

Научная статья  
 УДК 575.17:594.117  
 doi:10.35694/YARCX.2024.66.2.008

## МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ РЕВИЗИЯ ГРЕБЕШКОВ КОЛЛЕКТОРНЫХ ХОЗЯЙСТВ КРЫМСКОГО ПОБЕРЕЖЬЯ ЧЁРНОГО МОРЯ

Елена Евгеньевна Слынько<sup>1</sup>, Евгений Николаевич Белкин<sup>2</sup>,  
 Сергей Викторович Климкин<sup>3</sup>, Андрей Евгеньевич Автонов<sup>4</sup>

<sup>1, 2, 3, 4</sup>Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ), Москва, Россия

<sup>1</sup>elena.slynko.76@mail.ru, ORCID 0000-0003-1261-1100

<sup>2</sup>Evg628@yandex.ru

<sup>3</sup>s3047573@yandex.ru

**Реферат.** На основании молекулярно-генетических и морфологических данных изучен современный таксономический статус и популяционная изменчивость черноморского гребешка. Установлено, что черноморский гребешок может быть надёжно квалифицирован как средиземноморский гребешок *Flexopecten glaber* (Linnaeus, 1758). Для черноморского гребешка, по сравнению с объединённой выборкой средиземноморских гребешков, характерны значительное снижение величин параметров изменчивости, присутствие новых гаплотипов и нарастание рассогласования в распределении нуклеотидов. Предлагаются вероятные объяснения наблюдаемых явлений с позиций эпигенетической теории эволюции и времени проникновения гребешка в Чёрное море.

**Ключевые слова:** *Flexopecten glaber*, 16S рДНК, морфологическая изменчивость, таксономическое разнообразие, онтогенетические каналы, адаптивный компромисс

## MOLECULAR GENETIC REVISION OF THE SCALLOPS OF COLLECTOR FARMS OF THE CRIMEAN BLACK SEA COAST

Elena E. Slynko<sup>1</sup>, Evgeniy N. Belkin<sup>2</sup>, Sergey V. Klimkin<sup>3</sup>, Andrey E. Avtonov<sup>4</sup>

<sup>1, 2, 3, 4</sup> Russian Biotechnological University, Moscow, Russia

<sup>1</sup>elena.slynko.76@mail.ru, ORCID 0000-0003-1261-1100

<sup>2</sup>Evg628@yandex.ru

<sup>3</sup>s3047573@yandex.ru

**Abstract.** Based on molecular genetic and morphological data, the modern taxonomic status and population variability of the Black Sea scallop were studied. It has been established that the Black Sea scallop can be reliably qualified as the Mediterranean scallop *Flexopecten glaber* (Linnaeus, 1758). The Black Sea scallop, in comparison with the combined sample of Mediterranean scallops, is characterized by a significant decrease in the values of variability parameters, the presence of new haplotypes and an increase in mismatch in the distribution of nucleotides. Probable explanations of the observed phenomena from the standpoint of the epigenetic theory of evolution and the time of penetration of the scallop into the Black Sea are proposed.

**Keywords:** *Flexopecten glaber*, 16S rDNA, morphological variability, taxonomic diversity, ontogenetic channels, adaptive compromise

**Введение.** Pectinidae – одно из наиболее богатых по числу видов семейств двустворчатых моллюсков, характеризующееся широкими экологическими диапазонами обитания и высоким уровнем морфологической пластичности [1]. Также многие виды гребешков, в частности средиземноморские виды рода *Flexopecten*, повсеместно используются в коммерческих целях, как ценный пищевой продукт [2]. Атлантическая (включая средиземно-

морские виды) группа *Flexopecten* в настоящее время состоит из *F. felipponei* (Dall, 1922), *F. flexuosus* (Poli, 1795) (= *coarctatus*), *F. glaber* (Linnaeus, 1758) (= *ponticus*, = *proteus*), *F. hyalinus* (Poli, 1795), из которых только последние три вида представлены в средиземноморском бассейне. Длительное время считалось, что в Чёрном море обитает только подвид *Flexopecten glaber ponticus* (Bucquoy, Dautzenberg

