

RAPD-ДНК аналіз як інструмент для біомоніторингу популяції азовського калкану

З літературних джерел відомо про використання маркерів з раптово ампліфікованої поліморфної ДНК (англ. RAPD), для визначення та оцінки генетичного різноманіття чи схожості у декількох організмів. RAPD-маркери успішно було використано для визначення генетичного різноманіття у середині та між людськими популяціями. Інші методи генетичного аналізу були використані для дослідження мікросателітної варіації у дикій природі (популяції камбали, китайської свині та деяких рослин), зібраних у різних місцях існування [1].

Більшість генетичних досліджень риб проводились методами, відмінними від RAPD-ДНК аналізу. Не дивлячись на це, деякими дослідниками за допомогою електрофоретичного розділення раптово ампліфікованої поліморфної ДНК, на основі численних поліморфних рядків, було виявлено схожість та різноманіття дикого та штучно культивованого коропа [2], а середня кількість поліморфних рядків у коропа дикої популяції була приблизно у 1,5 разів більшою за коропа з аквакультури.

Нами було проаналізовано генетичну мінливість азовського калкану (*Scophthalmus maotica torosa*) з різних ділянок Азовського моря за допомогою RAPD-ДНК аналізу фрагментів плавців. Колекцію зразків генетичного матеріалу було зібрано спеціалістами ІРЕМ протягом 2013–2021 років.

Аналіз проводили у лабораторії генетичних досліджень ІРЕМ з використанням різноманітних RAPD-праймерів за стандартними процедурами [2], які включали: екстракцію ДНК з плавців калкану за стандартною методикою із використанням протеїнази К, ампліфікацію ДНК та розділення продуктів ампліфікації у 8% акриламідному гелі у камері вертикального електрофорезу. Забарвлення гелю проводили з використанням етидію броміду.

Отримані результати виявили генетичне різноманіття як у групах так і між групами тварин, зібраних на різних ділянках Азовського моря. Варто зазначити, що кількість поліморфних рядків була більше вираженою у дослідженій групі, зібраній у північно-східній частині Азовського моря, включаючи Таганрозьку затоку. При цьому загальні смуги, утворені RAPD-праймерами, були присутні в кожному індивідуумі, що підтверджувало видові характеристики аналізованих тварин.

Проведене дослідження потребує подальшого розвитку. Ми сподіваємось, що у подальшому отримані результати можуть бути використані для виділення субпопуляційних одиниць та визначення їх критичних за екологічними умовами просторових ділянок та розроблення адекватних природоохоронних заходів, що стосується популяції азовського калка-

на. Такий самий підхід може бути використаний для вивчення генетичного різноманіття та планування охоронних заходів щодо популяцій інших вразливих видів риб.

1. *Bouza C., Sanchez L., Martinez P.* Gene diversity analysis in natural populations and cultured stocks of turbot (*Scophthalmus maximus* L.) // *Anim. Genet.* — 1997. — 28. — P.28–36.
2. *Yoon, Jong-Man, Park, Hong-Yang* Genetic Similarity and Variation in the Cultured and Wild Crucian Carp (*Carassius carassius*) Estimated with Random Amplified Polymorphic DNA // *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences.* — 2002. — Volume 15, Issue 4. — P.470–476.