

## PECULIARITIES OF THE GENETIC STRUCTURE OF RAINBOW TROUT (*ONCORHYNCHUS MYKISS*) GROUPS AT THE FISH FARM "SLOBODA BANILOV", CHERNIVTSI REGION

P. Mendrishora, [mendryshora@mail.ru](mailto:mendryshora@mail.ru), Institute of Fisheries NAAS, Kyiv

T. Nagornjuk, [achtaan@ukr.net](mailto:achtaan@ukr.net), Institute of Fisheries NAAS, Kyiv

S. Tarasjuk, [tarasyuk@if.org.ua](mailto:tarasyuk@if.org.ua), Institute of Fisheries NAAS, Kyiv

**Purpose.** Study of the peculiarities of the genetic structure based on genetic-biochemical markers in age-1+ and 2+ rainbow trout of the fish farm "Sloboda Banilov", Chernivtsi region

**Methodology.** We used the methods of vertical polyacrylamide and horizontal starch electrophoresis with own modification. Sampling of biological material and histochemical and staining of gel plates were performed according to generally accepted methods. The frequency of allele and genotypic variants were calculated, actual and expected level of heterozygosis for each individual locus and the level of mean heterozygosis per locus were determined, Wright F fixation index was calculated. Statistical processing of experimental data was performed with the use "Biosys-1" software.

**Findings.** We performed an analysis of the genetic structure of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) groups with the use of genetic-biochemical markers — esterase loci (EST, EC 3.1.1.1), carboanhydrase (CA, EC 4.2.1.1), isocitrate dehydrogenase (IDH, EC1.1.1.41), superoxide dismutase (SOD, EC 1.15.1.1). We showed the peculiarities of the distribution of allele variants of the studied loci of rainbow trout. The genotypic composition of biochemical system loci supposed the surplus of fish with heterozygous genotypes by SOD locus in age-1+ fish ( $G_o=26$ ;  $G_e=15.3$ ),  $\chi^2=15.4$ ,  $P<0.001$ , as well as by EST loci ( $G_o=22$ ;  $G_e=14.6$ ),  $\chi^2=7.9$ ,  $P<0.01$  u SOD ( $G_o=22$ ;  $G_e=14.9$ ),  $\chi^2=6.8$ ,  $P<0.01$  in age-2+ fish. It was found that the investigated groups of fish were characterized by high level of heterozygosis by SOD locus ( $H_o=73.3-86.7\%$ ) compared to the expected value ( $H_e=49-50\%$ ),  $P<0.001-0.01$ . We observed insignificant prevalence of the actual level of mean heterozygosis over the expected values in age-1+ fish ( $H_o=59.9\%$ ,  $H_e=49.7\%$ ,  $F=-0.205$ ) and age-2+ rainbow trout ( $H_o=68.3\%$ ,  $H_e=48.8\%$ ,  $F=-0.399$ ) that indicate on the necessity to stabilize their genetic structure.

**Originality.** For the first time we performed an assessment of the genetic structure based on genetic-biochemical markers and calculated the level of heterozygosis in age-1+ and 2+ rainbow trout reared at the fish farm "Sloboda Banyliv" of Chernivtsi region.

**Practical value.** Results of the study can be used for solving various tasks of group and individual identification of populations when forming the stocks for optimizing their genetic structure. Experimental data of the frequency of allele and genotype distribution will be used for studying the effect of artificial selection factors in the process of rainbow trout adaptation to new living conditions.

**Keywords:** rainbow trout, genetic structure, locus, alleles, genotype, heterozygosis.

### PROBLEM STATEMENT AND ANALYSIS OF LAST ACHIEVEMENTS AND PUBLICATIONS

Genetic structure of a population is determined, above all, by the diversity of its gene pool, which includes both the general species properties and genetic features during the adaptation of the population to specific conditions of its existence. This

© P. Mendrishora, T. Nagornjuk, S. Tarasjuk, 2016



aspect of genetic structure also involves the degree of individual and interbreed variability. Many scientists have dealt with the problems of the genetic preservation and restoration of fish populations. Foreign authors studied the genetic characteristics of rainbow trout based on monomorphic and polymorphic allozyme loci, determined that the diagnostic loci for establishing possible hybridization between *Oncorhynchus gilae* and rainbow trout were *ADH*, *CK-C2*, *FH-1*, *GAPDH-4*, *LDH-C*, *PEPB*, *PGK-2* and *PGM-1* [1, 2].