& Dollfus, 1889) средиземноморского гребешка *Flexopecten glaber* (Linnaeus, 1758). Данный подвид был квалифицирован как эндемик Чёрного моря. Некоторые авторы даже настаивали на самостоятельном видовом статусе черноморского гребешка – *Flexopecten ponticus* (Bucquoy, Dautzenberg et Dolfus, 1889). Вместе с тем проведённые молекулярно-генетические работы с использованием анализа нескольких генов мтДНК (COI, 16S, 12S) [3–5] и одного ядерного гена (гистон H3) [5] позволили в конечном итоге констатировать, что в бассейне Атлантического океана и Средиземноморском бассейне, в частности, из видов родовой клуды *Flexopecten* два близкородственных вида *Flexopecten glaber* и *F. proteus* представляют один вид. Совсем недавно, на основании традиционных морфологических методов, было подтверждено, что в Чёрном море обитает только один вид – *F. glaber* [6]. Поскольку определение и идентификация видов являются одними из первых основных шагов для мониторинга и сохранения биоразнообразия, то, соответственно, основной задачей нашей работы стала таксономическая молекулярно-генетическая ревизия гребешков на коллекторах хозяйств Крымского побережья Чёрного моря и определение параметров генетической и морфологической изменчивости в культивируемых популяциях этих моллюсков.

**Материалы и методы.** Для генетического анализа были отобраны 15 экземпляров половозрелых особей гребешка возраста 2+, подращивание которого проходило в садках на мидийно-устричной ферме (внешний рейд Севастопольской бухты). Сами гребешки были взяты из естественных условий на входе в залив Донузлав в возрасте 1+ и помещены на сетки коллекторов. Тотальную ДНК выделяли из мышцы аддуктора при помощи набора innuPREP DNA Mini Kit (компания Analytik Jena, Германия). Анализ нуклеотидных последовательностей проводили по митохондриальному гену 16S рРНК. Амплификацию фрагмента 16S рРНК длиной 487 п.н. проводили с использованием следующих праймеров: прямого 16Sar (5'–CGCCTGTATTATCAAAAACAT–3') и обратного 16Sbr (5'–CCGGTCTGAACAGATCACGT–3') [7]. В качестве амплификационных смесей использовали готовые лиофилизованные реакционные смеси (мастермиксы), предназначенные для проведения амплификаций ДНК, в объёме 20 мкл. Мастермиксы для проведения отдельной реакции содержали все необходимые для реакции компоненты, включая ингибированную для «горячего старта» Taq ДНК полимеразу, dNTP и краску для электрофореза (ООО «Научно-производственная фирма «Генлаб», Москва).

По гену 16S рРНК мтДНК были получены ампликоны для номеров 1, 2 и 8–20 экземпляров

гребешка включительно. Полученные ПЦР-продукты секвенировали на базе ЗАО «Евроген Ру» (Москва) в прямом и обратном направлениях. Филогенетическое дерево с расчётом бутстреп-поддержек узлов ветвления (1000 репликаций) строили в программе MEGA 7.0 с применением метода «ближайшего соседства» (Neighbor Joining, NJ) [8]. Расчёты параметров генетической изменчивости осуществляли с применением программного пакета DNASP 5.10 [9]. Для сравнения использовали данные по гаплотипам 16S рРНК, взятым из GenBank, NCBI [10], по 4 экземплярам вида *F. glaber* (GU320280, HM627016, JQ611443, HQ197862) и по 6 экз. *F. proteus* (HM627045, HM627046, HM627048, HM627051, GU320283, GU320287), а также гаплотипы представителей *Chlamis glabra* (AJ243574), *F. flexuosus* (JQ611442). В качестве внешней группы использовались *Mirapecten moluccensis* (KP300558) и *Aequipecten opercularis* (AM494408).

