

УДК 597.2/.5:502.743:575.174.015.3

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ И ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ПОПУЛЯЦИЙ СТЕРЛЯДИ *Acipenser ruthenus* (Acipenseridae) БАССЕЙНОВ НИЖНЕГО ИРТЫША И СРЕДНЕЙ ОБИ

© 2024 г. Г. И. Волосников^а, О. Н. Жигилева^{б,*}, А. А. Стафеева^б

^аТобольская комплексная научная станция Уральского отделения Российской академии наук, Тобольск, Россия

^бЛаборатория AquaBioSafe, Тюменский государственный университет, Тюмень, Россия

*e-mail: zhigileva@mail.ru

Поступила в редакцию 14.04.2023 г.

После доработки 07.10.2023 г.

Принята к публикации 17.10.2023 г.

Изучен полиморфизм межмикросателлитных последовательностей стерляди *Acipenser ruthenus* нижнего течения р. Иртыша и среднего течения р. Оби. Дана оценка внутри- и межпопуляционной изменчивости и генетической дифференциации популяций вида. У *A. ruthenus* центральной части Обь-Иртышского бассейна выявлен высокий уровень ISSR полиморфизма: доля полиморфных локусов достигала 0.966, показатель генетического разнообразия — 0.355, среднее наблюдаемое число аллелей на локус — 1.97. Наибольшие показатели полиморфизма характерны для стерляди, обитающей в месте впадения р. Тобол в р. Иртыш. Генетическая дифференциация между группами стерляди рек Иртыша и Оби хорошо выражена, на межпопуляционную составляющую приходится 42% изменчивости ($G_{ST} = 0.42$), поток генов ограничен ($N_m = 0.67$). Группировки стерляди, обитающие на участке Нижнего Иртыша от устья р. Тобол до устья р. Конда, генетически не различаются между собой и формируют единую популяцию ($G_{ST} = 0.08–0.12$, $N_m = 3.76–5.55$). Стерлядь из р. Иртыша в пределах Вагайского р-на генетически отличается от остальных иртышских выборок ($G_{ST} = 0.22$, $N_m = 1.68$) и принадлежит к другой популяционной группировке. Степень дифференциации между выборками стерляди из бассейна р. Оби выше, чем между выборками из бассейна р. Иртыша. Группировки стерляди р. Оби и протоки Юганская Обь генетически различаются между собой ($G_{ST} = 0.30$, $N_m = 1.19$) и образуют отдельные субпопуляции. В формировании популяционной структуры стерляди на изученной части ареала определяющую роль играют нерестовые миграции, а также приуроченность к зимовальным ямам. Выявленные популяционные группировки стерляди следует рассматривать как отдельные единицы природоохранного и хозяйственного управления.

Ключевые слова: стерлядь, *Acipenser ruthenus*, генетическая дифференциация, ISSR маркеры, Обь-Иртышский бассейн

DOI: 10.31857/S0320965224040092, **EDN:** YJJKWO

ВВЕДЕНИЕ

Экологическая и хозяйственная ценность рыб широко признана, однако многим представителям данной группы позвоночных угрожает локальное, региональное или глобальное исчезновение (Arthington et al., 2016). Рыбы сталкиваются со множеством угроз, вызванных браконьерским переловом, влиянием топливно-энергетического комплекса, водопотреблением и влиянием других отраслей (Gordon et al., 2018). Перечисленные угрозы актуальны и для представителей сем. осетровых Acipenseridae, причем на протяжении всего их ареала (Billard, Lecointre, 2000; Hildebrand et al., 2016; Hilton et al., 2016; Крохалевский и др., 2018; Huang, Wang, 2018; Vasilyeva et al., 2019; Kurbala et al., 2021).

Осетровые встречаются в северном полушарии. Долголетие, позднее половое созревание и, как правило, нечастый нерест — типичные особенности жизненного цикла, которые поддерживали их эволюцию на протяжении всей истории, но сделали уязвимыми перед истреблением, когда численность популяции сократилась в результате чрезмерного вылова и деградации среды обитания (Anderson et al., 2022; Orlov et al., 2022). В акваториях Волго-Каспийского и Обь-Иртышского бассейнов спад численности осетровых рыб наблюдается с конца 80-х годов XX в., главным образом, из-за сооружения плотин и браконьерства (Крохалевский и др., 2018; Vasilyeva et al., 2019; Быков, Бражник, 2022). При этом, фактор браконьерства оказывает влияние не только на крупных представителей семейства осетровых.

Так, в водных объектах Обь-Иртышского бассейна мелкий представитель осетровых стерлядь (*Acipenser ruthenus* L., 1758) в численном отношении больше страдает от браконьерского лова, чем более крупный обитатель данного бассейна — сибирский осетр (*Acipenser baerii* Brandt, 1869) (Чемагин, 2021).

В настоящее время в бассейне р. Оби стерлядь почти утратила промысловое значение из-за критического снижения численности. В Средней Оби объемы добычи этого вида имеют минимальные значения за весь период наблюдений, также отмечено снижение размерных характеристик стерляди по сравнению с таковыми прошлого века (Интересова и др., 2018). В бассейне нижнего течения р. Иртыша вид тоже находится в критическом состоянии (Третьякова, 2014). В специальных исследованиях показано (Зайцев и др., 2022), что в р. Оби в границах Новосибирской и Томской областей, а также в р. Иртыше в границах Омской обл., несмотря на гидростроительство, добычу песчано-гравийной смеси и другие формы антропогенного воздействия на среду обитания, сохранились условия для естественного воспроизводства стерляди.

Общепринято мнение, что разведение осетровых в аквакультуре с последующим выпуском в естественную среду — эффективный метод поддержания природных популяций (Jarić et al., 2018; Vasilyeva et al., 2019; Булгакова и др., 2022; Быков, Бражник, 2022). Однако зарыбление местообитаний может привести к непреднамеренному переносу генов между генетически различными популяциями, а также исказить местные генофонды в результате изъятия генотипов производителей, отобранных в маточные стада, что в свою очередь может повлечь за собой снижение приспособленности диких популяций (Lochmann, 2019; Mikhееv et al., 2022). К подобным негативным последствиям для продуктивности и необратимым сдвигам в генетической структуре и разнообразии может приводить и браконьерский перелов (Carvalho et al., 2016). Поэтому мониторинг и поддержание генетической целостности популяций стерляди являются высоко приоритетными задачами.

Следует учесть, что стерлядь имеет широкий ареал распространения, в Обь-Иртышском бассейне вид встречается от рек Белый Иртыш, Бия и Катунь до Обской губы (Экология..., 2006). Стерлядь — потанадромный вид (Billard, Lecointre, 2000), при этом она не совершает протяженных миграций (максимум для отдельных экземпляров 200–250 км в р. Волге и 300 км в р. Дунае), что служит предпосылкой для изолированности (Калмыков и др., 2010; Lenhardt et al., 2010). Кроме того, стерлядь способна образовывать четко выраженные популяционные группировки, которые могут различаться по морфологическим, экологическим, территориально-географическим и генетическим

особенностям (Михеев и др., 2014; Комарова и др., 2018; Пелеева и др., 2018). Подобные группировки могут иметь разный статус с точки зрения охраны вида и использования его ресурсов (Животовский и др., 2022).

