



## Промысловые виды и их биология

# Генетический подход в оценке биоразнообразия атлантических осетров *Acipenser oxyrinchus* и *A. sturio* (обзор современной литературы)

Д.К. Митрюшкина, М.Н. Киселева

Санкт-Петербургский филиал ФГБНУ «ВНИРО» («ГосНИОРХ» им. Л.С. Берга), наб. Макарова, 26, Санкт-Петербург, 199053

E-mail: Mitrushkina@niorh.vniro.ru

SPIN-коды: Митрюшкина Д.К. — 4546-5942; Киселева М.Н. — 5436-3126

**Цель обзора:** обобщение современных данных о филогенетических взаимоотношениях двух осетровых видов, североамериканского атлантического осётра *Acipenser oxyrinchus* и европейского атлантического осетра *A. sturio*, обитавшего в Балтийском море, в свете полной утраты *A. sturio* и наличия небольшого количества особей *A. oxyrinchus*.

**Используемые методы:** сравнительный анализ современных литературных данных, метод деконструкции, при котором тщательно были отобраны исследования, отражающие молекулярно-генетические характеристики видов.

**Результатом** обзора являются структурированные данные по молекулярно-генетическим исследованиям двух видов осетровых. Объединение методов исследований, проводимых с этими видами в одном обзоре.

**Значимость:** результаты обобщения необходимы для организации мероприятий по восстановлению утраченной вследствие чрезмерного вылова и изменений среды обитания популяции осетра, обитавшего в водоёмах бассейна Балтийского моря. Системный подход к молекулярно-генетическому маркированию рыб как в дикой природе, так и на рыбоводных предприятиях обеспечит контроль выпускаемой молоди, что облегчит дальнейшие исследования в этой области.

**Ключевые слова:** осетровые, молекулярно-генетические исследования, митохондриальная ДНК, микросателлитные локусы.

## A genetic approach to assessing the biodiversity of Atlantic sturgeons *Acipenser oxyrinchus* and *A. sturio* (review of modern literature)

Diana K. Mitrushkina, Marina N. Kiseleva

St. Petersburg branch of «VNIRO» («L.S. Berg «GosNIORKh»), 26, emb. Makarova, St. Petersburg, 199053, Russia

**The purpose** of the review is to summarize modern data on the phylogenetic relationships of two sturgeon species, the North American Atlantic sturgeon *Acipenser oxyrinchus* and the European Atlantic sturgeon *A. sturio*, living in the Baltic Sea, due to the complete loss of *A. sturio* and the presence of a small number of individuals of *A. oxyrinchus*.

**Methods used:** comparative analysis of modern literature data, a deconstruction method in which studies reflecting the molecular genetic characteristics of species have been carefully selected.

**The result** of the review is structured data on molecular genetic studies of two sturgeon species. Combining research methods conducted with these species in one review.

**Significance:** The results of the generalization are necessary for organizing measures to restore the lost population of sturgeon that lived in the water bodies of the Baltic Sea basin and was lost due to overfishing and changes in the habitat. A systematic approach to the molecular genetic labeling of fish both in the wild and in fish farms will ensure the control of the released juveniles, which will facilitate further research in this field of science.

**Keywords:** sturgeon, molecular genetic studies, mitochondrial DNA, microsatellite loci.

### ВВЕДЕНИЕ

Ареалом двух видов атлантических осетров считаются зоны у берегов Северной Атлантики: *Acipenser sturio* L., 1758 в Европе и *A. oxyrinchus* Mitchell, 1815 в Северной Америке.

Для восстановления популяции балтийского атлантического осетра ведутся работы по созданию долгосрочных программ, реализация которых предполагает создание маточного стада с использованием производителей североамериканского атлантическо-

го осетра *A. oxyrinchus*. В обзоре приведены сведения о существенном молекулярно-генетическом родстве европейского атлантического осетра с североамериканским атлантическим осетром, об их расхождении и о существенном сходстве музейных образцов осетров из Балтийского моря с *A. oxyrinchus* Северной Атлантики.

## ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

Подтверждение родства этих двух видов было проведено на основе кариологических, цитогенетических и молекулярно-генетических данных, которые показали, что *A. sturio* и *A. oxyrinchus*, которые относятся к группе 120-хромосомных видов, являются старейшей анцестральной кладой внутри *Acipenseridae* и представляют собой самостоятельную эволюционную линию [Birstein, DeSalle, 1998; 2000; Ludwig et al., 2001; 2009; Birstein et al., 2002; Robles et al., 2005].