В целях выявления индивидуальных онтогенетических каналов проводили оценку морфологической изменчивости по семи пластическим признакам раковины, связанным с особенностями роста раковины: высота раковины (H), длина раковины (L), выпуклость обеих створок (W), длина раковины от нижнего края до нижнего выреза лопасти (h), длина лопасти (lz1), длина лопасти от глубины выреза до противоположного края (lz2), ширина лопасти (lh). Для измерений подбирались особи одного возраста с разбросом высоты раковины от 28 до 32 мм. Пластические признаки внешней морфологии представляли в виде индексов в %% от высоты раковины (H). Статистическую обработку морфологических данных проводили с использованием многомерных методов анализа с применением программного пакета Statistica 6.0. В анализе главных компонент собственные векторы рассчитывали по вариационно-корреляционной матрице. Длина вектора принималась равной 1. Контуры скаттера, образуемого особями на плоскости ГК, рассматривали как границы онтогенетического канала, то есть проекции той области многомерного пространства признаков, в которой располагаются индивидуальные онтогенетические траектории [11; 12].

**Результаты и обсуждение.** Гаплотипы 12 экземпляров длиной 419 п.н. черноморских гребешков были идентичны гаплотипам *F. glaber* (GU320280, HM627016) и *F. proteus* (HM627045, HM627046, HM627048, HM627051, GU320283, GU320287) и имели высокую степень сходства с другими гаплотипами *F. glaber*, а также с *Chlamis glabra* и *F. flexuosus*. У трёх экземпляров черноморских гребешков выявлены новые гаплотипы, зарегистрированные в NCBI под следующими номерами MH428573 (экз. № 2)

и MN428574 (экз. № 8 и № 9), сформировавшие при построении филогенетического дерева независимую кладу, однако уровень бутстреп-поддержки дифференциации от основной группы черноморско-средиземноморских гребешков составил 99. Поэтому все проанализированные нами черноморские экземпляры гребешка идентифицируются

по гену 16S рПНК как вид *Flexopecten glaber* и одновременно как вид *F. proteus*. Если экземпляры из Чёрного моря имели *p*-расстояние от *F. glaber* 0,1%, то от *F. proteus* – 0,08% (табл. 1).

Помимо этого, необычайно близким к данным видам оказался и вид *F. flexuosus*, который относительно удалён только от черноморских образцов

Таблица 1 – Матрица значений *p*-расстояний (%) между гребешками из Чёрного моря и Средиземного моря и гребешками из родственных родов

| Вид                                | <i>Flexopecten</i><br>Чёрного моря | <i>Flexopecten glaber</i> | <i>F. proteus</i> | <i>F. flexuosus</i> | <i>Mirapecten moluccensis</i> | <i>Aequipecten opercularis</i> |
|------------------------------------|------------------------------------|---------------------------|-------------------|---------------------|-------------------------------|--------------------------------|
| <i>Flexopecten</i><br>Чёрного моря | –                                  |                           |                   |                     |                               |                                |
| <i>Flexopecten glaber</i>          | 0,1                                | –                         |                   |                     |                               |                                |
| <i>F. proteus</i>                  | 0,08                               | 0,07                      | –                 |                     |                               |                                |
| <i>F. flexuosus</i>                | 0,3                                | 0,02                      | 0,2               | –                   |                               |                                |
| <i>Mirapecten moluccensis</i>      | 64                                 | 65                        | 65                | 65                  | –                             |                                |
| <i>Aequipecten opercularis</i>     | 72                                 | 72                        | 72                | 72                  | 72                            | –                              |

(*p*-дистанция не превышает 0,3%). Это представление согласуется с мнением исследователей средиземноморских гребешков, считающих оба вида *F. glaber* и *F. proteus* таксономическими синонимами. Таким образом, наши данные подтверждают предположение К. О. Милашевича, что в Чёрном море обитает именно этот гребешок.

При сравнении черноморских и средиземноморских гребешков практически по всем параметрам отчётливо выявляется значительное снижение генетического разнообразия у черноморских гребешков (табл. 2). Вероятней всего, падение гаплотипического и нуклеотидного разнообразия, равно как и существенное снижение полиморфных сайтов и количества мутаций вызвано ассортативностью скрещивания и отбором особей для коллекторного выращивания, подобно тому, как наблюдалось у культивируемой в Чёрном море ти-

хоокеанской устрицы. Причём наиболее вероятно именно последнее обстоятельство, поскольку гребешок – синхронный гермафродит с возможностью самооплодотворения.

