

ОСОБЛИВОСТІ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ВЕСЛОНОСА (*POLYODON SPATHULA*) ЧЕРНІГІВСЬКОЇ ПОПУЛЯЦІЇ

Х. М. Курта¹, О. О. Малишева¹, В. І. Бабенко², В. Г. Спиридонов³
khrystyna.kurta@gmail.com

¹Українська лабораторія якості і безпеки продукції АПК
Національного університету біоресурсів і природокористування України,
вул. Машинобудівників, 7, смт Чабани, Києво-Святошинський р-н,
Київська обл., 08162, Україна, info@quality.ua

²ПрАТ «Чернігіврибгосп»,
с. Жавинка, Чернігівський р-н, Чернігівська обл., 15583, Україна, fish@ok.net.ua

³Інститут ветеринарної медицини НААН,
вул. Донецька 30, м. Київ, 03151, Україна

*Особливої уваги серед об'єктів культивування заслуговує веслоніс (*Polyodon spathula*) — представник осетроподібних риб, розведення та вирощування якого становить підвищений інтерес для рибницьких господарств через високу біологічну цінність, смакові та дієтичні якості його товарної продукції. Дослідження популяційно-генетичної структури веслоноса має важливе значення для контролю за ефективністю селекційних робіт при штучному відтворенні цього виду.*

*Метою нашої роботи було визначення особливостей генетичної структури веслоноса (*Polyodon spathula*) Чернігівської популяції за мікросателітними ДНК-маркерами.*

У дослідженнях застосовували метод ПЛР за використання мікросателітних ДНК-маркерів, таких, як Psp12, Psp21, Psp26, Psp28. Продукти ампліфікації денатурували формамідом (Sigma, США) та розділяли методом капілярного електрофорезу на генетичному аналізаторі «ABI Prism 3130xl» Genetic Analyser (Applied Biosystems, США).

У результаті проведеного генетичного аналізу у Чернігівській популяції веслоноса було виявлено 22 алейних варіанти мікросателітних локусів ДНК. Найбільш поліморфним серед досліджуваних локусів був локус Psp28 (8 алейних варіантів), найменш поліморфним — локус Psp21 (3 алейних варіанти). Середня кількість алейнів на локус (N_a) становила 6,25. Фактична гетерозиготність (H_o) коливалася в межах від 0,457 (Psp21) до 0,943 (Psp28), тоді як теоретично очікувана гетерозиготність (H_e) — від 0,550 (Psp21) до 0,711 (Psp28). Середні значення показників H_o та H_e становили 0,750 та 0,640 відповідно. Індекс поліморфізму (PIC) для досліджуваних локусів коливався від 0,482 (локус Psp21) до 0,666 (локус Psp28) і в середньому становив $PIC=0,584$. Показник вірогідності виключення випадкового збігу алейнів (PE) у середньому становив $PE=0,559$ і був в межах від 0,153 до 0,884 для локусів Psp21 та Psp28 відповідно.

На основі проведених нами популяційно-генетичних розрахунків встановлено, що за мікросателітними ДНК-маркерами (Psp12, Psp21, Psp26, Psp28) досліджувана популяція характеризується високим рівнем поліморфізму, а в генетичній структурі веслоноса спостерігається переважання гетерозиготних генотипів над гомозиготними. Отримані результати можна рекомендувати до практичного застосування рибницьким підприємствам для здійснення молекулярно-генетичної ідентифікації та паспортизації маточних стад веслоноса.

Ключові слова: ВЕСЛОНІС, МІКРОСАТЕЛІТИ, ДНК-МАРКЕРИ, ГЕНОТИПУВАННЯ, ПОЛІМОРФІЗМ, ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА

PECULIARITIES OF THE GENETIC STRUCTURE OF PADDLEFISH (*POLYODON SPATHULA*) OF CHERNIGIV POPULATION

Kh. Kurta¹, O. Malysheva¹, V. Babenko², V. Spyrydonov³
khrystyna.kurta@gmail.com

¹Ukrainian laboratory of quality and safety of agricultural products,
National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine,
7 Mashynobudivnykiv str., Chabany village, Kyiv region, 08162, Ukraine, info@quality.ua

²OJSV “Chernihiv Fish Industry”,

Zhavynka village, Chernigiv region, 15583, Ukraine, fish@ok.net.ua

³Institute of Veterinary Medicine NAAS of Ukraine,

30 Donetska str., Kyiv 03151, Ukraine

Paddlefish (Polyodon spathula) as one of representatives of sturgeon fish attracts a particular attention among cultivating species due to its high biological value, taste and dietary qualities of its meat. Investigation of the population-genetic structure of paddlefish is important for monitoring the effectiveness of breeding works in the artificial reproduction of this species.

