

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

РУДЕНКОВ
АЛЕКСАНДР СЕРГЕЕВИЧ

АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИИ
ВИНОГРАДНОЙ УЛИТКИ *HELIX POMATIA*
НА СЕВЕРО-ЗАПАДЕ БЕЛАРУСИ

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Е.Э. Хейдорова

Минск, 2024

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 49 с., 8 рис., 9 табл., 49 ист.

Ключевые слова: виноградная улитка (*Helix pomatia*), микросателлиты, мультиплексная ПЦР, фрагментный анализ, генетическая структура популяции.

Объект исследования: виноградная улитка из двух локалитетов северо-западной части Беларуси.

Цель: изучить генетическую структуру популяции виноградной улитки на северо-западе Беларуси и оценить ее генетическое разнообразие.

Методы исследования: камеральная обработка полевого материала, спектрофотометрическое определение концентрации ДНК, молекулярно-генетические (выделение ДНК, полимеразная цепная реакция, электрофорез в агарозном геле, микросателлитный анализ) и биоинформатические методы.

Дипломная работа выполнялась в лаборатории молекулярной зоологии ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам» в рамках мероприятия «Провести морфогенетическую оценку субпопуляций виноградной улитки (*Helix pomatia* Linnaeus, 1758) в долине реки Западная Двина как потенциального ресурса для создания высокопродуктивной промысловой метапопуляции в Беларуси» ГП «Зеленые технологии ресурсопользования и экобезопасности» на 2021-2025 гг. В результате анализа полиморфизма 11 микросателлитных локусов дана характеристика популяционно-генетической структуры, определена степень дифференциации двух субпопуляций виноградных улиток на территории северо-запада Беларуси и охарактеризован их аллелофонд. Всего проанализировано 30 образцов ДНК виноградных улиток из двух субпопуляций: 15 образцов из субпопуляции № 5 (Миорский р-н, д. Загорье) и 15 из субпопуляции № 8 (Ушачский р-н, д. Мосар). Для исследованных субпопуляций установлен высокий уровень инбридинга, предположительно, являющийся результатом неконтролируемого и неизбирательного спаривания, приводящего к небольшим эффективным размерам популяции, низким уровням гетерозиготности и, как следствие, генетическому дрейфу. Результаты кластерного анализа показали высокую степень генетической обособленности между двумя субпопуляциями, причем в субпопуляции №8 две особи группируются в отдельный кластер, что может означать возможную фрагментацию местообитаний. При сравнении внутривидовых показателей установлено более высокое генетическое разнообразие в субпопуляции № 8 по сравнению с субпопуляцией № 5. Генетические параметры, полученные в данном исследовании, могут быть использованы для выявления уязвимых популяций виноградной улитки (*Helix* генетических паспортов популяций виноградных улиток).

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 49 старонак, 8 малюнкаў, 9 табліц, 49 крыніц.

Ключавыя словы: вінаградны слімак (*Helix pomatia*), мікрасатэліты, мультыплексная ПЦР, фрагментны аналіз, генетычная структура папуляцыі.

Аб'екты даследвання: вінаградны слімак з двух лакалітэтаў паўночна-заходняй часткі Беларусі.

Мэта даследвання: вывучыць генетычную структуру папуляцыі вінаграднага слімака на паўночным захадзе Беларусі і ацаніць яе генетычную разнастайнасць.

Метады даследвання: камеральная апрацоўка палявога матэрыялу, спектрафотаметрычнае вызначэнне канцэнтрацыі ДНК, малекулярна-генетычныя (выдзяленне ДНК, палімеразная ланцужковая рэакцыя, электрофарэз у агарозным гелі, мікрасатэлітны аналіз) і біяінфарматычныя метады.

