

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ ЖИВОТНЫХ / BREEDING, SELECTION,  
GENETICS AND BIOTECHNOLOGY OF ANIMALS

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11>

ОСОБЕННОСТИ ПОЛИМОРФИЗМА МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ У СИБИРСКОГО ОСЕТРА  
ЛЕНСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ, РАЗВОДИМОГО В ИНДУСТРИАЛЬНЫХ УСЛОВИЯХ

Научная статья

Никипелова А.К.<sup>1</sup>, Бардуков Н.В.<sup>2</sup>, Доцев А.В.<sup>3</sup>, Белоус А.А.<sup>4,\*</sup>

<sup>1</sup>ORCID : 0009-0002-8248-7555;

<sup>2</sup>ORCID : 0000-0002-5497-2409;

<sup>3</sup>ORCID : 0000-0003-3418-2511;

<sup>4</sup>ORCID : 0000-0001-7533-4281;

<sup>1, 2, 3, 4</sup> Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, Подольск,  
Российская Федерация

\* Корреспондирующий автор (belousa663[at]gmail.com)

**Аннотация**

*Цель работы* состояла в определении границ практического применения микросателлитного анализа в области селекционной работы с сибирским осетром ленской популяции.

*Используемые методы:* полимеразная цепная реакция, фрагментный анализ.

*Новизна:* уточнены сведения об аллельном разнообразии и видовых особенностях распределения аллелей микросателлитных локусов у сибирского осетра ленской популяции, выращиваемого в условиях аквакультуры. Показано, что полиморфизм микросателлитных локусов способен маркировать линии сибирского осетра ленской популяции, имеющие отличия по проявлению хозяйственно-полезных признаков.

*Практическая значимость:* представленные в работе данные о типичных аллелях восьми микросателлитных локусов у разных видов осетровых (сибирский, русский, сахалинский, амурский осетры, калуга, шип, севрюга, стерлядь) могут быть использованы на рыбоводных хозяйствах для определения степени гибридизации. На примере сибирского осетра ленской популяции наглядно продемонстрированы методики выявления чистоты вида, а также маркирования генетических линий, отличающихся по продуктивности.

**Ключевые слова:** сибирский осётр *Acipenser baerii*, микросателлитные локусы, полиморфизм, аквакультура, генетические дистанции, видоспецифичные аллели.

FEATURES OF MICROSATELLITE LOCI POLYMORPHISM IN SIBERIAN STURGEON OF THE LENA  
POPULATION BRED UNDER INDUSTRIAL CONDITIONS

Research article

Nikipelova A.K.<sup>1</sup>, Bardukov N.V.<sup>2</sup>, Dotsev A.V.<sup>3</sup>, Belous A.A.<sup>4,\*</sup>

<sup>1</sup>ORCID : 0009-0002-8248-7555;

<sup>2</sup>ORCID : 0000-0002-5497-2409;

<sup>3</sup>ORCID : 0000-0003-3418-2511;

<sup>4</sup>ORCID : 0000-0001-7533-4281;

<sup>1, 2, 3, 4</sup> Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Podolsk, Russian Federation

\* Corresponding author (belousa663[at]gmail.com)

**Abstract**

*The aim* of the work was to determine the limits of practical application of microsatellite analysis in the field of breeding work with Siberian sturgeon of the Lena population.

*Methods used:* polymerase chain reaction, fragment analysis.

*Novelty:* the data on allelic diversity and species-specific distribution of alleles of microsatellite loci in the Siberian sturgeon of the Lena population grown under aquaculture conditions have been clarified. It was shown that polymorphism of microsatellite loci is capable of marking lines of Siberian sturgeon of the Lena population that have differences in the manifestation of economically useful traits.

*Practical significance:* the data presented in this work on typical alleles of eight microsatellite loci in different sturgeon species (Siberian, Russian, Sakhalin, Amur sturgeon, Kaluga, Spike, Sturgeon, Sterlet) can be used at fish farms to determine the degree of hybridization. Using the example of the Siberian sturgeon of the Lena population, the methods of identifying species purity and labelling genetic lines that differ in productivity are clearly demonstrated.

**Keywords:** Siberian sturgeon *Acipenser baerii*, microsatellite loci, polymorphism, aquaculture, genetic distances, species-specific alleles.

**Введение**

Осетровые рыбы представляют собой уникальную группу лучепёрых рыб, объединённых общими чертами морфологии, биологии и экологии. Они являются объектом повышенного внимания в связи с их коммерческой ценностью, благодаря вкусовым качествам продукции (бескостное мясо, икра). По причине своей значимости осетровые стали объектом незаконного вылова и торговли, что привело к снижению численности диких популяций [1],

[2]. В целях сохранения естественных популяций осетровых и обеспечения продукцией населения были разработаны основные принципы искусственного воспроизводства и товарного выращивания данных видов.

Сибирский осётр (*Acipenser baerii* Brandt, 1869) ленской популяции является одним из наиболее популярных объектов аквакультуры благодаря своему быстрому росту и относительно высокой адаптации к различным условиям разведения (садки, бассейны, пруды).

Одомашненного ленского осетра разводят не только в чистом виде, но и активно используют для получения перспективных межвидовых гибридов, объединяющих полезные качества скрещиваемых видов. В условиях индустриального рыбоводства известны успешные межвидовые скрещивания ленского осетра со стерлядью [3], с русским осетром («ролик») [4], с калугой [5]. Возможность получения межвидовых гибридов может иметь и негативные последствия. Так, в целях сохранения особенностей генетической структуры природных популяций конкретного вида, важно знать точное видовое происхождение выпускаемой в естественную среду обитания молоди.

В сравнении с большинством других сельскохозяйственных животных, разведение сибирского осетра и племенная работа с ним начались относительно недавно – необходимость разведения сибирского осетра, как вида, обладающего хорошей икорной продуктивностью, достаточно высокой скоростью роста и крупными размерами возникла по причине катастрофического сокращения в XX веке популяций многих промысловых осетровых видов рыб и необходимостью обеспечить население достаточным количеством товарной продукции, обладающей уникальными гастрономическими качествами. К сожалению, условия, необходимые для восстановления природных популяций большинства видов осетровых в обозримой перспективе не будут восстановлены, поэтому актуальность разведения этих рыб в условиях индустриальной аквакультуры возрастает.

К настоящему моменту в России созданы две породы сибирского осетра – Одомашненная форма (№ 9357522, зарегистрирована в 1993 году) и Лена1 (№ 9463263, зарегистрирована в 2008 году) [6], причём вторая порода является производной от первой. Донором для этих пород является дикая популяция сибирского осетра реки Лена.

Ввиду позднего полового созревания данного вида рыб (11-22 года) [7], медленной смены поколений, а также небольшого промежутка времени, прошедшего с момента создания пород сибирского осетра, очевидно, что до сих пор существует возможность существенного повышения хозяйственно-полезных характеристик этой рыбы путём ведения дальнейшей селекционной работы.

Однако, в то время как большинству отраслей животноводства доступен солидный набор разнообразных молекулярно-генетических маркёров, в осетроводстве используют в основном лишь участки митохондриальной ДНК (цитохром *b*, цитохром-*c*-оксидаза I, D-петля) [8], [9] и микросателлитные локусы в контексте подтверждения видовой принадлежности [10]. В этой связи важными представляются задачи по поиску и разработке новых ДНК-маркёров, непосредственно ассоциированных с хозяйственно-полезными признаками этих рыб, а также раскрытию потенциала уже применяющихся методов молекулярной генетики.

Среди ДНК-маркёров, используемых при работе как с дикими популяциями, так и с аквакультурными стадами сибирского осетра, одно из центральных мест отведено микросателлитным локусам. Микросателлиты (или простые повторы последовательности — SSR) представляют собой тандемные повторы длиной 1-6 п.о. с высоким уровнем вариабельности. Благодаря высокому полиморфизму они очень удобны для изучения генетической дифференциации на различных уровнях (особь, популяция, вид) [11], [12].

В настоящее время, при работе с сибирским осетром, микросателлитный полиморфизм применяют в основном для подтверждения видового статуса, оценки уровня генетического разнообразия, а также для выявления генетической дифференциации диких популяций этого вида рыб. Очевидно, что возможности практического применения этого метода для работы с сибирским осетром не раскрыты в полном объёме – микросателлитные профили являются ценным источником информации для ведения селекции благодаря возможности определения степени родства между индивидуальными рыбами, а также степени инбридинга у каждой рыбы. Данные особенности микросателлитных маркёров пока не нашли прямого практического применения в осетроводстве.

В связи с этим, целью настоящего исследования является определение границ практического применения микросателлитного анализа сибирского осетра в области селекционной работы с данным видом рыб.