Some authors investigated trout genetic diversity of the breeding farm "Adler" in order to optimize the gene pool structure of their brood stocks. Were analyzed seven loci: aspartate aminotransferase (AAT-3), glycerophosphate dehydrogenase (GPD-1), isocitrate dehydrogenase (IDHP 3, IDHP-4), lactate dehydrogenase (LDH-5), phosphoglucumutase (PGM-1), superoxide dismutase (SOD-1) with the use of electrophoretic analysis of tissue homogenates. Evaluation of fish in terms of protein biochemical polymorphism indicated on the genetic proximity between Adler trout and Donaldson trout. Kamloops trout is characterized by the highest values of genetic distances from other species. The indicators of genetic diversity (average heterozygosis, percentage of polymorphic loci and number of alleles per locus) in Donaldson trout were characterized by low variability compared with Adler trout and kamloops trout groups [3].

Many foreign researchers studied the tissues specificity in rainbow trout and genotypic composition of phosphoglucumutase [4], isocitrate dehydrogenase [2, 5], transferrin,  $\alpha$ -glycerophosphate dehydrogenase, tetrazolium oxidase loci [6].

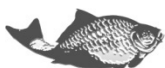
Some authors studied the genetic variability of rainbow trout lines of different age groups reared in Ireland. They observed significant differentiations of allelic composition of enzyme systems in different age groups, but the rate of average heterozygosis was characterized by high stability in all samples [7].

### HIGHLIGHT OF THE EARLIER UNRESOLVED PARTS OF THE GENERAL PROBLEM. AIM OF THE STUDY

Molecular genetic methods have been used to study many kinds of livestock animals. One of the least studied objects are fish, the population-genetic characteristics for which are virtually absent. Therefore, one of important issues in fish farming is to assess the genetic variability of rainbow trout stocks from fish farms of Ukraine, which is necessary to monitor the changes in genetic potential and contains information on processes occurring in their populations. The aim of this work was to study the genetic structure features of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) groups at the farm "Sloboda Banyliv", Chernivtsi, region based on genetic and biochemical systems.

### MATERIALS AND METHODS

Blood samples were taken from caudal vein of age-1+ and 2+ rainbow trout from the fish farm "Sloboda Banyliv", Chernivtsi region. Heparin 25 IU per 1 ml of blood was used as a preservative. Blood was fractionated by centrifugation for 10 min. at 3500 rpm. The obtained plasma and erythrocytes fractions were placed in test tubes and stored at  $-18^{\circ}\text{C}$ . The electrophoretic distribution of blood enzymes was performed in starch and polyacrylamide gels [8, 9, 10] with own modifications, followed by histochemical staining of gel plates [11, 12]. Following genetic and biochemical markers were investigated: esterase (EST, EC 3.1.1.1), carbonic anhydrase (Ca,



EC 4.2.1.1), isocitrate dehydrogenase (IDH, EC 1.1.1.41), superoxide dismutase (SOD, EC 1.15.1.1) loci. The statistical analysis of the research results was carried out in "Biosys-1" software.

## STUDY RESULTS AND THEIR DISCUSSION

The aim of this work was to investigate the genetic structure of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) groups from the fish farm "Sloboda Banyliv", Chernivtsi region, based on genetic and biochemical systems. For age-1+ and 2+ rainbow trout, we showed the peculiarities of the distribution of slowly and quickly migrating allelic variants of the investigated loci, the frequencies of which were very similar and did not differ significantly (tab. 1).

Table 1. Allele frequency of genetic and biochemical marker in rainbow trout

Studied groups	Frequency of allelic loci of genetic and biochemical systems							
	EST		CA		IDH		SOD	
	F	S	F	S	F	S	F	S
Rainbow trout (age-1+, n=30)	0.446	0.554	0.450	0.550	0.517	0.483	0.500	0.500
Rainbow trout (age-2+, n=30)	0.400	0.600	0.500	0.500	0.400	0.600	0.567	0.433

The distribution of phenotypic variants of the investigated loci has been provided (tab. 2). For SOD locus, age-1+ rainbow trout was characterized by significant predominance of heterozygous genotypes FS – 86% compared to the expected 51%, FF and SS homozygotes were 7%. Based on other studied loci, age-1+ group was characterized by statistically significant balance between the observed and expected heterozygous genotypes.