В связи с коммерческой ценностью осетровых рыб, а также их широким использованием в аквакультуре, для этой группы рыб разработаны разнообразные молекулярно-генетические маркеры (Тимошкина и др., 2010). Микросателлиты, аллозимные локусы, участки мтДНК, мультилокусные ДНК маркеры широко применяют для паспортизации и генетического мониторинга аквакультурных стад (Шишанова, Павлов, 2013; Cvijanović et al., 2015), выявления источников происхождения интродуцированных и доместичированных рыб (Слуквин и др., 2008), идентификации видов и межвидовых гибридов (Рожкован и др., 2008; Барминцева, Мюге, 2013). Маркеры мтДНК с успехом используют для изучения генетического полиморфизма и филогеографии природных популяций стерляди (Pobeditseva et al., 2018). Для генетического мониторинга природных популяций наиболее доступны высокополиморфные мультилокусные ДНК маркеры, которые можно применять и для характеристики генофондов, и для идентификации популяций, включая искусственные (Zhigileva et al., 2013; Комарова и др., 2018; 2021; Пелеева и др., 2018; Bielikova et al., 2021; Алямки и др., 2022).

Цель работы — дать оценку генетического полиморфизма и выявить популяционные группировки стерляди в нижнем течении р. Иртыша и среднем течении р. Оби.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Материалом для исследования послужили рыбы, отловленные в 2019–2021 гг. в нижнем течении р. Иртыша в пределах Тобольского и Уватского районов Тюменской обл. и среднем течении р. Оби в пределах Ханты-Мансийского автономного округа (ХМАО-Югра) (рис. 1). В качестве орудий лова использовали ставные и плавные разнотайные сети с размером ячеи 24–38 мм из пятиметровых отрезков, с шагом ячеи 2 мм, длина ставной сети — 40 м, длина плавной сети — 60 м, высота — 2 м. Образцы были получены в результате отловов в научно-контрольных целях, часть образцов предоставлена для судебной ихтиологической экспертизы органами линейного отдела МВД России на транспорте Тюменской обл. Всего изучено 169 экземпляров стерляди *A. ruthenus* из девяти локальностей (табл. 1).

Определение пластических признаков и возраста рыб по шлифованным спилам маргинальных лучей грудных плавников проводили в соответствии с общепринятыми методиками (Чугунова, 1959; Рыжков и др., 2013). Измеряли

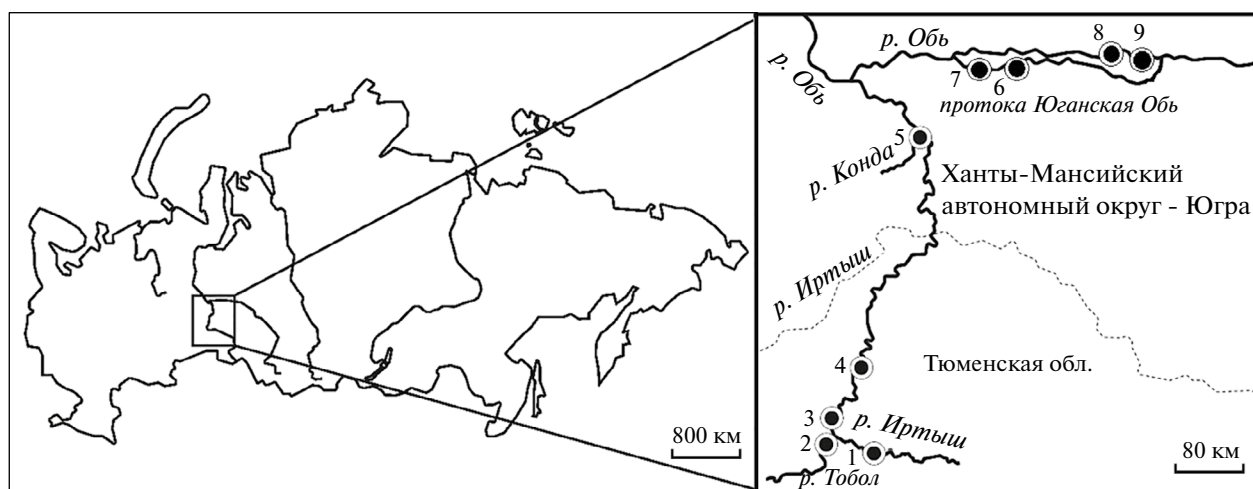


Рис. 1. Карта-схема мест отлова рыб. 1 – р. Иртыш, Вагайский р-н (865–868 км); 2 – р. Tobол, Tobольский р-н (0–30 км); 3 – р. Иртыш, пос. Сузгун (644–671 км); 4 – р. Иртыш, Уватский р-н (Горнослинкинская русловая яма); 5 – место впадения р. Конда в р. Иртыш (Кондинская русловая яма, 90–91 км); 6 – протока Юганская Обь, Нефтеюганский р-н, пос. Чеускино (1353 км); 7 – протока Юганская Обь, Нефтеюганский р-н, пос. Высокий Мыс; 8 – р. Обь, Сургутский р-н (до моста); 9 – р. Обь, Сургутский р-н (за мостом).

Таблица 1. Характеристика исследованных выборок стерляди

Выборка	Место вылова	Координаты		Год вылова	n
		с.ш.	в.д.		
1	р. Иртыш, Вагайский р-н	58°01'	69°58'	2021	17
2	р. Tobол, Tobольский р-н	58°09'	68°12'	2019	22
3	р. Иртыш, пос. Сузгун	58°16'	68°13'	2019	24
4	р. Иртыш, Уватский р-н	58°43'	68°40'	2021	14
5	устье р. Конда	60°42'	69°40'	2019	13
6	протока Юганская Обь, Нефтеюганский р-н, с. Чеускино	61°06'	72°27'	2020	30
7	протока Юганская Обь, Нефтеюганский р-н, с. Высокий Мыс	61°10'	72°07'	2021	30
8	р. Обь, Сургутский р-н, до моста	61°14'	73°15'	2021	9
9	р. Обь, Сургутский р-н, за мостом	61°13'	73°27'	2021	12

Примечание. n – количество экземпляров.

абсолютную длину рыбы от вершины рыла до конца хвостового плавника (TL), расстояние ab по Правдину (1966, с. 33). Данные изменчивости морфологических признаков статистически обработаны с использованием программного пакета STATISTICA v.12.