Для достижения данной цели решали следующие задачи:

- с помощью ранее отобранных нами микросателлитных локусов [13] выявить уровень генетической дифференциации сибирского осетра ленской популяции от других видов осетровых;
- определить величину межпопуляционных генетических различий у сибирского осетра ленской популяции аквакультурного происхождения;
- выявить степень индивидуальной генетической дифференциации у представителей сибирского осетра и сопоставить полученные генетические кластеры с данными индивидуальных измерений рыб.

### **Материалы и методы**

Исследования проводили в период 2023-2024 гг. Биологическим материалом послужили фрагменты плавниковой ткани осетровых рыб аквакультурного происхождения.

Образцы ткани русского, сахалинского, амурского осетров, калуги, шипа, севрюги и стерляди были собраны на двух рыбоводных предприятиях: ФГБУ Главрыбвод «Можайский производственно-экспериментальный рыбоводный завод» (Московская область, д. Горетово) и ООО Рыботоварная фирма «Диана» (Вологодская область, рабочий посёлок Кадуи) в период плановых бонитировок (см. табл. 1).

Таблица 1 - Исследуемая выборка осетровых видов рыб

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.1>

Вид/Группа	Обозначение	Кол-во особей	Плоидность	Происхождение
Сибирский осётр	<i>ABAE 1</i>	42	4n	Экспериментальная популяция №1 УЗВ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, происхождение - МПЭРЗ
Сибирский осётр	<i>ABAE 2</i>	47	4n	Экспериментальная популяция №2 УЗВ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, происхождение - ООО РТФ "Диана"
Русский осётр ( <i>Acipenser gueldenstadtii</i> Brandt&Ratzeburg, 1833)	<i>AGUE</i>	22	4n	Аквакультура. МПЭРЗ
Сахалинский осётр ( <i>Acipenser mikadoi</i> Hilgendorf, 1892)	<i>AMIK</i>	10	4n	Аквакультура. ООО РТФ «Диана»
Амурский осётр ( <i>Acipenser schrenckii</i> Brandt, 1869)	<i>ASCH</i>	12	4n	Аквакультура. МПЭРЗ
Калуга ( <i>Huso dauricus</i> Georgi, 1775)	<i>HDAU</i>	6	4n	Аквакультура. МПЭРЗ
Шип ( <i>Acipenser nudiventris</i> Lovetsky, 1828)	<i>ANUD</i>	5	2n	Аквакультура. МПЭРЗ
Севрюга ( <i>Acipenser stellatus</i> Pallas, 1771)	<i>ASTE</i>	20	2n	Аквакультура. МПЭРЗ
Стерлядь ( <i>Acipenser ruthenus</i> Linnaeus, 1758)	<i>ARUT</i>	42	2n	Аквакультура. МПЭРЗ

Материалом для изучения генетики сибирского осетра послужили две экспериментальные группы ( $n_1 = 42$ ,  $n_2 = 47$ ; см. табл. 1), содержащиеся в экспериментальной установке замкнутого водоснабжения (УЗВ) ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, но полученные на двух разных рыбодоводных предприятиях (МПЭРЗ и РТФ «Диана»). Возраст поголовья на момент прибытия в УЗВ составлял 10 месяцев, при средней массе 248,5 г (экспериментальная группа 1) и 327 г (экспериментальная группа 2). Представители обеих экспериментальных групп происходят от разводимого в заводских условиях одомашненного сибирского осетра ленской популяции, при этом принадлежность рыб к какой-либо из двух существующих пород ленского осетра поставщиками рыбопосадочного материала указана не была. Особи сибирского осетра содержались в одинаковых условиях – в круглых рыбодоводных бассейнах при температуре 18–20°C, среднее содержание растворенного кислорода составило 10 мг/л, плотность посадки – до 10 кг/м<sup>2</sup>. Все факторы производственной деятельности, воздействующие на рост и выживаемость осетровых рыб (плотность посадки, гидрохимические показатели, водообмен) поддерживались в пределах нормы.

Для отслеживания динамики темпов роста и развития каждой особи, был присвоен индивидуальный номер при помощи микрочипов Animal ID, которые вводились внутримышечно под 3-4 жучку спинного отдела. Для активации микрочипа использовался сканер PT-200 (Sails RFID Smart Card Technology Co., Limited, Китай). Эти методы позволили тщательно отслеживать состояние рыб, их рост в условиях экспериментального исследования.

Для вычисления среднесуточного прироста сибирского осетра были использованы следующие показатели: начальная (первая бонитировка) и конечная масса рыбы (через месяц), продолжительность времени (в сутках) между измерениями массы. Среднесуточный прирост ( $P_{\text{ср.сут.}}$ ) вычислялся по формуле [14]:

$$P_{\text{ср.сут.}} = (m_k - m_0)/t$$

где  $m_k$  – конечная масса молоди, г.;

$m_0$  – начальная масса молоди, г.;

$t$  – продолжительность опыта, сут.

Все данные индивидуальных промеров рыб экспериментальных групп, нормы кормления, а также гидрохимические показатели воды занесены в базу данных [15].

Выделение геномной ДНК проводили с помощью коммерческого набора «Экстран-2» (НПК «Синтол», Россия) по рекомендациям фирмы-производителя. Определение качества ДНК проводили методом электрофореза в 1,2% агарозном геле.

К настоящему времени уже известно большое количество микросателлитных локусов осетровых. Благодаря крайне низким темпам молекулярной эволюции в геномах этих рыб, праймеры, подобранные для одного вида, в большинстве случаев хорошо работают с ДНК других представителей семейства. На основании анализа научной литературы для тестирования исследуемой выборки осетровых рыб, были отобраны 8 STR- маркеров [16], [17]. Основные характеристики микросателлитных локусов представлены в таблице 2.

Для тетраплоидных представителей осетровых применяли метод подсчета дозы каждого аллеля в микросателлитном локусе, ранее описанный в работе Барминцевой А.Е. [18], [19]. При стабильном прохождении ПЦР доза каждого аллеля определяется дискретно из расчета, что общее количество аллелей на локус у каждого образца должно быть 4. При этом локус должен обладать полиморфизмом, стабильной амплификацией в ПЦР и не иметь нулевых аллелей. Аналогичный подход к выбору микросателлитных маркеров для генетического анализа осетровых рыб представлен в научной работе [20].

Таблица 2 - Характеристика тестируемых микросателлитных локусов

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.2>

Локус	Краситель	Последовательность праймеров
LS 19	6-FAM	F: CATCTTAGCCGTCTGGGTAC
		R: CAGGTCCTAATACAATGGC
Ag49a	6-FAM	F: TGTTATCTGCTCTGATATTGA TTCCG
		R: CGTTTTAAAGTTTGAACGG CA
Agu 37	R6G	F: ACATGGTAGCAAAATCCCA A
		R: CAGCAAGCTTAGATGCATG G
Agu 41	ROX	F: AAGACAAACAGTGGCCCA AC
		R: CAATGGCAGGTGCTACTGA A
An20	6-FAM	F: AATAACAATCATTACATGAG GCT
		R: TGGTCAGTTGTTTTTTTATT GAT
Agu38	6-FAM	F: ACTGGGGTTGAAGGACAGT G
		R:

Локус	Краситель	Последовательность праймеров
		TCCGTCTCATGTCCAAGGGT A
AS043	6-FAM	F: *CGACCCTAGAAGGGTTCA GA
		R: TCCTGCAACATGAAGTGAG C
Arg 18	R6G	F: CCTGGAACACGTCCAGTTT T
		R: TGGGTGAATGTTTTGGTGT G

ПЦР проводили в конечном объеме 15 мкл. В пробирки вносили по 14 мкл реакционной смеси, состоящей из 1,5 мкл 10½ Turbo-буфера (ЗАО «Евроген», Россия), 1,5 мкл 2 мМ раствора dNTPs, 0,3 мкл 10 мМ смеси праймеров, 1 ед. Smart Taq-полимеразы (ЗАО «Диалат Лтд.», Россия), добавляли ~ 50-100 нг исследуемой геномной ДНК, доводили до конечного объема деионизированной водой. Реакции выполняли на амплификаторе Thermal Cycler SimpliAmp («Thermo Fisher Scientific, Inc», США) в следующем режиме: 10 мин при 94°C (первичная денатурация); 30 с при 95 °С (денатурация), 40 с при 58 °С (отжиг праймеров на ДНК-матрице), 35 с при 72 °С (элонгацию цепей) (38 циклов); 5 мин при 72 °С (финальная элонгация). Электрофоретическое разделение продуктов амплификации проводили в системе капиллярного электрофореза Нанофор 05 (НПК «Синтол», Россия). Размеры аллелей определяли с помощью программного обеспечения GeneMarker (Version 3.0.1).