В ходе анализа особенностей распределения частот встречаемости при попарных сравнениях нуклеотидных вариантов гена 16S рПНК удалось установить, что для средиземноморской группы *Flexopecten glaber* присуща высокая степень соответствия наблюдаемых и ожидаемых распределений и наличие двух пиков эксцессов, тогда как для черноморских *Flexopecten glaber* выявляется три пика и нарушение равновесия. Также не следует забывать, что гребешок – сравнительно недавний обитатель Чёрного моря (с периода не более 7 тыс. лет назад), после формирования современного Чёрного моря и окончательного его соединения со Средиземным (порядка 8 тыс.

Таблица 2 – Параметры генетической изменчивости гена 16S рПНК у гребешков из Чёрного моря и Средиземного моря

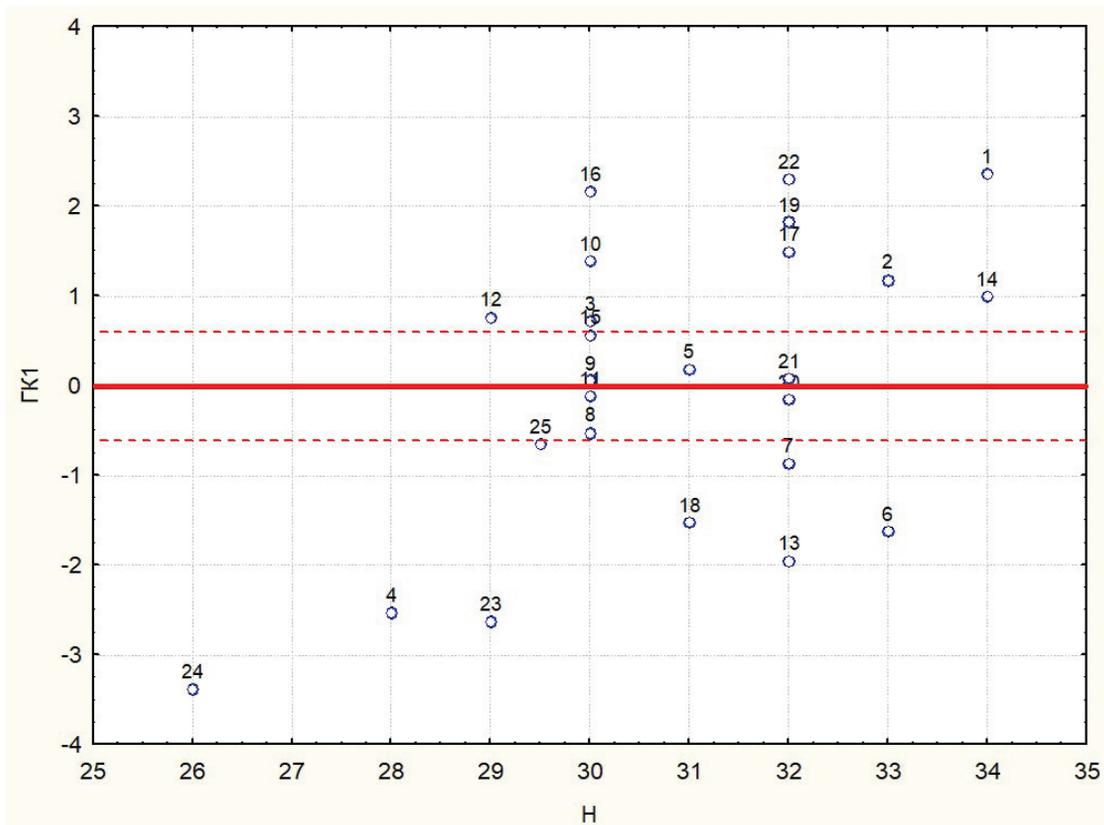
| Группа видов                                  | n  | S   | m   | h | H <sub>d</sub> | π     | K    |
|---|----|-----|-----|---|----------------|-------|------|
| <i>Flexopecten</i><br>(для Чёрного моря)      | 15 | 18  | 18  | 4 | 0,467          | 0,012 | 5,2  |
| <i>Flexopecten</i><br>(для Средиземного моря) | 14 | 294 | 296 | 7 | 0,824          | 0,186 | 77,9 |

