

ГЕНЕТИКА

Научная статья

УДК 639.212: 575.17

EDN: LLOAGA

doi: 10.17072/1994-9952-2026-1-42-54



Характеристика аллелофонда сибирского осетра (*Acipenser baerii* B.), разводимого на территории России, с использованием оптимизированной мультиплексной панели микросателлитных локусов

А. К. Никипелова¹, А. В. Доцев¹, Н. В. Бардуков¹, В. И. Никипелов¹, А. А. Белоус^{1, 2}

¹ Федеральное исследовательское учреждение животноводства ВИЖ им. акад. Л.К. Эрнста, Московская обл., пос. Дубровицы, Россия

² ВНИИ интегрированного рыбоводства – филиал ФГБНУ «Федеральное исследовательское учреждение животноводства – ВИЖ им. акад. Л.К. Эрнста», Московская обл., Ногинский р-н, раб. пос. им. Воровского, Россия
Автор, ответственный за переписку: Амина Кумаровна Никипелова, nikipelova_aminavij@mail.ru

Аннотация. Представлены результаты комплексного исследования генетического разнообразия одомашненных стад сибирского осетра (*Acipenser baerii*) различного географического происхождения (ленского, обского, енисейского и байкальского), разводимых на восьми рыболовных предприятиях России. С использованием усовершенствованной мультиплексной панели микросателлитных локусов выполнена генетическая паспортизация 228 особей. Установлено, что большинство стад сохраняют относительно высокий уровень генетического разнообразия (средняя ожидаемая гетерозиготность $H_E=0.701$, аллельное разнообразие $A_R=6.77$). Выявлена значительная дифференциация между хозяйствами: наибольшая генетическая дистанция по *Nei* (0.4646) отмечена между группами сибирского осетра ленского происхождения (Можайский производственно-экспериментальный рыболовный завод и осетровое рыболовное хозяйство в г. Удомле), а наименьшая (0.1136) – между группами Мансуровского рыболовного хозяйства и осетрового хозяйства в г. Удомле, что указывает на их потенциальное родство или обмен племенным материалом. Показано, что генетическая структура исследуемых групп формируется преимущественно под влиянием истории конкретного хозяйства (эффект основателя, селекционная работа), а не исходного географического происхождения. Для устойчивого развития осетроводства рекомендованы система регулярного генетического мониторинга ремонтно-маточных стад и организация контролируемого обмена племенным материалом между предприятиями.

Ключевые слова: сибирский осетр, микросателлитные локусы, аквакультура, доза аллеля, генетическое разнообразие

Для цитирования: Характеристика аллелофонда сибирского осетра (*Acipenser baerii*), разводимого на территории России, с использованием оптимизированной мультиплексной панели микросателлитных локусов / А. К. Никипелова, А. В. Доцев, Н. В. Бардуков, В. И. Никипелов, А. А. Белоус // Вестник Пермского университета. Сер. Биология. 2026. Т. 17, вып. 1. С. 42–54. <http://dx.doi.org/10.17072/1994-9952-2026-1-42-54>.

Благодарности: исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и образования, гос. задание FGGN-2025-0005.

GENETICS

Original article

Characterization of the allele pool of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii* B.) bred in Russia using an optimized multiplex panel of microsatellite loci

А. К. Nikipelova¹, А. V. Dotsev¹, N. V. Bardukov¹, V. I. Nikipelov¹, А. А. Belous^{1, 2}

¹ Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Russia

² All-Russian Research Institute of Integrated Fish Farming branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center for Animal Husbandry - Academician L.K. Ernst", Russia
Corresponding author: Amina K. Nikipelova, nikipelova_aminavij@mail.ru

Abstract. This article presents the results of a comprehensive study on the genetic diversity of domesticated Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) stocks originating from the Lena, Ob, Yenisei river basins and Lake Baikal, reared at eight Russian fish farms. Genetic certification of 228 individuals was performed using an optimized multiplex panel of microsatellite loci. It was found that most stocks retain a relatively high level of genetic diversity (mean expected heterozygosity $H_E=0.701$, allelic richness $A_R=6.77$). Significant differentiation was observed between the farms: the largest Nei's genetic distance (0.4646) was recorded between groups of Lena origin (the Mozhaisk Production and Experimental Fish Hatchery and the sturgeon farm in Udomlya), while the smallest distance (0.1136) was found between the Mansurovsky Fish Farm and the sturgeon farm in Udomlya, indicating their potential relatedness or exchange of breeding material. It was demonstrated that the genetic structure of the studied groups is shaped primarily by the specific history of each farm (founder effect, selective breeding) rather than by their initial geographical origin. A system of regular genetic monitoring broodstock and a controlled exchange of breeding stock between farms are recommended for the sustainable development of sturgeon farming.

Keywords: Siberian sturgeon, microsatellite loci, aquaculture, allele dosage, genetic diversity

For citation: Nikipelova A. K., Dotsev A. V., Bardukov N. V., Nikipelov V. I., Belous A. A. [Characterization of the allele pool of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii* B.) bred in Russia using an optimized multiplex panel of microsatellite loci]. *Bulletin of the Perm University. Biology*. Vol. 17, iss. 1 (2026): pp. 42-54. (In Russ.). <http://dx.doi.org/10.17072/1994-9952-2026-1-42-54>.

Acknowledgments: the study was financially supported by the Ministry of Science and Education (State Assignment No. FGGN-2025-0005).

Введение

В условиях глобального снижения численности естественных популяций осетровых рыб все большее значение приобретает аквакультура, выступающая как альтернативный источник ценной пищевой продукции [Chandra, Forr-Bayat, 2021]. В этом контексте сибирский осетр (*Acipenser baerii*, Brandt 1867) представляет собой перспективный объект для товарного выращивания как в России, так и за рубежом, что обусловлено его высокими темпами роста и качеством продукции. Данный вид населяет обширные территории, включая крупные реки Сибири (Обь, Енисей, Лена) и озеро Байкал [Ruban, 2018]. Широкое распространение в различных условиях среды способствовало формированию у сибирского осетра высокой экологической пластичности и адаптационного потенциала [Рубан, 2019], и вид был отнесен Международным союзом охраны природы (МСОП) к категории Critically Endangered в соответствии с классификацией IUCN 3.1. Основными причинами критического состояния стали антропогенные факторы, в частности строительство гидроэлектростанций, нарушающих пути нерестовых миграций, загрязнение среды обитания и браконьерство. В связи с этим развитие отечественной аквакультуры представляется перспективным направлением для решения данной проблемы.

В 1981 г. на Конаковском осетровом заводе (г. Конаково, Тверская обл.) было впервые сформировано маточное стадо сибирского осетра ленской популяции [Малютин, Рубан 2009]. Это достижение позволило предприятию стать ведущим в России и за рубежом поставщиком племенного материала данного вида. На сегодняшний день ленский осетр составляет основу осетроводства во многих странах. В России рыбоводные предприятия также активно ведут селекционную работу с сибирским осетром. На данный момент в стране зарегистрированы лишь две породы ленского осетра: «Одомашненная форма» и «Лена-1», полученные на Конаковском заводе, при этом «Лена-1» является результатом целенаправленной селекции первой формы. Таким образом, весь одомашненный ленский осетр ведет свое происхождение от этого предприятия.

