

УДК 597.08

**АМПЛИФИКАЦИЯ И СЕКВЕНИРОВАНИЕ ПОЛНОЙ  
МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК ГОРЧАКА *ACHEILOGNATHUS  
LONGIPINNIS* (CYPRINIDAE), НАХОДЯЩЕГОСЯ ПОД УГРОЗОЙ  
ИСЧЕЗНОВЕНИЯ, С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ДНК,  
ВЫДЕЛЕННОЙ ИЗ АКВАРИУМНОЙ ВОДЫ<sup>#</sup>**

© 2022 г. Р. Какехаши<sup>1</sup>, С. Ито<sup>1</sup>, К. Ясуи<sup>1</sup>, Ч. Камбаяши<sup>1</sup>, Ш. Канао<sup>2</sup>, А. Курабаяши<sup>1, 3, \*</sup>

<sup>1</sup>Институт биологических наук и технологий Нагахамы, Нагахама, Япония

<sup>2</sup>Музей озера Бива, Кусацу, Япония

<sup>3</sup>Северо-Западный университет, Потчеструм, Южная Африка

\*E-mail: kuraba@nagahama-i-bio.ac.jp

Поступила в редакцию 24.06.2021 г.

После доработки 01.10.2021 г.

Принята к публикации 04.10.2021 г.

Горчак *Acheilognathus longipinnis* Regan, 1905 из семейства карповых является исчезающим пресноводным видом рыб, эндемичным для Японии. В связи с его признанием японским памятником природы исследования образцов *A. longipinnis* строго ограничены законом. В этом исследовании мы дополняем существующую генетическую информацию и предоставляем ресурсы для будущих исследований с ограниченным доступом к биоматериалам этого охраняемого вида. Используя экологическую ДНК, выделенную из аквариумной воды, мы амплифицировали перекрывающиеся фрагменты митохондриальной ДНК длиной от 4.9 до > 8.0 т. п. н., чтобы получить полный митохондриальный геном *A. longipinnis*. Кольцевой геном 16772 п. н. содержит 37 генов и две некодирующие области, обычно встречающиеся в митохондриальной ДНК позвоночных. Полученная митохондриальная ДНК обладает высоким нуклеотидным сходством с таковой родственных видов. Более того, последовательности генов *12S* рРНК и *nd2* митохондриальной ДНК были идентичны тем, о которых сообщалось ранее для *A. longipinnis*, и указывают на то, что митохондриальная ДНК, амплифицированная из экологической ДНК, соответствует митохондриальной ДНК *A. longipinnis*. Это исследование представляет собой новое использование музейных и аквариумных ресурсов для получения данных о митохондриальной ДНК охраняемого вида. Процедуры, примененные нами в экспериментах, могут расширить потенциальные возможности для получения длинных генетических последовательностей от очень редких и/или охраняемых организмов, для которых желательно разработать неинвазивную методику исследования с использованием экологической ДНК.

**Ключевые слова:** *Acheilognathus longipinnis*, вымирающий вид, экологическая ДНК, митохондриальная ДНК, полимеразная цепная реакция длинных фрагментов.

**DOI:** 10.31857/S0042875222020096

<sup>#</sup> Полностью статья опубликована в английской версии журнала.