Для проведения генетических исследований у всех особей брали образцы мышечной ткани, которые фиксировали в 70%-ном этаноле. ДНК экстрагировали методом щелочного лизиса (Bender et al., 1983). Для изучения полиморфизма применяли метод полимеразной цепной реакции последовательностей, ограниченных простыми повторами (inter-simple sequence repeats – ISSR). В качестве праймеров для ISSR анализа исполь-

зовали последовательности с динуклеотидными повторами (табл. 2).

Амплификацию проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей ПЦР буфер (0.01 M трис-HCl, 0.05M KCl, 0.1%-ный тритон X-100), 4 mM MgCl₂, 0.2 mM каждого из dNTPs, 1 мкл раствора тотальной ДНК, 2.5 mM праймера и 0.2 ед./мкл Taq-полимеразы в следующем режиме: 95°C – 7 мин; затем 94°C – 30 с, 52°C – 45 с, 72°C – 2 мин (30 циклов); 72°C – 7 мин. Ампликоны разделяли в 2%-ном агарозном геле. Длины фрагментов определяли с помощью маркера молекулярных длин ДНК 100 bp. Гели документировали с помощью системы VersaDoc (Bio-Rad).

ISSR-маркеры обозначали по номеру праймера (p1–p7, табл. 2) с добавлением порядкового но-

Таблица 2. Характеристика ISSR-праймеров, использованных в исследовании

Международный код	Последовательность	Обозначение
UBC-808	5'-(AG) ₈ C-3'	p1
UBC-807	5'-(AG) ₈ T-3'	p3
UBC-825	5'-(AC) ₈ T-3'	p6
UBC-823	5'-(TC) ₈ C-3'	p7

Примечание. Температура отжига 52 °С

мера фракции на электрофореграмме в направлении от катода к аноду. По электрофореграммам составляли бинарные матрицы, где наличие фрагмента обозначали “1”, а отсутствие — “0”. Далее в программе POPGEN (Yeh et al., 1999), используя модель для доминантных маркеров, рассчитывали частоты аллелей, долю полиморфных локусов (P_{99}), показатель генетического разнообразия (h), среднее число аллелей на локус — наблюдаемое (n_a) и эффективное (n_e), индекс генетического сходства (I_N) и генетическую дистанцию Ней (D), межпопуляционную составляющую генетической изменчивости (Gst) и поток генов (Nm). Для построения дендрограммы применяли метод UPGMA. Для оценки генетической подразделенности выборок использовали программу STRUCTURE v. 2.3.4. (Pritchard et al., 2000) со следующим набором параметров: число итераций 5000, период 5000, admixture model; выявляя наиболее вероятное число групп K в диапазоне от 2 до 9.

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Выборки стерляди р. Иртыша представлены экземплярами в возрасте от 0 до 4 лет, в р. Оби

встречаются отдельные особи до 7 лет, но преобладают младшевозрастные группы. Анализ размерно-массовых показателей демонстрирует неоднородность изученных групп стерляди (табл. 3). В частности, значения коэффициента вариации (CV) массы тела стерляди бассейна р. Иртыша были 9–45%, в бассейне р. Оби встречались более крупные экземпляры, вариабельность по массе была выше — 21–60%. Показатель CV общей длины тела в выборках из обоих бассейнов варьировал от незначительной до средней степени (5.2–20.4%).

В полимеразной цепной реакции с применением четырех видов микросателлитных праймеров был получен 51 ампликон, по каждому из праймеров идентифицировали от 9 до 16 ампликонов. Число полиморфных ампликонов на выборку варьировало от 2 (50%) по праймеру UBC-823 до 11 (85%) по праймеру UBC-808. Количество редких вариантов с частотой <5% было наибольшим по праймеру UBC-808 (табл. 4).

Из всех изученных выборок наибольшие показатели ISSR полиморфизма характерны для стерляди, обитающей в месте впадения р. Тобол в р. Иртыш (выборка № 2). Доля полиморфных локусов (P_{99}) стерляди из рек Тобол (№ 2) и Иртыша (№ 3) достигала 0.721–0.744, генетическое разнообразие (h) — 0.26–0.29. В выборке стерляди из р. Тобол наблюдали и самое высокое число аллелей на локус ($n_a = 1.74$, $n_e = 1.51$). По мере удаления от этого участка вниз и вверх по течению показатели генетического разнообразия уменьшались. Наименьшие показатели зафиксировали у стерляди р. Иртыша в пределах Вагайского р-на (№ 1) ($P = 0.581$, $h = 0.22$). В р. Оби показатели полиморфизма стерляди, в среднем, были соп-

Таблица 3. Размерно-массовые показатели исследуемых выборок стерляди

Выборки	n	Возраст, лет	Масса, г	TL
1	17	1–3	$\frac{126.2 \pm 52.9}{72-242}$ (41.9)	$\frac{30.9 \pm 2.9}{26.5-36.0}$ (9.3)
2	22	0–2	$\frac{73.8 \pm 7.2}{30-136}$ (45.5)	$\frac{27.0 \pm 1.0}{19.8-34.7}$ (16.6)
3	24	1–3	$\frac{187.3 \pm 8.8}{128-290}$ (23)	$\frac{36.2 \pm 0.7}{31.1-45.5}$ (9.4)
4	14	1–4	$\frac{185.1 \pm 12.1}{108-228}$ (9.2)	$\frac{33.9 \pm 0.7}{31.1-39.2}$ (7.2)
5	13	1–4	$\frac{188.5 \pm 10.9}{134-262}$ (20.8)	$\frac{39.6 \pm 0.7}{35.6-44.1}$ (6.1)
6	30	1–7	$\frac{185.1 \pm 11.9}{100-422}$ (35.9)	$\frac{36.0 \pm 0.6}{30.6-42.5}$ (8.6)
7	30	1–7	$\frac{384.5 \pm 42.4}{116-920}$ (60.9)	$\frac{36.9 \pm 0.6}{33.0-46.5}$ (20.4)
8–9	21	1–4	$\frac{189.6 \pm 43.5}{110-265}$ (22.9)	$\frac{34.0 \pm 1.8}{30.2-36.8}$ (5.2)

Примечание. n — объем выборки; TL — абсолютная длина, см; над чертой — среднее значение со стандартной ошибкой; под чертой — пределы колебания признака; в скобках — коэффициент вариации (CV), %. Представлены объединенные данные, поскольку между выборками 8 и 9 не было статистически значимых различий.

Таблица 4. Характеристика ISSR маркеров стерляди в выборках

Праймер	Число ампликонов		Число редких вариантов				
	всего	полиморфных	р. Конда	р. Тобол	р. Иртыш	р. Юганская Обь	р. Обь
p1	13	13	3	1	3	0	0
p3	13	10	0	2	3	1	0
p6	9	9	0	0	3	0	0
p7	16	9	0	0	2	2	0
Всего	51	39	3	3	8	3	0

Примечание. Обозначения праймеров даны в табл. 2, редкий вариант – с частотой <5%.