Условные обозначения и примечания: n – количество экземпляров; S – число полиморфных сайтов; m – общее количество мутаций; h – количество гаплотипов; H<sub>d</sub> – гаплотипическое разнообразие; π – нуклеотидное разнообразие; K – внутригрупповая нуклеотидная дифференциация. Группа *Flexopecten* из Средиземного моря включает все виды родов *Flexopecten* и *Chlamys*, представленные в разделе материал и методы.

лет назад) [13; 14]. Косвенным подтверждением этой точки зрения может служить то обстоятельство, что черноморский гребешок характеризуется высоким уровнем морфологической изменчивости, как, впрочем, и вся таксономическая клада *Flexopecten* [6]. Чтобы удостовериться в этом, мы провели анализ существования онтогенетических траекторий на изученном нами одновозрастном материале. Многомерный анализ главных компонент не дал прямого результата – все особи сформировали одно компактное облако. Однако при соотношении собственных значений первой компоненты с высотой раковины было выявлено, что среди анализируемого материала выявляются две траектории развития (рис. 1). 7 особей под номерами 4, 6, 7, 13, 18, 23–25 образовали канал малоразмерных гребешков, а 10 особей (1–3, 10, 12, 14, 16, 17, 19, 22) – канал крупноразмерных гребешков. Группа из 7 особей (5, 8, 9, 11, 15, 20, 21) оказалась вблизи границы каналов в пределах доверительных интервалов и не может быть достоверно отнесена ни к одному из каналов.

Представленный материал надёжно свидетельствует, что черноморские гребешки всеце-

ло соответствуют средиземноморскому таксону *Flexopecten glaber*, который по молекулярно-генетическим данным в настоящее время включает в себя следующие виды, которые ранее полагались самостоятельными: *F. glaber*, *F. proteus* и *Chlamis glabra*. Согласно нашим данным, в этот же единый таксон следует отнести и *F. flexuosus*, во всяком случае, руководствуясь сведениями по гену 16S рРНК. Надёжность использования данного гена для установления таксономической принадлежности у гребешков была установлена ранее. При изучении закономерностей изменчивости нуклеотидной последовательности 16S рРНК у черноморских гребешков выявляется несколько особенностей. Во-первых, у черноморского гребешка, происходящего из залива Донузлав и культивируемого на коллекторах севастопольского питомника, отмечено значительное снижение параметров изменчивости в сравнении с объединённой выборкой средиземноморских гребешков (в 2 раза по гаплотипическому разнообразию, в 15 раз – по нуклеотидному разнообразию, в 15–16 раз – по количеству полиморфных сайтов и количеству мутаций, в 4 раза – по внутригруппо-



H – длина раковины, мм; ГК1 – индекс пластических признаков раковины. Сплошная красная линия – граница онтогенетического канала; пунктир – доверительный интервал. Номера на графике соответствуют порядковым номерам анализированных особей.

Рисунок 1 – Двумерное распределение особей черноморского гребешка

### Молекулярно-генетическая ревизия гребешков коллекторных хозяйств Крымского побережья Чёрного моря

вой нуклеотидной дифференциации), во вторых, наблюдается присутствие новых гаплотипов и, в третьих, отмечается нарушение согласованности в распределении нуклеотидов. С одной стороны, все эти данные в совокупности свидетельствуют, что анализируемая нами выборка испытывает инбредную депрессию, либо же мы наблюдаем последствия эффекта основателя. Однако, учитывая то обстоятельство, что выборка исследованного нами материала изначально была взята случайным образом из природной популяции, то вероятней всего данные характеристики отражают несколько иной взгляд на их природу, а именно сравнительно недавнее вселение гребешка в Чёрное море и последствия приспособления к специфическим гидрохимическим и гидрологическим условиям Чёрного моря. Косвенным обоснованием последнего тезиса могут служить данные по обнаружению онтогенетических каналов у черноморского гребеш-

