

## Оценка генетического разнообразия внутрипородного типа породы Сарбоянский карп (*Cyprinus carpio* L.)

Научная статья  
УДК 639.371.5

<https://doi.org/10.36038/0131-6184-2025-1-110-115>  
EDN: RREMYT

**Морузи Ирина Владимировна** – доктор биологических наук, профессор, зав. кафедрой биологии, биоресурсов и аквакультуры, Новосибирск, Россия  
*E-mail: irina.moruzi@yandex.ru*

**Елисева Елизавета Андреевна** – аспирант кафедры биологии, биоресурсов и аквакультуры, Новосибирск, Россия  
*E-mail: e.e-2@mail.ru*

**Разоков Наимджон Насимджонович** – аспирант кафедры биологии, биоресурсов и аквакультуры, Новосибирск, Россия  
*E-mail: naimchon\_1999@mail.ru*

**Михайлова Мария Сергеевна** – студент кафедры биологии, биоресурсов и аквакультуры, Новосибирск, Россия  
*E-mail: mariyamikh03@mail.ru*

Новосибирский государственный аграрный университет

**Адрес:** Россия, 630039, г. Новосибирск, ул. Добролюбова, 160

**Аннотация.** Представлены результаты оценки генетического разнообразия стада сарбоянской породы карпа, разводимого в рыбоводном хозяйстве «ЭКО-ПАРК» в Мошковском районе Новосибирской области, по результатам генотипирования 14 SSR-локусов. Проведенный микросателлитный анализ показал, что сарбоянская порода карпа обладает высоким внутрипородным генетическим разнообразием. В 14 исследуемых микросателлитных локусах было обнаружено 315 аллелей. Диапазон числа эффективных аллелей ( $N_e$ ) в локусах колебался от 3,866 до 14,754. Такая широкая вариативность аллелей дает возможность для эффективного проведения генетической паспортизации и идентификации породы сарбоянского карпа. Индекс Шеннона ( $I$ ) для 14 SSR-локусов имеет значение 2,298, это означает, что изучаемое стадо рыб имеет среднюю сложность структуры. Наименьшее значение ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ) составило 0,741 в локусе Mfw 28, а наибольшее – 0,932 было отмечено в локусе Mfw 1 и 0,920 в локусе Mfw 9. Высокое значение ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ) свидетельствует о большой разрешающей способности маркера к локусам Mfw 1 и Mfw 9.

**Ключевые слова:** микросателлиты, аллели, локусы, генетические маркеры, сарбоянский карп

**Для цитирования:** Моружи И.В., Елисеева Е.А., Ракозов Н.Н., Михайлова М.С. Оценка генетического разнообразия внутрипородного типа породы Сарбоянский карп *Cyprinus carpio* L. // Рыбное хозяйство. 2025. № 1. С. 110-115. <https://doi.org/10.36038/0131-6184-2025-1-110-115>

## ASSESSMENT OF THE GENETIC DIVERSITY OF THE INTRA-BREED TYPE OF THE SARBOYAN CARP (*CYPRINUS CARPIOL.*)

**Irina V. Moruzi** – Doctor of Biological Sciences, Professor, Head of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture, Novosibirsk, Russia

**Elizaveta A. Eliseeva** – Postgraduate student of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture, Novosibirsk, Russia

**Naimjon N. Razokov** – Postgraduate student of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture

**Maria S. Mikhailova** – student of the Department of Biology, Bioresources and Aquaculture

**Novosibirsk State Agrarian University**

**Address:** Russia, 630039, Novosibirsk, Dobrolyubova str., 160

**Annotation.** The results of the assessment of the genetic diversity of the herd of the Sarboy breed of carp bred in the fish farm "ECO-PARK" in the Moshkovsky district of the Novosibirsk region, based on the results of genotyping of 14 SSR loci, are presented. The microsatellite analysis showed that the Sarboyan carp breed has a high intra-breed genetic diversity. 315 alleles were found in 14 microsatellite loci studied. The range of effective alleles ( $N_e$ ) at the loci ranged from 3,866 to 14,754. Such a wide variability of alleles makes it possible to effectively carry out genetic certification and identification of the Sarboyan carp breed. The Shannon index ( $I$ ) for 14 SSR loci has a value of 2.298, which means that the studied herd of fish has an average complexity of structure. The lowest value of expected heterozygosity ( $H_e$ ) was 0.741 at the Mfw 28 locus, and the highest value of 0.932 was observed at the Mfw 1 locus and 0.920 at the Mfw 9 locus. The high value of the expected heterozygosity ( $H_e$ ) indicates the high resolution of the marker to the Mfw 1 and Mfw 9 loci.

