

БИОЛОГИЯ ГИДРОБИОНТОВ

МИКРОСАТЕЛЛИТНЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ ПРИРОДНЫХ  
И ДОМСТИЦИРОВАННЫХ АЗОВО-ЧЕРНОМОРСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ  
СЕВРЮГИ *ACIPENSER STELLATUS*

© 2018 г. Н.Н. Тимошкина<sup>1</sup>, Н.А. Небесихина<sup>1</sup>, Е.А. Иванова<sup>1</sup>,  
А.Г. Лепешков<sup>1</sup>, А.Е. Барминцева<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Азовский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства,  
Ростов-на-Дону, 344002

<sup>2</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства  
и океанографии, Москва, 107140  
E-mail: n\_timoshkina@mail.ru

Поступила в редакцию 25.12.2017 г.

На основании анализа пяти микросателлитных локусов (*An20*, *AoxD161*, *AoxD165*, *Afug41*, *Afug51*) определены особенности внутривидового полиморфизма природных и домстицированных популяций азово-черноморской севрюги. Показана значительная дивергенция рыб между разными группами ремонтно-маточных стад и между ремонтно-маточными стадами и «дикими» рыбами, согласно выявленному распределению частот микросателлитных аллелей ( $p < 0,001$ ). В то же время группы рыб из Азовского и Черного морей дифференцированы незначительно ( $F_{st} = 0,007$ ). Очевидно, что внутривидовая популяционная структура азово-черноморской севрюги претерпела широкомасштабные изменения вследствие антропогенного влияния.

**Ключевые слова:** севрюга *Acipenser stellatus*, полиморфизм, микросателлиты.

ВВЕДЕНИЕ

Севрюга *Acipenser stellatus* относится к древней, но тем не менее эволюционно успешной группе рыб, ранее широко распространенной по всему Понто-Каспийскому бассейну. Антропогенная активность, такая как зарегулирование стока рек, нерациональный, а также нелегальный промысел и загрязнение водоемов, серьезно повлияла на дикие популяции вида. С 1996 г. севрюга имеет статус вида, находящегося под угрозой исчезновения в рамках Международного союза охраны природы и природных ресурсов, МСОП (International Union for Conservation of Nature and Natural Resources, IUCN), и включена в Приложение II Конвенции о международной торговле видами дикой фауны и флоры, находящимися под угрозой исчезновения, СИТЕС (Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora, CITES) (Raymakers, 2006).

Во второй половине XX в. можно отметить два ключевых фактора, оказавших негативное влияние на численность популяций осетровых видов рыб в Азовском и Черном морях.

Во-первых, вследствие интенсивного строительства гидротехнических сооружений на реках Кубань, Дон, Днепр и Дунай произошла потеря основных нерестилищ этой преимущественно анадромной группы. К 1970-м гг. утрата естественного воспроизводства популяции была замещена искусственным воспроизводством, которое базировалось исключительно на «диких» производителях. На фоне восстановления промысловых запасов русского осетра доля некогда самого многочисленного вида азово-черноморских осетровых рыб — севрюги — неуклонно снижалась (Макаров, 2000).

Во-вторых, в конце XX в. широко-масштабное браконьерство в бассейне Азов-

ского моря снизило численность популяций осетровых видов рыб до критического уровня. В условиях дефицита «диких» производителей большинство осетровых рыбоводных предприятий пошли по пути создания собственных ремонтно-маточных стад (РМС), формирование которых в основном осуществлялось стихийно.

Исследования внутривидовой популяционно-генетической структуры и природного генетического полиморфизма азово-черноморской севрюги, популяции которой в современный период поддерживаются преимущественно искусственно, имеют значение не только для планирования мер по охране и восстановлению численности этого вида, но и для развития аквакультуры в целом.

Цель настоящей работы заключалась в анализе генетического полиморфизма ядерной ДНК севрюги на основании материалов, собранных в ее природном ареале обитания (бассейны Азовского и Черного морей) и в современных искусственных популяциях РМС.

## МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

Материалом исследования служили 75 особей севрюги из природных популяций — бассейнов рек Дон, Кубань, Днепр и Дунай, а также 82 особи, выращенные на пяти рыбоводных хозяйствах — Гривенском осетровом рыбоводном заводе (ОРЗ), Темрюкском ОРЗ, Донском осетровом заводе, ООО «Динской рыбоводный завод», рыбоводном хозяйстве индивидуального предпринимателя Дробот. Природные и искусственные выборки для анализа были объединены в пять групп. Сбор образцов в природных ареалах обитания был проведен в 2001–2005 гг., а образцов из РМС рыбоводных хозяйств — в 2011–2016 гг. В табл. 1 представлены обозначения выделенных групп и объем исследованного материала.