Подсчет классических популяционно-генетических параметров: ожидаемой ( $H_e$ ) и наблюдаемой ( $H_o$ ) гетерозиготности, среднего числа аллелей на локус ( $N_a$ ), среднего числа эффективных аллелей ( $N_e$ ), коэффициента инбридинга ( $F_{is}$ ), генетических дистанций по методу *M. Nei (1978)*, индекса  $F_{st}$  выполняли с помощью программы SPAGeDi1-5d. PCA (Principal Coordinate Analysis)-плот был построен на основе вычисления генетических дистанций по методу R. Bruvo с соавторами [21].

Кластерный анализ по 8-ми видам осетровых рыб проводили с помощью программного обеспечения *STRUCTURE* 2.3.4 [22]. Особи индивидуально были протестированы на принадлежность к каждому из предполагаемых видов с использованием программного обеспечения *STRUCTURE*. Значения  $K$  в диапазоне от 1 до 10 были протестированы с использованием десяти повторов для каждого значения  $K$ , *burn-in period* составлял 100000 итераций. Поскольку исследуемая выборка включала в себя и диплоидных представителей и тетраплоидных особей, то в процессе подготовки матрицы для анализа, опытным путем было решено к генотипу диплоидных видов (стерлядь, севрюга и шип) по каждому локусу добавлять два нулевых аллеля. Данный подход позволил привести данные для обсчета к единому тетраплоидному варианту и минимизировать ошибку при сравнении генотипов разной пloidности. Частоты аллелей образцов чистых видов были рассчитаны с помощью программного обеспечения SPAGeDi1-5d для исследования встречаемости видоспецифичных аллелей.

## Результаты и обсуждение

### 3.1. Видовые особенности полиморфизма микросателлитных локусов у сибирского осетра

Выполненное сравнение полиморфизма длин 8-ми микросателлитных локусов сибирского осетра с другими представителями осетровых позволило получить следующие результаты.

Все выбранные локусы демонстрировали тетраплоидный характер у сибирского (АВАЕ), русского (АГUE), сахалинского (АМІК) и амурского (АСCH) осетров, обладающих тетраплоидными геномами. Таким образом, для каждого локуса можно подсчитать дозу аллеля. Показатели генетического разнообразия, рассчитанные на основании полиморфизма микросателлитных локусов представлены в таблице 3 – в нашем случае наименьшим генетическим разнообразием обладали выборки шипа, севрюги и сахалинского осетра.

Таблица 3 - Характеристика уровня генетического разнообразия осетровых рыб по 8-ми микросателлитным локусам

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.3>

Виды	$N_a$	$N_{AE}$	$H_e$	$H_o$	$F_{is}$
АВАЕ 1	5,13±0,811	2,72±0,348	0,564±0,084	0,609±0,095	-0,081±0,023
АВАЕ 2	8,38±2,464	4,46±1,558	0,625±0,078	0,649±0,075	-0,04±0,015
АГUE	6,13±1,202	3,52±0,797	0,608±0,087	0,598±0,092	0,017±0,045
АМІК	3,00±0,73	2,39±0,537	0,402±0,134	0,435±0,146	-0,05±0,023
АСCH	8,86±0,498	5,50±0,508	0,671±0,123	0,611±0,157	0,091±0,203

Виды	$N_A$	$N_{AE}$	$H_E$	$H_O$	$F_{IS}$
HDAU	4,50±1,747	3,63±1,139	0,559±0,115	0,528±0,103	0,063±0,049
ANUD	2,38±2,25	2,30±1,639	0,408±0,13	0,317±0,124	0,300±0,039
ASTE	2,25±0,313	1,92±0,192	0,435±0,07	0,431±0,1	0,009±0,155
ARUT	6,13±1,118	3,31±1,028	0,451±0,106	0,420±0,118	0,071±0,106
Все	23,50±5,541	8,51±0,81	0,796±0,272	0,543±0,034	0,260±0,038

**Примечание:**

$N_A$  — среднее число аллелей на локус;  $N_{AE}$  — число эффективных аллелей на локус;  $H_O$  — наблюдаемая гетерозиготность;  $H_E$  — ожидаемая гетерозиготность,  $F_{IS}$  — коэффициент инбридинга

Были определены наиболее специфичные для каждого вида осетровых аллели микросателлитных локусов и их частоты (см. табл. 4).

В среднем по всем сравниваемым видам наиболее полиморфным локусом является *As043* с 46 аллелями, в то время как *Agu 18* продемонстрировал наименьший полиморфизм с шестью аллелями в проанализированном наборе данных. Общее количество аллелей для каждого вида варьировало от одного у *A. ruthenus* и *A. nudiventris* в локусе *Ag49a* и до 24 у *A. baerii* в локусе *As043*. Частоты аллелей были рассчитаны для идентификации потенциальных частных аллелей, которые можно было бы рекомендовать в качестве диагностических. Распределение частот аллелей указано в таблицах 4 и 5, для каждого из локусов полужирным шрифтом выделены аллели, обладающие наибольшей частотой встречаемости для каждой из тестируемых групп.

Таблица 4 - Распределение аллелей у осетровых рыб в микросателлитных локусах *Agu38*, *An20*, *Aru18*, *As043*DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.4>

Локусы	<i>Agu 38</i>	<i>An 20</i>	<i>Aru 18</i>	<i>As043</i>
АВАЕ 1	<b>104(0,399)*</b> ; <b>106(0,220)</b> ; 108(0,024); <b>110(0,351)</b> ; 112(0,006)	<b>155(0,238)</b> ; <b>156(0,399)</b> ; 161(0,012); 163(0,113); <b>167(0,232)</b> ; 169(0,005)	<b>137(0,988)</b> ; <b>139(0,006)</b> ; <b>143(0,006)</b>	191(0,036);231(0,006); <b>246(0,161)</b> ;254(0,131); 255(0,006); <b>258(0,488)</b> ; 259(0,024); <b>262(0,137)</b> ; 266(0,006);271(0,006)
АВАЕ 2	90(0,011); <b>104(0,601)</b> ; 106(0,059); <b>108(0,165)</b> ; <b>110(0,165)</b>	143(0,075); 149(0,010); <b>155(0,170)</b> ; 156(0,015); 157(0,010); <b>161(0,281)</b> ; 163(0,106); 164(0,021); 165(0,032); <b>167(0,229)</b> ; 173(0,042); 185(0,005)	<b>137(0,819)</b> ; <b>139(0,059)</b> ; <b>143(0,096)</b> ; 145(0,027)	181(0,005);191(0,005); <b>238(0,186)</b> ;246(0,144); <b>250(0,101)</b> ;252(0,032); 253(0,011);254(0,080); 256(0,005);258(0,011); <b>262(0,128)</b> ;263(0,011); <b>266(0,202)</b> ;267(0,016); 271(0,064)

Локусы	Agu 38	An 20	Aru 18	As043
AGUE	<b>104(0,432); 106(0,284); 110(0,284)</b>	159(0,034); <b>163(0,205); 167(0,182); 171(0,568)</b>	<b>137(0,966); 139(0,034)</b>	221(0,023); <b>224(0,114); 228(0,080);</b> 234(0,068); 242(0,057); <b>250(0,250);</b> 254(0,034);255(0,023); <b>258(0,080);262(0,182);</b> 266(0,034);268(0,012); 271(0,045);
AMIK	-	<b>161(0,150);181(0,575); 183(0,150);</b> 191(0,025); <b>195(0,100)</b>	<b>139/1,00</b>	<b>267(0,250);275(0,300); 279(0,325);283(0,125);</b>
ASCH	-	<b>125(0,271);</b> 127(0,042); <b>135(0,333);</b> 141(0,042); 143(0,042); 149(0,021); <b>151(0,125);</b> 153(0,083); 161(0,042)	<b>137(0,979); 139(0,021)</b>	205(0,021); <b>217(0,083);</b> 219(0,021);225(0,042); 227(0,021);234(0,042); 235(0,063);243(0,063); 251(0,021);254(0,021); <b>255(0,188);263(0,083);</b> 269(0,021); <b>271(0,125);</b> 273(0,042);275(0,021); 277(0,021);279(0,021); 281(0,021);283(0,063)
HDAU	<b>116(0,167);</b> 120(0,083); <b>122(0,333);</b> <b>124(0,250);</b> 128(0,125); 132(0,042)	<b>147(0,375);</b> 151(0,042); <b>165(0,250);</b> <b>169(0,333)</b>	<b>137(0,208); 139(0,792)</b>	<b>231(0,250);</b> 247(0,083); 251(0,042);255(0,042); <b>259(0,167);</b> 263(0,083); 267(0,042);279(0,083); 299(0,042);303(0,042); <b>315(0,125)</b>
ANUD	<b>108(0,400); 110(0,600)</b>	<b>151(0,600); 153(0,200); 163(0,200)</b>	<b>143(1,00)</b>	<b>251(0,300);255(0,200); 263(0,100);275(0,100); 279(0,300)</b>
ASTE	<b>104(0,275); 108(0,725)</b>	<b>138(0,475); 142(0,525)</b>	<b>132(0,475); 139(0,250); 141(0,275)</b>	<b>238(0,225);250(0,125); 260(0,625);273(0,025)</b>
ARUT	<b>104(0,725); 108(0,275)</b>	146(0,048); 147(0,024); 155(0,036); 158(0,012); 159(0,036);	<b>141(0,024); 143(0,881); 145(0,095)</b>	218(0,083); <b>225(0,107);</b> 231(0,024);238(0,143); 241(0,012);242(0,

