

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ СРЕДИ ТРЕХ ВИДОВ РОДА *Erythrocutter*<sup>1</sup>

© 2023 г. Дэлян Цяо<sup>a, b, \*</sup>, Юньбо Чэн<sup>a, b</sup>, Хуэй Дэн<sup>a, b</sup>, Сяомэ Хе<sup>a, b</sup>, Люньбинь Хэ<sup>a, b</sup>

<sup>a</sup>Колледж биологической и фармацевтической инженерии, Западно-Аньхойский университет, Луань, Китай

<sup>b</sup>Аньхойская инженерная лаборатория по сохранению и устойчивому использованию ресурсов традиционной китайской медицины, Луань, Китай

\*e-mail: qiaodl@wxc.edu.cn

Поступила в редакцию 14.06.2022 г.

После доработки 14.10.2022 г.

Принята к публикации 14.10.2022 г.

Род *Erythrocutter* (Cypriniformes, Cyprinidae, Abramidinae) считается одним из наиболее значимых родов промысловых видов пресноводных рыб, обитающих в Китае. Однако имеется очень мало информации о генетических вариациях среди видов *Erythrocutter*, что затрудняет эффективное управление ими. В связи с этим, проанализированы микросателлитные маркеры и последовательности митохондриального COII и D-петли для изучения генетической изменчивости среди трех видов рода *Erythrocutter*. Результаты показали, что 11 микросателлитных локусов были эффективно амплифицированы, а размер аллелей составлял 110–350, 94–338 и 86–384 пн у *E. ilishaformis*, *E. dabryi* и *E. mongolicus* соответственно. Среднее число аллелей достигало 5.82, 5.73 и 6.45 на локус для *E. ilishaformis*, *E. dabryi* и *E. mongolicus* соответственно. Фрагменты COI и D-петли были 675 и 929 пн соответственно. На основе информационного индекса Шеннона, гетерозиготности, содержания полиморфной информации и индекса нуклеотидного разнообразия показано, что микросателлитное и нуклеотидное разнообразие *E. ilishaformis* наиболее многочисленным, разнообразие *E. mongolicus* – наименее многочисленным. Распределение гаплотипов D-петли или размер аллеля в микросателлитных локусах EI19 или HWB05 дает возможность легко различить *E. ilishaformis*, *E. dabryi* и *E. mongolicus*. Некоторые исторические и экологические факторы могут привести к высокой генетической дивергенции и способствовать видообразованию *E. ilishaformis*, *E. dabryi* и *E. mongolicus*. Полученные результаты будут полезны для сохранения и устойчивого использования этих трех видов.

**Ключевые слова:** генетическая изменчивость, *Erythrocutter*, микросателлит, COII, D-петля

**DOI:** 10.31857/S032096522306027X, **EDN:** LURQPN

## Genetic Variation among Three Species of Genus *Erythrocutter*

Deliang Qiao<sup>a, b, \*</sup>, Yunbo Chen<sup>a, b</sup>, Hui Deng<sup>a, b</sup>, Xiaomei He<sup>a, b</sup>, and Lunbin Xia<sup>a, b</sup>

<sup>a</sup>College of Biological and Pharmaceutical Engineering, West Anhui University, Lu'an, PR China

<sup>b</sup>Anhui Engineering Laboratory for Conservation and Sustainable Utilization of Traditional Chinese Medicine Resources, Lu'an, PR China

\*e-mail: qiaodl@wxc.edu.cn

The genus *Erythrocutter* (Cypriniformes, Cyprinidae, Abramidinae) is one of the most commercially important freshwater fish species inhabiting China. However, very limited information is available regarding genetic variation among *Erythrocutter* species, therefore hindering their effective management. In this regard, microsatellite markers and sequences of mitochondrial COII and D-loop were analyzed to investigate the genetic variation among three species of genus *Erythrocutter*. Results demonstrated that 11 microsatellite loci were

<sup>1</sup> Полный текст статьи опубликован на английском языке в журнале *Inland Water Biology*, 2023, Vol. 16, No. 6 и доступен на сайте по ссылке <https://www.springer.com/journal/12212>.

amplified effectually, and the size of allele was 110–350, 94–338 and 86–384 bps in *E. ilishaeformis*, *E. dabryi* and *E. mongolicus* respectively. Average number of allele was 5.82, 5.73 and 6.45 per locus for *E. ilishaeformis*, *E. dabryi* and *E. mongolicus* respectively. Fragments of COII and D-loop was 675 and 929 bps respectively. On the basis of Shannon's information index, heterozygosity, polymorphic information content and nucleotide diversity index ( $P$ ), the microsatellite and nucleotide diversity of *E. ilishaeformis* was most abundant, and that of *E. mongolicus* was least abundant. Based on the haplotype distribution of D-loop or the allele size in microsatellite loci of EI19 or HWB05, it could be distinguished perfectly among *E. ilishaeformis*, *E. dabryi* and *E. mongolicus*. Some historical and environmental elements might result in the high genetic divergence and promote the speciation of *E. ilishaeformis*, *E. dabryi* and *E. mongolicus*. These results would be of avail in the conservation and sustainable utilization of these three species.

*Keywords:* genetic variation, *Erythroculter*, microsatellite, COII, D-loop