвегия                        |
| <i>Carassius gibelio</i>   | 1                              | Румыния                         |
|                            | 96                             | Россия                          |
|                            | 65                             | Китай                           |
|                            | 41                             | Турция                          |
|                            | 37                             | Канада                          |
|                            | 32                             | Греция                          |
|                            | 28                             | Узбекистан                      |
|                            | 27                             | Республика Чехия                |
|                            | 13                             | Австралия                       |
|                            | 11                             | Румыния                         |
| 10                         | Ирак                           |                                 |

Анализ информации о представленности нуклеотидных последовательностей в BOLD позволил заключить, что на сегодняшний день, в Международной базе нуклеотидных последовательностей

хорошо представлена информация об экземплярах, коллектированных в Европе, тем не менее, отсутствует информация об экземплярах, коллектированных на территории Беларуси.

### **Список использованных источников**

1. Полетаев, А.С. Анализ кариотипов карасей в условиях Беларуси / А.С. Полетаев // Весці Нацыянальнай Акадэміі Навук Беларусі. – 2016. – №3. – С. 101–104.
2. Жуков, П.И. Справочник по экологии пресноводных рыб / П.И. Жуков. – Минск, 1988.
3. Biogeography and evolution of the *Carassius auratus*-complex in East Asia / M. Takada [et al.] // BMC Evolutionary Biology [Electronic resource]. – 2010. – 10:7. – Mode of access: <http://www.biomedcentral.com/content/pdf/1471-2148-10-7.pdf>. – Date of access: 25.10.2015.
4. Подушка, С.Б. О причинах вспышки численности серебряного карася / С.Б. Подушка // Науч.-техн. бюл. лаборатории ихтиологии ИНЭНКО. – 2004. – № 8. – С. 5–15.
5. Barcoding of life: Беларусь – участник глобальной инициативы по ДНК-штрихкодированию жизни / Н.В. Воронова [и др.] // Труды белорусского государственного университета. Физиологические, биохимические и молекулярные основы функционирования биосистем. 2014.– Т. 9, ч. 1.– С. 167–171.