The purpose of our work was to determine the peculiarities of the genetic structure of paddlefish of the Chernihiv population by microsatellite DNA markers.

In the studies the PCR method by the following microsatellite DNA markers Psp12, Psp21, Psp26, Psp28 was used. The amplification products were denatured with formamide (Sigma, USA) and separated by capillary electrophoresis on the genetic analyzer, ABI Prism 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA).

As a result of genetic analysis, 22 allelic variants were identified in Chernigov paddlefish population. The Psp28 (8 allelic variants) was the most polymorphous among studied loci, the Psp21 locus (3 allelic variants) was the least polymorphic. The mean number of alleles per locus (N_a) was 6.25. The observed heterozygosity (H_o) and expected heterozygosity (H_e) ranged from 0,457 (Psp21) to 0,943 (Psp28) and 0,550 (Psp21) to 0,711 (Psp28) with average values of 0,750 and 0,640, respectively. The polymorphic information content (PIC) ranged from 0.482 (locus Psp21) to 0.666 (locus Psp28), the mean PIC was 0.584. The mean rate of power of exclusion (PE) was $PE=0.559$ and ranged from 0.153 to 0.884 for Psp21 and Psp28 loci, respectively. Based on our population-genetic calculations, it was found that the paddlefish population is characterized by a high level of polymorphism by studied microsatellite DNA markers (Psp12, Psp21, Psp26, Psp26), and the genetic structure of the population has predominance of heterozygous genotypes over homozygous. These results can be recommended for fish breeding farms for practical application and implementation of molecular-genetic certification of the paddlefish's broodstock.

Keywords: PADDLEFISH, MICROSATELLITE, DNA-MARKERS, GENOTYPING, POLYMORPHISM, GENETIC STRUCTURE

ОСОБЕННОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ВЕСЛОНОСА (*POLYODON SPATHULA*) ЧЕРНИГОВСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ

К. Н. Курта¹, О. А. Мальшева¹, В. И. Бабенко², В. Г. Спиридонов³
khrystyna.kurta@gmail.com

¹Украинская лаборатория качества и безопасности продукции АПК
Национального университета биоресурсов и природопользования Украины,
ул. Машиностроителей, 7, пгт Чабаны, Киево-Святошинский р-н,
Киевская обл., 08162, Украина, info@quality.ua

²ЧАО «Черниговрыбхоз»,
с.Жавинка, Черниговской р-н, Черниговская обл., 15583, Украина, fish@ok.net.ua

³Институт ветеринарной медицины НААН,
ул. Донецкая, 30, г. Киев, Украина, 03151

Особого внимания среди объектов культивирования заслуживает веслонос (Polyodon spathula) — представитель осетрообразных рыб, разведение и выращивание которого вызывает повышенный интерес для рыбководческих хозяйств через высокую биологическую ценность, вкусовые и диетические качества его товарной продукции. Исследование популяционно-генетической структуры веслоноса имеет значение для контроля эффективности селекционных работ при искусственном воспроизводстве данного вида.

Целью нашей работы было определение особенностей генетической структуры веслоноса Черниговской популяции за микросателлитными ДНК-маркерами.

В исследованиях применяли метод ПЦР при использовании микросателлитных ДНК-маркеров — таких, как Psp12, Psp21, Psp26, Psp28. Продукты амплификации денатурировали формамидом (Sigma, США) и разделяли путем капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе «ABI Prism 3130xl» Genetic Analyser (Applied Biosystems, США).