Таблица 5. Показатели генетического разнообразия изученных выборок (1–9) стерляди

№	P_{99}	h	n_a	n_e
Бассейн Нижнего Иртыша				
1	0.581	0.22	1.58	1.38
2	0.744	0.29	1.74	1.51
3	0.721	0.26	1.72	1.45
4	0.651	0.23	1.65	1.40
5	0.628	0.23	1.63	1.41
$M \pm m$	0.665 ± 0.030	0.25 ± 0.01	1.67 ± 0.03	1.43 ± 0.02
Всего	0.977	0.36	1.98	1.64
Бассейн Средней Оби				
6	0.706	0.25	1.71	1.43
7	0.647	0.25	1.65	1.45
8	0.667	0.24	1.67	1.42
9	0.608	0.23	1.61	1.41
$M \pm m$	0.657 ± 0.020	0.24 ± 0.00	1.66 ± 0.02	1.43 ± 0.01
Всего	0.954	0.35	1.95	1.64

Примечание. Местонахождение выборок дано в табл. 1. P_{99} – доля полиморфных локусов; h – генетическое разнообразие Нея; n_a – наблюдаемое число аллелей; n_e – эффективное число аллелей; $M \pm m$ – среднее значение со стандартной ошибкой.

ставимы с таковой иртышской выборки. Полиморфность варьировала в пределах 0.608–0.706, генетическое разнообразие – 0.23–0.25 (табл. 5).

Наибольшее генетическое сходство (0.949) наблюдается между выборками стерляди русла Нижнего Иртыша в Уватском р-не (№ 4) и у пос. Сузгун (№ 3). Такие же высокие показатели генетического сходства (0.929–0.931) выявлены между выборками стерляди из р. Конда (№ 5) и из рек Иртыша (№ 3) и Тобол (№ 2). В то же время, стерлядь из р. Иртыша выше по течению (Вагайский р-н, № 1) имеет высокие генетические дистанции (≥ 0.20) и низкое генетическое сходство (0.810–0.821) со всеми остальными выборками бассейна р. Иртыша. Генетическое сходство обских и иртышских выборок низкое (0.620–0.742), дистанции – значительные (0.298–0.478) (табл. 6).

При кластерном анализе изученные выборки стерляди распадаются на две группы. Один кластер формируют популяции р. Иртыша и его притоков (реки Конда и Тобол), другой образован особями из р. Оби. “Иртышский” кластер, в свою

очередь, подразделен на три подгруппы: в первую объединяются выборки стерляди из рек Конда (№ 5) и Тобол (№ 2), во вторую – стерлядь, отловленная в р. Иртыше в районе пос. Сузгун (№ 3) и в пределах Уватского р-на (№ 4). Стерлядь из р. Иртыше в пределах Вагайского р-на (№ 1) занимает обособленное положение на дендрограмме и составляет третью популяционную группировку (рис. 2). В “обском” кластере выборки из р. Оби в районе Сургута (№ 6, 7) образуют один кластер, к которому примыкает популяция стерляди из протоки Юганская Обь у пос. Чеускино (№ 6). Вторая юганская выборка – Высокий мыс (№ 7) – дистанцируется от всех изученных (рис. 2). Она также характеризуется более высокими показателями массы рыб при сходных параметрах длины тела и большей вариабельностью размерно-массовых характеристик по сравнению с другой выборкой из протоки Юганская Обь (Чеускино, № 6) (табл. 3).

Генетическая дифференциация между выборками стерляди бассейнов Нижнего Иртыша и

Таблица 6. Показатели генетического сходства (над диагональю) и генетической дистанции между выборками стерляди (1–9) из разных участков Обь-Иртышского бассейна

№	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	—	0.821	0.810	0.814	0.812	0.689	0.633	0.657	0.623
2	0.198	—	0.860	0.841	0.928	0.742	0.643	0.648	0.670
3	0.211	0.150	—	0.949	0.931	0.697	0.652	0.662	0.638
4	0.206	0.173	0.051	—	0.891	0.678	0.654	0.665	0.622
5	0.208	0.074	0.071	0.116	—	0.700	0.620	0.673	0.658
6	0.368	0.298	0.361	0.389	0.356	—	0.808	0.837	0.839
7	0.457	0.441	0.428	0.425	0.478	0.213	—	0.754	0.713
8	0.421	0.433	0.412	0.408	0.396	0.178	0.283	—	0.916
9	0.472	0.401	0.449	0.475	0.419	0.176	0.339	0.088	—

Примечание. Местонахождение выборок дано в табл. 1.

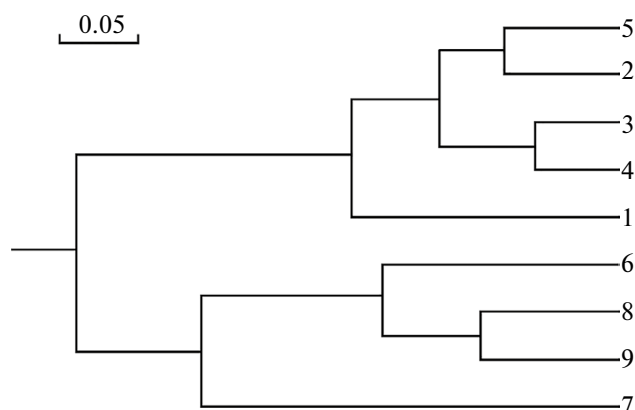


Рис. 2. Дендрограмма генетических дистанций выборок стерляди из разных участков Обь-Иртышского бассейна. Местонахождение выборок дано в табл. 1.

Таблица 7. Показатели генетической дифференциации стерляди из разных мест отлова

№ выборки	№	<i>Gst</i>	<i>Nm</i>
2	1, 3, 4	0.12	3.76
5	1, 3, 4	0.09	4.81
3	1	0.22	1.68
3	4	0.08	5.55
6	7	0.21	1.88
8	9	0.12	3.75
8, 9	6, 7	0.30	1.19
6–9	1–5	0.42	0.67
7	5	0.38	0.82

Примечание. *Gst* — показатель подразделенности популяций; *Nm* — число мигрантов на поколение ($Nm > 4$ соответствует панмиксии); номера сравниваемых выборок даны в соответствии с табл. 1.

Средней Оби высокая ($Gst = 0.42$), поток генов незначительный ($Nm = 0.67$). Даже между “соседними” выборками, ближе всего расположенными к месту слияния рек Оби и Иртыша — Юганская

Обь (№ 7) и р. Конда (№ 5) — генетическая дифференциация хорошо выражена (табл. 7). Наблюдаются статистически значимые ($p < 0.001$) различия частот аллелей по 20 (>40%) изученным локусам, что свидетельствует о наличии изоляции между обскими и иртышскими популяционными группировками стерляди.