Исторически ремонтно-маточные стада формировались из неполовозрелых особей, отловленных в дикой природе и затем дорощенных на заводах. [Williot et al., 2018]. Однако в последние годы на заводах все чаще в качестве производителей используют рыбу, выращенную «из икры», что зачастую приводит к близкородственному скрещиванию. В связи с этим особую важность приобрела проблема сохранения и поддержания генетического разнообразия у производителей, предназначенных для восстановления естественных популяций осетровых. Применение генетических методов в этой области позволит повысить качество племенной работы.

Важную роль среди ДНК-маркеров, используемых в генетических исследованиях диких и аквакультурных стад осетровых рыб, играют микросателлитные локусы. Микросателлиты – тандемные повторы, состоящие из последовательностей длиной 1–6 нуклеотидов, которые широко распространены в ядерных геномах большинства организмов. Благодаря своей структуре они известны под разными названиями: простые повторы последовательностей (Simple Sequence Repeats, SSR), короткие тандемные повторы (Short Tandem Repeats, STR) [Kalia et al., 2011]. Длина микросателлитного локуса обычно составляет от 5 до 40 повторов, хотя встречаются и более длинные варианты. Наиболее часто в молекулярно-генетических исследованиях используются ди-, три- и тетра-нуклеотидные повторы. При этом динуклеотидные повторы преобладают у многих видов. Три- и гексануклеотидные повторы чаще встречаются в

кодирующих областях генома, поскольку их длина не приводит к сдвигу рамки считывания [Toth, Gaspari, Jurka, 2000].

В осетроводстве микросателлитные локусы нашли применение для решения таких задач, как идентификация гибридов [Yang et al., 2025], анализ популяционной структуры [Panagiotopoulou et al., 2014], а также достоверности происхождения особей [Liu et al., 2017; Wang et al., 2022].

Вместе с тем генетические исследования осетровых рыб осложняются их эволюционно сложившейся полиплоидностью [Rajkov, Shao, Berrebi, 2014]. Так, сибирский осетр является функциональным тетраплоидом (кариотип~ 240 хромосом), что подразумевает наличие у него четырех гомологичных хромосом и полисомный тип наследования микросателлитных локусов [Shivaramu, 2020]. Эта уникальность требует применения специализированных подходов как на этапе генотипирования, так и при последующем популяционно-генетическом анализе для корректной интерпретации данных.

Несмотря на растущие масштабы аквакультуры сибирского осетра в России, исследования аллелофонда ремонтно-маточных стад различных рыбоводных хозяйств остаются ограниченными. В этой связи мониторинг их генетического состояния необходим для грамотной селекционно-племенной работы, снижения инбридинга и сохранению генофонда вида.

Цель исследования: характеристика аллелофонда ремонтно-маточного сибирского осетра аквакультурного происхождения с использованием оптимизированной мультиплексной панели микросателлитных локусов.

Материалы и методы исследования

Исследование проводили в 2025 г. на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста. Материалом для изучения послужили срезы участка плавников, отобранных у особей сибирского осетра из разных рыбоводных хозяйств. Основная характеристика выборки представлена в табл. 1.

Таблица 1

Характеристика исследуемой выборки сибирского осетра *Acipenser baerii*

[Characteristics of the studied sample of Siberian sturgeon *Acipenser baerii*

Вид	Обозначение	Число особей	Происхождение
Сибирский осетр. Ленское происхождение	AB_Di	55	Аквакультура. Экспериментальная популяция № 1 УЗВ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, ленское происхождение – ООО РТФ «Диана», Вологодская обл.
Сибирский осетр. Ленское происхождение	AB_MP	44	Аквакультура. Экспериментальная популяция № 2 УЗВ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, ленское происхождение – МПЭРЗ, Московская обл., Можайский муниципальный округ, д. Горетово
Сибирский осетр. Ленское происхождение	AB_Ud	21	Аквакультура. Ленское происхождение. Осетровое рыбоводное хозяйство в г. Удомле, Тверская обл., г. Удомля
Сибирский осетр. Ленское происхождение	AB_Aq	18	Аквакультура. Ленское происхождение. Осетровое хозяйство «Акваферма», Ленинградская обл., Гатчинский муниципальный р-н, Войсковицкое сельское поселение
Сибирский осетр. Ленское происхождение	AB_Ma	39	Аквакультура. Мансуровское рыбоводное хозяйство МО, Истринский р-н, д. Алексеевка
Сибирский осетр. Енисейское происхождение	AB_Ep	33	Аквакультура. Рыбоводное хозяйство в селе Рыбное. Красноярский край, с. Рыбное
Сибирский осетр. Обское происхождение	AB_Ob	13	Аквакультура. ООО «Пышма-96», г. Тюмень
Сибирский осетр. Байкальское происхождение	AB_Va	5	Аквакультура. ФГБУ Главрыбвод «МПЭРЗ», Московская обл., Можайский муниципальный округ, д. Горетово

Выделение геномной ДНК проводили с использованием коммерческого набора «Экстран-2» (НПФ «Синтол»). Качество и целостность выделенной ДНК оценивали методом электрофореза в 1% агарозном геле.

На основе дополнительного тестирования микросателлитных маркеров была усовершенствована ранее разработанная мультиплексная панель для генетической паспортизации сибирского осетра, представленная в работе [Бардуков и др., 2023]. В состав панели было добавлено пять новых локусов (*As043*, *AcR13V*, *Ag18*, *Ag10*, *Afu39*), что повысило ее информативность и разрешающую способность.

В результате тестирования более 40 микросателлитных локусов, предназначенных для осетровых рыб, были отобраны 12 наиболее перспективных для генотипирования сибирского осетра [Georgescu et al., 2013; Kohlmann et al., 2017; Kohlmann et al., 2018; Hu et al., 2019] (табл.2).

Таблица 2

Характеристика выбранных микросателлитных маркеров для генетического анализа сибирского осетра

[Characterization of selected microsatellite markers for genetic analysis of Siberian sturgeon]

Название локусов	Диапазон аллелей по собственным данным, п.н.	Последовательность праймеров 5'– 3'
1 панель		
An20	135–190	F5'-AATAACAATCATTTACATGAGGCT-3'
		R5'-TGGTCAGTTGTTTTTTTATTGAT-3'
Aru18	130–145	F5'-CCTGGAACACGTCCAGTTTT -3'
		R5'-TGGGTGAATGTTTTTGGTGTG-3'
Agu38	100–120	F5'-ACTGGGGTTGAAGGACAGTG-3'
		R5'-TCCGTCTCATGTCCAAGGGTA-3'
As043	190–280	F5'-CGACCCTAGAAGGGTTCAGA-3'
		R5'-TCCTGCAACATGAAGTGAGC-3'
2 панель		
Ag49a	175–225	F5'-TGTTATCTGCTCTGATATTGATTCG-3'
		R5'-CGTTTTAAAGTTTGAACGGCA-3'
Agu37	120–140	F5'- ACATGGTAGCAAAATCCCAA-3'
		R5'- CAGCAAGCTTAGATGCATGG-3'
Ls19	120–160	F5'- CATCTTAGCCGTCTGGGTAC-3'
		R5'-CAGGTCCCTAATACAATGGC-3'
Agu41	170–230	F5'-AAGACAAACAGTGGCCCAAC-3'
		R5'-CAATGGCAGGTGCTACTGAA-3'
3 панель		
AcR13V	100–128	F5'-AGTAGTATTTTTAGTAGTCAGCGTA-3'
		R5'-CGCTGGTAAACCATGACATATG-3'
Ag18	220–250	F5'-CATCAAAGATTTTAGAAGGACATGTAG-3'
		R5'-TGTGCAATGCAATCAGAACA-3'
Ag10	225–290	F5'-AACAAGTTCTTACCTCGATTTTGG-3'
		R5'-GAGATTTGAACAAGACAGGAGGA-3'
Afu39	120–140	F5'-TTCTGAAGTTCACACATTG-3'
		R5'- ATGGAGCATTATTGGAAGG-3'

При разработке мультиплексной панели для сибирского осетра как тетраплоидного представителя осетровых использовали не более четырех локусов в 1 панели, каждый из которых имеет уникальную флуоресцентную метку (FAM, R6G, TAMRA, ROX). Использование большего числа локусов в панели затрудняет адекватную оценку дозы аллелей и тем самым повышает вероятность неверной интерпретации результатов генетического анализа. Данные STR-маркеры, а также пример их успешного комбинирования в мультиплексные ПЦР, представлены на рис. 1.