В результате проведенного генетического анализа в Черниговской популяции веслоноса было выявлено 22 аллельных варианта микросателлитных локусов ДНК. Наиболее полиморфным среди исследуемых локусов был локус *Psp28* (8 аллельных вариантов), наименее полиморфным — локус *Psp21* (3 аллельных варианта). Среднее количество аллелей на локус (N_a) составляло 6,25. Наблюдаемая гетерозиготность (H_o) и ожидаемая гетерозиготность (H_e) варьировались от 0,457 (*Psp21*) до 0,943 (*Psp28*) и 0,550 (*Psp21*) до 0,711 (*Psp28*) со средними значениями 0,750 и 0,640 соответственно. Индекс полиморфизма (PIC) для исследуемых локусов колебался от 0,482 (локус *Psp21*) до 0,666 (локус *Psp28*) и в среднем был $PIC=0,584$. Показатель вероятности исключения случайного совпадения аллелей (PE) в среднем составлял $PE=0,559$, и был в пределах от 0,153 до 0,884 для локусов *Psp21* и *Psp28* соответственно. На основе проведенных нами популяционно-генетических расчетов установлено, что за микросателлитными ДНК-маркерами (*Psp12*, *Psp21*, *Psp26*, *Psp28*) исследуемая популяция характеризуется высоким уровнем полиморфизма, а в генетической структуре веслоноса наблюдается преобладание гетерозиготных генотипов. Полученные результаты можно рекомендовать к практическому применению рыбоводным племенным предприятиям для осуществления молекулярно-генетической идентификации и паспортизации маточных стад веслоноса.

Ключевые слова: ВЕСЛОНОС, МИКРОСАТЕЛЛИТЫ, ДНК-МАРКЕРЫ, ГЕНОТИПИРОВАНИЕ, ПОЛИМОРФИЗМ, ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА

Однією з важливих складових економічного розвитку держави є розширення виробництва якісної рибної продукції та постачання її на вітчизняний та міжнародний ринки. Нині основним завданням для сучасних рибницьких господарств є нарощування виробництва товарної продукції за рахунок використання цінних та високопродуктивних об'єктів риборозведення. Така тенденція орієнтована на збільшення асортименту готової продукції цінних видів риб для задоволення потреб населення [7, 16, 17].

Веслоніс (*Polyodon spathula*) — представник осетроподібних риб, продукція якого характеризується високою біологічною цінністю, смаковими та дієтичними якостями і заслуговує особливої уваги серед об'єктів культивування [13]. Розведення та вирощування веслоноса становить підвищений інтерес у рибницьких господарств, оскільки цей вид є цінним об'єктом полікультури з іншими ставовими видами риб та перспективним для збільшення отримання делікатесної рибної продукції [6, 15, 16].

Розширення виробництва продукції веслоноса потребує раціонального використання ремонтно-маточних стад та проведення селекційних робіт з урахуванням особливостей генетичної структури популяції. Наприклад, відсутність цілеспрямованого контролю генетичних процесів у племінних стадах може призвести до появи небажаних наслідків близькосторідного розведення — таких, як зниження виживаності та продуктивності у потомства [4, 10].

Сучасний розвиток біотехнології та генетики дозволяє застосовувати нові ефективні підходи для моніторингу генетичної складової штучних популяцій веслоноса [3]. Зокрема, одним з найбільш ефективних інструментів у дослідженнях генетичної структури живих організмів є метод полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) з використанням микросателітних ДНК-маркерів. Ці маркери дозволяють виявляти генетичний поліморфізм на рівні популяції, здійснювати індивідуальну ідентифікацію окремих особин, а також цілеспрямовано проводити формування пар плідників для отримання потомства з прогнозованими генотипами [2, 12].

Тому дослідження популяційно-генетичної структури господарсько-цінних об'єктів аквакультури має важливе значення для контролю за ефективністю селекційних робіт при їх штучному відтворенні.

Метою роботи було визначення особливостей генетичної структури веслоноса (*Polyodon spathula*) Чернігівської популяції за микросателітними ДНК-маркерами.

Матеріали і методи

Матеріалом для дослідження була ДНК, виділена з біологічних зразків веслоноса ($n=35$), відібраних з ПрАТ «Чернігіврибгосп» (Чернігівська обл., 2017 р).

Виділення ДНК проводили з використанням методу сорбції ДНК на діоксиді кремнію (SiO_2) [1].

Полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) проводили на ампліфікаторі *Veriti 96 Well* (*Applied Biosystems, США*) з попередньо оптимізованими параметрами: початкова денатурація — 5 хв, 95 °С; 30 циклів денатурації — 15с, 95 °С; відпалювання праймерів — 25 с, 56 °С; елонгація — 5 с, 72 °С та пролонгування — 5 хв, 72 °С.