Уникальных маркеров, характерных для той или иной группы стерляди, не выявлено. Однако между популяциями стерляди из бассейнов Средней Оби и Нижнего Иртыша зарегистрированы статистически значимые ($p < 0.001$) различия частот аллелей по 26 (60%) изученным локусам. В бассейне р. Оби у стерляди с низкой частотой (<5%) встречаются ампликоны p1–4 (длиной ~800 н.о.), p3–5 (~700 н.о.), p3–9 (~400 н.о.) и p7–10 (~200 н.о.), широко распространенные у иртышской стерляди, и широко распространены ампликоны p1–10 (~300 п.н.) и p7–12 (~120 н.о.), которых в бассейне р. Иртыша у стерляди почти нет. Эти ампликоны могут использоваться как диагностические для определения принадлежности выборок стерляди к обской или иртышской популяциям.

Между выборками стерляди рек Тобол и Иртыша наблюдаются статистически значимые ($p < 0.001$) различия частот аллелей по 11 (20%) изученным локусам, между выборками из р. Конда и р. Иртыша — только по 4 (7%) локусам. Генетическая дифференциация между выборками стерляди из русла р. Иртыша и его притоков (Конда, Тобол) в местах их впадения в р. Иртыш почти не выражена ($Gst = 0.094–0.12$), поток генов высок, значение этого показателя ($Nm = 3.8–4.8$) характерно для панмиксии.

Выборки стерляди из р. Иртыша в пределах Тобольского (№ 3) и Уватского районов (№ 4) почти не отличаются по частотам аллелей (статистически значимые ($p < 0.001$) различия есть только по одному локусу), генетически сходны на >95%. Дифференциация между ними не выражена, по-

ток генов высокий ($Nm = 5.5$), и фактически эти выборки принадлежат к одной панмиктической популяции.

Среди иртышских выборок наибольший уровень дифференциации ($Gst = 0.22$) выявлен между выборками Сузгун (№ 3) и Вагай (№ 1). Между этими группировками стерляди зарегистрированы статистически значимые ($p < 0.001$) различия частот аллелей по 13 (24%) изученным локусам, поток генов ($Nm = 1.68$) ограничен. Учитывая высокие генетические дистанции вагайской выборки стерляди, в 2–3 раза превышающие дистанции между остальными выборками (табл. 6), и обособленное положение этой выборки на дендрограмме (рис. 2), можно считать ее принадлежащей к отдельной популяции.

Две обские выборки (№ 8, 9) из р. Оби в окрестностях г. Сургута (до моста и за мостом) не дифференцируются между собой и принадлежат к одной популяции. Напротив, между двумя выборками из протоки Юганская Обь (№ 6 и 7), а также между группировками стерляди из р. Оби (№ 8, 9) и протоки Юганская Обь (№ 6, 7) генетическая дифференциация довольно высокая ($Gst = 0.21–0.30$), а поток генов ограничен.

Результаты кластеризации выборок стерляди с использованием алгоритма STRUCTURE подтверждают выделение как минимум трех популяционных групп ($K = 3$): вагайской, нижеиртышской и обской (рис. 3). При этом, выборка из устья р. Тобол характеризуется гетерогенностью, остальные выборки Нижнего Иртыша генетически однородны.

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

В целом у *A. ruthenus* бассейна Нижнего Иртыша выявлен высокий уровень генетического полиморфизма ($P = 0.977$; $h = 0.36$; $n_e = 1.64$). Показатели полиморфизма стерляди в пределах среднего течения р. Обь несколько ниже ($P = 0.954$; $h = 0.35$; $n_e = 1.64$), полученные нами значения показателей ISSR полиморфизма стер-

ляди — самые высокие по сравнению с данными для других естественных и искусственно воспроизводимых популяций этого вида. В частности, по данным работы (Пелеева и др., 2018), у *A. ruthenus* из р. Сухона в Вологодской обл. и среднего течения р. Камы Пермского края доля полиморфных локусов была 0.910, ожидаемая гетерозиготность 0.296, а эффективное число аллелей 1.52. Л.В. Комарова с соавт. (2018) выявили у *A. ruthenus* из рек Камы, Оби и Вятка долю полиморфных локусов 0.938, причем наибольшие показатели генетического разнообразия были обнаружены в популяции стерляди р. Вятка ($P = 0.876$; $h = 0.232$; $n_e = 1.402$), наименьшие — в популяции р. Оби ($P = 0.634$; $h = 0.100$; $n_e = 1.175$). По нашим данным, доля полиморфных локусов в разных выборках стерляди из бассейна р. Оби варьировала в пределах 0.608–0.706 (среднее 0.657 ± 0.020), что согласуется с данными Л.В. Комаровой с соавт. (2018), но, по нашим данным, генетическое разнообразие обской стерляди было в среднем в 2.4 раза выше.

В пределах бассейна р. Иртыша минимальные показатели генетического полиморфизма, генотипического разнообразия и числа аллелей выявлены в вагайской выборке стерляди, максимальные — у стерляди р. Тобол. В целом можно сказать, что показатели полиморфизма постепенно увеличиваются в направлении к устью р. Тобол. Вероятно, это связано с заходом стерляди в р. Тобол с различных акваторий в результате нерестовых миграций, где она перемешивается, а зимой из-за заморных явлений расходится по местам зимовки. Возможно, этим объясняется и относительно более низкий уровень полиморфизма стерляди р. Оби, которая не мигрирует дальше устья р. Иртыша. То же самое касается и стерляди из р. Иртыша выше по течению — в пределах Вагайского р-на, где рыбы мигрируют на нерест против течения, то есть в противоположную сторону от устья р. Тобол.

Важное значение сезонных миграций и кочевков в пространственном распределении рыб показано в работах (Павлов, Мочек, 2009; Борисенко и др., 2013). Для рыбного населения

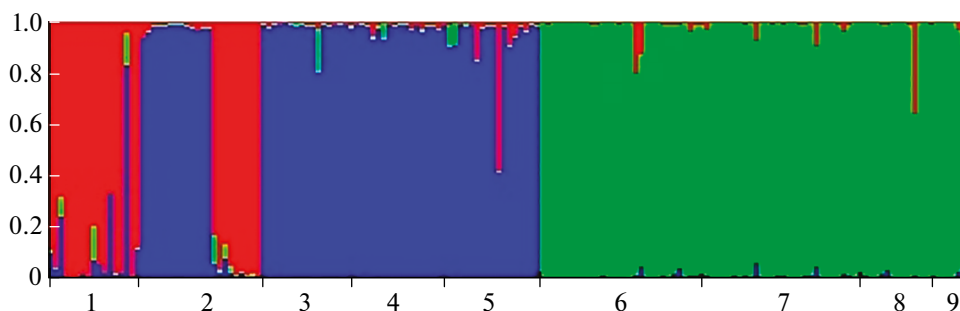


Рис. 3. Дифференциация выборок стерляди по результатам алгоритма STRUCTURE ($K = 3$). Разные цвета — принадлежность выборок к разным группам. Местонахождение выборок (1–9) дано в табл. 1. По оси ординат — частота генотипа, доли.