Оптимизация условий ПЦР включала подбор оптимальных соотношений компонентов ПЦР-смеси и проведение реакции с градиентом температур на этапе отжига праймеров. Качество амплификации визуализировали методом электрофореза в агарозном геле.

Были установлены оптимальные параметры реакционной смеси. Общий объем реакции составлял 14 мкл, в который входили: 1.5 мкл 10 × Turbo-буфера (ЗАО «Евроген», Россия); 1.5 мкл 2мМ смеси раствора dNTP; 0.3 мкл 10 мМ смеси праймеров; 1 ед. активности Smart Taq-полимеразы (ЗАО «Диалат Лтд.», Россия); 50–100 нг исследуемой геномной ДНК. Объем смеси доводили до 14 мкл деонизированной водой.

ПЦР проводили на амплификаторе Thermal Cycler SimpliAmp («Termo Fisher Scientific», Inc., США) по следующему протоколу:

1. Первичная денатурация: 10 минут при 94°C,

2. 38 циклов амплификации, каждый из которых включал:

- денатурация: 30 секунд при 95°C;
- отжиг праймеров: 40 секунд при 58°C;
- элонгация: 35 секунд при 72°C.

3. Финальная элонгация: 5 минут при 72°C.

Разработанный протокол позволяет эффективно и достоверно генотипировать особей сибирского осетра, что подтвердилось последующим успешным анализом всех исследуемых выборок.

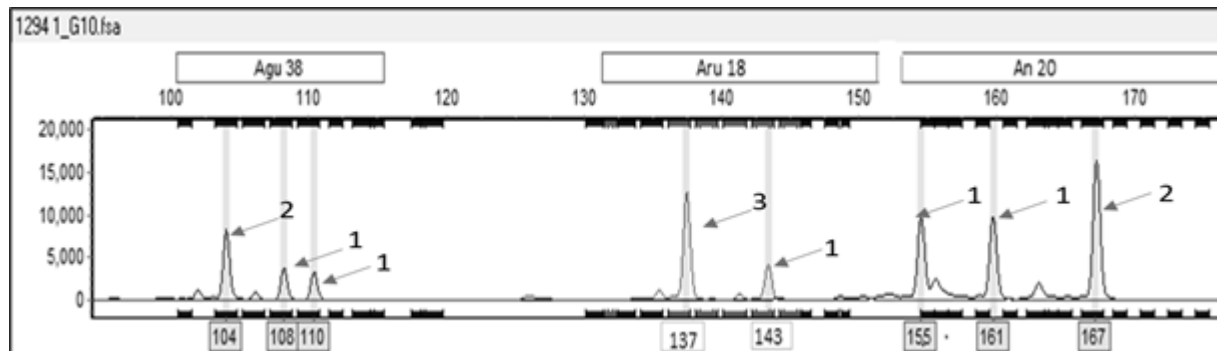


Рис. 1. Пример мультиплексирования микросателлитных локусов с сохранением дозы аллелей в панели № 1. Стрелками указана доза аллеля

[Example of multiplexing microsatellite loci with preservation of allele dosage in panel №1]

Фрагментный анализ выполняли на генетическом анализаторе «Нанофор 05» (НПФ «Синтол») с использованием встроенного программного обеспечения GeneMarker (Version 3.0.1).

Для тетраплоидных представителей осетровых рыб, в частности сибирского осетра, дозу каждого аллеля в микросателлитном локусе определяли в соответствии с методикой, ранее описанной в работе А.Е. Барминцевой [2018], а также в методических рекомендациях по проведению молекулярно-генетической экспертизы племенного материала сибирского осетра (*Acipenser baerii*), разводимого в товарной аквакультуре [Бардуков и др., 2024]. При стабильном прохождении ПЦР доза каждого аллеля определялась дискретно из расчета, что общее число аллелей на локус у каждого образца должно быть 4.

Расчет основных популяционно-генетических параметров: ожидаемой (H_E) и наблюдаемой (H_O) гетерозиготности, среднего числа аллелей на локус (N_A), среднего числа эффективных аллелей (N_{AE}), аллельного разнообразия (A_R), коэффициента инбридинга (F_{IS}), а также генетических дистанций по Нею (Nei , 1978) и индекса фиксации F_{ST} – проводили с использованием программы SPAGeDi 1.5d [Hardy, Vekemans, 2002].

График анализа главных координат (Principal Coordinate Analysis, PCoA) [Clark, Jasieniuk, 2011; Clark, 2019] построили на основе матрицы генетических дистанций, рассчитанных по методу [Bruvo et al., 2004].

Кластерный анализ для сибирского осетра из 5 рыбоводных хозяйств выполнили с помощью программного обеспечения STRUCTURE 2.3.4 [Pritchard, 2002].

Генетические сети, построенные по типу «сеть соседей» (Neighbor-Net) на основе матрицы попарных значений показателя F_{ST} визуализировали с использованием программы SplitsTree 4 (Версия 4.19.2) [SplitsTree6: эл. ресурс].

Результаты и их обсуждение

1. Характеристика генетического разнообразия ремонтно-маточных стад сибирского осетра ленской популяции

В результате микросателлитного анализа по 12 локусам были получены показатели генетического разнообразия для 5 исследуемых групп сибирского осетра. Сводные данные представлены в табл. 3.

Сводные данные по всем локусам демонстрируют сохранение высокого уровня генетического разнообразия в объединенной выборке: ожидаемая гетерозиготность $H_E = 0.701$, аллельное богатство $A_R = 6.77$. Однако сравнение отдельных хозяйств выявляет значительную дифференциацию. Наибольшее генетическое разнообразие сохранило стадо АВ_Ді, что подтверждается максимальными значениями числа аллелей ($N_A = 6.50$) и аллельного богатства ($A_R = 5.95$). Напротив, стадо АВ_МР характеризуется наименьшим генетическим разнообразием: $N_A = 5.00$, $A_R = 4.52$, $H_E = 0.593$. Коэффициент инбридинга F_{IS} варьирует между хозяйствами от -0.080 до 0.021 .

Проведенный анализ генетической изменчивости по 12 микросателлитным локусам предоставил детальную характеристику аллелофонда 5 ремонтно-маточных стад сибирского осетра ленской популяции заводского происхождения.