Table 2. Distribution of genotypic variations in rainbow trout (age-1+)

Locus	Genotype	G <sub>o</sub>	G <sub>e</sub>	χ <sup>2</sup>	P
EST	FF	6	5.455	0.174	>0.05
	FS	13	14.091		
	SS	9	8.455		
CA	FF	5	5.949	0.491	>0.05
	FS	17	15.102		
	SS	8	8.949		
IDH	FF	8	7.881	0.008	>0.05
	FS	15	15.237		
	SS	7	6.881		
SOD	FF	2	7.373	15.401	<0.001
	FS	26	15.254		
	SS	2	7.373		

Note: here and in the following table G<sub>o</sub> — the actual number of genotypes, G<sub>e</sub> — expected number of genotypes



In age-2+ group of rainbow trout (Tab. 3), the imbalanced state based on the number of observed (73%) and expected (50%) FS genotypes was observed for EST and SOD loci,  $P < 0.01$ .

Table 3. Distribution of genotypic variants in rainbow trout (age-2+)

Locus	Genotype	$G_o$	$G_e$	$\chi^2$	P
EST	FF	1	4.678	7.854	<0.01
	FS	22	14.644		
	SS	7	10.678		
CA	FF	5	7.373	3.004	>0.05
	FS	20	15.254		
	SS	5	7.373		
IDH	FF	3	4.678	1.635	>0.05
	FS	18	14.644		
	SS	9	10.678		
SOD	FF	6	9.508	6.815	<0.01
	FS	22	14.983		
	SS	2	5.508		

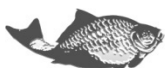
Heterogeneity is one of the most important characteristics of populations. We studied the level of genetic variation in the investigated loci (Tab. 4). The group of age-1+ rainbow trout had a significant predominance of heterozygosis level based on SOD locus with a value of 86.7% compared with the expected 50%, which was reflected by Wright fixation index  $F = -0.733$ . Because this group was characterized by a balanced state based on other investigated loci, the observed (59.9%) and expected (49.7%) values of the average heterozygosis level were very similar.

Table 4. Mean heterozygosis level in rainbow trout groups

Age group	H	EST	CA	IDH	SOD	$H_{mean}$
Rainbow trout (age-1+)	$H_o$	0.464	0.567	0.500	0.867	$0.599 \pm 0.092$
	$H_e$	0.494	0.495	0.499	0.500	$0.497 \pm 0.001$
	F	0.061	-0.145	-0.001	-0.733	-0.205
Rainbow trout (age-2+)	$H_o$	0.733	0.667	0.600	0.733	$0.683 \pm 0.032$
	$H_e$	0.480	0.500	0.480	0.491	$0.488 \pm 0.005$
	F	-0.528	-0.333	-0.250	-0.493	-0.399

Note:  $H_o$  — observed level of heterozygosis;  $H_e$  — expected level of heterozygosis; F — fixation index

In age-2+ group, the observed level of heterozygosis level significantly surpassed the expected one based on two genetic and biochemical systems (Tab. 4). E.g., the genetic variability of EST and SOD loci was 73.3% compared to the expected values of



48% and 49.1% for the fixation indices  $F=-0.528$  and  $-0.493$ , respectively, for the aforementioned two loci. Hence, the detected mean heterozygosity level was significantly higher (68.3%) than the expected one (48.8%).

### CONCLUSION AND PERSPECTIVES OF FURTHER DEVELOPMENT

We performed an analysis of the genetic structure of age-1+ and 2+ rainbow trout based on EST, CA, IDH, and SOD loci. In the investigated age groups, we found high levels of heterozygosity for SOD locus ( $H_o=73.3-86.7\%$ ), in contrast to the expected value ( $H_e=49-50\%$ ),  $P<0.001-0.01$ . We determined the level of mean heterozygosity based on the studied loci, the observed value of which was 59.9% in age-1+ trout and 68.3% in age-2+ trout with the expected level of 48.8–49.7% that indicates on the need to stabilize the genetic structure of fish for markers.