Реакційна суміш загальним об'ємом 20,0 мм³ містила такі компоненти: 50,0 мМ Трис-НСІ (рН 8,3), 1,5 мМ MgCl₂, 0,2 мМ кожного з дезоксинуклеотидтрифосфатів (dNTP), по 5 рМ прямого і зворотного локус-специфічних праймерів та 1,5 од. Таq-ДНК-полімерази. Зразки виділеної ДНК вносили в кількості 5 мм³ [8, 9].

Продукти ампліфікації денатурували формамідом (*Sigma, США*) та розділяли методом капілярного електрофорезу на генетичному аналізаторі «ABI Prism 3130xl» Genetic Analyser (*Applied Biosystems, США*). Розміри алелів визначали за допомогою програми «Gene Mapper 3.7» (*Applied Biosystems, США*) з використанням стандарту LIZ-500 (*Applied Biosystems, США*).

Для проведення досліджень використовували панель з чотирьох попередньо досліджуваних мікросателітних локусів ДНК веслоноса: Psp12, Psp21, Psp26 та Psp28 (*Applied Biosystems, США*) [9].

Визначення спектру та частот ідентифікованих алелів, кількості алелів на локус (*Na*)

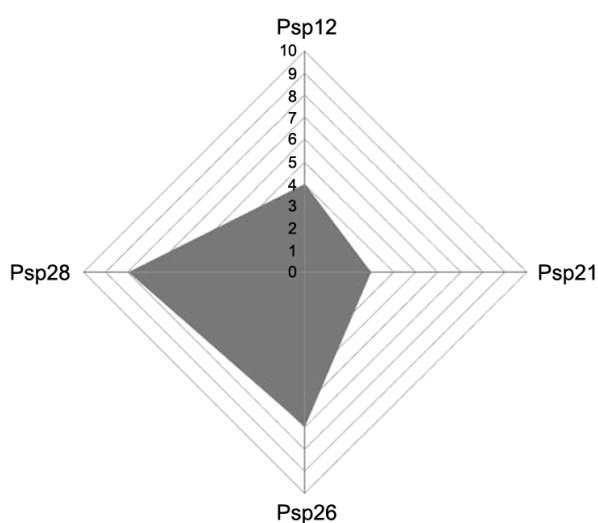


Рис. 1. Генетичний профіль веслоноса (*Polyodon spathula*) за мікросателітними ДНК-маркерами

Fig. 1. Genetic profile of paddlefish (*Polyodon spathula*) by microsatellite DNA markers

проводили методом прямого підрахунку та аналізу отриманих генотипів досліджуваних особин. Розрахунки показників фактичної (*Ho*) та очікуваної гетерозиготності (*He*), індексу поліморфізму (*PI*), вірогідності виключення випадкового збігу алелів (*PE*), індексу фіксації (*Fis*) та критерія Пірсона (χ^2) проводили із застосуванням програм *MS Excel 2010*, *PowerStats V12* (*Promega*), *Cervus v. 3.0.3*, *GENALEX 6.5* [5, 11, 14].

Результати й обговорення

На основі мікросателітного ДНК-аналізу нами було отримано результати щодо особливостей генетичної структури веслоноса Чернігівської популяції та загалом ідентифіковано 22 алельні варіанти (рис. 1). За локусом Psp12 було ідентифіковано 4 алельні варіанти, серед яких найчастіше (51,43 %) виявляли алель 218 пар нуклеотидів (п.н.), а найрідше (1,43 %) — алель 214 п.н. (рис. 2). Найменш поліморфним був локус Psp21, який складався з 3 алельних варіантів. Найчастіше траплявся алельний варіант 150 п.н. з частотою 60,0 %, а найрідше — алельний варіант 146 п.н. з частотою 12,86 %. Для локусу Psp26 було ідентифіковано 7 алельних варіантів, з найбільшою частотою 47,14 % зустрічався алель 142 п.н., тоді як алель 146 п.н. зустрічався з найменшою частотою — 1,43 %. Найвищим рівнем поліморфізму серед досліджуваних локусів характеризувався локус Psp28 — кількість ідентифікованих алелів для цього локусу становила 8, причому, з найвищою частотою (40,00 %) виявляли алель 258 п.н., а з найнижчою частотою (1,43 %) — алельні варіанти 242, 247 та 250 п.н.