Локусы	Agu 38	An 20	Aru 18	As043
		<b>163(0,083);</b> 166(0,048); <b>167(0,060);</b> <b>175(0,548);</b> 176(0,024); 177(0,024); <b>179(0,060)</b>		048); <b>243(0,095);246(0,119);</b> <b>250(0,155);</b> 254(0,024); 255(0,036); <b>271(0,155)</b>

Примечание: в скобках указана частота встречаемости аллелей; полужирным шрифтом выделены аллели с относительно более высокой частотой

Таблица 5 - Распределение аллелей у осетровых рыб в микросателлитных локусах: Ls19, Ag49a, Agu37, Agu41

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.5>

Локусы	Ls19	Ag49a	Agu37	Agu41
АВАЕ 1	<b>131(0,571)*;</b> <b>135(0,423);</b> 137(0,006)	<b>192(0,345);</b> 194(0,036); <b>202(0,482);</b> <b>206(0,137)</b>	124(0,226);126(0,661);128(0,113)	<b>179(0,101);</b> 181(0,012); <b>189(0,315);</b> <b>191(0,345);</b> 193(0,107); <b>197(0,119)</b>
АВАЕ 2	119(0,032); <b>131(0,176);</b> 133(0,016); <b>135(0,686);</b> 137(0,090)	192(0,218);196(0,117);202(0,489); 206(0,122);218(0,053)	124(0,043); <b>126(0,766);</b> 128(0,191)	<b>177(0,223);</b> 181(0,106); 185(0,043); <b>189(0,367);</b> <b>191(0,106);</b> 193(0,043); 197(0,037);199(0,005); 201(0,069)
AGUE	<b>121(0,091);</b> 129(0,307);131(0,057); 133(0,091);135(0,057); <b>137(0,125)</b> 143(0,216); 151(0,057)	<b>196(0,125);</b> 198(0,091); 200(0,068); <b>202(0,636);</b> 204(0,011);206(0,068)	<b>124(0,591);</b> 126(0,295); 128(0,034);130(0,034); 132(0,045)	175(0,045);177(0,443); <b>179(0,079);</b> 181(0,330); 183(0,046);185(0,023); 187(0,034)
AMIK	<b>125(1,00)</b>	<b>192(0,475);</b> 204(0,200); <b>210(0,200);</b> 220(0,025)	<b>124(1,00)</b>	<b>181(0,275);</b> 193(0,150); <b>195(0,375);</b> 197(0,200)
ASCH	111(0,042);113(0,063); 114(0,063); <b>119(0,167);</b> <b>121(0,521);</b> 127(0,021)	198(0,021); <b>202(0,333);</b> <b>218(0,104);</b> 220(0,042); <b>224(0,063);</b> 226(0,146); <b>230(0,083);</b> 232(0,125); 236(0,042);238(0,021); 248(0,021)	114(0,063); <b>120(0,521);</b> <b>122(0,417)</b>	187(0,042); <b>189(0,063);</b> <b>195(0,063);</b> 197(0,229); <b>199(0,333);</b> 201(0,043); <b>203(0,083);</b> 209(0,042); <b>211(0,083)</b>
HDAU	<b>111(0,250);</b> 119(0,750)	<b>202(0,333);</b> 236(0,333); 245(0,042); <b>248(0,125);</b> 251(0,167)	<b>122(1,00)</b>	167(0,042); <b>169(0,667);</b> <b>171(0,125);</b> 177(0,083); 181(0,083)
ANUD	<b>121(0,500);</b> 129(0,300); <b>131(0,200)</b>	<b>196(1,00)</b>	<b>126(0,100);</b> 128(0,600); <b>130(0,300)</b>	<b>181(1,00)</b>
ASTE	<b>131(1,00)</b>	<b>208(0,425);</b> <b>211(0,575)</b>	<b>124(0,775);</b> 126(0,225)	<b>183(0,600);</b> <b>185(0,400)</b>
ARUT	<b>134(0,774);</b> 135(0,024); <b>137(0,167);</b> 141(0,037)	<b>196(1,00)</b>	<b>116(0,131);</b> 126(0,857); 130(0,012)	181(0,012); <b>185(0,179);</b> <b>190(0,107);</b> 191(0,012)



Локусы	Ls19	Ag49a	Agu37	Agu41
				095); <b>192(0,119);193(0,274);</b> 194(0,036); <b>195(0,083);</b> 196(0,024);198(0,012); 199(0,036);203(0,024)

Примечание: в скобках указана частота встречаемости аллелей; полужирным шрифтом выделены аллели с относительно более высокой частотой

На основании распределения аллелей микросателлитных локусов были рассчитаны генетические дистанции между исследуемыми выборками осетровых (см. табл. 6).

Таблица 6 - Значения генетических дистанций, Nei (1978) между видами осетровых рыб

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.6>

Виды	HDAU	ASCH	ARUT	ABAE2	AGUE	ABAE1	ANUD	ASTE	AMIK
HDAU		0,2443	0,4720	0,3436	0,3414	0,3824	0,4601	0,4598	0,3685
ASCH	0,2443		0,3666	0,1749	0,1619	0,1927	0,3425	0,3905	0,3715
ARUT	0,4720	0,3666		0,2735	0,3621	0,3671	0,3038	0,4656	0,4953
ABAE2	0,3436	0,1749	0,2735		0,1363	0,0801	0,3715	0,3771	0,3916
AGUE	0,3414	0,1619	0,3621	0,1363		0,1511	0,3576	0,3767	0,3484
ABAE1	0,3824	0,1927	0,3671	0,0801	0,1511		0,4302	0,3746	0,4116
ANUD	0,4601	0,3425	0,3038	0,3715	0,3576	0,4302		0,4874	0,4721
ASTE	0,4598	0,3905	0,4656	0,3771	0,3767	0,3746	0,4874		0,3955
AMIK	0,3685	0,3715	0,4953	0,3916	0,3484	0,4116	0,4721	0,3955	

Как и ожидалось, генетическая дистанция между экспериментальными группами сибирского осетра оказалась наименьшей из всех сравниваемых групп и составила 0,0801. По результатам межвидовых сравнений наименьшие различия выявлены между сибирским и русским осетрами (от 0,1363 до 0,1511 в зависимости от выборок сибирского осетра, см. табл. 6). Наибольшая генетическая дистанция получена при сравнении сахалинского осетра и стерляди (0,4953, см. табл. 6) – данный результат также является вполне закономерным – стерлядь относится к атлантической филогенетический кладе осетровых, сахалинский осётр – к тихоокеанской [23]. Значительная генетическая дистанция отмечена между стерлядью и калугой (0,4720), также относящейся к тихоокеанскому филогенетическому кластеру. Крайне низкая генетическая дистанция отмечена нами между выборками русского и амурского осетров (0,1619, см. табл. 6), относящихся к разным филогенетическим кладам – данный результат, скорее всего, свидетельствует о недостаточной эффективности применяемых конкретных микросателлитных маркёров для выявления генетической дифференциации этих двух видов.

Были выполнен расчет формирования генетических кластеров в тестируемой выборке осетровых рыб на основании коэффициента подобия  $Q$  (анализ выполнен в программе STRUCTURE) (см. рис. 1). Кластеризация позволила корректно отнести каждую особь к своему виду, что говорит о том, что данный тип расчетов имеет высокие перспективы для определения чистоты вида/гибридного происхождения.