Ф. Фонтанá были исследованы митотические кариотипы трёх особей *A. oxyrinchus* и двух *A. sturio*. У каждой особи было проанализировано не менее 30 метафазных пластинок. Анализ всех данных показал, что среднее число хромосом *A. oxyrinchus* составляет  $2n = 121 \pm 3$  [Fontana, 2008].

### Исследование разнообразия гаплотипов митохондриальной ДНК

По данным Бирштейна и Дукакис [Birstein, Doukakakis, 2000] у вида *A. sturio* были обнаружены как минимум 2 разные генетические формы (которые соответствуют разным территориям), но, по мнению авторов исследования, обнаруженные ими генетические различия были недостаточным основанием для выделения отдельного подвида. Для вида *A. oxyrinchus* в контрольном регионе и гене цитохрома *b* (*cytb*) были обнаружены различия между двумя подвидами: атлантический осётр *A. oxyrinchus oxyrinchus* Mitchell, 1815 и осётр Мексиканского залива *A. oxyrinchus desotoi* Vladykov, 1955. Также авторы отметили наличие выраженной широтной границы разнообразия гаплотипов с севера на юг вдоль восточного побережья Северной Америки.

*A. oxyrinchus* рассматривают как модель для *A. sturio*, в связи со сложностью изучения последнего. При сравнении последовательности контрольного региона мтДНК, размером 203 п.н, авторами [Wirgin et al., 1997] было обнаружено различие между *A. sturio* (особи из р. Жиронда) и *A. oxyrinchus*. Авторы выявили в этом участке мтДНК около 30 нуклеотидных различий. При изучении фрагмента цитохрома *b* (*cytb*), участка размером 295 п. н., обнаружено 7 нуклеотидных замен между *A. sturio* и *A. oxyrinchus* [Birstein,

DeSalle, 1998]. Ещё больше замен было обнаружено в участке мтДНК *ND5*, длиной 642 п. н., наблюдаемый уровень молекулярной дифференциации убедительно свидетельствует в пользу полного видового статуса каждого из западных и восточных атлантических осетров. Сравнение фрагментов гена *cyt b* у особей *A. sturio* из разных мест показало значительные внутривидовые генетические различия [Birstein et al., 1998]. Для этого анализа были использованы четыре особи: из р. Жиронда во Франции, у побережья Нидерландов в Северном море [Timmermanns, Melchers, 1994], и в Балтийском море в водах Эстонии [Paaver, 1996; 1997]. Две особи из р. Жиронда показали генетическую идентичность и отличались лишь несколькими нуклеотидными заменами от особей из Северного моря, чем показана вероятность внутривидовой дифференциации внутри *A. sturio*.

Положение этих видов в филогенетическом дереве подтверждаются и более поздними исследованиями [Popović et al., 2015]. Был проведён анализ с использованием технологии MiSeq Illumina, полных последовательностей митохондриального генома европейского осетра и двух подвигов североамериканского, атлантического и мексиканского.

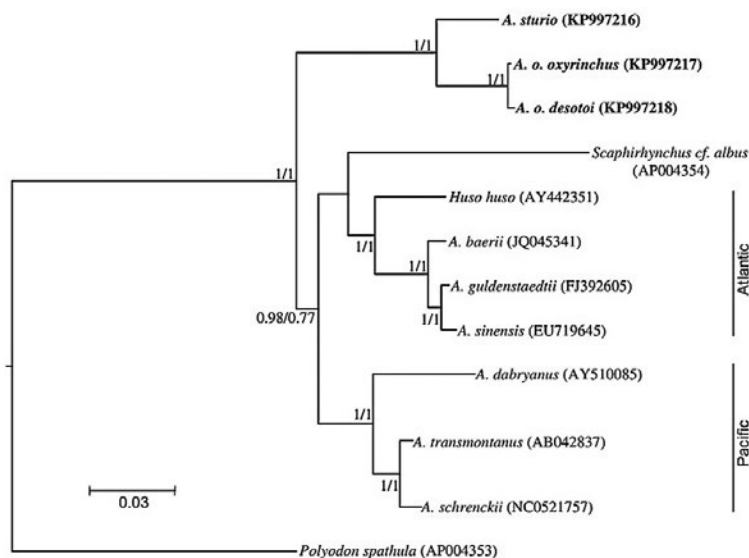
Образцы *Acipenser o. oxyrinchus* и *A. o. desotoi*, приведённые в статье, были получены от диких рыб из р. Сент-Джон и р. Чоктохатчи. Экземпляр *A. sturio* был получен из популяции р. Жиронда.