Варто зауважити, що для досліджуваної популяції веслоноса нами також було ідентифіковано виявлені раніше [6] нові алельні варіанти, які вже були зафіксовані у Херсонській популяції цього виду риб: для локусу Psp12 — алелі 214 п.н. (1,43 %) і 216 п.н. (32,86 %), для локусу Psp26 — алель 164 п.н. (7,14 %).

Кількість алелів на локус (*Na*) коливалася від 3 (Psp21) до 8 (Psp28). Середня кількість алелів на локус становила 6,25 (табл.).

Фактична гетерозиготність (*Ho*) коливалася в межах від 0,457 (Psp21) до 0,943 (Psp28),

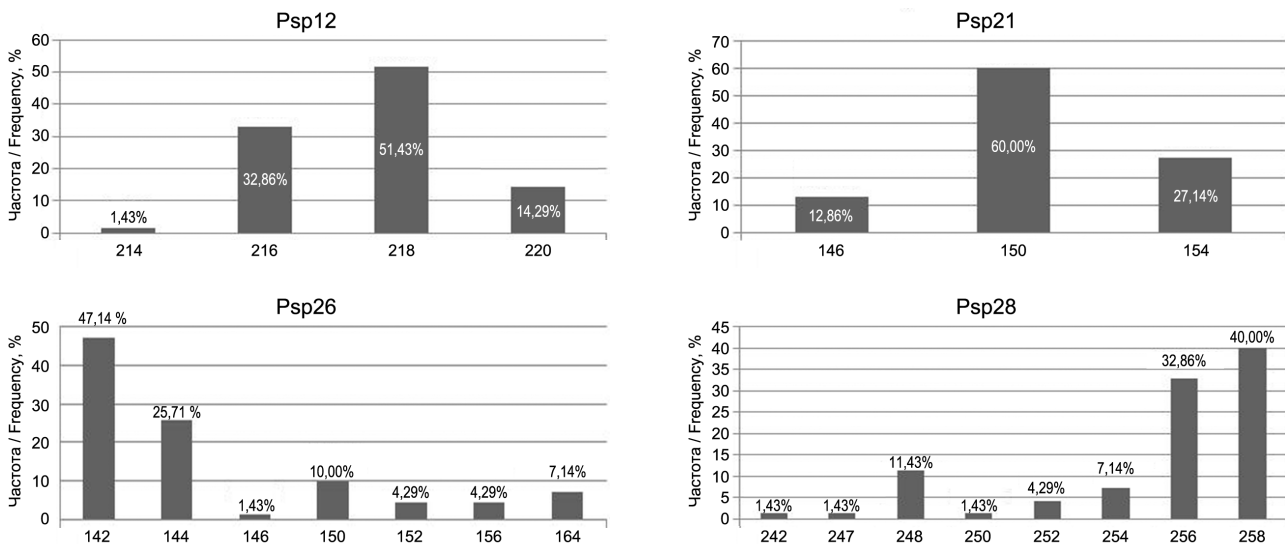


Рис. 2. Генетична структура Чернігівської популяції веслоноса (*Polyodon spathula*) (n=35)
 Fig. 2. Genetic structure of paddlefish (*Polyodon spathula*) of Chernigiv population (n=35)

Таблиця

Показники генетичного поліморфізму веслоноса за мікросателітними локусами
Indicators of the genetic polymorphism of paddlefish by microsatellite loci

Локус / Loci	<i>Na</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>PIC</i>	<i>Fis</i>	χ^2	<i>PE</i>
Psp12	4,0	0,829	0,607	0,534	-0,365	13,177*	0,653
Psp21	3,0	0,457	0,550	0,482	0,169	1,861	0,153
Psp26	7,0	0,771	0,693	0,652	-0,114	23,765	0,547
Psp28	8,0	0,943	0,711	0,666	-0,325	50,289**	0,884
Середнє значення / Mean value	6,25	0,750	0,640	0,584	-0,159	—	0,559

Примітка: * — $P < 0,05$, ** — $P < 0,01$ — вірогідні відмінності між рівнем фактичної та теоретично очікуваної гетерозиготності.

Note: ** — $P < 0,05$, ** — $P < 0,01$ — significant difference between observed and expected heterozygosity.