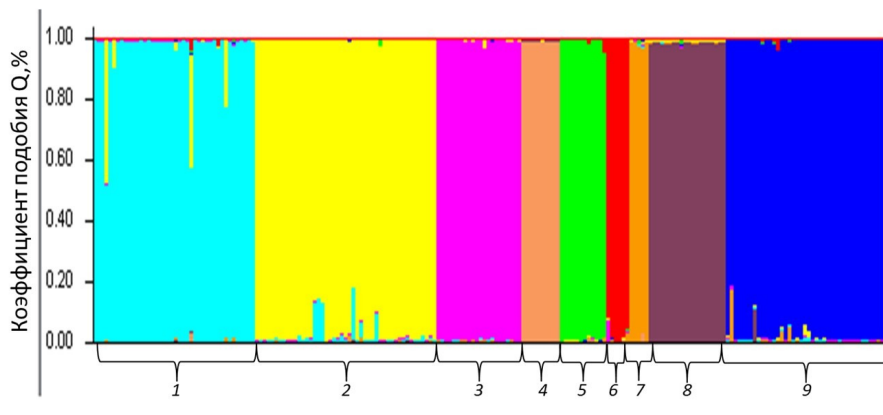


Рисунок 1 - Кластерный анализ выборки осетровых видов рыб на основании частот аллелей по 8-ми микросателлитным локусам, выполненный с помощью программы Structure 2.3.4 для числа кластеров K=9  
DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.7>

Примечание: Q- величина вклада каждого из кластеров в генотип особи (вероятность того, что особь принадлежит к тому или иному кластеру): 1- ABAE 1, 2- ABAE 2, 3- AGUE, 4- AMIK, 5- ASCH, 6- HDAU, 7- ANUD, 8- ASTE, 9- ARUT

В свою очередь PCA-плот (график главных компонент), построенный на основании распределения аллелей микросателлитных локусов, имеет несколько сниженную разрешающую способность (см. рис.2) – кластеры филогенетически близких видов в ряде случаев имеют зоны перекрывания.

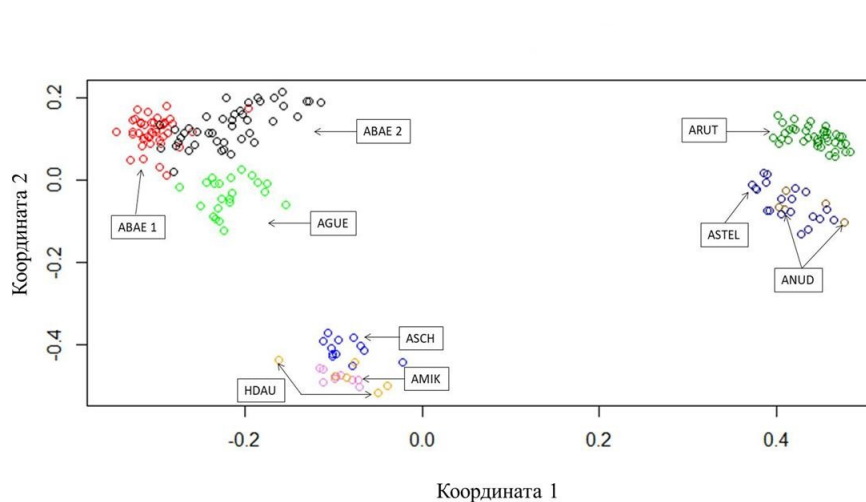


Рисунок 2 - Локализация особей осетровых рыб в пространстве двух измерений на основании их генотипов по 8-ми микросателлитным локусам  
DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.8>

Примечание: сокращенные обозначения осетровых видов рыб см. в таблице 1

Оценивая результаты кластеризации (см. рис.2), а также данные, представленные в таблице 4, 5, можно заметить, что диапазоны длин аллелей тестируемых локусов, выявленные у групп сибирского осетра ленской популяции, имеют наибольшее сходство с аналогичными у русского осетра.

У данных сравниваемых групп почти во всех микросателлитных маркерах присутствуют одинаковые аллели, но в разных соотношениях. К примеру, в локусе *Aru 18* аллель 137 п.о. встречается у 90% представителей двух видов, аналогично в локусе *Agu 37* представлены аллели 124 п.о. и 126 п.о. Исключением является маркер *Ls 19* – для сибирского и русского осетров характерен аллель длиной 131 п.о., однако, у русского осетра в 60 % случаев наблюдается аллель 127 п.о., который полностью отсутствует у представителей сибирского осетра. Аналогичные результаты описаны и в работах других авторов [23], [24], где исследователи отмечают схожесть микросателлитных аллелей русского и сибирского осетров.

Используя обширный набор локусов, в данном исследовании мы старались определить чёткие видоспецифичные, и при этом распространённые с высокой частотой встречаемости аллели, дифференцирующие эти два вида. Однако,

выбранные для исследования микросателлитные локусы не обладают подобными аллелями, и видовая идентификация в данном случае возможна только при выделении кластеров на основании коэффициента подобия Q (см. рис.1), формируемого по совокупности частот аллелей тестируемых образцов.

Ввиду распространенности на осетровых заводах гибрида «ролик» (гибрид русского осетра и сибирского осетра ленской популяции) необходим дальнейший поиск более надёжного ядерного маркера для идентификации событий гибридизации. Так, в случае использования материнской линии русского осетра при гибридизации этих двух видов, найденные ранее межвидовые митохондриальные различия [24] могут быть малоинформативны, т.к. фенотип русского осетра является доминантным по большинству признаков. При дальнейшем снижении доли кровности сибирского осетра (скрещивании гибрида с русским осетром) повышается вероятность ошибок визуального определения гибридной рыбы, а также кластеризации по рассмотренным нами микросателлитным локусам (ввиду отсутствия видоспецифичных мономорфных аллелей).

При гибридизации сибирского осетра с другими видами осетровых, микросателлитные маркеры должны проявлять значительно более высокую разрешающую способность за счет разницы в диапазонах длин аллелей рассмотренных микросателлитов (см. табл. 4, 5).

### 3.2. Особенности внутривидового полиморфизма микросателлитных локусов у сибирского осетра

Внутривидовые различия между двумя протестированными аквакультурными экспериментальными группами сибирского осетра проявились в следующих особенностях. В целом, микросателлитные локусы сибирского осетра в обеих аквакультурных популяциях имели одинаковый аллельный состав. Однако, в локусе *Agu 38* в группе АВАЕ 2 был обнаружен аллель 90 п.о., который наблюдался у нескольких особей этой группы. Кроме того, микросателлитный маркер *Ls19* показал наличие аллеля 119 п.о. у особей сибирского осетра из популяции АВАЕ2. Маркер *An 20* имел полиморфный характер, аллельный набор составлял для первой группы (АВАЕ1) – 6 аллелей на локус, а для второй – 12, при этом число эффективных аллелей оказалось равным 3,59 и 5,65 соответственно.

В локусе *Aru 18* обнаружен аллель 137 п.о., который практически единообразно присутствует у рыб разных экспериментальных групп. Наблюдается высокая частота встречаемости аллеля 266 п.о. в локусе *As043* у выборки сибирского осетра из экспериментальной группы 1 (АВАЕ 1), одновременно аллель 258 п.о. является специфичным для второй исследуемой группы.

Полиморфизм аллелей микросателлитных локусов позволяет обнаружить наличие явной генетической дифференциации в аквакультурных стадах сибирского осетра ленской популяции (экспериментальные группы были получены с двух разных рыбоводных хозяйств), соответственно, рассмотренный в настоящей статье набор микросателлитных маркеров может применяться для генетической паспортизации аквакультурных стад сибирского осетра ленской популяции.

### 3.3. Индивидуальная дифференциация представителей сибирского осетра ленской популяции при помощи профилей микросателлитных локусов

Полученные микросателлитные профили были использованы для получения индивидуальных генетических дистанций и выстраивания кластеризации представителей внутри каждой из экспериментальных групп на основе родственных связей по принципу: чем меньше различий в генетическом профиле, тем выше предполагаемая степень родства (табл. 7).

Таблица 7 - Характеристики экспериментальных групп

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.9>

Характеристики \ экспериментальные группы	Группа 1	Группа 2
Значение минимальной генетической дистанции	0,060	0,085
Значение максимальной генетической дистанции	0,633	0,696
Среднее значение генетической дистанции	0,237	0,287
Средняя живая масса на начало эксперимента, г	248,5	327
Среднесуточный прирост между двумя бонитировками, г / сут.	0,95	1,85
% погибшей рыбы во время акклиматизации	21,4	2,1

На основании индивидуальных генетических дистанций с помощью метода UPGMA [25] для каждой из двух групп было выстроено дерево генетических взаимоотношений (см. рис. 3, 4).