ка. Как правило, подобные эффекты (эндогенные aberrации развития) возникают в ситуациях нарушенных условий существования [15]. То, что данный процесс развивается сравнительно недавно подтверждается наличием группы особей, которые не дифференцированы по какому-либо из каналов развития, и соответствует концепции адаптивного компромисса [16]. В пользу этого предположения свидетельствуют и выявление новых гаплотипов, и рассогласование распределений нуклеотидов.

**Вывод.** Таким образом, средиземноморский вид *Flexopecten glaber* сравнительно недавно ( $\approx 7$  тыс. л.н.) обосновавшийся в Чёрном море таксономически не отличается от предка, однако в специфических условиях этого моря характеризуется ярко выраженным процессом как генетической (появление новых гаплотипов), так и морфологической адаптации (формирование онтогенетических каналов).

#### СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Brand A. R. Scallop ecology: distributions and behaviour // In: Shumway S. E., Parsons G. J. (Eds.), *Scallops: Biology, Ecology and Aquaculture*. The Netherlands. Amsterdam : Elsevier, 2006. P. 661–744.
2. Koutsoubas D., Galinou-Mitsoudi S., Katsanevakis S. [et al.] Bivalve and gastropod mollusks of commercial interest for human consumption in the Hellenic Seas // *State of Hellenic Fisheries / Papaconstantinou C., Zenetos A., Vassilopoulou V., Tserpes G. (Eds.). Greece, Athens : HCMR publications, 2007. P. 70-84.*
3. Barucca M., Olmo E., Schiaparelli S., Canapa A. Molecular phylogeny of the family Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) based on mitochondrial 16S and 12S mRNA genes // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2004. Vol. 31, Is. 1. P. 89–95. DOI 10.1016/j.ympev.2003.07.003.
4. Saavedra C., Pena J. B. Phylogenetics of American scallops (Bivalvia: Pectinidae) based on partial 16S and 12S ribosomal RNA gene sequences // *Marine Biology*. 2006. Vol. 150 (1). P. 111–119. DOI 10.1007/s00227-006-0335-z.
5. Puslednik L., Serb J. M. Molecular phylogenetics of the Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) and effect of increased taxon sampling and outgroup selection on tree topology // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2008. Vol. 48 (3). P.1178–1188. DOI 10.1016/j.ympev.2008.05.006.
6. Bondarev I. P. Taxonomic status of *Flexopecten glaber ponticus* (Bucquoy, Dautzenberg & Dollfus, 1889) – the black sea *Flexopecten glaber* (Linnaeus, 1758) (Bivalvia: Pectinidae) // *Marine Biological Journal*. 2018. Vol. 3, No. 4. P. 29–35. DOI 10.21072/mbj.2018.03.4.03.
7. Slynko E. E., Karpova E. P., Mironovsky A. N. [et al.] Some Species of Gobies of the Genus *Pomatoschistus* Previously Unknown in the Black Sea as Identified by the Data on the 16S rRNA Mitochondrial DNA Gene Variability // *Inland Water Biology*. 2023. Vol. 16, № 4. P. 641–648. DOI 10.1134/S199508292304017X.
8. Librado P., Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // *Bioinformatics*. 2009. Vol. 25, Is. 11. P. 1451–1452. DOI 10.1093/bioinformatics/btp187.
9. NCBI. URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (дата обращения: 17.03.2024).
10. Mina M. V., Mironovsky A. N., Dgebuadze Yu. Morphometry of barbel of Lake Tana, Ethiopia: Multivariate ontogenetic channels // *Folia Zoologica*. 1996. Vol. 45. Suppl. 1. P. 109–116.
11. Mina M. V. Morphological diversification of fish as a consequence of the divergence of ontogenetic trajectories // *Ontogenez*. 2001. – Vol. 32, № 6. P. 471–476. EDN MPINSN.
12. Слынько Ю. В., Слынько Е. Е., Пиркова А. В. [и др.] Баркодинг митохондриальной ДНК тихоокеанской устрицы *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1793) (Mollusca: Bivalvia: Ostreidae), культивируемой в Черном море // *Генетика*. 2018. Т. 54, № 12. С. 1419–1425. DOI 10.1134/S0016675818120159. EDN YLRWVN.
13. Бондарев И. П. Основные черты и этапы формирования экосистемы Черного моря в позднем плейстоцене-голоцене // *Геология и полезные ископаемые Мирового океана*. 2012. № 2 (28). С. 53–71. EDN PBGLPL.
14. Bondarev I. P. Dynamics of the Black Sea belt benthic biocoenosis and its connection with the Earth's planetary and solar cycles. From the Caspian to Mediterranean: Environmental Change and Human Response during the Quaternary / A. Gilbert, V. Yanko-Hombach (Eds) // *Proceedings of IGCP 610 First Plenary Conference and Field Trips*. Georgia, Tbilisi : Ltd "Sachino", 2013. P. 53–55.