### BIBLIOGRAPHY

1. Leary R. F. Genetic issues in the conservation and restoration of the endangered Gila trout / R. F. Leary, F. W. Allendorf // University of Montana Wild Trout and Salmon Genetics Laboratory Report 98/1. — University of Montana, 1998. — 29 p.
2. A consolidated linkage map for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) / K. M. Nichols, W. P. Young, R. G. Danzmann [et al.] // Animal genetics. — 2003. — Vol. 34(2). — P. 102–115.
3. Бабий В. А. Использование биологических и технологических особенностей коллекции пород радужной форели племзавода «Адлер» для комплектования маточных стад рыбхозов [Текст] : автореф. дисс. на соискание учен. степени канд. с.-х. наук : 06.02.01 – разведение, селекция, генетика и воспроизводство сельскохозяйственных животных / В. А. Бабий. — Краснодар, 1998. — 25 с.
4. Allendorf F. W. Identification of a gene regulating the tissue expression of a phosphoglucosyltransferase locus in rainbow trout / F. W. Allendorf, K. L. Knudsen, S. R. Phelps. — Genetics. — 1982. — Vol. 102. — P. 259–268.
5. Allendorf F. W. Gene duplication within the family *Salmonidae*: disomic inheritance of two loci reported to be tetrasomic in rainbow trout / F. W. Allendorf, F. M. Utter. — Genetics. — 1973. — Vol. 74. — P. 647–654.
6. Utter F. M. Biochemical variants in pacific salmon and rainbow trout: their inheritance and application in population studies / F. M. Utter, H. O. Hodgins, F. W. Allendorf, A. G. Johnson, J. L. Mighell. — Genetics and Mutagenesis of Fish. — 1973. — Vol. 7. — P. 329–339.
7. Butler A. Genetic differences between successive year classes of two strains of reared rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum) / A. Butler, T. F. Cross. — Aquacult. Res. — 1996. — Vol. 27, № 9. — P. 643–649.
8. Тарасюк С. І. Молекулярно-генетичні дослідження в рибництві / С. І. Тарасюк, І. І. Грициняк. — К. : Аграрна наука, 2013. — 310 с.
9. Davis B. J. Disc electrophoresis. II. Method and application to human serum proteins / B. J. Davis // Ann. N. Y. Acad. Sci. — 1964. — Vol. 121. — P. 404–408.
10. Harris H. Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics / Harris H., Hopkinson D. // Amsterdam : North-Holland Publ. Comp., 1976. — 620 p.
11. Кирпичников В. С. Генетика и селекция рыб / Кирпичников В. С. — Л. : Наука, 1987. — 520 с.



12. Генетика изоферментов / [Корочкин Л. И., Серов О. Л., Пудовник А. И. и др.]. — М. : Наука, 1977. — 275 с.

### REFERENCES

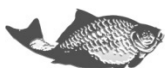
1. Leary, R. F., & Allendorf, F. W. (1998). Genetic issues in the conservation and restoration of the endangered Gila trout. *University of Montana Wild Trout and Salmon Genetics Laboratory Report 98/1*. University of Montana.
2. Nichols, K. M., Young, W. P., Danzmann, R. G., Robison, B. D., Rexroad, C., Noakes, M., Phillips, R. B., Bentzen, P., Spies, I., Knudsen, K., Allendorf, F. W., Cunningham, B. M., Brunelli, J., Zhang, H., Ristow, S., Drew, R., Brown, K. H., Wheeler, P. A. & Thorgaard, G. H. (2003). A consolidated linkage map for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Animal genetics*, 34 (2), 102-115.
3. Babiy, V. A. (1998). Ispol'zovanie biologicheskikh i tekhnologicheskikh osobennostey kollektzii porod raduzhnoy foreli plemzavoda "Adler" dlya komplektovaniya matochnykh stad rybkhozov. *Extended abstract of candidate's thesis*. Krasnodar.
4. Allendorf, F. W., Knudsen, K. L., & Phelps, S. R. (1982). Identification of a gene regulating the tissue expression of a phosphoglucosmutase locus in rainbow trout. *Genetics*, 102, 259-268.
5. Allendorf, F. W., & Utter, F. M. (1973). Gene duplication within the family *Salmonidae*: disomic inheritance of two loci reported to be tetrasomic in rainbow trout. *Genetics*, 74, 647-654.
6. Utter, F. M., Hodgins, H. O., Allendorf, F. W., Johnson, A. G., & Mighell, J. L. (1973). Biochemical variants in pacific salmon and rainbow trout: their inheritance and application in population studies. *Genetics and Mutagenesis of Fish*, 7, 329-339.
7. Butler, A., & Cross, T. F. (1996). Genetic differences between successive year classes of two strains of reared rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum). *Aquacult. Res.*, 27, 643-649.
8. Tarasiuk, S. I., & Hrytsyniak, I. I. (2013). *Molekuliarno-henetychni doslidzhennia v rybnytstvi*. Kyiv : Ahrarna nauka.
9. Davis, B. J. (1964). Disc electrophoresis. II. Method and application to human serum proteins. *Ann. N. Y. Acad. Sci.*, 121, 404-408.
10. Harris, H., Hopkinson, D. (1976). *Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics*. Amsterdam: North-Holland Publ. Comp., 620.
11. Kirpichnikov, V. S. (1987). *Genetika i selektsiya ryb*. Leningrad : Nauka.
12. Korochkin, L. I., Serov, O. L., Pudovnik, A. I., Aronshtam, A. A., Polyakova, E. V., Maletskiy, S. I., & Borkin, L. V. (1977). *Genetika izofermentov*. Moskva : Nauka.