Обь-Иртышского бассейна, характеризующегося обширными и длительными зимними заморами, чрезвычайно важны также зимовальные ямы (Павлов, Мочек, 2006; Павлов и др., 2011). По-видимому, нерестовые миграции и зимние скопления играют определяющую роль не только в поддержании генетической гетерогенности, но и в формировании структуры популяций стерляди центральной части Обь-Иртышского бассейна. Эти предположения подтверждают показатели генетических дистанций, а также результаты кластерного анализа. Группировки стерляди, обитающие на участке Нижнего Иртыша от устья р. Тобол до устья р. Конда, генетически не различаются между собой и формируют единую популяцию ($G_{st} = 0.08-0.12$, $N_m = 3.76-5.55$). Вероятно, стерлядь, обитающая в районе пос. Сузгун, зимует в акватории уватской стерляди, поскольку там располагается крупнейшая русловая зимовальная яма (Чемагин, 2020).

В то же время, генетическая дифференциация между группировками стерляди рек Иртыша и Оби хорошо выражена, на межпопуляционную составляющую приходится 42% изменчивости ($G_{st} = 0.42$). Хотя полной изоляции не наблюдается, поток генов между обской и иртышской группировками стерляди резко ограничен ($N_m = 0.67$). Степень дифференциации между выборками бассейна р. Оби выше, чем между выборками бассейна р. Иртыша. Группировки стерляди р. Оби и протоки Юганская Обь генетически различаются между собой ($G_{st} = 0.30$, $N_m = 1.19$) и, по-видимому, образуют отдельные популяции.

Кластерный анализ с использованием алгоритма STRUCTURE позволил обнаружить скрытую гетерогенность в выборках из р. Тобол и р. Оби (у пос. Чеускино), которую не выявили с помощью стандартных популяционно-генетических параметров. В частности, часть выборки из р. Тобол, отловленная в зимний период и представленная особями младшего возраста, при кластерном анализе проявила сходство с вагайской выборкой (рис. 3). По-видимому, она принадлежит к вагайской популяции, которая заходит на зимовку в р. Тобол. Хотя нерестовая миграция этой популяции происходит в противоположном направлении, что обуславливает ее генетическое своеобразие по сравнению с другими иртышскими выборками. С одной стороны, это показывает, что далеко не всегда рыбы, выловленные на одном и том же участке в одно и то же время, принадлежат к одной популяции; с другой стороны, это подчеркивает потенциал примененного приема — анализа генетического полиморфизма с использованием STRUCTURE — для понимания распределения генотипических группировок рыб в акватории.

Несмотря на сезонные миграции, стерлядь формирует довольно выраженные генетически

обособленные локальные группировки. В частности, на изученном участке Обь-Иртышского бассейна можно выделить, по нашим данным, четыре такие группировки: вагайская, уватская (все нижнее течение р. Иртыша от пос. Сузгун до устья р. Конда), сургутская и юганская. Понимание популяционно-генетической подразделенности стерляди чрезвычайно важно для рациональной, научно обоснованной организации мероприятий по планированию промысла, мониторинга и восстановления запасов этого вида. В частности, при компенсационном рыбоводстве места отлова производителей и последующего выпуска молоди должны совпадать с ареалами популяций. При этом популяция стерляди, обитающая в месте слияния рек Тобол и Иртыш, отличается наибольшей генетической гетерогенностью и может служить источником наиболее разнообразного в генетическом отношении материала для обогащения искусственных популяций. Кроме того, учитывая слабую дифференциацию стерляди на участке р. Иртыша от устья р. Тобол до устья р. Конда, подрощенную молодь можно выпускать на всем протяжении Нижнего Иртыша.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Группировки стерляди, обитающей в нижнем течении р. Иртыша и среднем течении р. Оби, характеризуются высоким уровнем полиморфизма и генетически дифференцированы друг от друга. Генетическая дифференциация внутри обской и иртышской группировок выражена слабо. На основе данных о полиморфизме мультилокусных ДНК-маркеров можно выделить четыре популяционные группировки стерляди, формирование которых обусловлено, по-видимому, направлением нерестовых миграций, а также приуроченностью к зимовальным ямам. Выявленные популяционные группировки стерляди следует рассматривать как отдельные единицы природоохранного и хозяйственного управления.

БЛАГОДАРНОСТИ

Авторы выражают благодарность А.Г. Селюкову (Тюменский государственный университет) за помощь в сборе материала.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование было выполнено при поддержке Правительства Тюменской обл. в рамках проекта Западно-Сибирского межрегионального научно-образовательного центра № 89-ДОН (2).