Филогения на основе митогенома всех видов, принадлежащих к семейству *Acipenseridae*, для которых доступны такие последовательности, в том числе описанные в исследовании, была реконструирована с применением методов максимального правдоподобия (ML) и байесовского подхода (рис. 1).

Филогенетическое положение двух изученных видов, выявленное с помощью митогеномного анализа, аналогично полученному в более ранних исследованиях на основе более коротких фрагментов мтДНК [Birstein, DeSalle, 1998; Ludwig et al., 2008; Peng et al., 2007]. Исследование показало, что европейский и атлантический осетры образуют отдельную кладу, базальную в семействе осетровых.

Родство между этими двумя видами подтверждается при определении последовательности 68 не-транскрибируемых спейсеров (NTS) из генома 13 видов осетровых [Robles et al., 2005]. У 10 видов был обнаружен полиморфизм длины последовательности с 2 вариантами NTS.

На филогенетическом дереве последовательности не были сгруппированы по таксономическому родству и не образовывали клады, характерные для последовательностей NTS. Исключение было в случае



**Рис. 1.** Байесовское дерево осетровых видов, построенное на основе последовательностей мтДНК. Определённые авторами последовательности выделены жирным шрифтом [Popović et al., 2012]

**Fig. 1.** Bayesian tree of sturgeon species based on mtDNA sequences. The sequences defined by the authors are highlighted in bold [Popović et al., 2012]

последовательности *A. oxyrinchus* и *A. sturio*. Эти два вида формировали единую кладу.

Людвигом А. с соавторами [Ludwig et al., 2002; 2008] были представлены генетические, морфологические и археологические свидетельства, которые указывают на колонизацию Балтики североамериканским осетром в средние века и вытеснение там традиционного осетра (*A. sturio*).

### Сравнительный анализ ядерной и митохондриальной ДНК

Исследование А. Людвиг было построено на сравнении ядерного и митохондриального фрагментов ДНК у музейных образцов, один из которых длинной около 200 пар оснований, входил в состав контрольного региона мтДНК [Ludwig et al., 2000]. Участок, фланкирующей микросателлит Aox23, длиной 230 пар нуклеотидов, относился к ядерной ДНК [King et al., 2001]. А. Людвиг с соавторами изучили музейные экспонаты многовековой давности и современные образцы *A. sturio* и *A. oxyrinchus* почти из всех известных популяций [Ludwig et al., 2002; 2008].

В исследовании King с соавторами [King et al., 2001] были исследованы шесть микросателлитных локусов: *Aox9*, *Aox10*, *Aox12*, *Aox23*, *Aox27* и *Aox45*. Наследование этих маркеров было прослежено в группе особей *A. o. oxyrinchus*, состоящей из родителей и шести потомков. Среди микросателлитных аллелей, наблюдаемых у обоих родителей, и сегрегирующих у по-

томства по менделевскому принципу, в трёх локусах (*Aox12*, *Aox23* и *Aox45*) (табл.) был выявлен полиморфизм. Позднее эти три микросателлитных маркера наряду с четырьмя маркерами, разработанными ранее для озёрного осетра, *A. fulvescens* Rafinesque, 1817 [May et al., 1997], были использованы для проведения широкомасштабного исследования генетической изменчивости у *A. o. oxyrinchus*. Все семь микросателлитных локусов были протестированы у десяти других представителей семейства Acipenseridae. Было показано, что *Acipenser oxyrinchus oxyrinchus* и его ближайший родственник, *A. o. desotoi*, были полиморфны в одних и тех же трёх локусах.

Людвиг с соавторами [Ludwig et al., 2001], изучая изменчивость митохондриальной ДНК, обнаружили два гаплотипа *A. sturio* и 39 гаплотипов *A. oxyrinchus*, которые выявили 22 различия между видами. Четырнадцать архивных образцов из Европейской Атлантики и Северного, Адриатического и Средиземного морей показали ожидаемые гаплотипы *A. sturio*. Исследования показали, что десять архивных образцов *A. oxyrinchus* из Балтики и один из р. Осте (Северное море) имели один и тот же гаплотип А см. рис. 2 [Ludwig et al., 2002].