15. Майр Э. Популяции, виды и эволюция / пер. с англ. М. В. Мины ; под ред. и с предисл. В. Г. Гептнера. М. : Мир, 1974. 460 с.

16. Шварц С. С. Экологические закономерности эволюции. М. : Наука, 1980. 278 с.

#### References

1. Brand A. R. Scallop ecology: distributions and behaviour // In: Shumway S. E., Parsons G. J. (Eds.), *Scallops: Biology, Ecology and Aquaculture*. The Netherlands. Amsterdam : Elsevier, 2006. P. 661–744.
2. Koutsoubas D., Galinou-Mitsoudi S., Katsanevakis S. [et al.] Bivalve and gastropod mollusks of commercial interest for human consumption in the Hellenic Seas // *State of Hellenic Fisheries / Papaconstantinou C., Zenetos A., Vassilopoulou V., Tserpes G. (Eds.). Greece, Athens : HCMR publications, 2007. P. 70–84.*
3. Barucca M., Olmo E., Schiaparelli S., Canapa A. Molecular phylogeny of the family Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) based on mitochondrial 16S and 12S mRNA genes // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2004. Vol. 31, Is. 1. P. 89–95. DOI 10.1016/j.ympev.2003.07.003.
4. Saavedra C., Pena J. B. Phylogenetics of American scallops (Bivalvia: Pectinidae) based on partial 16S and 12S ribosomal RNA gene sequences // *Marine Biology*. 2006. Vol. 150 (1). P. 111–119. DOI 10.1007/s00227-006-0335-z.
5. Puslednik L., Serb J. M. Molecular phylogenetics of the Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) and effect of increased taxon sampling and outgroup selection on tree topology // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2008. Vol. 48 (3). P. 1178–1188. DOI 10.1016/j.ympev.2008.05.006.
6. Bondarev I. P. Taxonomic status of *Flexopecten glaber ponticus* (Bucquoy, Dautzenberg & Dollfus, 1889) – the black sea *Flexopecten glaber* (Linnaeus, 1758) (Bivalvia: Pectinidae) // *Marine Biological Journal*. 2018. Vol. 3, No. 4. P. 29–35. DOI 10.21072/mbj.2018.03.4.03.
7. Slynko E. E., Karpova E. P., Mironovsky A. N. [et al.] Some Species of Gobies of the Genus *Pomatoschistus* Previously Unknown in the Black Sea as Identified by the Data on the 16S rRNA Mitochondrial DNA Gene Variability // *Inland Water Biology*. 2023. Vol. 16, № 4. P. 641–648. DOI 10.1134/S199508292304017X.
8. Librado P., Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // *Bioinformatics*. 2009. Vol. 25, Is. 11. P. 1451–1452. DOI 10.1093/bioinformatics/btp187.
9. NCBI. URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (data obrashhenija: 17.03.2024).
10. Mina M. V., Mironovsky A. N., Dgebuadze Yu. Morphometry of barbel of Lake Tana, Ethiopia: Multivariate ontogenetic channels // *Folia Zoologica*. 1996. Vol. 45. Suppl. 1. P. 109–116.
11. Mina M. V. Morphological diversification of fish as a consequence of the divergence of ontogenetic trajectories // *Ontogenez*. 2001. – Vol. 32, № 6. P. 471–476. EDN MPINSN.
12. Slyn'ko Yu. V., Slyn'ko E. E., Pirkova A. V. [i dr.] Barkoding mitohondrial'noj DNK tihookeanskoj ustrycy *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1793) (Mollusca: Bivalvia: Ostreidae), kul'tiviruemoj v Chernom more // *Genetika*. 2018. T. 54, № 12. S. 1419–1425. DOI 10.1134/S0016675818120159. EDN YLRWVN.
13. Bondarev I. P. Osnovnye cherty i jetapy formirovaniya jekosistemy Chernogo morja v pozdnem plejstocenogolocene // *Geologija i poleznye iskopaemye Mirovogo okeana*. 2012. № 2 (28). S. 53–71. EDN PBGLPL.
14. Bondarev I. P. Dynamics of the Black Sea belt benthic biocoenosis and its connection with the Earth's planetary and solar cycles. From the Caspian to Mediterranean: Environmental Change and Human Response during the Quaternary / A. Gilbert, V. Yanko-Hombach (Eds) // *Proceedings of IGCP 610 First Plenary Conference and Field Trips*. Georgia, Tbilisi : Ltd "Sachino", 2013. P. 53–55.
15. Majr E. Populjacija, vidy i jevoljucija / per. s ang. M. V. Miny ; pod red. i s predisl. V. G. Geptnera. M. : Mir, 1974. 460 s.
16. Shvarts S. S. Jekologicheskie zakonomernosti jevoljucii. M. : Nauka, 1980. 278 s.