Предварительно коллекционированные образцы севрюги были протестированы в системе видоспецифичных митохондриальных маркеров, разработанных в Центре молекулярно-генетической идентификации

осетровых (Мюге и др., 2008). Для всех исследованных рыб была подтверждена их принадлежность к виду *Acipenser stellatus*.

Выделение ДНК проводили солевым методом (Aljanabi et al., 1999) из фрагмента спинного или грудного плавников, отобранных прижизненно и зафиксированных для хранения в 96%-ном этаноле.

Для проведения анализа микросателлитов или коротких tandemных повторов (short tandem repeat — STR) использовали паттерн из пяти полиморфных локусов (*An20*, *AoxD161*, *AoxD165*, *Afug41*, *Afug51*), разработанных ранее для других видов осетровых рыб (Zane et al., 2002; Henderson-Arzapalo, King, 2002; Welsh et al., 2006). Стандартная реакционная смесь для проведения полимеразной цепной реакции (ПЦР) (15 мкл) содержала 0,8 ед. Taq-полимеразы в буфере для Taq-полимеразы («Силекс», Россия), 1,8 mM MgCl<sub>2</sub>, по 0,2 mM каждого dNTP, 1 пкМ праймера, модифицированного на 5'-конце красителем FAM, HEX или TAMRA, 4 пкМ немеченого праймера, 50–100 нг ДНК. Режим амплификации, выполненной на амплификаторе РТС-225 («MJ Research», США) включал: предварительную денатурацию при 95°C — 10 мин; 35 циклов синтеза ПЦР-продуктов: плавление 95°C — 20 с; отжиг праймеров (8 циклов при режиме touchdown 58°C с шагом понижения температуры в 0,5°C, последующие циклы 54°C) — 25 с; синтез ДНК 65°C — 40 с; этап досинтеза 65°C — 10 мин. Продукты амплификации были разделены с помощью капиллярного электрофореза на автоматическом секвенаторе ABI 3130 Genetic analyzer («Applied Biosystems», США). Полученные первичные данные обрабатывали в программе GeneMarker (vers. 1.2) (Soft Genetics LLC). Расчет показателей генетического разнообразия и построение графиков Principal component analysis PCA (метод главных компонент), оценку статистической достоверности полученных различий проводили в программах GenAlex vers. 6.5 (Peakall, Smouse, 2012) и Genepop vers. 4.2 (Roosset, 2007). Определение вероятной принадлежности

**Таблица 1.** Характеристика исследованных выборок севрюги Азово-Черноморского бассейна

Название выборки	Источник	Годы сбора образцов	Число исследованных особей
Аздонрыбвод	Донской ОЗ	2011–2013	20
Азчеррыбвод	Гривенский ОРЗ, Темрюкский ОРЗ	2011–2013	26
Кубань ИП	ИП Дробот, ООО «Динской РЗ»	2013, 2016	36
Азовское море	Собственно море	2001–2005	44
Черное море	Северо-западная часть Черного моря	2003–2005	31

**Примечание.** ОЗ — осетровый завод, ОРЗ — осетровый рыболовный завод, РЗ — рыболовный завод, ИП — индивидуальный предприниматель.

особей к каждой из предполагаемых популяций проводилось в программе Structure 2.3.4 (Pritchard et al., 2000) при параметрах 1000000 МСМС шагов, исключая первые 100000. Определение оптимального количества кластеров ( $\Delta K$ ) проведено в программе Structure Harvester (Earl, Von Holdt, 2012). Наличие эффекта «бутылочного горлышка» проверяли в программе Bottleneck vers. 1.2.02 (Cornuet, Luikart, 1996).

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Исследованные образцы севрюги показали высокий полиморфизм по всем использованным микросателлитным локусам. Данные об изменчивости выборок представлены в табл. 2. В процессе исследований выявлено в среднем 7,5 аллеля на локус с частотой встречаемости 0,011–0,847. Число аллельных вариантов на локус колебалось от 11 (*AoxD161* и *Afug51*) до 15 (*AoxD165*). Суммарно было идентифицировано 62 аллеля. Наибольший размерный диапазон был характерен для локуса *AoxD165* (148–206 пар нуклеотидов, п.н.), наименьший — для локуса *Afug51* (260–296 п.н.).

