

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра зоологии

ОЛЕЙНИК
Роман Олегович

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ
ДРЕЙССЕНЫ РЕЧНОЙ В БЕЛАРУСИ

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук
Е.Э. Хейдорова

Минск, 2023

РЕФЕРАТ

Дипломная работа с. 26, рис. 5, табл. 4, 33 литературных источника
ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ДРЕЙССЕНЫ
РЕЧНОЙ В БЕЛАРУСИ

Объект исследования: *Dreissena polymorpha* Pallas, 1771.

Цель: Провести оценку генетического разнообразия речной дрейссены на территории Беларуси.

Методы исследования: молекулярно-генетический и компьютерный анализ, сравнение, анализ полученных данных.

Мы провели исследование генетического разнообразия белорусских популяций речной дрейссены по гену COI, в общей сложности собрав 31 образец с 13 точек, расположенных по всей территории Беларуси. При анализе данных использовали 44 аналогичных последовательностей из базы данных GenBank.

По итогам исследования были установлены показатели генетического разнообразия белорусских популяций *D. polymorpha* (гаплотипическое разнообразие ($H_d \pm SD$) составило $0,295 \pm 0,102$, нуклеотидное разнообразие (P_i) – $0,00071$, среднее число попарных нуклеотидных различий (k) – $0,361$). Показатели генетического разнообразия белорусских популяций оказались ниже, чем у инвазивных популяций Европы и аборигенных популяций бассейна Черного и Каспийского моря.

Дендрограмма генетических различий между полученными нами последовательностями гена COI, построенная с помощью метода максимального правдоподобия (ML) с использованием модели НКУ (Hasegawa-Kishino-Yano), демонстрирует принадлежность европейских популяций к двум гаплогруппам: А и В – с количественным преобладанием гаплогруппы А на территории Беларуси. Аналогичные результаты были получены при построении парсимониальной сети гаплотипов. Кроме того, в ходе исследования мы обнаружили два уникальных гаплотипа (река Припять и Вилейское водохранилище).

Проанализировав географическое распределение белорусских гаплотипов *D. polymorpha* подтвердили предположение о Черноморском источнике инвазии дрейссен.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца с. 26, мал. 5, табл. 4, 33 літаратурных крыніцы
АЦЭНКА ГЕНЕТЫЧНАЙ РАЗНАСТАЙНАСЦІ ДРЭЙСЭНЫ РАЧНОЙ
Ў БЕЛАРУСІ

Аб'ект даследавання: *Dreissena polymorpha* Pallas, 1771.

Мэта: правесці ацэнку генетычнай разнастайнасці рачной дрэйсены на тэрыторыі Беларусі.

Метады даследавання: малекулярна-генетычны і кампутарны аналіз, параўнанне, аналіз атрыманых дадзеных.

Мы правялі даследаванне генетычнай разнастайнасці беларускіх папуляцый рачной дрэйсены па гену COI, у агульнай складанасці сабраўшы 31 Узор з 13 кропак, размешчаных па ўсёй тэрыторыі Беларусі. Пры аналізе дадзеных выкарыстоўвалі 44 аналагічных паслядоўнасцяў з базы дадзеных GenBank.

Па выніках даследавання былі ўстаноўлены паказчыкі генетычнай разнастайнасці беларускіх папуляцый *D. polymorpha* (гаплатыпічная разнастайнасць ($Hd \pm SD$) складала $0,295 \pm 0,102$, нуклеатыдная разнастайнасць (Pi) – $0,00071$, сярэдняя колькасць паравых нуклеатыдных адрозненняў (k) – $0,361$). Паказчыкі генетычнай разнастайнасці беларускіх папуляцый апынуліся ніжэйшымі, чым у інвазіўных папуляцый Еўропы і абарыгенных папуляцый басейна Чорнага і Каспійскага мора.

Дэндраграма генетычных адрозненняў паміж атрыманымі намі паслядоўнасцямі гена COI, пабудаваная з дапамогай метаду максімальнага праўдападабенства (ML) з выкарыстаннем мадэлі Hky (Hasegawa-Kishino-Yano), дэманструе прыналежнасць еўрапейскіх папуляцый да дзвюх гаплагрупаў: А і У – з колькаснай перавагай гаплагрупы А на тэрыторыі Беларусі. Аналагічныя вынікі былі атрыманы пры пабудове парсимоніальнай сеткі гаплатыпаў. Акрамя таго, у ходзе даследавання мы выявілі два ўнікальныя гаплатыпы (рака Прыпяць і Вілейскае вадасховішча).

Прааналізаваўшы геаграфічнае размеркаванне беларускіх гаплатыпаў *D. polymorpha* пацвердзілі здагадку аб Чарнаморскай крыніцы інвазіі дрэйсэн.

ABSTRACT

Thesis p. 26, fig. 5, Table 4, 33 literary sources

ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY OF RIVER DREISSENA IN BELARUS

Object of study: *Dreissena polymorpha* Pallas, 1771.

Objective: To assess the genetic diversity of the river dreissen on the territory of Belarus.

Research methods: molecular genetic and computer analysis, comparison, analysis of the data obtained.

We conducted a study of the genetic diversity of the Belarusian populations of the river dreissen by the COI gene, collecting a total of 31 samples from 13 points located throughout the territory of Belarus. When analyzing the data, 44 similar sequences from the GenBank database were used.

According to the results of the study, indicators of the genetic diversity of the Belarusian populations of *D. polymorpha* were established (haplotypic diversity ($H_d \pm SD$) was 0.295 ± 0.102 , nucleotide diversity (P_i) was 0.00071, the average number of pairwise nucleotide differences (k) was 0.361). The indicators of the genetic diversity of the Belarusian populations were lower than those of the invasive populations of Europe and the indigenous populations of the Black and Caspian Sea basin.

The dendrogram of genetic differences between the COI gene sequences obtained by us, constructed using the maximum likelihood (ML) method using the HKY (Hasegawa-Kishino-Yano) model, demonstrates that European populations belong to two haplogroups: A and B – with a quantitative predominance of haplogroup A on the territory of Belarus. Similar results were obtained when constructing a parsimonial network of haplotypes. In addition, during the study, we found two unique haplotypes (the Pripyat River and the Vileyskoye reservoir).

Analyzing the geographical distribution of the Belarusian haplotypes of *D. polymorpha* confirmed the assumption about the Black Sea source of the Dreissen invasion.