**Keywords:** microsatellites, alleles, loci, genetic markers Sarboyan carp

**For citation:** Moruzi I.V., Eliseeva E.A., Razenkov N.N., Mikhailova M.S. (2025). Assessment of the genetic diversity of the intra-breed type of the Sarboyan carp *Cyprinus carpio* L. // Fisheries. No. 1. Pp. 110-115. <https://doi.org/10.36038/0131-6184-2025-1-110-115>

*Рисунки и таблицы – авторские / The drawings and tables were made by the author*

**ВВЕДЕНИЕ**

Рыбоводство – одна из наиболее активно развивающихся отраслей сельского хозяйства России. Главными культивируемыми объектами аквакультуры являются карповые, осетровые и форелевые рыбы. В последнее время в хозяйствах активно внедряются современные технологии для повышения рыбопродуктивности. Они включают в себя использование специализированных кормов, контроль качества воды, усовершенствование технологии содержания, а также – генетические исследования.

В России основным объектом прудового рыбоводства является карп (*Cyprinus carpio* L.) [1]. В настоящее время существует более 50 различных пород, форм и разновидностей карпа, каждая из которых имеет различные характеристики, такие как продуктивность, размер, вес и чешуйчатый покров [2]. Наиболее распространенными породами карпа в товарном рыбоводстве Западной Сибири являются сарбоянский и алтайский зеркальный карп.

Сарбоянская порода (*Cyprinus carpio* L.) карпа была выведена в 1987 г., путем скрещивания амурского и ропшинского карпов, учеными В.А. Коровиным и А.С. Зыбиным.

Эта порода отличается хорошими адаптивными способностями, высокой плодовитостью и устойчивостью к гипоксии, что делает сарбоянского карпа подходящим для товарного разведения в условиях сурового климата Западной Сибири. Изначально порода включала три типа: омский (или степной), северный и красноозерский [3]. Однако северный тип был исключен из состава породы из-за вспышки краснухи при ее регистрации. В период с 1990 по 2005 годы также исчезли внутривидовые карпы красноозерского и омского типов. Тем не менее, потомки северного типа сарбоянского карпа сохранились в рыбхозе «ЭКО-ПАРК» в Мошковском районе Новосибирской области.

В настоящее время сарбоянская порода карпа находится под угрозой исчезновения, поэтому для ее сохранения необходимо проводить генетические исследования, результаты которых помогут разработать рекомендации и создать условия для воспроизводства и эффективного использования стада.

Для исследования генетического полиморфизма видов, уровня пloidности и механизмов наследования, помимо митохондриальных маркеров, активно применяются

**Таблица 1.** Микросателлитные локусы и применяемые последовательности праймеров / **Table 1.** Microsatellite loci and applied primer sequences

№ п/п	Локус	Последовательность, 5' -3'	Флуоресцентная метка
1	MFW2	CACACCGGGCTACTGCAGAG GTGCAGTGCAGGCAGTTTGC	ROX
2	MFW 6	ACCTGATCAATCCCTGGCTC TTGGGACTTTTAAATCACGTTG	FAM
3	MFW 13	ATGATGAGAACATTGTTTACAG TGAGAGAACAATGTGGATGAC	FAM
4	MFW 16	GTCCATTGTGTCAAGATAGAG TCTTCATTTTCAGGCTGCAAAG	TAMRA
5	Cid0909	CATGTAGTCCACCGCCTGATGAT GAAGGGGCAGCTTGAATCCA	FAM
6	MFW 20	CAGTGAGACGATTACCTTGG GTGAGCAGCCCACATTGAAC	ROX
7	MFW 24	GCTCCAGATTGCACATTATAG CTACACACACGCAGAGCCTTTC	FAM
8	MFW 28	GATCCCTTTTGAATTTTCTAG ACAGTGAGGTCCAGAAGTCG	TAMRA
9	MFW1	GTCCAGACTGTCATCAGGAG GAGGTGTACACTGAGTCACGC	TAMRA
10	MFW 9	GATCTGCAAGCATATCTGTCCG ATCTGAACCTGCAGCTCCTC	TAMRA
11	MFW 10	CTGCAGGGTGCAGGAATAGAC GGCTGAACAGGAACAAGAGGC	ROX
12	MFW 11	GCATTTGCCTTGATGGTTGTG TCGTCTGGTTTAGAGTGCTGC	R6G
13	MFW 26	CCCTGAGATAGAAACCACTG CACCATGCTTGGATGCAAAG	R6G
14	MFW 29	GTTGACCAAGAAACCAACATGC GAAGCTTTGCTCTAATCCACG	ROX

ядерные маркеры, такие как микросателлитные локусы [4].