В выборке Кубань ИП по локусу *An20* было отмечено наименьшее число информативных аллелей ( $N_e = 1,378$ ), частота которых превысила 5%, наибольшее значе-

ние этого показателя ( $N_e = 8,203$ ) вычислено для выборки из Азовского моря по локусу *Afug41*. Показатель информативной ценности в среднем был  $> 1$  во всех изученных STR-локусах.

Как в природных, так и в доместицированных выборках (за исключением РМС Аздонрыбвода) выявлены приватные аллели, частота встречаемости которых, тем не менее не превысила 5% (табл. 2). Значение ожидаемого уровня гетерозиготности ( $H_e$ ) варьировало от 0,274 в выборке Кубань ИП по локусу *An20* до 0,878 — в выборке из Азовского моря по локусу *Afug41*, в то время как наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o$ ) варьировала от 0,278 также по локусу *An20* до 0,944 — по локусам *AoxD161*, *AoxD165* (Кубань ИП). В целом среднее значение наблюдаемой гетерозиготности по пяти STR-локусам не отклонялось от ожидаемого значения в природных популяциях. В выборке Аздонрыбвод среднее значение  $H_o$  (0,780) несколько превысило среднее  $H_e$  (0,643), что, возможно, косвенно свидетельствует о преимуществе гетерозигот у рыб, содержащихся в закрытой системе рыболовного хозяйства с интенсивными механизмами селекции. Некоторое снижение частоты гетерозигот было зафиксировано в группах рыб Кубань ИП и Аздонрыбвод.

**Таблица 2.** Генетический полиморфизм азово-черноморской севрюги

Выборка	Показатель	Локус				
		<i>AoxD161</i>	<i>Afug41</i>	<i>An 20</i>	<i>Afug 51</i>	<i>AoxD165</i>
Кубань ИП	<i>n</i>	36	36	36	36	36
	<i>N<sub>a</sub></i>	6	7	7	8	12
	<i>N<sub>e</sub></i>	5,163	3,429	1,378	3,892	6,113
	<i>I</i>	1,695	1,471	0,645	1,588	2,011
	<i>H<sub>o</sub></i>	0,944	0,611	0,278	0,583	0,944
	<i>H<sub>e</sub></i>	0,806	0,708	0,274	0,743	0,836
	<i>UH<sub>e</sub></i>	0,818	0,718	0,278	0,754	0,848
	<i>F</i>	−0,171	0,137	−0,013	0,215	−0,129
	РrA: размер (частота)	0	0	165 (0,014)	290 (0,014)	152 (0,028); 206 (0,014)
Азчеррыбвод	<i>n</i>	26	26	26	26	26
	<i>N<sub>a</sub></i>	6	10	7	6	10
	<i>N<sub>e</sub></i>	4,048	5,121	2,742	3,380	5,518
	<i>I</i>	1,490	1,925	1,341	1,410	1,940
	<i>H<sub>o</sub></i>	0,654	0,923	0,423	0,692	0,885
	<i>H<sub>e</sub></i>	0,753	0,805	0,635	0,704	0,819
	<i>UH<sub>e</sub></i>	0,768	0,821	0,648	0,718	0,835
	<i>F</i>	0,132	−0,147	0,334	0,017	−0,080
	РrA: размер (частота)	102 (0,019)	0	153 (0,019)	260 (0,019)	178 (0,038)
Аздонрыбвод	<i>n</i>	20	20	20	20	20
	<i>N<sub>a</sub></i>	4	5	4	3	6
	<i>N<sub>e</sub></i>	3,239	3,774	2,492	2,036	3,125
	<i>I</i>	1,234	1,410	1,061	0,777	1,313
	<i>H<sub>o</sub></i>	0,800	1,000	0,850	0,450	0,800
	<i>H<sub>e</sub></i>	0,691	0,735	0,599	0,509	0,680
	<i>UH<sub>e</sub></i>	0,709	0,754	0,614	0,522	0,697
	<i>F</i>	−0,157	−0,361	−0,420	0,115	−0,176
	РrA: размер (частота)	136 (0,011); 146 (0,011)	237 (0,011)	177 (0,045)	272 (0,034)	0
Азовское море	<i>n</i>	44	44	44	44	44
	<i>N<sub>a</sub></i>	9	11	9	8	11
	<i>N<sub>e</sub></i>	4,920	8,203	2,125	3,240	7,760
	<i>I</i>	1,752	2,217	1,240	1,439	2,179
	<i>H<sub>o</sub></i>	0,909	0,841	0,523	0,659	0,909
	<i>H<sub>e</sub></i>	0,797	0,878	0,529	0,691	0,871
	<i>UH<sub>e</sub></i>	0,806	0,888	0,536	0,699	0,881
	<i>F</i>	−0,141	0,042	0,013	0,047	−0,044
	РrA: размер (частота)	136 (0,011); 146 (0,011)	237 (0,011)	177 (0,045)	272 (0,034)	0