Таблица 3

Показатели генетического разнообразия в исследуемых группах сибирского осетра на основании полиморфизма 12 микросателлитных локусов
[Genetic diversity indices in the studied groups of Siberian sturgeon based on polymorphism of 12 microsatellite loci]

Группа	Показатель					
	N_A	N_{AE}	A_R	H_E	H_O	F_{IS}
Все	8.17±0.25	4.31±0.14	6.77±0.25	0.701±0.01	0.657±0.01	0.063±0.02
AB_Di	6.500	3.860	5.950	0.665	0.674	-0.014
AB_MP	5.000	3.080	4.520	0.593	0.640	-0.080
AB_Ud	5.580	3.670	5.500	0.679	0.674	0.008
AB_Aq	5.830	3.750	5.830	0.664	0.665	-0.002
AB_Ma	6.000	3.570	5.630	0.653	0.639	0.021

Примечания: N_A – среднее число аллелей на локус; N_{AE} – число эффективных аллелей на локус; A_R – аллельное разнообразие; H_E – ожидаемая гетерозиготность; H_O – наблюдаемая гетерозиготность; F_{IS} – коэффициент инбридинга.

Все исследуемые локусы оказались полиморфными, однако уровень их генетического разнообразия существенно варьировал. Наибольшим числом аллельных вариантов характеризовались локусы: *An20* (13 аллелей), *As043* (14 аллелей) и *Ag10* (12 аллелей), что делает их высокоинформативными для популяционно-генетических исследований. В противоположность этому локусы *AcR13V*, *Agu37*, *Ls19* и *Aru18* демонстрировали относительно низкий полиморфизм (4–5 аллелей), что может указывать на их консервативность.

Анализ распределения частот аллелей выявил генетические различия между рассматриваемыми хозяйствами. Наиболее часто встречаемые аллели по каждому микросателлитному локусу в различных рыбодомных хозяйствах представлены в табл. 4.

Таблица 4

Аллели, обладающие высокой частотой по каждому локусу в рыбодомных хозяйствах
[Alleles with high frequency at each locus in fish farms]

Локус	Группа				
	AB_Di	AB_MP	AB_Ud	AB_Aq	AB_Ma
<i>Agu38</i>	108 (0.586)	114 (0.347)	108 (0.464)	108 (0.639)	110 (0.256) 112 (0.199)
<i>An20</i>	157 (0.282)	151 (0.233)	164 (0.321)	164 (0.181)	157 (0.339)
	164 (0.209)	152 (0.392)		182 (0.111)	
<i>AcR13V</i>	123 (0.396)	127 (0.966)	123 (0.631)	127 (0.639)	127 (0.359)
<i>As043</i>	270 (0.191)	262 (0.494)	267 (0.238)	262 (0.347)	194 (0.122) 274 (0.212)
		192 (0.341)		192 (0.347)	202 (0.712)
<i>Ag49a</i>	202 (0.501)	202 (0.494)	202 (0.714)	202 (0.528)	202 (0.712)
<i>Agu37</i>	126 (0.755)	126 (0.659)		128 (0.514)	
<i>Ls19</i>	138 (0.696)	135 (0.608)	142 (0.357)	142 (0.444)	138 (0.679)
<i>Agu41</i>	189 (0.359)	191 (0.364)	201 (0.298)	177 (0.389)	189 (0.353)
<i>Ag18</i>	228 (0.332)	236 (0.335)	236 (0.381)	228 (0.361)	228 (0.391) 236 (0.339)
		238 (0.227)		238 (0.375)	
<i>Ag10</i>	262 (0.214)	242 (0.210)	250 (0.381)	262 (0.361)	254 (0.333)
		258 (0.233)			
		125 (0.273)			
<i>Afu39</i>	125 (0.377)	128 (0.273)	125 (0.393)	128 (0.306)	128 (0.455)
		137 (0.832)			
<i>Aru18</i>	137 (0.832)	137 (0.858)	137 (0.702)	137 (0.861)	137 (0.865)

Примечания: жирным шрифтом отмечены номера аллелей; в скобках указана частота встречаемости аллелей.

По локусу *AcR13V* в стаде AB_MP наблюдается практически фиксированный аллель 127 п.н. (частота 0.966), который в других хозяйствах присутствует со значительно более низкими частотами. Напротив, в стадах AB_Di и AB_Ud доминирует аллель 123 п.н. (частоты 0.396 и 0.631 соответственно).

Локус *Ls19* также демонстрирует выраженную межпопуляционную изменчивость. В стадах AB_Di и AB_Ma преобладает аллель 138 п.н. (0.696 и 0.679). В то же время для стад AB_Ud и AB_Aq характерна

высокая частота аллеля 142 п.н. (0.357 и 0.444 соответственно), указывающая на их потенциальную генетическую близость по этому маркеру.

Локус An20 позволяет идентифицировать стадо АВ_МР, для которого характерны высокие частоты аллелей 151 п.н. (0.233) и 152 п.н. (0.392) при крайне низкой частоте аллеля 157 п.н. (0.011). В свою очередь, в стаде АВ_Ма аллель 157 п.н. является одним из доминирующих (0.339). Редкий аллель 182 п.н. встречается с заметной частотой только в хозяйстве АВ_Аq (0.111).

Локус As043 показывает резкие различия в распределении аллеля 262 п.н.: его частота максимальна в АВ_МР (0.494), минимальна в АВ_Ди (0.032). Также высокая частота аллеля 274 п.н. наблюдается в стаде АВ_Ма (0.212) по сравнению с другими группами.

Для количественной оценки генетических различий между группами была рассчитана матрица генетических дистанций по *Nei* (1978) (табл. 5).

Таблица 5

Матрица генетических дистанций *Nei* (1978) между исследуемыми осетровыми хозяйствами
[Matrix of genetic distances *Nei* (1978) between the studied sturgeon farms]

Сравниваемая группа	АВ_Ди	АВ_МР	АВ_Уd	АВ_Аq	АВ_Ма
АВ_Ди		0.2765	0.1369	0.2154	0.1165
АВ_МР	0.2765		0.4646	0.2613	0.2665
АВ_Уd	0.1369	0.4646		0.1953	0.1136
АВ_Аq	0.2154	0.2613	0.1953		0.1984
АВ_Ма	0.1165	0.2665	0.1136	0.1984	

Наибольшая генетическая дистанция была обнаружена между группами АВ_МР и АВ_Уd (0.4646), при этом наименьшее генетическое расстояние отмечено между группами АВ_Уd и АВ_Ма (0.1136), что позволяет предположить их общее происхождение или активный обмен племенным материалом между рыбоводными хозяйствами. Для визуализации генетических дистанций между исследуемыми группами была построена филогенетическая сеть по методу «сеть соседей» (Neighbor-Net) на основе попарных генетических дистанций F_{ST} (рис. 2).

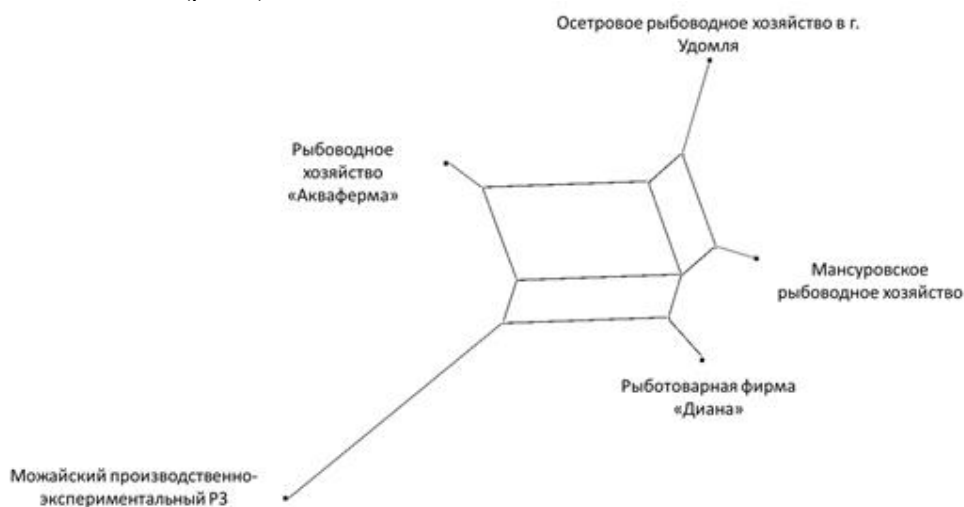


Рис. 2. Филогенетическое дерево, построенное методом «сеть соседей» (Neighbor-Net) на основе попарных генетических дистанций F_{ST}

[Phylogenetic tree constructed by the Neighbor-Net method based on pairwise genetic distances F_{ST}]

Для визуализации генетической дифференциации между исследуемыми группами был применен метод главных компонент (PCA). График построен на основании распределения аллелей микросателлитных локусов (рис. 3).