#### Сведения об авторах

**Елена Евгеньевна Слынько** – кандидат биологических наук, доцент, заведующий лабораторией генетики и ПЦР-анализа, доцент кафедры биоэкологии и биологической безопасности, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ)», spin-код: 4927-5457.

**Евгений Николаевич Белкин** – аспирант факультета микробиологии и биотехнологии, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ)», Evg628@yandex.ru.

**Сергей Викторович Клишкин** – аспирант факультета микробиологии и биотехнологии, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ)», s3047573@yandex.ru.

**Андрей Евгеньевич Автонов** – обучающийся Института ветеринарии, ветеринарно-санитарной экспертизы и агробезопасности, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский биотехнологический университет (РОСБИОТЕХ)».

*Information about the authors*

**Elena E. Slynko** – Candidate of Biological Sciences, Docent, Head of the Laboratory of Genetics and PCR Analysis, Associate Professor of the Department of Bioecology and Biological Safety, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Russian Biotechnological University", spin-code: 4927-5457.

**Evgeniy N. Belkin** – postgraduate student of the Faculty of Microbiology and Biotechnology, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Russian Biotechnological University", Evg628@yandex.ru.

**Sergey V. Klimkin** – postgraduate student of the Faculty of Microbiology and Biotechnology, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Russian Biotechnological University", s3047573@yandex.ru.

**Andrey E. Avtonov** – student of the Institute of Veterinary Medicine, Veterinary and Sanitary Expertise and Agro-safety, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Russian Biotechnological University".

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interest.** The authors declare no conflict of interest.

**Официальный сайт  
ФГБОУ ВО «Ярославский ГАУ»:**

**[www.yaragrovuz.ru](http://www.yaragrovuz.ru)**

РУБРИКИ САЙТА:

- Сведения об образовательной организации –
- Агросоветник – Образование – Абитуриенту –
- Наука и международная деятельность
- (в том числе научный журнал «Вестник АПК Верхневолжья») –
- Дополнительное образование – Факультеты

Все выпуски журнала «Вестник АПК Верхневолжья» в полнотекстовом формате, требования к оформлению рукописей, контакты на страничке:

<http://yaragrovuz.ru/index.php/nauka-i-mezhdunarodnaya-deyatelnost/zhurnal-vestnik-apk-vekhnevolzhya>