Таблица 2. Окончание

Выборка	Показатель	Локус				
		<i>AoxD161</i>	<i>Afug41</i>	<i>An 20</i>	<i>Afug 51</i>	<i>AoxD165</i>
Черное море	<i>n</i>	31	31	31	30	31
	<i>N<sub>a</sub></i>	7	9	7	6	10
	<i>N<sub>e</sub></i>	4,555	6,582	1,820	2,639	5,969
	<i>I</i>	1,689	2,033	0,984	1,209	1,978
	<i>H<sub>o</sub></i>	0,806	0,839	0,548	0,600	0,742
	<i>H<sub>e</sub></i>	0,780	0,848	0,451	0,621	0,832
	<i>UH<sub>e</sub></i>	0,793	0,862	0,458	0,632	0,846
	<i>F</i>	−0,033	0,011	−0,217	0,034	0,109
	РгА: размер (частота)	138 (0,048)	0	173 (0,016)	268 (0,017)	164 (0,032)

**Примечание.** *n* — размер выборки, *N<sub>a</sub>* — число аллелей, *N<sub>e</sub>* — число эффективных аллелей, *I* — информационный индекс, *H<sub>o</sub>* — наблюдаемая гетерозиготность, *H<sub>e</sub>* — ожидаемая гетерозиготность, *UH<sub>e</sub>* — непредвиденная ожидаемая гетерозиготность, *F* — индекс фиксации, РгА — приватные аллели; название выборок см. в табл. 1.

Таблица 3. Значение генетических дистанций (*F<sub>st</sub>*) между исследованными природными и искусственными популяциями севрюги по данным микросателлитного анализа

Выборка	Кубань ИП	Азчеррыбвод	Аздонрыбвод	Азовское море	Черное море
Кубань ИП					
Азчеррыбвод	0,059				
Аздонрыбвод	0,066	0,065			
Азовское море	0,022	0,029	0,042		
Черное море	0,026	0,044	0,046	0,007	

**Примечание.** Название выборок см. в табл. 1.

Уровень попарной межвыборочной дифференцировки в значениях *F<sub>st</sub>* по всем локусам варьировал от 0,007 до 0,066 (табл. 3). Наибольшие различия были зафиксированы между domesticiрованными рыбами Кубань ИП и Аздонрыбвод, наименьшие — между рыбами из Азовского и Черного морей. Анализ главных компонент наглядно отражает характер дифференцировки исследованных выборок (рис. 1). Так, наиболее дистанцированными оказались выборки севрюги из рыбободных хозяйств группы Аздонрыбвод

и Азчеррыбвод, которые максимально разнесены вдоль первой оси координат, а выборки Аздонрыбвод и Кубань ИП максимально разнесены вдоль второй оси координат. В то же время рыбы из Азовского и Черного морей проецируются на вторую ось координат рядом.

Для адекватности выделения отдельных кластеров в начале анализа мы определили оптимальное число кластеров, на которые разбиваются полученные данные микросателлитного анализа в програм-