Филогенетическая сеть (Neighbor-Net), анализ главных компонент (PCA) показали четкое разделение выборки на два основных кластера. Первый кластер образован группой АВ_МР (Можайский производственно-экспериментальный рыбоводный завод), которая обособляется от всех остальных хозяйств на значительное генетическое расстояние. Такая выраженная генетическая изоляция может указывать на отсутствие пополнения маточного стада АВ_МР производителями извне на протяжении значительного времени. Второй кластер объединяют остальные четыре хозяйства. Внутри этого кластера наблюдается генетическая близость между группами АВ_Уd (Осетровое хозяйство в Удомле) и АВ_Ма (Мансуров-

ское рыбоводное хозяйство), что согласуется с наименьшим значением генетической дистанции Нея между ними.

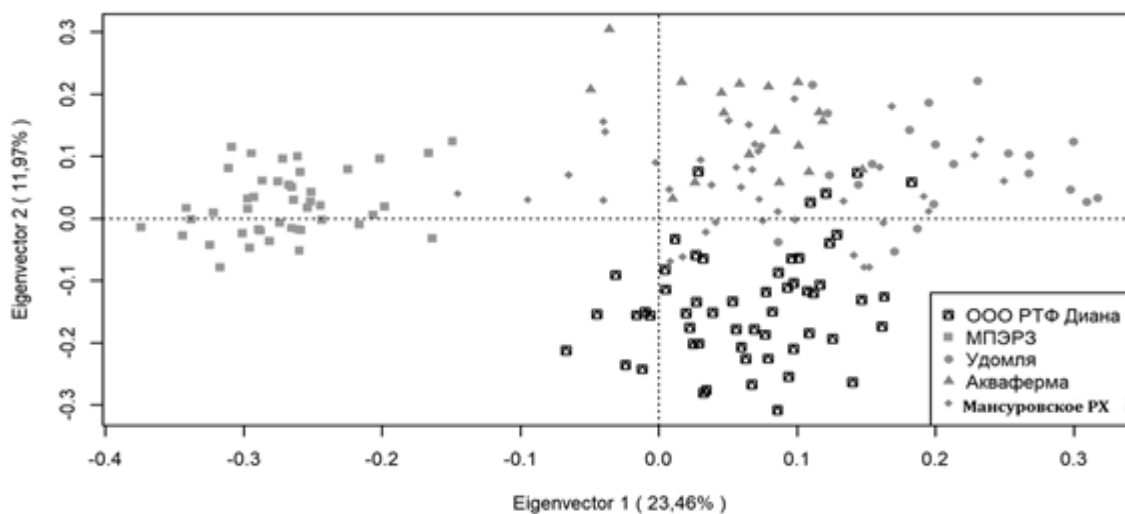


Рис. 3. Локализация особей сибирского осетра 5 рыбоводных предприятий в пространстве двух измерений на основании их генотипов по 12 микросателлитным локусам
[Localization of Siberian sturgeon individuals from 5 fish farms in a two-dimensional space based on their genotypes at 12 microsatellite loci]

Дополнительно был выполнен расчет формирования генетических кластеров в тестируемой выборке сибирского осетра из пяти различных рыбоводных хозяйств на основании коэффициента подобия Q (анализ выполнен в программе STRUCTURE) (рис. 4).

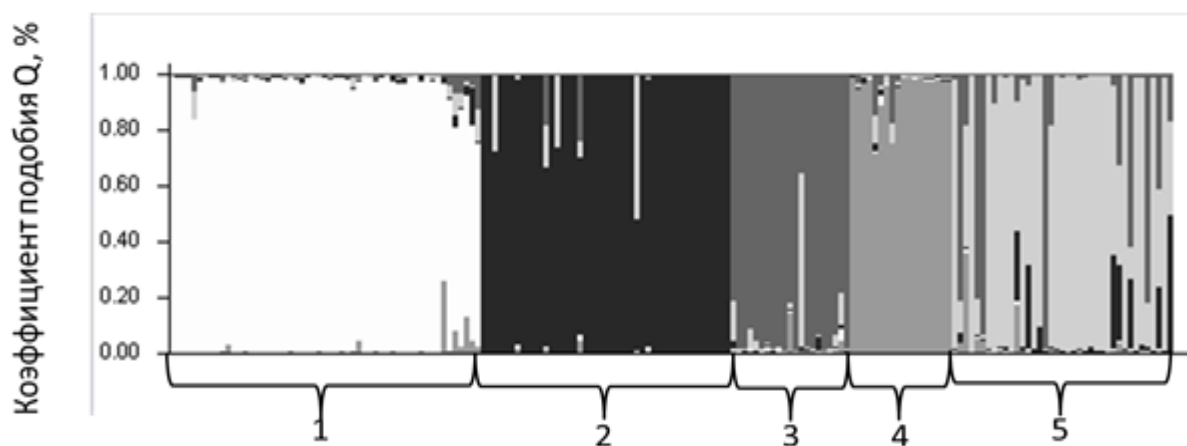


Рис. 4. Кластерный анализ особей сибирского осетра из 5-ти рыбоводных хозяйств, выполненный на основании частот аллелей 12-ти микросателлитных локусов в программе **STRUCTURE** для числа кластеров $K = 5$:

по оси X представлены особи исследованных групп (1 – ООО РТФ «Диана»; 2 – Можайский производственно-экспериментальный рыбоводный завод, 3 – Осетровое хозяйство в Удомле, 4 – Осетровое рыбоводное хозяйство «Акваферма», 5 – Мансуровское рыбоводное хозяйство); по оси Y – коэффициент подобия Q , %

[Cluster analysis of Siberian sturgeon individuals from 5 fish farms, performed based on the allele frequencies of 12 microsatellite loci in the STRUCTURE program for the number of clusters $K = 5$:

the X -axis represents individuals of the studied groups (1 - Diana RTF; 2 - Mozhaisk Production and Experimental Fish Hatchery; 3 - Udomlya Sturgeon Farm; 4 - Aquaferma Sturgeon Farm; 5 - Mansurovskoye Fish Farm); the Y -axis represents the similarity coefficient Q , %]

Кластеризация позволила корректно отнести каждую особь к своей генетической группе, соответствующей хозяйству происхождения. Это говорит о том, что данный тип расчетов имеет высокие перспективы для идентификации популяционной принадлежности.

2. Генетический анализ представителей domesticированного сибирского осетра, произошедшего из других географических популяций

Проведено сравнение особенностей полиморфизма микросателлитных локусов между представителями domesticированного сибирского осетра ленского, обского, байкальского и енисейского происхождения. Характеристики полиморфизма сравниваемых групп сибирского осетра представлены в табл. 6.