Дыпломная работа выконвалася ў лабараторыі малекулярнай заалогіі ДНВА морфагенетычную ацэнку субпапуляцый вінаграднага слімака (*Helix pomatia* Linnaeus, 1758) у даліне ракі Заходняга Дзвіна як патэнцыяльнага рэсурсу для стварэння высокапрадукцыйнай прамысловай метапапуляцыі ў Беларусі» ДП аналізу палімарфізму 11 мікрасатэлітных локусаў дадзена характарыстыка папуляцыйна-генетычнай структуры, вызначана ступень дыферэнцыяцыі дзвюх субпапуляцый вінаградных слімакоў на тэрыторыі паўночнага захаду Беларусі і ахарактарызаваны іх алелафонды. Усяго прааналізавана 30 прыкладаў ДНК вінаградных слімакоў з двух субпапуляцый: 15 прыкладаў з субпапуляцыі № 5 (Міёрскі р-н, в. Загор'е) і 15 з субпапуляцыі № 8 (Ушацкі р-н, в. Мосар). Для даследаваных субпапуляцый устаноўлены высокі ўзровень інбрыдынгу, меркавана, з'яўляецца вынікам некантралюемага і невыбарчага спарвання, які прыводзіць да невялікіх эфектыўных памераў папуляцыі, нізкіх узроўняў гетэразіготнасці і, як следства, генетычнаму дрыфту. Вынікі кластарнага аналізу паказалі высокую ступень генетычнай адасобленасці паміж двума субпапуляцыямі, прычым у субпапуляцыі № 8 дзве асобныя групуюцца ў асобны кластар, што можа азначаць магчымую фрагментацыю месцапражыванняў. Пры параўнанні ўнутрыпапуляцыйных паказчыкаў устаноўлена больш высокая генетычная разнастайнасць у субпапуляцыі № 8 у параўнанні з субпапуляцыяй № 5. Генетычныя параметры, атрыманыя ў дадзеным даследаванні, могуць быць выкарыстаны для выяўлення ўразлівых папуляцый вінаграднага слімака (*Helix* генетычных пашпартоў папуляцый вінаградных слімакоў).

ABSTRACT

Diploma project 49 p., 8 fig., 9 tables, 49 sources.

Key words: Roman snail (*Helix pomatia*), microsatellites, multiplex PCR, fragment analysis, genetic structure of the population.

Object of study: Roman snail from two localities in the northwestern part of Belarus.

The aim of the research: to study the genetic structure of the Roman snail population in the north-west of Belarus and assess its genetic diversity.

The research methods: cameral processing of field material, spectrophotometric determination of DNA concentration, molecular genetic (DNA extraction, polymerase chain reaction, agarose gel electrophoresis, microsatellite analysis) and bioinformatic methods.

The diploma project was carried out in the laboratory of molecular zoology of the State Research and Production Association “Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Bioresources” as part of the event “To conduct a morphogenetic assessment of subpopulations of the Roman snail (*Helix pomatia* Linnaeus, 1758) in the Western Dvina River valley as a potential resource for creating a highly productive commercial metapopulation in Belarus” State Enterprise “Green technologies for resource use and environmental safety” for 2021-2025. As a result of the analysis of polymorphism of 11 microsatellite loci, the population genetic structure was characterized, the degree of differentiation of two subpopulations of Roman snails in the north-west of Belarus was determined and their allele pool was characterized. A total of 30 DNA samples of Roman snails from two subpopulations were analyzed: 15 samples from subpopulation No. 5 (Miory district, Zagorye village) and 15 from subpopulation No. 8 (Ushachi district, Mosar village). The subpopulations studied show high levels of inbreeding, presumably the result of uncontrolled and indiscriminate mating, resulting in small effective population sizes, low levels of heterozygosity, and consequent genetic drift. The results of cluster analysis showed a high degree of genetic isolation between the two subpopulations, and in subpopulation No. 8, two individuals are grouped into a separate cluster, which may indicate possible fragmentation of habitats. When comparing intrapopulation parameters, higher genetic diversity was found in subpopulation No. 8 compared to subpopulation No. 5. The genetic parameters obtained in this study can be used to identify vulnerable populations of the Roman snail (*Helix pomatia*) in order to take measures to protect them as well as in the preparation of genetic passports of the Roman snail populations.