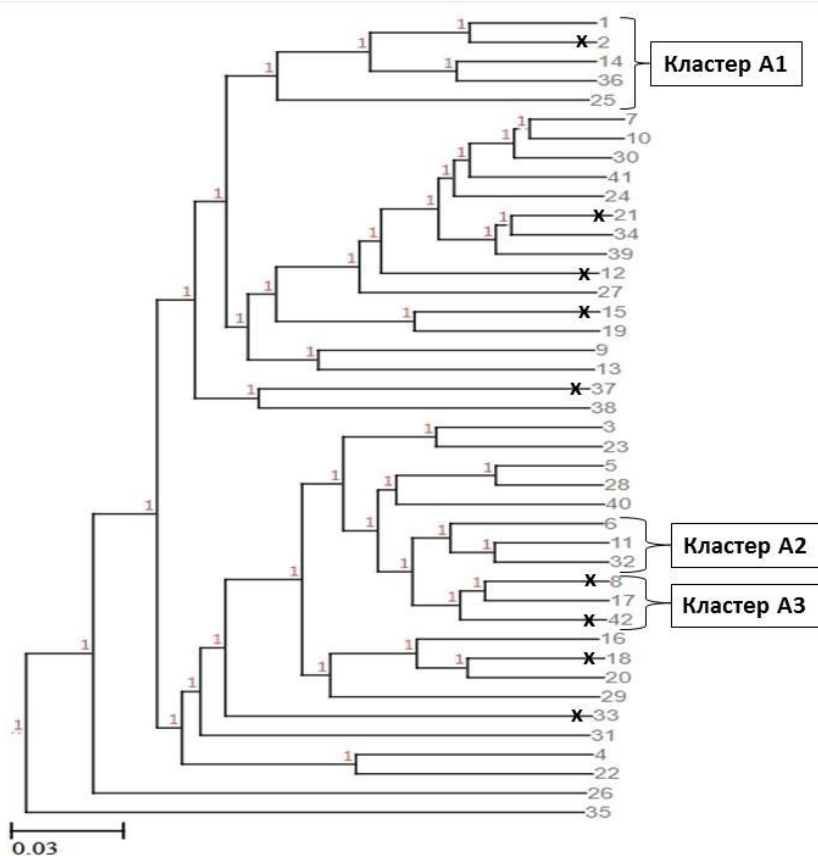


Рисунок 3 - Дендрограмма индивидуальных генетических взаимоотношений представителей экспериментальной группы 1

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.10>

Примечание: кластер А1 – особи с низкими показателями живой массы; кластер А2 – особи с высокими показателями живой массы на начало эксперимента; кластер А3 – особи с высоким % смертности; знаком «х» отмечены рыбы, погибшие в процессе адаптации к условиям УЗВ

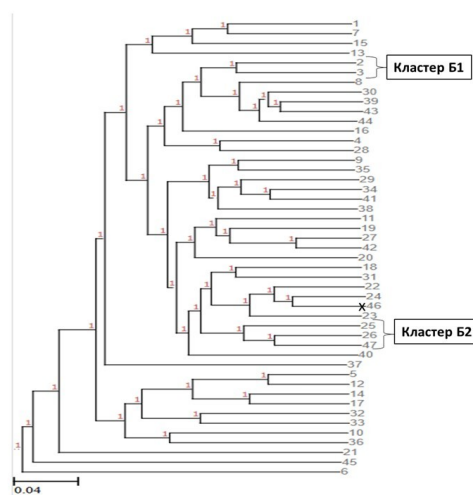


Рисунок 4 - Дендрограмма индивидуальных генетических взаимоотношений представителей экспериментальной группы 2

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.52.11.11>

Примечание: кластер Б1 – особи с низкими показателями среднесуточного прироста; кластер Б2 – особи с низкими

показателями живой массы на начало эксперимента; знаком «х» отмечены рыбы, погибшие в процессе адаптации к условиям УЗВ

Далее было проведено сравнение характера кластеризации образцов с промерами, полученными в результате бонитировок, а также учетом смертности рыбы во время акклиматизации к условиям УЗВ.

Рассматривая особенности генетической кластеризации группы 1 (рис. 3), можно выделить кластер А1, объединяющий рыб с низкой живой массой на начало эксперимента (живая масса в кластере колебалась от 181 г до 223 г, средняя живая масса в кластере = 200,4 г), кластер А2, включающий в себя рыб, обладающих высокой живой массой на начало эксперимента (живая масса в кластере колебалась от 238 г до 323 г, средняя живая масса рыб в кластере = 293,7 г) и кластер А3, состоящий из трёх особей, две из которых погибли во время акклиматизации.

В дендрограмме генетических взаимоотношений группы 2 (рис. 4) можно выделить кластер Б1, включающий рыб с низким среднесуточным приростом живой массы (среднесуточный прирост колебался от -0,63 г/сут до 0,56 г/сут), при этом из трёх рыб во всей экспериментальной группе, обладающих наименьшим среднесуточным приростом, две находились в данном кластере. Выделяется кластер Б2, содержащий рыб с низкой живой массой на начало эксперимента (живая масса в кластере колебалась от 209 г до 314 г, средняя живая масса в кластере = 250,4 г).

Известно, что за редким исключением [26], [27] полиморфизм микросателлитных локусов не влияет на проявление каких-либо фенотипических и физиологических признаков. Наблюдаемые в данном исследовании тенденции кластеризации, вероятнее всего показывают влияние на продуктивность и адаптационные характеристики генетики конкретных производителей, участвовавших в нерестовой компании. Микросателлитный анализ позволил выявить внутри экспериментальных стад кластеры, выделенные на основании генетического сходства, часть из которых имела контрастные характеристики по накоплению живой массы и выживаемости. Таким образом, применение генетического анализа на осетровых хозяйствах позволит существенно ускорить работу по выведению линий сибирского осетра, дифференцированных по проявлению хозяйственно-полезных качеств.

### Заключение

В силу существенных различий в диапазонах длин аллелей, описываемых микросателлитных локусов, полученные с их помощью генетические профили имеют перспективы для выявления чистоты вида/гибридного происхождения сибирского осетра, за исключением гибридизации с русским осетром, для надежной идентификации которой необходим дальнейший поиск генетических маркёров. Рассмотренные в данной работе микросателлитные маркёры позволяют отчётливо выявлять генетическую дифференциацию в аквакультурных стадах сибирского осетра ленской популяции и могут быть применены в целях генетической паспортизации в сфере аквакультуры. До момента разработки методов высокопроизводительного генотипирования, специализированных на геноме сибирского осетра, микросателлитный анализ имеет перспективы применения в качестве инструмента маркирования генетических линий сибирского осетра ленской популяции, отличающихся характеристиками продуктивности и адаптационными способностями.

### Финансирование

Исследования проведены при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации. Регистрационный номер темы Государственного задания № FGGN-2022-0007.

### Благодарности

Выражаем благодарность ООО РТФ «Диана», Союзу осетроводов и лично Михайлову А.В. за предоставление образцов биоматериала для исследований. За помощь в выполнении эксперимента благодарим главного рыбовода ФГБУ «Главрыбвод» Глебова А. П.

### Конфликт интересов

Не указан.

### Рецензия

Все статьи проходят рецензирование. Но рецензент или автор статьи предпочли не публиковать рецензию к этой статье в открытом доступе. Рецензия может быть предоставлена компетентным органам по запросу.

### Funding

The research was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation. Registration number of the topic of the State Assignment No. FGGN-2022-0007.

### Acknowledgement

We express our gratitude to LLC RTF "Diana", the Union of Sturgeon Breeders and personally to Mikhailov A.V. for providing samples of biomaterial for research. We thank Glebov A.P., Chief Fish Breeder of Glavrybvod FSBI, for his assistance in carrying out the experiment.

### Conflict of Interest

None declared.

### Review

All articles are peer-reviewed. But the reviewer or the author of the article chose not to publish a review of this article in the public domain. The review can be provided to the competent authorities upon request.

### Список литературы / References

1. Гарлов П.Е. Возможность сохранения популяций осетровых рыб на Северо-западе / П.Е. Гарлов, Н.М. Аршаница, А.А. Стекольников [и др.] // Международный вестник ветеринарии. — 2020. — № 4. — С. 116–123. DOI: 10.17238/issn2072-2419.2020.4.116.
2. White L.S. Decades of global sturgeon conservation efforts are threatened by an expanding captive culture industry / L.S. White, A.D. Fox, T. Beridze [et al.] // Fisheries. — 2022. — Vol. 48. — № 2. — P. 54–61. DOI: 10.1002/fsh.10865.
3. Shivaramu S. Ploidy levels and fitness-related traits in purebreds and hybrids originating from Sterlet (*Acipenser ruthenus*) and unusual ploidy levels of Siberian sturgeon (*A. baerii*) / S. Shivaramu, I. Lebeda, D.T. Vuong [et al.] // Genes (Basel). — 2020. — Vol. 10. — P. 1164. DOI: 10.3390/genes11101164.