Ядерные последовательности не показали никаких признаков гибридизации [Ludwig et al., 2002]. Оценки, основанные на молекулярных часах [Brown et al., 1993], указывают на то, что балтийский осётр *A. oxyrinchus* произошёл от единственной материнской линии.

**Таблица.** Молекулярно-генетические исследования *A. sturio* и *A. oxyrinchus* разных лет  
**Table.** Molecular genetic studies of *A. sturio* and *A. oxyrinchus* of different years

Вид	Автор, год	Молекулярно-генетические исследования			
		кариология	мтДНК	микросателлиты	геном
<i>Acipenser sturio</i>	Fontana et al., 2008	– анализ метафазных пластинок; – технология С-окрашивания		исследование сателлитных ДНК с помощью двух зондов HindIII и PstI	
	King, 2001			Локусы – <i>Aox12</i> , <i>Aox23</i> и <i>Aox45</i> ; <i>LS19</i> , <i>LS39</i> , <i>LS54</i> и <i>LS68</i>	
	Ludwig, 2002		d-loop		
	Birstein, DeSalle, 1998		d-loop, 12SrDNA, 16S rDNA cyt b		
	Robles et al., 2005				5SrDNA; NTS послед.
<i>Acipenser oxyrinchus</i>	Fontana et al., 2008	– анализ метафазных пластинок; – технология С-окрашивания		исследование сателлитных ДНК с помощью двух зондов HindIII и PstI	
	King, 2001			Локусы – <i>Aox12</i> , <i>Aox23</i> и <i>Aox45</i> ; <i>LS19</i> , <i>LS39</i> , <i>LS54</i> и <i>LS68</i>	
	Ludwig, 2002		d-loop		
	Birstein, DeSalle, 1998		d-loop, 12SrDNA, 16S rDNA cyt b		
	Robles et al., 2005				5SrDNA; NTS послед.

\* Два вида являются близкими, все исследования проводят параллельно, поэтому все исследования продублированы

### Сравнение морфологических особенностей *A. oxyrinchus* и *A. sturio*

Изучение морфологических различий, связанных с этими двумя видами [Magnin, 1964] показало, что музейные образцы балтийского осетра имели большее сродство с *A. oxyrinchus*, чем с *A. sturio*. Кроме того, у музейных образцов балтийских особей на щитках были обнаружены альвеолярные образования как у *A. oxyrinchus* и не было тубулярно-лучевых образований, обнаруженных у *A. sturio* [Artyukhin, Vecsei, 2007]. Повторное изучение 972 щитков из 9 археологических объектов (см. рис. 2 б) показало, что *A. sturio* колонизировал балтийские воды некоторое время спустя после плейстоцена (около 3000 лет назад), за ним последовал *A. oxyrinchus* примерно 1800 лет спустя. Оба вида были найдены в отложениях в Ральсви́ке, о-в Ругия, что позволяет предположить, в период 800–1200 лет назад в Балтийском море произошло существенное изменение численности в сторону уве-