тоді як теоретично очікувана гетерозиготність (*He*) — від 0,550 (Psp21) до 0,711 (Psp28). Перевищення середнього значення *Ho* над *He* свідчить про наявність надлишку гетерозиготних генотипів у досліджуваній популяції веслоноса. Причому для локусів Psp12 та Psp28 було зафіксовано надлишок гетерозиготних генотипів з рівнем вірогідності 99,95 % та 99,99 % відповідно.

Найбільше переважання гетерозиготних генотипів спостерігалось за локусом Psp12 (*Fis* = -0,365), тоді як нестача гетерозиготних генотипів була зафіксована для локусу Psp21 (*Fis* = 0,169). Середнє значення індексу фіксації (*Fis*) за чотирма локусами було на рівні -0,159, що також вказує на загальне переважання гетерозиготних генотипів у досліджуваній групі риб.

Індекс поліморфізму (*PIC*) для досліджуваних локусів коливався в межах від 0,482

для локусу Psp21 до 0,666 для локусу Psp28. Такі результати вказують на те, що найбільш поліморфним у досліджуваній популяції був локус Psp28, а найменш поліморфним — локус Psp21. У середньому значення індексу поліморфізму становило *PIC*=0,584, що вказує на високий рівень поліморфізму популяції веслоноса за обраними ДНК-маркерами (*PIC*>0,500).

Показник вірогідності виключення випадкового збігу алелів (*PE*) у середньому становив 0,559 і коливався в межах від 0,153 до 0,884 для локусів Psp21 та Psp28 відповідно.

Таким чином, за результатами аналізу мікросателітної ДНК веслоноса Чернігівської популяції було здійснено оцінку генетичної структури та встановлено, що у цього виду риб спостерігається переважання гетерозиготних генотипів над гомозиготними.

Висновки

У результаті проведених генетичних досліджень у Чернігівській популяції веслоноса було виявлено 22 алельних варіанти мікросателітних локусів ДНК. Найбільш поліморфним серед досліджуваних локусів був локус Psp28 (8 алельних варіантів), найменш поліморфним — локус Psp21 (3 алельних варіанти). Середня кількість алелів на локус (N_a) становила 6,25. Індекс поліморфізму (PIC) для досліджуваних локусів коливався від 0,482 (локус Psp21) до 0,666 (локус Psp28) і в середньому становив $PIC=0,584$. Показник вірогідності виключення випадкового збігу алелів (PE) у середньому становив 0,559, і був в межах від 0,153 до 0,884 для локусів Psp21 та Psp28 відповідно.

На основі проведених нами популяційно-генетичних розрахунків встановлено, що за мікросателітними ДНК-маркерами (Psp12, Psp21, Psp26, Psp28) досліджувана популяція характеризується високим рівнем поліморфізму, а в генетичній структурі веслоноса спостерігається переважання гетерозиготних генотипів.

Отримані результати можна рекомендувати до практичного застосування рибницьким племінним господарствам для здійснення молекулярно-генетичної ідентифікації та паспортизації маточних стад веслоноса. З метою управління генетичними ресурсами цього виду, господарствам необхідно застосовувати індивідуальне мічення (чіпування) для присвоєння індивідуального генетичного паспорта кожній окремій особині та створення єдиної генетичної бази даних. Подібні результати дозволять здійснювати контроль за збереженням генетичного різноманіття, проводити формування пар плідників, знизити рівень інбредної депресії та встановлювати походження як окремих особин та їх потомства, так і популяцій досліджуваного виду риб.

Впровадження ДНК-ідентифікації та паспортизації племінного поголів'я у практику аквакультури на державному рівні забезпечить контроль виробництва, експорту та імпорту цінної рибної продукції та дозволить встановлювати і запобігати фактам фальсифікації такої продукції на ринку.

Перспективи подальших досліджень.

Вивчення особливостей генетичної структури веслоноса за мікросателітними ДНК-маркерами є важливою складовою для проведення експертизи генетичного стану його племінних стад з метою подальшого цілеспрямованого управління селекційними процесами та контролю ефективності відтворення цього виду риб в умовах аквакультури. Такий напрям досліджень є перспективним та важливим для здійснення порівняння генетичної складової маточних стад з різних рибницьких господарств та визначення рівня спорідненості між ними за умов контрольованого вирощування.

1. Carter M. J., Milton I. D. An inexpensive and simple method for DNA purifications on silica particles. *Nucleic Acids Res.*, 1993, vol. 21, pp. 1044–1046. DOI: 10.1093/nar/21.4.1044.