4. Поддубная И.В. Оптимизация выращивания гибридов русского и сибирского осетра при использовании в рационе кормовой добавки «Абиотоник» / И.В. Поддубная, А.А. Васильев, В.В. Сучков [и др.] // Аграрный научный журнал. — 2023. — № 1. — С. 93–97. DOI: 10.28983/asj.y2023i1pp93-97.
5. Гибридизация сибирского (ленского) осетра с калугой. — URL: <https://osetrunion.ru/lenka/> (дата обращения: 22.09.2024).
6. Порода: Осётр сибирский Лена-1. — URL: <https://gossortrf.ru/registry/gosudarstvennyu-reestr-selektcionnykh-dostizheniy-dopushchennykh-k-ispolzovaniyu-tom-2-porody-zhivot/lena-1-ose-tr-sibirskiy/> (дата обращения: 20.09.2024).
7. Рубан Г.И. Адаптивные эколого-морфологические особенности сибирского осетра (*Acipenser baerii* Brandt) / Г.И. Рубан // Биология внутренних вод. — 2019. — № 2. — С. 71–78. DOI: 10.1134/S032096521902013X.
8. Корниенко И.В. Терминация репликации и механизмы гетероплазмии митохондриальных ДНК у осетровых рыб / И.В. Корниенко, Д.А. Чеботарев, М.А. Махоткин [и др.] // Молекулярная биология. — 2019. — Т. 53. — № 1. — С. 53–63. DOI: 10.1134/S0026898419010063.
9. Hu Q. Species Identification of Caviar Based on Multiple DNA Barcoding / Q. Hu, Y. Pan, H. Xia [et al.] // *Molecules*. — 2023. — Vol. 28. — P. 5046. DOI: 10.3390/molecules28135046.
10. Dudu A. A multistep DNA-based methodology for accurate authentication of sturgeon species / A. Dudu, M. Samu, M. Maereanu [et al.] // *Foods*. — 2022. — Vol. 11. — № 7. — P. 1007. DOI: 10.3390/foods11071007.
11. Wenne R. Microsatellites as molecular markers with applications in exploitation and conservation of aquatic animal populations / R. Wenne // *Genes (Basel)*. — 2023. — Vol. 14. — P. 808. DOI: 10.3390/genes14040808.
12. Xu P. In Silico Screening and Development of Microsatellite Markers for Genetic Analysis in *Perca fluviatilis* / P. Xu, C. Lu, Z. Sun [et al.] // *Animals*. — 2022. — Vol. 12. — № 14. DOI: 10.3390/ani12141809.
13. Бардуков Н.В. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для генетической паспортизации сибирского осетра (*Acipenser baerii*) / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, А.А. Белоус [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2023. — Т. 58. — С. 1057–1067. DOI: 10.15389/agrobiology.2023.6.1057rus.
14. Правдин И.Ф. Руководство по изучению рыб (преимущественно пресноводных) / И.Ф. Правдин. — Москва : Пищевая промышленность, 1966. — 246 с.
15. Зиновьева Н.А. Фенотипические показатели сибирского осетра, разводимого в условиях замкнутого водоснабжения / Н.А. Зиновьева, А.К. Никипелова, В.И. Никипелов [и др.]. — 2024.
16. Kohlmann K. Validation of 12 species-specific, tetrasomic microsatellite loci from the Russian sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*, for genetic broodstock management / K. Kohlmann, P. Kersten, J. Gebner [et al.] // *Aquaculture International*. — 2018. — Vol. 26. — P. 1365–1376. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10499-018-0290-y>.
17. Rajkov J. Evolution of polyploidy and functional diploidization in sturgeons: microsatellite analysis in 10 sturgeon species / J. Rajkov, Z. Shao, P. Berrebi // *Journal of Heredity*. — 2014. — Vol. 105. — P. 521–531. DOI: <https://doi.org/10.1093/jhered/esu027>.
18. Барминцева А.Е. Филогеография и внутривидовой генетический полиморфизм сибирского осетра *Acipenser baerii* Brandt, 1869 в природе и аквакультуре : дис. ... канд. биол. наук / А.Е. Барминцева. — Москва, 2018.
19. Бардуков Н.В. Методические рекомендации по проведению молекулярно-генетической экспертизы племенного материала сибирского осетра (*Acipenser baerii*), разводимого в товарной аквакультуре / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, В.И. Никипелов [и др.]. — Дубровицы : ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста, 2024. — 32 с.
20. Мюге Н.С. Геномные исследования для сохранения осетровых: анализ наследования полиплоидных локусов и разработка панели маркеров для идентификации гибридов осетровых и продукции из них / Н.С. Мюге, А.Е. Барминцева // Вестник Российского фонда фундаментальных исследований. — 2020. — № 2(106). — С. 78–87. DOI: 10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87.
21. Bruvo R. A simple method for the calculation of microsatellite genotype distances irrespective of ploidy level / R. Bruvo, N. K. Michiels, T. G. D'souza [et al.] // *Molecular Ecology*. — 2004. — Vol. 13(7). — P. 2101–2106. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2004.02209.x.
22. Hubisz M.J. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information / M. J. Hubisz, D. Falush, M. Stephens [et al.] // *Molecular Ecology Resources*. — 2009. — Vol. 9(5). — P. 1322–1332. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x.
23. Rajkov J. Evolution of polyploidy and functional diploidization in sturgeons: microsatellite analysis in 10 sturgeon species / J. Rajkov, Z. Shao, P. Berrebi // *Journal of Heredity*. — 2014. — Vol. 105. — P. 521–531. DOI: <https://doi.org/10.1093/jhered/esu027>.
24. Барминцева А.Е. Использование микросателлитных локусов для установления видовой принадлежности осетровых (*Acipenseridae*) и выявления особей гибридного происхождения / А.Е. Барминцева, Н.С. Мюге // Генетика. — 2013. — Т. 49. — № 9. — С. 1093–1105. DOI: 10.7868/S0016675813090038.
25. DendroUPGMA: A dendrogram construction utility. — URL: <https://usuaris.tinet.cat/debb/UPGMA/m> (accessed: 02.11.2024).
26. Guilherme J.P.L.F. Androgen receptor gene microsatellite polymorphism is associated with muscle mass and strength in bodybuilders and power athlete status / J.P.L.F. Guilherme, Y.V. Shikhova, R.R. Dondukovskaya [et al.] // *Annals of Human Biology*. — 2021. — Vol. 48(2). — P. 142–149. DOI: 10.1080/03014460.2021.1919204.
27. Yamashita K. Association of functional (GA)<sub>n</sub> microsatellite polymorphism in the FLI1 gene with susceptibility to human systemic sclerosis / K. Yamashita, A. Kawasaki, T. Matsushita [et al.] // *Rheumatology (Oxford)*. — 2020. — Vol. 59(11). — P. 3553–3562. DOI: 10.1093/rheumatology/keaa306.