Никаких дополнительных грантов на проведение или руководство данным конкретным исследованием получено не было.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Алямкин Г.В., Жигилева О.Н., Жохов А.Е. 2022. Генетическая изменчивость ротана *Perccottus glenii* и его паразита, цестоды *Nippothenia mogurndae*, за пределами естественного ареала // Биология внутр. вод. № 2. С. 181–191.
<https://doi.org/10.31857/S0320965222010028>
- Барминцева А.Е., Мюге Н.С. 2013. Использование микросателлитных локусов для установления видовой принадлежности осетровых (*Acipenseridae*) и выявления особей гибридного происхождения // Генетика. Т. 49. № 9. С. 1093.
<https://doi.org/10.7868/S0016675813090038>
- Борисенко Э.С., Мочек А.Д., Павлов Д.С., Чемагин А.А. 2013. Распределение рыб в речной системе Нижнего Иртыша // Вопр. ихтиологии. Т. 53. № 1. С. 31.
<https://doi.org/10.7868/S0042875213010049>
- Булгакова Т.И., Кульба С.Н., Пятинский М.М. 2022. Моделирование сценариев восстановления запаса русского осетра *Acipenser gueldenstaedtii* Азовского моря при отсутствии естественного воспроизводства // Вопр. ихтиологии. Т. 62. № 2. С. 198.
<https://doi.org/10.31857/S0042875222020047>
- Быков А.Д., Бражник С.Ю. 2022. Современное состояние запасов и искусственного воспроизводства стерляди в России // Вопр. рыболовства. Т. 23. № 3. С. 5.
<https://doi.org/10.36038/0234-2774-2022-23-3-5-30>
- Животовский Л.А., Рубцова Г.А., Каев А.М. и др. 2022. Эколого-географическая и генетическая дифференциация — единицы запаса кеты *Oncorhynchus keta* южных Курильских островов // Вопр. ихтиологии. Т. 62. № 3. С. 335.
<https://doi.org/10.31857/S0042875222030249>
- Зайцев В.Ф., Балацкий П.С., Визер А.М. и др. 2022. Исследование нестилищ стерляди *Acipenser ruthenus* в реках Новосибирской, Томской и Омской областей // Рыбоводство и рыбное хозяйство. Т. 16. № 6(197). С. 386.
<https://doi.org/10.33920/sel-09-2206-03>
- Интересова Е.А., Бабкина И.Б., Суляев В.В. и др. 2018. Стерлядь *Acipenser ruthenus* L. в бассейне Средней Оби (в пределах Томской области). Распространение, динамика промысла, возраст и рост // Вестник рыбохоз. науки. Т. 5. № 2(18). С. 60.
- Калмыков В.А., Рубан Г.И., Павлов Д.С. 2010. Миграции и запасы стерляди *Acipenser ruthenus* (*Acipenseridae*) нижнего течения реки Волги // Вопр. ихтиологии. Т. 50. № 1. С. 48.
- Комарова Л.В., Костицына Н.В., Боронникова С.В., Мельникова А.Г. 2018. Генетическая структура естественных популяций стерляди (*Acipenser ruthenus* L.) в бассейнах рек Кама и Обь на основании полиморфизма ISSR маркеров // Сельскохозяйственная биология. Т. 53. № 2. С. 348.
<https://doi.org/10.15389/agrobiology.2018.2.348rus>
- Комарова Л.В., Пелеева А.Р., Костицына Н.В. и др. 2021. Полиморфизм ДНК, генетическая оригинальность и идентификация популяций и ремонтно-маточных стад стерляди (*Acipenser ruthenus*) // Вестн. Пермск. ун-та. Серия: Биология. № 1. С. 53.
<https://doi.org/10.17072/1994-9952-2021-1-53-60>
- Крохалевский В.Р., Бабкина И.Б., Визер А.М. и др. 2018. Состояние запасов осетровых рыб в водных объектах Сибири // Вопр. рыболовства. Т. 19. № 3. С. 269.
- Михеев П.Б., Петренко Н.Г., Огородов С.П., Михеева О.И. 2014. Об изменчивости числа жучек стерляди *Acipenser ruthenus* в ареале и аквакультуре // Рыбоводство и рыбное хозяйство. № 10. С. 25.
- Павлов Д.С., Мочек А.Д. 2006. Рыбные ресурсы Обь-Иртышского бассейна и роль зимовальных ям в их формировании // Фундаментальные основы управления биологическими ресурсами. М.: Тов-во науч. изданий КМК. С. 132.
- Павлов Д.С., Мочек А.Д. 2009. Распределение рыб в речных системах как динамичное явление // Успехи соврем. биол. Т. 129. № 6. С. 528.
- Павлов Д.С., Мочек А.Д., Борисенко Э.С. и др. 2011. Распределение рыб в пойменно-русовом комплексе Нижнего Иртыша // Биология внутр. вод. № 2. С. 71.
- Пелеева А.Р., Комарова Л.В., Васильева Ю.С. 2018. Анализ генетического разнообразия естественных популяций и ремонтно-маточных стад стерляди на основании полиморфизма межмикросателлитных маркеров // Бюллетень науки и практики. Т. 4. № 4. С. 20.
<https://doi.org/10.5281/zenodo.1218207>
- Правдин И.Ф. 1966. Руководство по изучению рыб. М.: Пищ. пром-сть.
- Рожкован К.В., Челомина Г.Н., Рачек Е.И. 2008. Молекулярная идентификация и особенности генетического разнообразия межвидовых гибридов амурского осетра (*Acipenser schrenckii* × *A. baerii*, *A. baerii* × *A. schrenckii*, *A. schrenckii* × *A. ruthenus*, and *A. ruthenus* × *A. schrenckii*) по данным изменчивости мультислокусных RAPD-маркеров // Генетика. Т. 44. № 11. С. 1453.
- Рыжков Л.П., Дзюбук И.М., Кучко Т.Ю. 2013. Ихтиологические исследования на водоемах. Петрозаводск: Изд-во ПетрГУ.
- Слуквин А.М., Конева О.Ю., Лесюк М.И. 2008. Генетическая идентификация стерляди (*Acipenser ruthenus* L.), выращенной в ОАО “Рыбхоз “Полесье” Пинского района Брестской области, по микросателлитным маркерам // Молекулярная и прикладная генетика: Сб. науч. тр. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси. Минск: Право и экономика.
- Тимошкина Н.Н., Водолажский Д.И., Усатов А.В. 2010. Молекулярно-генетические маркеры в исследовании внутри- и межвидового полиморфизма осетровых рыб (*Acipenseriformes*) // Экологическая генетика. Т. 8. № 1. С. 12.
<https://doi.org/10.17816/ecogen8112-24>
- Третьякова Т.В. 2014. Анализ размерно-возрастной структуры стерляди нижнего течения реки Иртыш в аспекте сохранения ее запасов // Фундаментальные исследования. № 11–6. С. 1306.
- Чемагин А.А. 2020. Локалитет формирующейся зимовальной ямы в реке Иртыш // Вестн. Астрахан. гос. техн. ун-та. Серия: Рыбное хозяйство. № 4. С. 7.
<https://doi.org/10.24143/2073-5529-2020-4-7-21>
- Чемагин А.А. 2021. Структура незаконных уловов осетровых рыб р. Иртыш в 2013–2020 гг. (по данным