Микросателлиты представляют собой короткие tandemные последовательности ди-, три- или тетра-нуклеотидных повторов с размером повтора 1-6 пар оснований (п.н.), окружённые участками неповторяющихся уникальных последовательностей ДНК [5; 6; 7]. Из-за их высокой степени полиморфизма микросателлиты используются в качестве молекулярных маркеров в генетической структуре, идентификации родства, генетическом картировании и других исследованиях популяционной генетики [8; 9]. Данные маркеры характеризуются высокой частотой мутаций – от  $10^{-6}$  до  $10^{-2}$  на локус за поколение [6].

Микросателлиты делятся на три категории, в зависимости от типа повторяющихся последовательностей: совершенные, несовершенные и сложные. Совершенные микросателлиты представляют собой непрерывную последовательность, состоящую из одинаковых мотивов. Несовершенные состоят из групп одинаковых мотивов, разделённых несколькими неповторяющимися основаниями. Сложные же включают блоки мотивов одного или разных типов, разделённых не более чем 100 п.н. [10; 11].

Целью данной работы является изучение генетического разнообразия сарбянского карпа.

## ОБЪЕКТЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Объектом исследования были самки и самцы сарбянского карпа, рыбоводного хозяйства ООО «ЭКО-ПАРК» Мошковского района Новосибирской области. Пробы были взяты

у 30 экз. самцов и самок. Биологический материал для изучения собирали прижизненно. Фрагмент спинного плавника размером (15-20 мм) отрезали и фиксировали в 96% этиловом спирте на местах сбора материала. Изучаемых особей чипировали.

ДНК выделяли с помощью набора реагентов «ДНК-ЭКСТРАН-2» (Синтол, Россия). ПЦР проводили 25 мкл реакционной смеси, содержащей буфер для Taq-полимеразы (650 Мм Трис-HCL, 166 Мм  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ , 0,2% Твин 20, pH 8,8). Продукты реакции амплификации разделяли методом электрофореза в 1%-ном агарозном геле в  $1\times$ ТАЕ-буфере, окрашенном бромистым этидием, и фотодокументировали. Секвенирование проводили в Институте генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси.

Генетическое разнообразие было проанализировано на основе 14 SSR-локусов: MFW1, MFW2, MFW6, MFW9, MFW10, MFW11, MFW13, MFW16, MFW20, MFW24, MFW26, MFW28, MFW29 и Cid0909 [12; 13]. Для этого исследования использовались праймеры, информация о которых представлена в таблице 1.

Статистический анализ генетической структуры сарбянского карпа был проведен с использованием программного обеспечения GenAIEx v.6.5 [14]. В ходе анализа были рассчитаны ключевые показатели генетического разнообразия, такие как:  $N_a$  (среднее количество идентифицированных аллелей на локус),  $H_e$  (ожидаемая гетерозиготность),  $H_o$  (наблюдаемая гетерозиготность),  $I$  (индекс разнообразия Шеннона),  $N_e$  (количество эффективных

**Таблица 2.** Показатели информативности изучаемых SSR-локусов сарбянского карпа / **Table 2.** Indicators of the informativeness of the studied SSR loci of the Sarboyan carp