## Список литературы на английском языке / References in English

1. Garlov P.E. Vozmozhnost' sohraneniya populjacji osetrovyh ryb na Severo-zapade [The possibility of preserving sturgeon populations in the North-West] / P.E. Garlov, N.M. Arshanitsa, A.A. Stekolnikov [et al.] // *Mezhdunarodnyj vestnik veterinarii* [International Veterinary Bulletin]. — 2020. — № 4. — P. 116–123. DOI: 10.17238/issn2072-2419.2020.4.116. [in Russian]
2. White L.S. Decades of global sturgeon conservation efforts are threatened by an expanding captive culture industry / L.S. White, A.D. Fox, T. Beridze [et al.] // *Fisheries*. — 2022. — Vol. 48. — № 2. — P. 54–61. DOI: 10.1002/fsh.10865.
3. Shivaramu S. Ploidy levels and fitness-related traits in purebreds and hybrids originating from Sterlet (*Acipenser ruthenus*) and unusual ploidy levels of Siberian sturgeon (*A. baerii*) / S. Shivaramu, I. Lebeda, D.T. Vuong [et al.] // *Genes* (Basel). — 2020. — Vol. 10. — P. 1164. DOI: 10.3390/genes11101164.
4. Poddubnaya I.V. Optimizacija vyrashhivaniya gibridov russkogo i sibirskogo osetra pri ispol'zovanii v racione kormovoj dobavki «Abiotonik» [Optimization of hybrid cultivation of Russian and Siberian sturgeon using the feed additive "Abiotonic"] / I.V. Poddubnaya, A.A. Vasiliev, V.V. Suchkov [et al.] // *Agrarnyj nauchnyj zhurnal* [Agrarian Scientific Journal]. — 2023. — № 1. — P. 93–97. DOI: 10.28983/asj.y2023i1pp93-97. [in Russian]
5. Gibrizacija sibirskogo (lenskogo) osetra s kalugoj [Hybridization of Siberian (Lena) sturgeon with kaluga]. — URL: <https://osetrunion.ru/lenka/> (accessed: 22.09.2024). [in Russian]
6. Poroda: Osjotr sibirskij Lena-1 [Breed: Siberian Sturgeon Lena-1]. — URL: <https://gossortrf.ru/registry/gosudarstvennyy-reestr-seleksiionnykh-dostizheniy-dopushchennykh-k-ispolzovaniyu-tom-2-porody-zhivot/lena-1-osetr-sibirskiy/> (accessed: 20.09.2024). [in Russian]
7. Ruban G.I. Adaptivnye jekologo-morfologicheskie osobennosti sibirskogo osetra (*Acipenser baerii* Brandt) [Adaptive ecological and morphological features of the Siberian sturgeon (*Acipenser baerii* Brandt)] / G.I. Ruban // *Biologija vnutrennih vod* [Biology of Inland Waters]. — 2019. — № 2. — P. 71–78. DOI: 10.1134/S032096521902013X. [in Russian]
8. Kornienko I.V. Terminacija replikacii i mehanizmy geteroplazmii mitohondrial'nyh DNK u osetrovyh ryb [Termination of replication and mechanisms of mitochondrial DNA heteroplasmies in sturgeon fish] / I.V. Kornienko, D.A. Chebotarev, M.A. Makhotkin [et al.] // *Molekuljarnaja biologija* [Molecular Biology]. — 2019. — Vol. 53. — № 1. — P. 53–63. DOI: 10.1134/S0026898419010063. [in Russian]
9. Hu Q. Species Identification of Caviar Based on Multiple DNA Barcoding / Q. Hu, Y. Pan, H. Xia [et al.] // *Molecules*. — 2023. — Vol. 28. — P. 5046. DOI: 10.3390/molecules28135046.
10. Dudu A. A multistep DNA-based methodology for accurate authentication of sturgeon species / A. Dudu, M. Samu, M. Maereanu [et al.] // *Foods*. — 2022. — Vol. 11. — № 7. — P. 1007. DOI: 10.3390/foods11071007.
11. Wenne R. Microsatellites as molecular markers with applications in exploitation and conservation of aquatic animal populations / R. Wenne // *Genes* (Basel). — 2023. — Vol. 14. — P. 808. DOI: 10.3390/genes14040808.
12. Xu P. In Silico Screening and Development of Microsatellite Markers for Genetic Analysis in *Perca fluviatilis* / P. Xu, C. Lu, Z. Sun [et al.] // *Animals*. — 2022. — Vol. 12. — № 14. DOI: 10.3390/ani12141809.
13. Bardukov N.V. Razrabotka mul'tipleksnoj paneli mikrosatellitov dlja geneticheskoy pasportizacii sibirskogo osetra (*Acipenser baerii*) [Development of a multiplex microsatellite panel for genetic certification of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*)] / N.V. Bardukov, A.K. Nikipelova, A.A. Belous [et al.] // *Sel'skohozjajstvennaja biologija* [Agricultural Biology]. — 2023. — Vol. 58. — P. 1057–1067. DOI: 10.15389/agrobiol.2023.6.1057rus. [in Russian]
14. Pravdin I.F. Rukovodstvo po izucheniju ryb (preimushhestvenno presnovodnyh) [Guide to the Study of Fish (Mainly Freshwater)] / I.F. Pravdin. — Moscow : Food Industry, 1966. — 246 p. [in Russian]
15. Zinovieva N.A. Fenotipicheskie pokazateli sibirskogo osetra, razvodimogo v uslovijah zamknutogo vodosnabzhenija [Phenotypic Indicators of Siberian Sturgeon Bred in a Closed Water Supply System] / N.A. Zinovieva, A.K. Nikipelova, V.I. Nikipelov [et al.]. — 2024. [in Russian]
16. Kohlmann K. Validation of 12 species-specific, tetrasomic microsatellite loci from the Russian sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*, for genetic broodstock management / K. Kohlmann, P. Kersten, J. Gebner [et al.] // *Aquaculture International*. — 2018. — Vol. 26. — P. 1365–1376. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10499-018-0290-y>.
17. Rajkov J. Evolution of polyploidy and functional diploidization in sturgeons: microsatellite analysis in 10 sturgeon species / J. Rajkov, Z. Shao, P. Berrebi // *Journal of Heredity*. — 2014. — Vol. 105. — P. 521–531. DOI: <https://doi.org/10.1093/jhered/esu027>.
18. Barmintseva A.E. Filogeografija i vnutrividovoj geneticheskij polimorfizm sibirskogo osetra *Acipenser baerii* Brandt, 1869 v prirode i akvakul'ture [Phylogeography and intraspecific genetic polymorphism of the Siberian sturgeon *Acipenser baerii* Brandt, 1869 in nature and aquaculture] : dissertation ... Candidate of Biological Sciences / A.E. Barmintseva. — Moscow, 2018. [in Russian]
19. Bardukov N.V. Metodicheskie rekomendacii po provedeniju molekuljarno-geneticheskoy jekspertizy plemennogo materiala sibirskogo osetra (*Acipenser baerii*), razvodimogo v tovarnoj akvakul'ture [Methodological recommendations for conducting molecular genetic examination of breeding material of the Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) reared in commercial aquaculture] / N.V. Bardukov, A.K. Nikipelova, V.I. Nikipelov [et al.]. — Dubrovitsy : FSBSI FRC VIZH named after L. K. Ernst, 2024. — 32 p. [in Russian]
20. Myuge N.S. Genomnye issledovanija dlja sohraneniya osetrovyh: analiz nasledovanija poliploidnyh lokusov i razrabotka paneli markerov dlja identifikacii gibridov osetrovyh i produkcii iz nih [Genomic studies for the conservation of sturgeons: analysis of polyploid locus inheritance and development of a marker panel for the identification of sturgeon hybrids and their products] / N.S. Myuge, A.E. Barmintseva // *Vestnik Rossijskogo fonda fundamental'nyh issledovanij* [Bulletin of the Russian Foundation for Basic Research]. — 2020. — № 2(106). — P. 78–87. DOI: 10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87. [in Russian]

21. Bruvo R. A simple method for the calculation of microsatellite genotype distances irrespective of ploidy level / R. Bruvo, N. K. Michiels, T. G. D'souza [et al.] // *Molecular Ecology*. — 2004. — Vol. 13(7). — P. 2101–2106. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2004.02209.x.
22. Hubisz M.J. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information / M. J. Hubisz, D. Falush, M. Stephens [et al.] // *Molecular Ecology Resources*. — 2009. — Vol. 9(5). — P. 1322–1332. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2009.02591.x.
23. Rajkov J. Evolution of polyploidy and functional diploidization in sturgeons: microsatellite analysis in 10 sturgeon species / J. Rajkov, Z. Shao, P. Berrebi // *Journal of Heredity*. — 2014. — Vol. 105. — P. 521–531. DOI: <https://doi.org/10.1093/jhered/esu027>.
24. Barmintseva A.E. Ispol'zovanie mikrosatellitnyh lokusov dlja ustanovlenija vidovoj prinadlezhnosti osetrovyyh (Acipenseridae) i vyjavlenija osobej gibridnogo proishozhdenija [Use of microsatellite loci to determine species identity of sturgeons (Acipenseridae) and detect hybrid-origin individuals] / A.E. Barmintseva, N.S. Myuge // *Genetika* [Genetics]. — 2013. — Vol. 49. — № 9. — P. 1093–1105. DOI: 10.7868/S0016675813090038. [in Russian]
25. DendroUPGMA: A dendrogram construction utility. — URL: <https://usuaris.tinet.cat/debb/UPGMA/m> (accessed: 02.11.2024).
26. Guilherme J.P.L.F. Androgen receptor gene microsatellite polymorphism is associated with muscle mass and strength in bodybuilders and power athlete status / J.P.L.F. Guilherme, Y.V. Shikhova, R.R. Dondukovskaya [et al.] // *Annals of Human Biology*. — 2021. — Vol. 48(2). — P. 142–149. DOI: 10.1080/03014460.2021.1919204.
27. Yamashita K. Association of functional (GA)<sub>n</sub> microsatellite polymorphism in the FLI1 gene with susceptibility to human systemic sclerosis / K. Yamashita, A. Kawasaki, T. Matsushita [et al.] // *Rheumatology (Oxford)*. — 2020. — Vol. 59(11). — P. 3553–3562. DOI: 10.1093/rheumatology/keaa306.