

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра зоологии

РЫШКЕВИЧ
Яна Андреевна

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЛЕЩА
ОБЫКНОВЕННОГО (ABRAMIS BRAMA) ВОДНЫХ
ОБЪЕКТОВ БЕЛАРУСИ НА ОСНОВАНИИ
ИЗМЕНЧИВОСТИ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНА COI

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Гайдученко Елена
Сергеевна

Допущена к защите
«__» _____ 2024 г.
Зав. кафедрой зоологии
доктор биологических наук, профессор Буга С. В.

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа содержит 30 страниц, 8 рисунков, 3 таблицы, 20 использованных источника.

Ключевые слова: ПОПУЛЯЦИЯ ЛЕЩА ОБЫКНОВЕННОГО, *ABRAMIS BRAMA*, ФИЛОГЕНЕТИКА, ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ.

Объект исследования: популяция леща обыкновенного *Abramis brama*.

Цель работы: обобщить, на основе литературных данных, особенности биологии леща обыкновенного и провести филогеографический анализ образцов леща обыкновенного.

Методы исследования: методы биоинформатики, методы молекулярно-генетические.

Лещ обыкновенный имеет широкий ареал обитания и населяет множество водных объектов Европы и это позволяет определять на основе особенностей его популяций биологические параметры и структурные особенности ихтиоценоза водных объектов. Он является одним из основных промысловых видов рыб.

Популяцию леща можно охарактеризовать по ее возрастной структуре, по наступлению половой зрелости особей разных популяций, по морфологическим признакам. Так, например, проводилось исследование популяций леща в реке Дресне, где максимальный возраст леща может достигнуть до 10 лет, и в Волге, где этот показатель достигал 14-15 лет, а после были изучены другие водохранилища, и было замечено, что максимальный возраст леща в реках увеличивается с юга на север.

Помимо этого, есть классификация на тугорастущие и быстрорастущие популяции. Проведя анализ леща в озере Езерище, было выявлено, что эта популяция является тугорослой, а в реке Припять быстрорастущей.

Было проведено исследование генетического разнообразия популяций леща обыкновенного по гену COI, в общей сложности собрав 87 образцов с разных точек Беларуси и 34 образца полученных из стран Западной и Восточной Европы из базы данных NCBI Genbank.

В ходе исследования было выявлено низкое гаплотипическое и нуклеотидное разнообразие особей. Это может быть следствием резкого увеличения ареала вида после его сокращения в течение четвертичных ледниковых периодов.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа змяшчае 30 старонак, 8 малюнкаў, 3 табліцы, 20 выкарыстаных крыніц.

Ключавыя словы: ПАПУЛЯЦЫЯ ЛЕШЧА ЗВЫЧАЙНАГА, *ABRAMIS BRAMA*, Філагенетыка, генетычныя разнастайнасць.

Аб'ект даследавання: папуляцыя ляшча звычайнага *Abramis brama*.

Мэта працы: абагульніць, на аснове літаратурных дадзеных, асаблівасці біялогіі ляшча звычайнага і правесці філагаграфічны аналіз узораў ляшча звычайнага.

Метады даследавання: метады біяінфарматыкі, метады малекулярна-генетычныя.

Лешч звычайны мае шырокі арэал пасялення і засяляе мноства водных аб'ектаў Еўропы і гэта дазваляе вызначаць на аснове асаблівасцяў яго папуляцый біялагічныя параметры і структурныя асаблівасці іхтыяцэнозу водных аб'ектаў. Ён з'яўляецца адным з асноўных прамысловых відаў рыб.

Папуляцыю ляшча можна ахарактарызаваць па яе ўзроставай структуры, па наступленні палавой сталасці асобін розных папуляцый, па марфалагічных прыкметах. Так, напрыклад, праводзілася даследаванне папуляцый ляшча ў рацэ Дрэсне, дзе максімальны ўзрост ляшча можа дасягнуць да 10 гадоў, і ў Волзе, дзе гэты паказчык дасягаў 14-15 гадоў, а пасля даследавання іншых вадасховішч, было заўважана, што максімальны ўзрост ляшча у рэках павялічваецца з поўдня на поўнач.

Акрамя гэтага, ёсць класіфікацыя на тугарослыя і хуткарослыя папуляцыі. Правёўшы аналіз ляшча ў возеры Езярышча, было выяўлена, што гэтая папуляцыя з'яўляецца тугарослай, а ў рацэ Прыпяць хуткарослай.

Было праведзена даследаванне генетычнай разнастайнасці папуляцый ляшча звычайнага па гене COI, у агульнай складанасці сабраўшы 87 узораў з розных кропак Беларусі і 34 узоры атрыманыя з краін Заходняй і Усходняй Еўропы з базы дадзеных NCBI Genbank.

У ходзе даследавання была выяўлена нізкая гаплатыпічная і нуклеатыдная разнастайнасць асобін. Гэта можа быць следствам рэзкага павелічэння арэала віду пасля яго скарачэння на працягу чацвярцічных ледніковых перыядаў.

ABSTRACT

Diploma work includes 30 pages, 8 figures, 3 tables, 20 sources used.

Key words: POPULATION OF COMMON BREAM, *ABRAMIS BRAMA*, PHYLOGENETICS, GENETIC DIVERSITY.

Object of study: population of common bream *Abramis brama*.

Aim of research: to summarize on the basis of literary data the biology of common bream and conduct a phylogeographic analysis of common bream samples.

Research methods: bioinformatics methods, molecular genetic methods.

The common bream has a wide habitat and inhabits many water bodies in Europe, and this makes it possible to determine based on the characteristics of its populations, the biological parameters and structural features of the ichthyocenosis of water bodies. It is one of the main commercial fish species.

The bream population can be characterized by its age structure, by the onset of sexual maturity of individuals of different populations, and by morphological characteristics. For example, a study was carried out on bream populations in the Dresna River, where the maximum age of bream can reach up to 10 years, and in the Volga, where this figure reached 14-15 years, and then other reservoirs were studied, and it was noticed that the maximum age of bream in rivers increases from south to north.

In addition, there is a classification into slow-growing and fast-growing populations. After analyzing the bream in Lake Ezerishche, it was revealed that this population is slow-growing, while in the Pripyat River it is rapidly growing.

A study was carried out on the genetic diversity of common bream populations for the COI gene, collecting a total of 87 samples from different points located throughout Belarus and 34 samples obtained from Western and Eastern European countries from the Genbank database.

The study revealed low haplotype and nucleotide diversity of individuals. This may be a consequence of a sharp increase in the species' range after its contraction during the Quaternary Ice Ages.