Локус	<i>N</i>	<i>N<sub>a</sub></i>	<i>N<sub>e</sub></i>	<i>I</i>	<i>H<sub>o</sub></i>	<i>H<sub>e</sub></i>	<i>uH<sub>e</sub></i>	<i>F<sub>st</sub></i>
Mfw 6	27	13,000	8,627	2,336	0,556	0,884	0,901	0,372
Mfw 24	30	20,000	13,235	2,769	0,867	0,924	0,940	0,062
Cid 909	25	12,000	4,699	1,950	0,880	0,787	0,803	-0,118
Mfw 10	25	8,000	4,223	1,637	0,880	0,763	0,779	-0,153
Mfw 2	13	8,000	4,761	1,754	0,538	0,790	0,822	0,318
Mfw 9	29	20,000	12,552	2,728	0,793	0,920	0,936	0,138
Mfw 1	30	20,000	14,754	2,821	0,633	0,932	0,948	0,321
Mfw 13	28	17,000	9,620	2,513	0,500	0,896	0,912	0,442
Mfw 26	24	14,000	10,971	2,487	0,625	0,909	0,928	0,312
Mfw 11	27	16,000	6,627	2,282	0,444	0,849	0,865	0,477
Mfw 29	29	17,000	9,344	2,492	0,724	0,893	0,909	0,189
Mfw 20	29	18,000	8,582	2,528	0,690	0,883	0,899	0,219
Mfw 16	29	15,000	7,442	2,283	0,517	0,866	0,881	0,402
Mfw 28	24	8,000	3,866	1,590	0,708	0,741	0,757	0,044
Mean	26,357	14,714	8,522	2,298	0,668	0,860	0,877	0,216
SE	1,175	1,179	0,934	0,110	0,039	0,017	0,017	0,053

Примечание: \* таблица создана на основе собственных данных; Mean – среднее значение, SE- стандартная ошибка среднего

аллелей),  $F$  (индекс фиксации). В программе Structure v.2.3.4 был рассчитан критерий  $Q$ , который определяет принадлежность каждой особи к определенному кластеру, что позволяет понять структуру популяции и ее генетическую организацию.

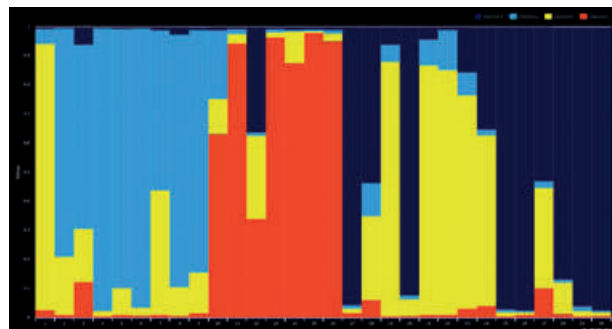
## РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В ходе исследования генетической структуры сарбоянской породы карпа, основанного на анализе 14 микросателлитных локусов, было выявлено общее количество 315 аллелей.

Среднее количество идентифицированных аллелей на локус ( $N_a$ ) варьировалось от 8 (Mfw 10, Mfw 2, Mfw 28) до 20 (Mfw 24, Mfw 9, Mfw 1), при среднем значении  $14,714 \pm 1,179$ , наименьшее число эффективных аллелей ( $N_e$ ) наблюдалось в локусе Mfw 28 и имело значение 3,866, а наибольшее количество было в локусе Mfw 1 равное 14,754, среднее значение этого показателя составило  $8,522 \pm 0,934$ .

Индекс Шеннона ( $I$ ) для 14 STR-локусов –  $2,298 \pm 0,11$ , это означает, что изучаемое стадо рыб имеет среднюю сложность структуры. Наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o$ ) находилась в пределах от 0,444 (Mfw 11) до 0,880 (Cid 909, Mfw 10), при средних значениях 0,668  $\pm$  0,039. Наименьшее значение ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ) составило 0,741 в локусе Mfw 28, а наибольшее – 0,932 было отмечено в локусе Mfw 1, средние значения данного показателя составили  $0,86 \pm 0,017$ . Значение индекса фиксации ( $F$ ) варьировалось от -0,153 (Mfw 10) до 0,477 (Mfw 11) средние значения, при среднем значении  $0,216 \pm 0,053$ .

Результаты кластерного анализа, проведенного на выборке сарбоянского карпа, представлены на рисунке 1. Кластеры в графике расположены по порядку, без сортировки по значению  $Q$ . Анализ популяции сарбоянского



**Рисунок 1.** Результаты анализа генетической структуры сарбоянского карпа

**Figure 1.** The results of the analysis of the genetic structure of the Sarboyan carp

карпа выявил, что исследуемое стадо, скорее всего, делится на четыре основных кластера. Это разделение может свидетельствовать о наличии различных подгрупп внутри популяции.