**ОСОБЛИВОСТІ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ГРУП  
РАЙДУЖНОЇ ФОРЕЛІ (*ONCORHYNCHUS MYKISS*)  
ГОСПОДАРСТВА «СЛОБОДА БАНИЛІВ» ЧЕРНІВЕЦЬКОЇ ОБЛ.**

**П. Д. Мендришора**, [mendryshora@mail.ru](mailto:mendryshora@mail.ru), Інститут рибного господарства НААН,  
м. Київ

**Т. А. Нагорнюк**, [achtaan@ukr.net](mailto:achtaan@ukr.net), Інститут рибного господарства НААН, м. Київ

**С. І. Тарасюк**, [tarasyuk@if.org.ua](mailto:tarasyuk@if.org.ua), Інститут рибного господарства НААН, м. Київ



**Мета.** Вивчення особливостей генетичної структури за генетико-біохімічними маркерами у 1+ і 2+ особин райдужної форелі господарства «Слобода Банилів» Чернівецької обл.

**Методика.** В дослідженнях використовували методи вертикального поліакриламідного та горизонтального крохмального електрофорезів з власними модифікаціями. Відбір зразків біологічного матеріалу та гістохімічне фарбування гелевих пластин проводили за загальноприйнятими методиками. Розраховано частоту алельних і генотипових варіантів, визначено фактичний і очікуваний рівні гетерозиготності за кожним окремим локусом та рівень середньої гетерозиготності на локус, розрахований індекс фіксації Райта  $F$ . Статистичне опрацювання експериментальних даних виконували з використанням програми «Viosys-1».

**Результати.** Виконано аналіз генетичної структури груп райдужної форелі (*Oncorhynchus mykiss*) з використанням генетико-біохімічних маркерів — локусів естерази (EST, КФ 3.1.1.1), карбоангідрази (CA, КФ 4.2.1.1), ізоцитратдегідрогенази (IDH, КФ 1.1.1.41), супероксиддисмутази (SOD, КФ 1.15.1.1). У райдужній форелі показано особливості розподілу алельних варіантів досліджуваних локусів. Генотиповий склад локусів біохімічних систем передбачав надлишок особин з гетерозиготними генотипами за локусом SOD у 1+ особин ( $G_o=26$ ;  $G_e=15,3$ ),  $\chi^2=15,4$ ,  $P<0,001$ , а також локусами EST ( $G_o=22$ ;  $G_e=14,6$ ),  $\chi^2=7,9$ ,  $P<0,01$  і SOD ( $G_o=22$ ;  $G_e=14,9$ ),  $\chi^2=6,8$ ,  $P<0,01$  у 2+ особин. Встановлено, що досліджені групи характеризувались високим рівнем гетерозиготності за локусом SOD ( $H_o=73,3-86,7\%$ ), порівняно з очікуваним значенням ( $H_e=49-50\%$ ),  $P<0,001-0,01$ . Спостерігалась незначна перевага фактичного рівня середньої гетерозиготності над очікуваним у 1+ особин ( $H_o=59,9\%$ ,  $H_e=49,7\%$ ,  $F=-0,205$ ) і 2+ особин райдужної форелі ( $H_o=68,3\%$ ,  $H_e=48,8\%$ ,  $F=-0,399$ ), що вказувало на необхідність стабілізації генетичної структури.

**Наукова новизна.** Вперше виконано оцінку генетичної структури за генетико-біохімічними маркерами та розрахований рівень гетерогенності у груп 1+ і 2+ особин райдужної форелі, які вирощуються у господарстві «Слобода Банилів» Чернівецької обл.