Таблица 6

Характеристики полиморфизма групп domesticированного сибирского осетра различного происхождения

[Characteristics of polymorphism of groups of domesticated Siberian sturgeon of different origins]

Сравниваемая группа	Показатели					
	N_A	N_{AE}	AR	H_E	H_O	F_i
По всем группам	13.64±0.52	5.36±0.39	6.36±0.37	0.746±0.02	0.681±0.01	0.088±0.03
AB_Di	7.45	4.19	5.24	0.701	0.706	-0.007
AB_MP	5.09	3.24	3.92	0.624	0.674	-0.082
AB_En	7.09	4.21	5.17	0.649	0.652	-0.005
AB_Ob	7.91	5.22	6.01	0.715	0.662	0.079
AB_Ba	5.91	5.40	5.91	0.733	0.703	0.047

Примечание: N_A – среднее число аллелей на локус. N_{AE} – число эффективных аллелей на локус; AR – аллельное разнообразие; H_O – наблюдаемая гетерозиготность. H_E – ожидаемая гетерозиготность, F_i – коэффициент инбридинга.

Анализ генетического разнообразия выявил значительные различия между группами различного происхождения. Стадо сибирского осетра обского происхождения (AB_Ob) продемонстрировало наибольшие значения среднего числа аллелей на локус ($N_A = 7.91$) и аллельного разнообразия ($AR = 6.01$) среди всех исследованных групп. При этом байкальское стадо (AB_Ba), несмотря на небольшую численность выборки, характеризовалось высокими показателями числа эффективных аллелей ($N_{AE} = 5.40$) и ожидаемой гетерозиготности ($H_E = 0.733$).

Между группами особой сибирского осетра различного происхождения были рассчитаны генетические дистанции, результаты представлены в табл. 7.

Таблица 7

Генетические дистанции, посчитанные с помощью индекса фиксации (F_{st}) между выборками сибирского осетра различного происхождения

[Genetic distances between samples of Siberian sturgeon of different origins calculated using the fixation index (F_{st})]

Сравниваемая группа	AB_Di	AB_MP	AB_En	AB_Ob	AB_Ba
AB_Di	-	0.1393	0.0954	0.1063	0.0614
AB_MP	0.1393	-	0.2100	0.1956	0.0966
AB_En	0.0954	0.2100	-	0.1043	0.1211
AB_Ob	0.1063	0.1956	0.1043	-	0.0800
AB_Ba	0.0614	0.0966	0.1211	0.0800	-

Проведенный микросателлитный анализ показал, что все сравниваемые группы сибирского осетра ленского, обского, енисейского и байкальского происхождения обладают генетической дифференциацией. В то же время сравнение значений генетических дистанций, приведенных в табл. 5 и 7 показывает влияние селекционной работы (или, возможно, эффекта основателя), проводимой в конкретном рыбноводном хозяйстве, на генетическую дифференциацию, связанную с распределением аллелей микросателлитных локусов, сопоставимо, а в некоторых случаях даже выше, чем влияние географической популяции, из которой происходит то или иное стадо сибирского осетра. Максимальные значения генетических дистанций между выборками сибирского осетра ленской аквакультуры значительно выше, чем большинство генетических дистанций, рассчитанных между выборками domesticированного сибирского осетра, произошедшего из разных географических популяций

Заключение

В России уже существуют и успешно применяются отечественные разработки для генетического анализа осетровых рыб. В частности, мультилокусная панель микросателлитных локусов (5 STR-локусов), разработанная учеными из ВНИРО [Барминцева, Мюге, 2013], которая широко используется в рыбноводной практике для решения таких задач, как подтверждение видовой и гибридной принадлежности особей осетровых рыб. Кроме того, тест-система «ГенЭксперт Осетр» (7 STR-локусов) (НПФ «Синтол») представляет собой готовое решение для генетической паспортизации.

Представленная в данной работе тест-система дополняет существующие методы генетического анализа. Ее использование позволяет не только проводить идентификацию, но и за счет расширенного состава STR-маркеров получать более детальную характеристику генетической структуры стад, что важно для селекционно-племенной работы.

Разработанная и оптимизированная мультиплексная панель микросателлитных маркеров доказала свою высокую эффективность для генетической паспортизации, идентификации популяционной принадлежности и оценки генетического разнообразия сибирского осетра в условиях аквакультуры. В целом, большинство проанализированных стад сохраняют относительно высокий уровень генетического разнообразия.

Внутривидовая генетическая дифференциация в аквакультуре сибирского осетра в значительной степени определяется не столько исходным географическим происхождением (Лена, Енисей, Обь, Байкал), сколько историей конкретного рыбоводного хозяйства. Эффект основателя, когда стадо создается из ограниченного числа производителей, и последующая селекционная работа без генетического мониторинга приводят к формированию уникальных генетических профилей, которые могут сильнее отличаться друг от друга, чем профили рыб из разных рек.

Сравнение доместигированных осетров разного происхождения подтвердило высокий генетический потенциал обской и байкальской групп. Однако, учитывая, что выборка для каждой группы (обская, енисейская, байкальская) была ограничена одним хозяйством, для формирования достоверной оценки генетического состояния аквакультурных стад в целом необходимо расширение выборки.

Для долгосрочного сохранения генетических ресурсов необходима организация системы регулярного генетического мониторинга ремонтно-маточных стад. Также в целях минимизации эффекта инбридинга и поддержания генетического разнообразия целесообразно наладить контролируемый обмен племенным материалом между рыбоводными хозяйствами.

Список источников

1. Бардуков Н.В. и др. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для генетической паспортизации сибирского осетра (*Acipenser baerii*) // Сельскохозяйственная биология. 2023. Т. 58, № 6. С. 1057–1067. DOI: 10.15389/agrobiology.2023.6.1057rus. EDN: OVCXZR.
2. Бардуков Н.В. и др. Методические рекомендации по проведению молекулярно-генетической экспертизы племенного материала сибирского осетра (*Acipenser baerii*), разводимого в товарной аквакультуре. Дубровицы, 2024. 32 с. EDN: AYMFAAS.
3. Барминцева А.Е. Филогеография и внутривидовой генетический полиморфизм сибирского осетра *Acipenser baerii* Brandt, 1869 в природе и аквакультуре: автореф. дис. ... канд. биол. наук. М., 2018. 19 с. EDN: СВМУЗУ.
4. Барминцева А.Е., Мюге Н.С. Использование микросателлитных локусов для установления видовой принадлежности осетровых (*Acipenseridae*) и выявления особой гибридного происхождения // Генетика. 2013. Т. 49, № 9. С. 1093–1105. DOI: 10.7868/S0016675813090038.
5. Малютин В.С., Рубан Г.И. К истории рыбоводного освоения сибирского осетра *Acipenser baerii* реки Лена для целей акклиматизации и товарного выращивания // Вопросы ихтиологии. 2009. Т. 49, № 3. С. 389–395. EDN: KFPGFХ.
6. Рубан Г.И. Адаптивные эколого-морфологические особенности сибирского осетра (*Acipenser baerii* Brandt) // Биология внутренних вод. 2019. № 2-1. С. 71–78. DOI: 10.1134/S032096521902013X.
7. Синтол [Электронный ресурс]. URL: <https://www.syntol.ru/catalog/reagenty-dlya-geneticheskikh-analizatorov/genekspert-osyetr.html>
8. Bruvo R. et al. A simple method for the calculation of microsatellite genotype distances irrespective of ploidy level // Molecular Ecology. 2004. Vol. 13(7). P. 2101–2106. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2004.02209.x. EDN: FPAHDJ.
9. Chandra G., Fopp-Bayat D. Trends in aquaculture and conservation of sturgeons: a review of molecular and cytogenetic tools // Reviews in Aquaculture. 2021. Vol. 13. P. 119–137. DOI: 10.1111/raq.12466.
10. Clark L.V., Jasieniuk M. Polysat: an R package for polyploid microsatellite analysis // Molecular Ecology Resources. 2011. Vol. 11. P. 562–566. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2011.02985.x.
11. Clark L.V. Polysat version 1.7 Tutorial Manual / University of Illinois at Urbana-Champaign, Department of Crop Sciences, 2019. URL: <https://github.com/lvclark/polysat/wiki> (дата обращения: 04.09.2025).
12. Georgescu S. et al. Characterization of five microsatellites in the Siberian sturgeon *Acipenser baerii* from aquaculture // Journal of Animal Science and Biotechnology. 2013. Vol. 46. P. 95–98.
13. Hardy O., Vekemans X. SPAGeDI: A versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels // Molecular Ecology Notes. 2002. Vol. 2. P. 618–620. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2002.00305.x.