## ВЫВОДЫ

1. В 14 исследуемых микросателлитных локусах было обнаружено 315 аллелей. Диапазон числа эффективных аллелей ( $N_e$ ) в локусах колебался от 3,866 до 14,754. Такая широкая вариативность аллелей дает возможность для эффективного проведения генетической паспортизации и идентификации породы сарбоянского карпа. Индекс Шеннона ( $I$ ) для 14 SSR-локусов имеет значение 2,298, это означает, что изучаемое стадо рыб имеет среднюю сложность структуры. Наименьшее значение ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ) составило 0,741 в локусе Mfw 28, а наибольшее значение 0,932 было отмечено в локусе Mfw 1 и 0,920 в локусе Mfw 9. Высокое значение ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ) свидетельствует о большой разрешающей способности маркера к локусам Mfw 1 и Mfw 9.

2. Результаты кластеризации популяции сарбоянского карпа показали, что изучаемое стадо вероятнее всего делится на 4 кластера.

*Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.*

*The authors declare that there is no conflict of interest.*

## ЛИТЕРАТУРА И ИСТОЧНИКИ

1. Серветник Г.Е. Кормление карпа кормами с разным содержанием белка // Время научного прогресса: Сборник научных трудов по материалам IV Международной конференции «Время научного прогресса» 11 апреля 2022 г. – Волгоград: "Научное обозрение". 2022. С. 39-47.
2. Богерук А.К. Генезис и современное состояние пород карпа в России и сопредельных странах // Рыбоводство и рыбное хозяйство. 2008. № 6. С. 21-27
3. Коровин В.А. Методы выведения и современное состояние сарбоянской породы карпа: – Сборник: Селекция рыб. – Москва: ВО Агропромиздат. 1989. С. 195-210.
4. Мюге Н. С., Барминцева А. Е. Геномные исследования для сохранения осетровых: анализ наследования полиплоидных локусов и разработка панели маркеров для идентификации гибридов осетровых и продукции из них // Вестник Российского фонда фундаментальных исследований. 2020. № 2 (106). С. 78-87. <https://doi.org/10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87>.
5. Abdul-Muneer P.M. (2014). Application of Microsatellite Markers in Conservation Genetics and Fisheries Management: Recent Advances in Population Structure Analysis and Conservation Strategies // Genetics Research International. Pp.1-11. <https://doi.org/10.1155/2014/691759>.