**Практична значимість.** Результати досліджень можуть бути використані у вирішенні різноманітних завдань групової та індивідуальної ідентифікації популяцій при формуванні стад з метою оптимізації генетичної структури. Експериментальні дані розподілу частот алелей і генотипів будуть використані для вивчення впливу факторів штучного добору у процесі адаптації райдужної форелі до нових умов існування.

**Ключові слова:** райдужна форель, генетична структура, локус, алелі, генотип, гетерозиготність.

## ОСОБЕННОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ГРУПП РАДУЖНОЙ ФОРЕЛИ (*ONCORHYNCHUS MYKISS*) ХОЗЯЙСТВА «СЛОБОДА БАНИЛОВ» ЧЕРНОВИЦКОЙ ОБЛ.

**П. Д. Мендришора**, [mendryshora@mail.ru](mailto:mendryshora@mail.ru), Інститут рибного господарства НААН, г. Київ

**Т. А. Нагорнюк**, [achtaan@ukr.net](mailto:achtaan@ukr.net), Інститут рибного господарства НААН, г. Київ

**С. И. Тарасюк**, [tarasyuk@if.org.ua](mailto:tarasyuk@if.org.ua), Інститут рибного господарства НААН, г. Київ

**Цель.** Изучение особенностей генетической структуры по генетико-биохимическим маркерам у 1+ и 2+ особей радужной форели хозяйства «Слобода Банилов» Черновицкой обл.

**Методика.** В исследованиях использовали методы вертикального полиакриламидного и горизонтального крахмального электрофорезов с собственными модификациями. Отбор образцов биологического материала и гистохимическое окрашивание гелевых пластин проводили по общепринятым методикам. Рассчитана частота аллельных и генотипических вариантов, определены фактический и ожидаемый уровни гетерозиготности по каждому отдельному локусу и уровень средней гетерозиготности на локус, рассчитан индекс



фиксации Райта *F*. Статистическую обработку экспериментальных данных выполняли с использованием программы «Biosys-1».

**Результаты.** Выполнен анализ генетической структуры групп радужной форели (*Oncorhynchus mykiss*) с использованием генетико-биохимических маркеров — локусов эстеразы (*EST*, КФ 3.1.1.1), карбоангидразы (*CA*, КФ 4.2.1.1), изоцитратдегидрогеназы (*IDH*, КФ 1.1.1.41), супероксиддисмутазы (*SOD*, КФ 1.15.1.1). У радужной форели показаны особенности распределения аллельных вариантов исследуемых локусов. Генотипический состав локусов биохимических систем предполагал избыток особей с гетерозиготными генотипами по локусу *SOD* у 1+ особей ( $G_o=26$ ;  $G_e=15,3$ ),  $\chi^2=15,4$ ,  $P<0,001$ , а также локусам *EST* ( $G_o=22$ ;  $G_e=14,6$ ),  $\chi^2=7,9$ ,  $P<0,01$  и *SOD* ( $G_o=22$ ;  $G_e=14,9$ ),  $\chi^2=6,8$ ,  $P<0,01$  у 2+ особей. Установлено, что исследуемые группы характеризовались высоким уровнем гетерозиготности по локусу *SOD* ( $H_o=73,3-86,7\%$ ), в сравнении с ожидаемым значением ( $H_e=49-50\%$ ),  $P<0,001-0,01$ . Наблюдалось незначительное преобладание фактического уровня средней гетерозиготности над ожидаемым у 1+ особей ( $H_o=59,9\%$ ,  $H_e=49,7\%$ ,  $F=-0,205$ ) и 2+ особей радужной форели ( $H_o=68,3\%$ ,  $H_e=48,8\%$ ,  $F=-0,399$ ), что свидетельствовало о необходимости стабилизации их генетической структуры.

**Научная новизна.** Впервые выполнена оценка генетической структуры по генетико-биохимическим маркерам и рассчитан уровень гетерогенности у групп 1+ и 2+ особей радужной форели, которые выращиваются в хозяйстве «Слобода Банилов» Черновицкой обл.

**Практическая значимость.** Результаты исследований могут быть использованы при решении разнообразных задач групповой и индивидуальной идентификации популяций при формировании стад с целью оптимизации генетической структуры. Экспериментальные данные распределения частот аллелей и генотипов будут использованы для изучения влияния факторов искусственного отбора в процессе адаптации радужной форели к новым условиям существования.

**Ключевые слова:** радужная форель, генетическая структура, локус, аллели, генотип, гетерозиготность.