14. Hu Y. et al. Development and characterization of novel cross–species tetranucleotide microsatellite markers for sterlet (*Acipenser ruthenus*) from Chinese sturgeon (*Acipenser sinensis*) / Chinese Sturgeon Research Institute. Yichang, 2019. P. 3–10.
15. Kalia R.K. et al. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants // *Euphytica*. 2011. Vol. 177. P. 309–334. DOI: 10.1007/s10681-010-0286-9.
16. Kohlmann K. et al. New microsatellite multiplex PCR sets for genetic studies of the sterlet sturgeon, *Acipenser ruthenus* // *Environmental Biotechnology*. 2017. V. 13. P. 11–17.
17. Kohlmann K. et al. Validation of 12 species-specific, tetrasomic microsatellite loci from the Russian sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*, for genetic broodstock management // *Aquaculture International*. 2018. Vol. 26. P. 1365–1376. DOI: 10.1007/s10499-018-0290-y.
18. Liu Y. et al. Paternity assignment in the polyploid *Acipenser dabryanus* based on a novel microsatellite marker system // *PLoS One*. 2017. Vol. 12(9). Art. e0185280. DOI: 10.1371/journal.pone.0185280.
19. Panagiotopoulou H. et al. Microsatellite multiplex assay for the analysis of Atlantic sturgeon populations // *Journal of Applied Genetics*. 2014. Vol. 55(4). P. 505–510. DOI: 10.1007/s13353-014-0216-y.
20. Pritchard J.K., Wen W. Documentation for structure software: Version 2. Department of Human Genetics, University of Chicago, 2002. URL: <http://pritch.bsd.uchicago.edu>.
21. Rajkov J., Shao Z., Berrebi P. Evolution of Polyploidy and Functional Diploidization in Sturgeons: Microsatellite Analysis in 10 Sturgeon Species // *Journal of Heredity*. 2014. Vol. 105, iss. 4. P. 521–531. DOI: 10.1093/jhered/esu027.
22. Ruban G.I. Geographical Distribution, Ecological and Biological Characteristics of the Siberian Sturgeon Species // *The Siberian Sturgeon (Acipenser baerii, Brandt, 1869)*. Vol. 1. Biology / ed. by P. Williot, G. Nonnotte, D. Vizziano-Cantonnet, M. Chebanov. Springer, Cham, 2018. DOI: 10.1007/978-3-319-61664-3_1.
23. Shivaramu S. et al. Ploidy Levels and Fitness-Related Traits in Purebreds and Hybrids Originating from Sterlet (*Acipenser ruthenus*) and Unusual Ploidy Levels of Siberian Sturgeon (*A. baerii*) // *Genes*. 2020. Vol. 11(10). Art. 1164. DOI: 10.3390/genes11101164.
24. SplitsTree6. URL: <https://software-ab.cs.uni-tuebingen.de/download/splitstree6/welcome.html>.
25. Toth G., Gaspari Z., Jurka J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis // *Genome Research*. 2000. Vol. 10(7). P. 967–981. DOI: 10.1101/gr.10.7.967.
26. Wang J. et al. Developing microsatellite duplex PCR reactions for sterlet (*Acipenser ruthenus*) and their application in parentage identification // *Scientific Reports*. 2022. Vol. 12. Art. 12036. DOI: 10.1038/s41598-022-16194-3
27. Williot P. et al. (eds.) *The Siberian Sturgeon (Acipenser baerii, Brandt, 1869)*. Vol. 1. Biology / Springer International Publishing, 2018. 497 p. DOI: 10.1007/978-3-319-61664-3.
28. Yang S. et al. Identification of Hybrid Sturgeon (*Acipenser baerii* × *Acipenser schrenckii*) from Their Parents Using Germplasm // *Animals*. 2025. Vol. 15(7). Art. 907. DOI: 10.3390/ANI15070907.

References

1. Bardukov N.V., Nikipelova A.K., Belous A.A., Zinovieva N.A. [Development of a multiplex panel of microsatellites for genetic studies of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*)]. *Sel'skhozjajstvennaja biologija*. V. 58, No. 6 (2023): pp. 1057-1067. (In Russ.). DOI 10.15389/agrobiology.2023.6.1057rus. EDN: OVCXZR.
2. Bardukov N.V., Nikipelova A.K., Nikipelov V.I. et al. *Metodičeskie rekomendacii po provedeniju molekularno-genetičeskoj ekspertizy` plemennogo materiala sibirskogo osetra (Acipenser baerii), razvodimogo v tovarnoj akvakul'ture* [Guidelines for conducting molecular genetic examination of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) breeding material used in commercial aquaculture]. Dubrovicy, 2024. 32 p. (In Russ.). EDN: AYMFAS.
3. Barmintseva A.E. *Filogeografiya i vnutrividovoj geneticheskij polimorfizm sibirskogo osetra Acipenser baerii Brandt, 1869 v prirode i akvakul'ture: Avtoryf. diss. kand. boil. nauk* [Phylogeography and intraspecific genetic polymorphism of the Siberian sturgeon *Acipenser baerii* Brandt, 1869 in nature and aquaculture: diss. Cand. of Biological Sciences]. Moscow, 2018. 19 p. (In Russ.). EDN: CBMUZY.
4. Barmintseva A.E., Muge N.S. The use of microsatellite loci for identification of sturgeon species (*Acipenseridae*) and hybrid forms]. *Russian Journal of Genetics*. V. 49, No. 9 (2013): pp. 950-961. (In Russ.). DOI: 10.7868/S0016675813090038.
5. Malyutin V.S., Ruban G.I. [On the history of fish husbandry of Siberian sturgeon *Acipenser baerii* from the Lena River for acclimatization and commercial cultivation]. *Voprosy ichtiologii*. V. 49, No. 3 (2009): pp. 389-395. (In Russ.). EDN: KFPGFX.
6. Ruban G.I. [Adaptive ecological and morphological features of the Siberian sturgeon (*Acipenser Baerii* Brandt)]. *Biologija vnutrennich vod*. No. 2-1. (2019): pp. 71-78. (In Russ.). DOI: 10.1134/S032096521902013X.
7. Synthol [Electronic resource]. Available at: <https://www.syntol.ru/catalog/reagenty-dlya-geneticheskikh-analizatorov/genespert-osyetr.html>.