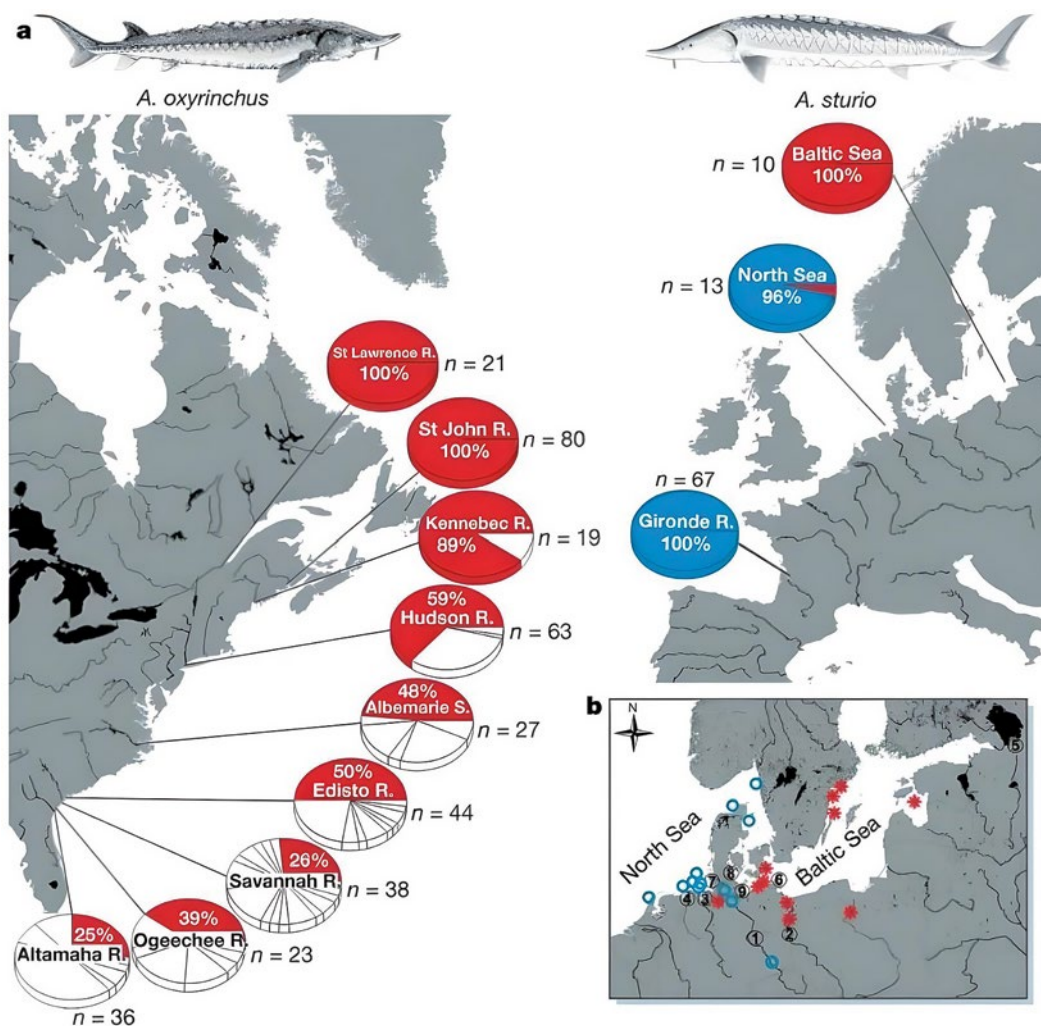
личения доли *A. sturio* к *A. oxyrinchus* [Brown et al., 1993].

Согласно канадским источникам, последующее сокращение численности *A. sturio* и установление устойчивой популяции *A. oxyrinchus* в европейских водах во время Малого ледникового периода, возможно, было связано с температурным показателем в период нереста: *A. oxyrinchus* нерестится при температуре от 13,3 до 17,8 °C [Borodin, 1925], тогда как *A. sturio* нерестится не ниже 20 °C [Quantz, 1903]. Полученные выводы учитывались при формировании программ по восстановлению запасов осетровых в Балтийском море (проект HELCOM-Decision 18/97).

### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Полученные выводы о филогенетических отношениях европейского атлантического осетра *Acipenser sturio* и североамериканского атлантического осетра *A. oxyrinchus* имеют важное значение для формиро-





**Рис. 2.** Географическое распределение двух линий гаплотипов митохондриальной ДНК, обнаруженных у атлантического осетра из Северной Америки и Европы: **a** – карта (без масштаба), показывающая места отбора проб, количество генетически проанализированных осетровых и распределение гаплотипа *A* *Acipenser oxyrinchus* (красный), всех других гаплотипов *A. oxyrinchus* (белый) и *A. sturio* гаплотипы (синие). Частота гаплотипа *A* нарастала с увеличением широты среди *A. Oxyrinchus*; **b** – местоположения архивных участков отбора проб (гаплотипы: красный, *A. oxyrinchus*; синий, *A. sturio*) и археологических данных: 1. р. Эльба (Нидергорне); 2. р. Одер (Лоссов); 3. р. Везер (Феддерсен-Верде); 4. р. Эмс (Джегум); 5. Ладожское озеро; 6. Ральсвик (о-в Ругия); 7. р. Эйдер (Элизенхоф); 8. р. Шпей (Шлезвиг); 9. Любек (Германия) [из: Ludwig et al., 2002]