2. Heist E. J., Mustapha A. Genetic Structure in Paddlefish Inferred from DNA Microsatellite Loci. *Transactions of the American Fisheries Society*, 2008, vol. 137, is. 3, pp. 909–915.

3. Heist E. J., Nicholson E. H., Sipiorski J. T., Keeney D. B. Microsatellite markers for the paddlefish (*Polyodon spathula*). *Conservation Genetics*, 2002, vol. 3, pp. 205–207. DOI: 10.1023/A:1015272414957.

4. Kaczmarczyk D., Luczynski M., Kolman R. Assemblage of spawning pairs of farmed American paddlefish based on their individual genetic profiles — a new tool in managing of the broodstock's gene pool. *Summary document of Aquaculture Europe*, 2008, pp. 36–37.

5. Kalinowski S. T., Taper M. L., Marshall T. C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, 2007, vol. 16, no. 5, pp. 1099–1106. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x.

6. Kurta K., Malysheva O., Grishyn B., Getia A., Shynkarenko L., Spyrydonov V. Identification of allelic variants of microsatellite DNA paddlefish (*Polyodon spathula*). *Biological Resources and Nature Management*, 2017, vol. 9, no. 5–6. Available at: <http://journals.nubip.edu.ua/index.php/Bio/article/view/9590> (in Ukrainian)

7. Kurta K. M., Malysheva O. O., Spyrydonov V. G. Contemporary state and prospects of research of paddlefish (*Polyodon spathula*) genetic structure (review). *Scientific reports of NULES of Ukraine*, 2016, no. 6 (63), 25 p. Available at: <http://journals.nubip.edu.ua/index.php/Dopovidi/issue/view/308>. (in Ukrainian)

8. Kurta K., Malysheva O., Spyrydonov V. Development of multiplex PCR for genetic analysis of paddlefish populations (*Polyodon spathula* Walbaum,

1792). *Fishery science of Ukraine*, 2017, vol. 4, no. 42, pp. 65–74. (in Ukrainian)

9. Kurta K., Malysheva O., Spirydonov V. Optimization of polymerase chain reaction's conditions for studies of paddlefish (*Polyodon spathula*) microsatellite DNA. *The Animal Biology*, 2017, vol. 19, no. 2, pp. 56–63. (in Ukrainian) DOI: 10.15407/animbiol19.02.056.

10. Malysheva O., Spirydonov V., Mosnyagul K., Shynkarenko L., Andreev I. Intraspecific polymorphism of the microsatellite DNA of Russian sturgeon (*Acipenser gueldenstaedtii brandt*). *Fishery science of Ukraine*, 2016, no. 4 (38), pp. 123–130. (in Ukrainian)

11. Marshall T. C., Slate J., Kruuk L. E., Pemberton J. M. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol. ecol.*, 1998, pp. 639–655. DOI: 10.1046/j.1365-294x.1998.00374.x.

12. May B., Krueger C. C., Kincaid H. L. Genetic variation at microsatellite loci in sturgeon: primers sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus*. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1997, no. 54, pp. 1542–1547. DOI: 10.1139/f97-061.

13. Mims S. Aquaculture of Paddlefish in the United States. *Aquat. Living Resour.*, 2001, vol. 14, pp. 391–398. DOI: 10.1016/S0990-7440(01)01137-8.

14. Peakall R., Smouse P. E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 2006, vol. 6, pp. 288–295. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.

15. Pikitch E., Doukakis P., Lauck L., Chakraborty P., Erickson D. L. Status, trends and management of sturgeon and paddlefish fisheries. *Fish Fish*, 2005, vol. 6, pp. 233–265. DOI: 10.1111/j.1467-2979.2005.00190.x.

16. Sharylo Y., Vdovenko N., Fedorenko M., Gerasymchuk V., Neboga G., Haydamaka L., Zhakun I. *Contemporary aquaculture: from theory to practice*. A practical guide. Kyiv, Prostobook, 2016, 149 p. (in Ukrainian)

17. Tretiak O. M., Hrytsyniak I. I., Tarasiuk S. I. Using DNA markers for studying the genetic structure of paddlefish (*Polyodon spathula* (Walb.)) brood stocks. *Fisheries science of Ukraine*, 2012, vol. 4, pp. 117–120. (in Ukrainian)