- ихтиологических экспертиз // Вестн. Астрахан. гос. техн. ун-та. Серия: Рыбное хозяйство. № 4. С. 17.
<https://doi.org/10.24143/2073-5529-2021-4-17-23>
- Чугунова Н.И. 1959. Руководство по изучению возраста и роста рыб. М.: Изд-во АН СССР.
- Шишанова Е.И., Павлов А.Д. 2013. Генетическая изменчивость стерляди (*Acipenser ruthenus*, Linnaeus, 1758) в процессе domestikации в условиях установли замкнутого водоснабжения // Естественные и технические науки. № 1(63). С. 85.
- Экология рыб Обь-Иртышского бассейна. 2006. М.: Тов-во научн. изданий КМК.
- Anderson W.G., Schreier A., Crossman J.A. 2022. Chapter 2 – Conservation aquaculture – A sturgeon story // Fish Physiol. V. 39. Part B. P. 39.
<https://doi.org/10.1016/bs.fp.2022.04.013>
- Arthington A.H., Dulvy N.K., Gladstone W., Winfield I.J. 2016. Fish conservation in freshwater and marine realms: status, threats and management // Aquat. Conserv.: Mar. and Freshwater Ecosystems. V. 26(5). P. 838.
<https://doi.org/10.1002/aqc.2712>
- Bender W., Pierre S., Hognes D.S. 1983. Chromosomal walking and jumping to isolate DNA from Ace and rosy loci of bithorax complex in *Drosophila melanogaster* // J. Mol. Biol. V. 168. P. 17.
[https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(83\)80320-9](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(83)80320-9)
- Bielikova O.Y., Mariutsa A.E., Mruk A.I. et al. 2021. Genetic structure of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* (Salmoniformes, Salmonidae) from aquaculture by DNA-markers // Biosystems Diversity. V. 29. № 1. P. 28.
<https://doi.org/10.15421/012104>
- Billard R., Lecointre G. 2000. Biology and conservation of sturgeon and paddlefish // Reviews in Fish Biol. and Fish. V. 10. № 4. P. 355.
<https://doi.org/10.1023/A:1012231526151>
- Carvalho G.R., Hauser L., Martinsohn J., Naish K. 2016. Fish, genes and genomes: contributions to ecology, evolution and management // J. Fish Biol. V. 89. № 6. P. 2471.
<https://doi.org/10.1111/jfb.13228>
- Cvijanović G., Adnadević T., Lenhardt M., Marić S. 2015. New data on sterlet (*Acipenser ruthenus* L.) genetic diversity in the middle and lower Danube sections, based on mitochondrial DNA analyses // Genetika. V. 47. № 3. P. 1051.
<https://doi.org/10.2298/GENSR1503051C>
- Gordon T.A.C., Harding H.R., Clever F.K. et al. 2018. Fishes in a changing world: learning from the past to promote sustainability of fish populations // J. Fish Biol. V. 92. № 3. P. 804.
<https://doi.org/10.1111/jfb.13546>
- Hildebrand L.R., Drauch Schreier A., Lepla K. et al. 2016. Status of White Sturgeon (*Acipenser transmontanus* Richardson, 1863) throughout the species range, threats to survival, and prognosis for the future // J. Appl. Ichthyol. V. 32 (S1). P. 261.
<https://doi.org/10.1111/jai.13243>
- Hilton E.J., Kynard B., Balazik M.T. et al. 2016. Review of the biology, fisheries, and conservation status of the Atlantic Sturgeon (*Acipenser oxyrinchus oxyrinchus* Mitchell, 1815) // J. Appl. Ichthyol. V. 32 (S1). P. 30.
<https://doi.org/10.1111/jai.13242>
- Huang Z., Wang L. 2018. Yangtze Dams Increasingly Threaten the Survival of the Chinese Sturgeon // Current Biol. V. 28. № 22. P. 3640. e18.
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.09.032>
- Jarić I., Riepe C., Gessner J. 2018. Sturgeon and paddlefish life history and management: Experts' knowledge and beliefs // J. Appl. Ichthyol. V. 34. P. 244.
<https://doi.org/10.1111/jai.13563>
- Kubala M., Farský M., Krajč T., Pekárik L. 2021. Bayesian modelling suggests that the sterlet (*Acipenser ruthenus*, Linnaeus 1758) population is ageing in the middle Danube River // Aquat. Conserv: Mar. and Freshwater Ecosystems. V. 31. № 3. P. 469.
<https://doi.org/10.1002/aqc.3515>
- Lenhardt M., Jarić I., Cvijanović G. et al. 2010. Sterlet (*Acipenser ruthenus* L.) as an object of research, fishery and aquaculture in Serbia: 38th Conference of the International Association for Danube Research. June 2010, Dresden, Germany.
- Lochmann S.E. 2019. Introduction to a Special Section: Captive Propagation of Imperiled Species // North Am. J. Aquaculture. V. 81 (4). P. 279.
<https://doi.org/10.1002/naaq.10121>
- Orlov A.M., Interesova E.A., Dyldin Yu.V., Romanov V.I. 2022. The Endangered Eurasian Freshwater Sturgeons // Imperiled: The Encyclopedia of Conservation, Elsevier. P. 541.
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-821139-7.00135-5>
- Mikheev P.B., Kazarinov S.N., Melnikova A.G. et al. 2022. Artificial enhancement of sturgeon stock in freshwater reservoirs: A case study on sterlet *Acipenser ruthenus* of the Kama reservoir // Aquaculture and Fisheries. (Available online 11 May 2022).
<https://doi.org/10.1016/j.aaf.2022.04.004>
- Pobedintseva M.A., Makunin A.I., Kichigin I.G. et al. 2018. Population genetic structure and phylogeography of sterlet (*Acipenser ruthenus*, Acipenseridae) in the Ob and Yenisei River basins // Mitochondrial DNA. Part A. V. 30. № 1. P. 156.
<https://doi.org/10.1080/24701394.2018.1467409>
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data // Genetics. V. 155. № 2. P. 945.
<https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01758.x>
- Vasilyeva L.M., Elhetawy A.I.G., Sudakova N.V., Astafyeva S.S. 2019. History, current status and prospects of sturgeon aquaculture in Russia // Aquaculture Res. V. 50. № 4. P. 979.
<https://doi.org/10.1111/are.13997>
- Yeh F.C., Yang R., Boyle T. 1999. POPGENE. Version 1.31. University of Alberta and Centre for International Forestry Research.
- Zhigileva O.N., Baranova O.G., Pozhidaev V.V. et al. 2013. Comparative analysis of using isozyme and ISSR-PCR markers for population differentiation of cyprinid fish // Turk. J. Fish. Aquat. Sci. V. 13. P. 159.
https://doi.org/10.4194/1303-2712-v13_1_19

Genetic Polymorphism and Differentiation of Populations of Sterlet *Acipenser ruthenus* (Acipenseridae) in the Lower Irtysh and Middle Ob Basins

G. I. Volosnikov¹, O. N. Zhigileva^{2,*}, A. A. Stafeeva³

¹Tobolsk Complex Scientific Station, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Tobolsk, Russia

²AquaBioSafe Laboratory, University of Tyumen, Tyumen, Russia

*e-mail: zhigileva@mail.ru

The article presents data on polymorphism of intermicrosatellite sequences in the sterlet *Acipenser ruthenus* of the lower reaches of the Irtysh River and the middle reaches of the Ob River. We assessed intra- and inter-population variability and genetic differentiation of *A. ruthenus* and revealed a high ISSR polymorphism in the species from the central part of the Ob-Irtysh basin. The proportion of polymorphic amplicons was 0.966, genetic diversity was 0.355, and the average number of alleles per locus was 1.97. The highest polymorphism was typical for the sterlet from the Tobol River at the confluence with the Irtysh River. Genetic differentiation between the sterlet groups of the Irtysh and Ob rivers is well pronounced, the interpopulation component accounts for 42% of variability ($G_{ST} = 0.42$), gene flow is limited ($N_m = 0.67$). The sterlet groups inhabiting the Lower Irtysh from the mouth of the Tobol River to the mouth of the Konda River do not differ genetically and form one population ($G_{ST} = 0.08–0.12$, $N_m = 3.76–5.55$). The sterlet from the Irtysh River within the Vagay region is genetically different from the other Irtysh samples ($G_{ST} = 0.22$, $N_m = 1.68$) and belongs to a different population group. The differentiation between samples of sterlet from the Ob basin is higher than between samples from the Irtysh basin. Groups of sterlet from the Ob River and the Yuganskaya Ob canal are genetically different ($G_{ST} = 0.30$, $N_m = 1.19$) and form various subpopulations. Spawning migrations, as well as confinement to wintering pits, play a decisive role in the formation of the sterlet population structure in the studied part of the distribution area. The identified sterlet population groups should be considered as separate units of environmental and economic management.

Keywords: sterlet, *Acipenser ruthenus*, genetic differentiation, ISSR markers, Ob-Irtysh basin