6. Lei Y., Zhou Y., Price M. et al. (2021). Genome-wide characterization of microsatellite DNA in fishes: survey and analysis of their abundance and frequency in genome-specific regions // BMC Genomics V. 22. N. 1. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07752-6>.
7. Tautz D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers // Nucleic Acids Research. V.17. N. 16. Pp. 6463-6471.
8. Chaturvedi A., Mohindra V., Singh R.K., Lal K.K., Punia P et al. (2011). Population genetic structure and phylogeography of cyprinid fish *Labeo dero* (Hamilton, 1822) inferred from allozyme and microsatellite DNA marker analysis // Mol. Biol. Rep. V. 38. Pp 3513-3529. <https://doi.org/10.1007/s11033-010-0462-y>.
9. Liu, X., Luo, W., Zeng, C., Wang, W. and Gao, Z. (2011). Isolation of New 40 Microsatellite Markers in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*) // International journal of molecular sciences. V.12. N. 7. Pp. 4180-4189. <https://doi.org/10.3390/ijms12074180>.
10. Dobrovol'skaya O.B., Pont C., Orlov Y.L. et al. (2015). Development of new SSR markers for homoeologous WFZP gene loci based on the study of the structure and location of microsatellites in gene-rich regions of chromosomes 2AS, 2BS, and 2DS in bread wheat // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. V. 19. N. 3. Pp. 330-337. DOI:10.18699/VJ15.039.
11. Weber J.L. (1990) Informativeness of human (dC-dA)<sub>n</sub> \* (dG-dT)<sub>n</sub> polymorphisms // Genomics. V.7. N. 4. Pp. 524-30. [https://doi.org/10.1016/0888-7543\(90\)90195-z](https://doi.org/10.1016/0888-7543(90)90195-z).
12. Crooijmans R. P. M. A., Van der Poel J. J., Groenen M. A. M., Bierbooms V. A. F., Komen J. (1997) Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.) // Animal Genetics. V. 28. N. 2. Pp. 129-134. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00097.x>.
13. Лемеш В.А., Агеец В.Ю., Царь А.И. [и др.] Оценка генетического разнообразия и структуры зарубежных пород карпа (*Cyprinus carpio* L.), выращиваемых в аквакультуре в Беларуси // Молекулярная и прикладная генетика. 2023. Т 35. С. 45-51.
14. Peakall R., Smouse P. E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update // Bioinformatics. V. 28. N. 19. Pp. 2537-2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.
15. Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data // Genetics. V. 155. N. 2. Pp. 945-959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.
4. Muge N.S., Barmintseva A.E. (2020). Genomic studies for sturgeon conservation: analysis of inheritance of polyploid loci and development of a panel of markers for identification of sturgeon hybrids and products from them // Bulletin of the Russian Foundation for Basic Research. No. 2 (106). Pp. 78-87. <https://doi.org/10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87>.
5. Abdul-Muneer P.M. (2014). Application of Microsatellite Markers in Conservation Genetics and Fisheries Management: Recent Advances in Population Structure Analysis and Conservation Strategies // Genetics Research International. Pp.1-11. <https://doi.org/10.1155/2014/691759>.
6. Lei Y., Zhou Y., Price M. et al. (2021). Genome-wide characterization of microsatellite DNA in fishes: survey and analysis of their abundance and frequency in genome-specific regions // BMC Genomics V. 22. N. 1. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07752-6>.
7. Tautz D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers // Nucleic Acids Research. V.17. N. 16. Pp. 6463-6471.
8. Chaturvedi A., Mohindra V., Singh R.K., Lal K.K., Punia P et al. (2011). Population genetic structure and phylogeography of cyprinid fish *Labeo dero* (Hamilton, 1822) inferred from allozyme and microsatellite DNA marker analysis // Mol. Biol. Rep. V. 38. Pp 3513-3529. <https://doi.org/10.1007/s11033-010-0462-y>.
9. Liu, X., Luo, W., Zeng, C., Wang, W. and Gao, Z. (2011). Isolation of New 40 Microsatellite Markers in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*) // International journal of molecular sciences. V.12. N. 7. Pp. 4180-4189. <https://doi.org/10.3390/ijms12074180>.
10. Dobrovol'skaya O.B., Pont C., Orlov Y.L. [et al.] (2015). Development of new SSR markers for homoeologous WFZP gene loci based on the study of the structure and location of microsatellites in gene-rich regions of chromosomes 2AS, 2BS, and 2DS in bread wheat // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. V. 19. N. 3. Pp. 330-337. <https://doi.org/10.18699/VJ15.039>.
11. Weber J.L. (1990) Informativeness of human (dC-dA)<sub>n</sub> \* (dG-dT)<sub>n</sub> polymorphisms // Genomics. V.7. N. 4. Pp. 524-30. [https://doi.org/10.1016/0888-7543\(90\)90195-z](https://doi.org/10.1016/0888-7543(90)90195-z).
12. Crooijmans R. P. M. A., Van der Poel J. J., Groenen M. A. M., Bierbooms V. A. F., Komen J. (1997) Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.) // Animal Genetics. V. 28. N. 2. Pp. 129-134. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00097.x>.
13. Lemesh V.A., Ageets V.Yu., Tsar A.I. and others. Assessment of the genetic diversity and structure of foreign carp breeds (*Cyprinus carpio* L.) grown in aquaculture in Belarus // Molecular and applied Genetics. 2023. Т 35. Pp. 45-51. (In Russ.).
14. Peakall R., Smouse P. E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update // Bioinformatics. V. 28. N. 19. Pp. 2537-2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.
15. Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data // Genetics. V. 155. N. 2. Pp. 945-959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.

## REFERENCES AND SOURCES

1. Servetnik G.E. (2022). Feeding carp with feeds with different protein content // Time of scientific progress: A collection of scientific papers based on the materials of the IV International Conference "Time of scientific progress" April 11, 2022 Volgograd: "Scientific Review". Pp. 39-47. (In Russ.).
2. Bogeruk A.K. (2008). Genesis and current state of carp breeds in Russia and neighboring countries // Fish farming and fisheries. No. 6. Pp. 21-27. (In Russ.).
3. Korovin V.A. (1989). Methods of breeding and the current state of the Sarboyan carp breed: Collection: Fish breeding. – Moscow: VO Agropromizdat. Pp. 195-210. (In Russ.).

Материал поступил в редакцию / Received 25.01.2025  
Принят к публикации / Accepted for publication 28.11.2025