**Fig. 2.** Geographical distribution of two lineages of mitochondrial DNA haplotypes found in Atlantic sea sturgeon from North America and Europe. **a**, Map (not to scale) showing sampling localities, number of sturgeon genetically analysed, and the distribution of *Acipenser oxyrinchus* haplotype *A* (red), all other *A. oxyrinchus* haplotypes (white) and *A. sturio* haplotypes (blue). The frequency of modal haplotype *A* increased with latitude among *A. oxyrinchus*. **b**, Localities of archival sampling sites (haplotypes: red, *A. oxyrinchus*; blue, *A. sturio*) and of archaeological data: 1. Elbe River (Niedergörne); 2. Oder River (Lossow); 3. Weser River (Feddersen-Wierde); 4. Ems River (Jegum); 5. Lake Ladoga; 6. Ralswiek (Island of Rugia); 7. Eider River (Elisenhof); 8. Spey River (Schleswig); 9. Lübeck (Germany). [Ludwig et al., 2002]

вания программ по восстановлению запасов осетровых в Балтийском море. Вероятность восстановления *A. sturio* чрезвычайно мала из-за очень ограниченной доступности этого вида.

При введении усовершенствованных методов выращивания молоди восстановление утраченной популяции балтийского осетра путём реинтродукции *A. oxyrinchus* может оказаться успешным.

### Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

### Соблюдение этических норм

Все применимые этические нормы соблюдены.

## Финансирование

Работа выполнена в соответствии с государственным заданием № 076–00004–23–01 на 2023 г. по научному направлению «Прикладное научное исследование».

## ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

- Artyukhin E., Vecsei P. 2007. On the status of Atlantic sturgeon: conspecificity of European *Acipenser sturio* and North American *Acipenser oxyrinchus* // J. Appl. Ichthyol. 15(4–5):35–37. DOI: 10.1111/j.1439–0426.1999.tb00202.x.
- Birstein V.J., DeSalle R. 1998. Molecular phylogeny of Acipenseridae // Mol. Phylogenet. Evol. 9: 141–155.
- Birstein V.J., Doukakis P. 2000. Molecular analysis of *Acipenser sturio*, L., 1758 and *A. oxyrinchus* Mitchill, 1815: a review // Bol. Inst. Exp. Oceanogr. 16:61–73.
- Birstein V.J., Doukakis P., DeSalle R. 2002. Molecular phylogeny of Acipenseridae: Nonmonophyly of Scaphirhynchinae // Copeia. 2:287–301. DOI: 10.1643/0045–8511(2002)002[0287:MPOANS]2.0.CO;2.
- Borodin N. 1925. Biological observations on the Atlantic sturgeon (*Acipenser sturio*) // Trans. Am. Fish. Soc. 55:184–190.
- Brown J.T., Beckenbach A.T., Smith M.J. 1993. Intraspecific DNA sequence variation of the mitochondrial control region of white sturgeon (*Acipenser transmontanus*) // Mol. Biol. Evol. 10: 326–341.
- Desse-Berset N. 2009. First archaeozoological identification of Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus* Mitchill 1815) in France // CR Pale vol. 8:717–724. DOI: 10.1016/j.crvp.2009.06.11.
- Guindon S., Gascuel O. 2003. A Simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. // Syst Biol 52:696–704. DOI: 10.1080/10635150390235520.
- Fontana F., Massimo L., Kirschbaum F., Garrido-Ramos M. 2008. Comparison of karyotypes of *Acipenser oxyrinchus* and *A. sturio* by chromosome banding and fluorescent in situ hybridization // Genetica 132(3):281–6. DOI: 10.1007/s10709–007–9171–4.
- Fontana F., Tagliavini J., Congiu L. 2001. Sturgeon genetics and cytogenetics: Recent advancements and perspectives // Genetica 111(1–3):359–73. DOI: 10.1023/A:1013711919443.
- Hilton E., Kunard B., Balazik M., Horodysky A. 2016. Review of the biology, fisheries, and conservation status of the Atlantic Sturgeon, *Acipenser oxyrinchus oxyrinchus* Mitchill, 1815 // J. App. Ichth. 32(S1). DOI: 10.1111/jai.13242.
- King, T.L., Lubinski, B.A., Spidle, A.P. 2001. Microsatellite DNA variation in Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus oxyrinchus*) and cross-species amplification in the Acipenseridae // Conservation Genetics. V. 2. No. 2. pp. 103–119. DOI: 10.1023/A:1011895429669.
- Ludwig A., Debus L., Lieckfeldt D., Wirgin I., Benecke N., Jenneckens I., Williot P., Waldman J.R., Pitra C. 2002. When the American sea sturgeon Swam east // Nature. 419(6906), 447–448. DOI: 10.1038/419447a.
- Ludwig A., May B., Debus L., Jenneckens I. 2000. Heteroplasmy in the mtDNA control region of sturgeon (*Acipenser*, *Huso* and *Scaphirhynchus*) // Genetics. V. 156(4), 1933–1947. DOI: 10.1093/genetics/156.4.1933.
- Ludwig A., Belfore N., Pitra C., Svirsky V., Jenneckens I. 2001. Genome duplication events and functional reduction of ploidy levels in sturgeon (*Acipenser*, *Huso* and *Scaphirhynchus*) // Genetics. 158:1203–1215. DOI: 10.1093/genetics/158.3.1203.
- Ludwig A., Arndt U., Lippold S., Benecke N., Debus L., King T.L., Mitsumara S. 2008. Tracing the first steps of American sturgeon pioneers in Europe // BMC Evol. Biol. 8: 214–221. DOI: 10.1186/1471–2148–8–221.
- Ludwig A., Arndt U., Debus L., Rosello E., Morales A. 2009. Ancient mitochondrial DNA analyses of Iberian sturgeons // J. Appl. Ichthy. V. 25: 5–9. DOI: 10.1111/j.1439–0426.2009.01184.x.
- Magnin E. 1964. Validité d'une distinction spécifique que entre les deux *Acipenseridés*: *Acipenser sturio* L. d'Europe et *Acipenser oxyrinchus* d'Amérique du Nord // Le Naturaliste Canadien, V. 91, 5–20.
- May B., Krueger C.C., Kincaid H.L. 1997. Genetic variation at microsatellite loci in sturgeon: primer sequence homology in *Acipenser* and *Scaphirhynchus* // Canadian J. of Fisheries and Aquatic Sciences, 54, 1542–1547. DOI: 10.1139/cjfas-54-7-1542
- Peng Z., Ludwig A., Wang D., Diogo R., Wei Q., He S. 2007. Age and biogeography of major clades in sturgeons and paddlefishes (Pisces: Acipenseriformes) // Mol. Phylogenet. Evol. 42:854–62.
- Popović D., Baca M., Panagiotopoulou H. 2015. Complete mitochondrial genome sequences of Atlantic sturgeon, *Acipenser oxyrinchus oxyrinchus*, Gulf sturgeon, *A. a. desotoi* and European sturgeon *A. sturio* (Acipenseriformes: Acipenseridae) obtained through next generation sequencing // Mitochondrial DNA. V. 27. № 4. 2549–2551. DOI: 10.3109/19401736.2015.1038799.
- Paaver, T. 1996. A common or Atlantic sturgeon, *Acipenser sturio*, was caught in the Estonian waters of the Baltic Sea // Sturgeon quarterly 4 (3): 7.
- Paaver, T. 1997. Atlandi tuur – Eesti haruldasi kala // Eesti Loodustead 5: 191–193.
- Quantz, H. 1903. Störffischerei und Störzucht im Gebiet der deutschen Norseeküste // Mitteilungen des Deutschen Seefischerei-Vereins 19 (6): 176–204.
- Robles F., Herman R., Ludwig A., Rejon C. 2005. Genomic organization and evolution of the 5S ribosomal DNA in the ancient fish sturgeon // Genome 48(1):18–28. DOI:10.1139/g04–077.
- Ronquist F., Teslenko M., Van Der Mark P., Ayres D.L., Darling A., Höhna S., Larget B., Liu L., Suchard M.A., Huelsenbeck J. 2012. MrBayes 3.2: Efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space // Syst. Biol. 61:539–42. DOI:10.1093/sysbio/sys029.
- Timmermanns G., Melchers M. 1994. De steur in Nederland // Natura. 7: 155–158.
- Wirgin I., Stabile J., Waldman J. 1997. Molecular analysis in the conservation of sturgeons and paddlefish // Environmental Biology of Fishes 48(1):385–398. DOI: 10.1023/A:1007306911163.

Поступила в редакцию 29.11.2023 г.

Принята после рецензии 11.12.2023 г.