8. Bruvo R., Michiels N.K., D'souza T.G. et al. A simple method for the calculation of microsatellite genotype distances irrespective of ploidy level, *Molecular Ecology*. V. 13(7) (2004): pp. 2101-2106. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2004.02209.x.
9. Chandra G., Fopp-Bayat D. Trends in aquaculture and conservation of sturgeons: a review of molecular and cytogenetic tools. *Reviews in Aquaculture*. V. 13 (2021): pp. 119-137. DOI: 10.1111/raq.12466.
10. Clark L.V., Jasieniuk M. Polysat: an R package for polyploid microsatellite analysis. *Molecular Ecology Resources*. V. 11 (2011): pp. 562–566. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2011.02985.x.
11. Clark L.V. Polysat version 1.7 Tutorial Manual. University of Illinois at Urbana-Champaign, Department of Crop Sciences, 2019. Available at: <https://github.com/lvclark/polysat/wiki> (accessed 04.09.2025).
12. Georgescu S., Sergiu E., Canareica O., Popa G., Dudu A., Costache M. Characterization of five microsatellites in the Siberian sturgeon *Acipenser baerii* from aquaculture. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. V. 46 (2013): pp. 95-98.
13. Hardy O., Vekemans X. SPAGeDI: A versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*. V. 2 (2002): pp. 618-620. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2002.00305.x.
14. Hu Y. et al. Development and characterization of novel cross–species tetranucleotide microsatellite markers for sterlet (*Acipenser ruthenus*) from Chinese sturgeon (*Acipenser sinensis*). *Chinese Sturgeon Research Institute. Yichang*, (2019): pp. 3-10.
15. Kalia R.K., Rai M.K., Kalia S. et al. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. *Euphytica*. V. 177 (2011): pp. 309-334. DOI: 10.1007/s10681-010-0286-9.
16. Kohlmann K., Kersten P., Gessner J. et al. New microsatellite multiplex PCR sets for genetic studies of the sterlet sturgeon, *Acipenser ruthenus*. *Environmental Biotechnology*. V. 13 (2017): pp. 11-17.
17. Kohlmann K., Kersten P., Geßner J. et al. Validation of 12 species-specific, tetrasomic microsatellite loci from the Russian sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*, for genetic broodstock management. *Aquaculture International*. V. 26 (2018): pp. 1365-1376. DOI: 10.1007/s10499-018-0290-y.
18. Liu Y., Chen Y., Gong Q. et al. Paternity assignment in the polyploid *Acipenser dabryanus* based on a novel microsatellite marker system. *PLoS One*. V. 12(9) (2017). Art. e0185280. DOI: 10.1371/journal.pone.0185280.
19. Panagiotopoulou H., Popovic D., Zalewska K. et al. Microsatellite multiplex assay for the analysis of Atlantic sturgeon populations. *Journal of Applied Genetics*. V. 55(4) (2014): pp. 505-510. DOI: 10.1007/s13353-014-0216-y.
20. Pritchard J.K., Wen W. Documentation for structure software: Version 2. Department of Human Genetics, University of Chicago, 2002. Available at: <http://pritch.bsd.uchicago.edu>.
21. Rajkov J., Shao Z., Berrebi P. Evolution of Polyploidy and Functional Diploidization in Sturgeons: Microsatellite Analysis in 10 Sturgeon Species. *Journal of Heredity*. V. 105, iss. 4 (2014): pp. 521-531. DOI: 10.1093/jhered/esu027.
22. Ruban G.I. Geographical Distribution, Ecological and Biological Characteristics of the Siberian Sturgeon Species. In: Williot P., Nonnotte G., Vizziano-Cantonnet D., Chebanov M. (eds.). *The Siberian Sturgeon (Acipenser baerii, Brandt, 1869)*, V. 1. Biology. Springer, Cham, 2018. DOI: 10.1007/978-3-319-61664-3_1.
23. Shivaramu S., Lebeda I., Vuong D.T. et al. Ploidy Levels and Fitness-Related Traits in Purebreds and Hybrids Originating from Sterlet (*Acipenser ruthenus*) and Unusual Ploidy Levels of Siberian Sturgeon (*A. baerii*). *Genes*. V. 11(10) (2020). Art. 1164. DOI: 10.3390/genes11101164.
24. Splitstree6. Available at: <https://software-ab.cs.uni-tuebingen.de/download/splitstree6/welcome.html>.
25. Toth G., Gaspari Z., Jurka J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. *Genome Research*. V. 10(7) (2000): pp. 967-981. DOI: 10.1101/gr.10.7.967.
26. Wang J., Sun Z., Jiang L. et al. Developing microsatellite duplex PCR reactions for sterlet (*Acipenser ruthenus*) and their application in parentage identification. *Scientific Reports*. V. 12 (2022). Art. 12036. DOI: 10.1038/s41598-022-16194-3.
27. Williot P., Nonnotte G., Vizziano D., Chebanov M. (eds.) *The Siberian Sturgeon (Acipenser baerii, Brandt, 1869)*. V. 1. Biology. Springer International Publishing, 2018. DOI: 10.1007/978-3-319-61664-3.
28. Yang S., Zhao Z., Xu Z. et al. Identification of Hybrid Sturgeon (*Acipenser baerii* × *Acipenser schrenckii*) from Their Parents Using Germplasm. *Animals*. V. 15(7) (2025). Art. 907. DOI: 10.3390/ANI15070907.

Статья поступила в редакцию 11.12.2025; одобрена после рецензирования 19.12.2025; принята к публикации 03.03.2026.

The article was submitted 11.12.2025; approved after reviewing 19.12.2025; accepted for publication 03.03.2026.

Информация об авторах

Амина Кумаровна Никипелова – nikipelova_aminavij@mail.ru, аспирант, младший научный сотрудник;
Арсен Владимирович Доцев – asnd@mail.ru, канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник;
Николай Владимирович Бардуков – bardukv-nikolajj@mail.ru, научный сотрудник;
Владислав Игоревич Никипелов – vladnikipelovvij@mail.ru, младший научный сотрудник;
Анна Александровна Белоус – belousa663@gmail.com, заведующая лабораторией, старший научный сотрудник.

Information about the authors

Amina K. Nikipelova – nikipelova_aminavij@mail.ru, Postgraduate Student, Junior Researcher;
Arsen V. Dotsev – asnd@mail.ru, PhD (Biology), Leading Researcher;
Nikolay V. Bardukov – bardukv-nikolajj@mail.ru, Researcher;
Vladislav I. Nikipelov – vladnikipelovvij@mail.ru, Junior Researcher;
Anna A. Belous – belousa663@gmail.com, Senior Researcher.

Вклад авторов:

Никипелова А. К. – концепция исследования; сбор данных; написание исходного текста.
Доцев А. В. – научное руководство; концепция исследования; доработка текста.
Бардуков Н. В. – концепция исследования; доработка текста; итоговые выводы.
Никипелов В. И. – выполнение лабораторных исследований; статистическая обработка данных.
Белоус А. А. – концепция исследования; оформление статьи.

Contribution of the authors:

Nikipelova A. K. – research concept; data collection; writing the draft.
Dotsev A. V. – research supervision; research concept; text revision.
Bardukov N. V. – research concept; text revision; final conclusions.
Nikipelov V. I. – performing laboratory tests; statistical processing of results.
Belous A. A. – research concept; article formatting.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.
The authors declare no conflicts of interests.