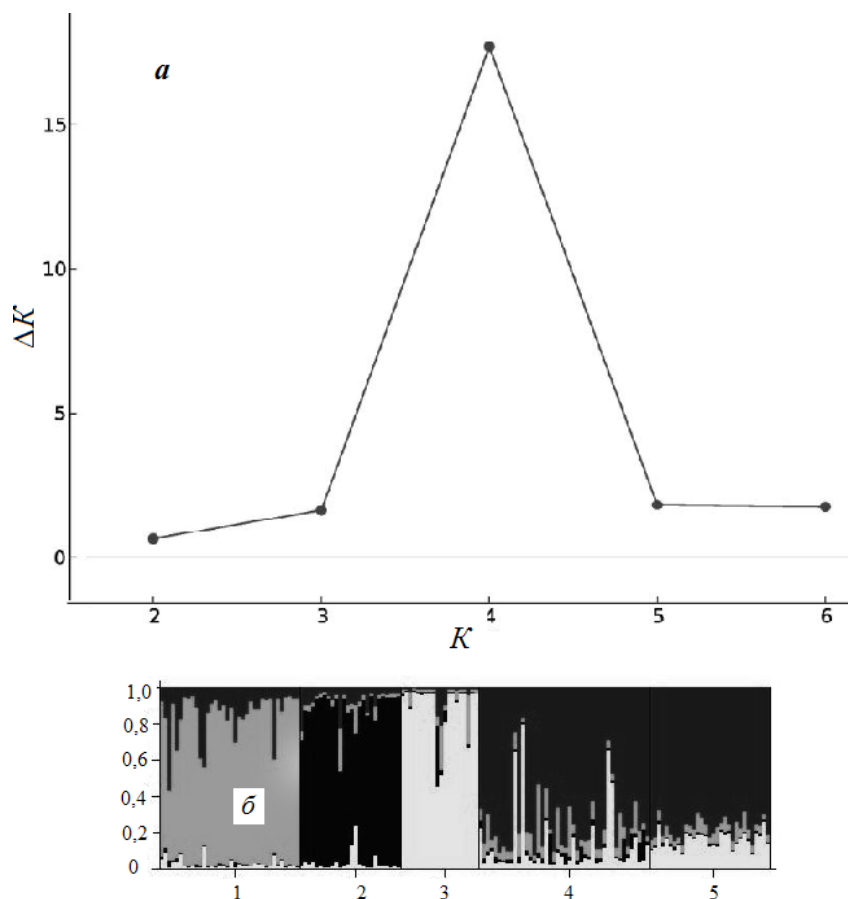
**Рис. 1.** Расположение исследованных выборок севрюги в пространстве первой и второй главных координат (вклад каждой 45,3 и 36,8% соответственно).

ме Structure Harvester (рис. 2, а). Мы определили оптимальное значение  $\Delta K = 4$  при анализе данных для  $\Delta K$  от 2 до 6 и при повторности  $n = 5$ .

На рис. 2, б представлены распределения генотипов по STR-локусам в пяти выборках севрюги. Кластерный анализ демонстрирует четкую обособленность трех выборок domesticated рыб как между собой, так и от природных популяций. Одновременно природные популяции из географически удаленных мест обитания объединяются в один кластер. Изменение заданного числа кластеров не разделяет азовских и черноморских рыб. Генетическая дифференцировка севрюги была также оценена с помощью точного вероятностного теста Фишера. Отметим, что статистически недостоверными были различия по отдельным локусам только в трех случаях: между рыбами из Азовского моря и domesticated выборками — группой Кубань ИП по локусу *AoxD161* ( $p = 0,132$ ), группой Аздорыбвод по *An20* ( $p = 0,055$ ) и группой Азчерыбвод по *AoxD165* ( $p = 0,174$ ). В целом по пяти локусам выявлены статистически значимые различия между природными популяциями и domesticated стадами и между всеми

domesticated стадами ( $p < 0,0001$ ). В то же время азовская и черноморская группы не различались по распределению частот аллелей как отдельных локусов, так и в среднем по пяти STR-локусам ( $\chi^2 = 11,56$  при  $p = 0,315$ ).

Анализ возможности прохождения выборок севрюги через «бутылочное горлышко», т. е. стремительного сокращения генетического разнообразия вслед за падением численности, не зафиксировал существенной потери аллельного разнообразия по исследованным STR-локусам (во всех случаях наблюдалось *L*-образное распределение частот аллелей). Однако в выборке Аздорыбвод отмечен достоверный избыток гетерозигот по четырем из пяти локусов ( $p = 0,031$  в тесте Уилкоксона для модели ТРМ). Достоверное повышение наблюдаемой гетерозиготности отмечено для трех из пяти локусов и в двух других группах из осетровых заводов. Очевидно, в случае domesticated современных групп севрюги имеет место описанная для «бутылочного горлышка» тенденция более быстрого увеличения гетерозиготности популяции после восстановления эффективного размера, что отражается в превышении наблюдаемой гетерозиготности над ожидае-



**Рис. 2.** Выделение отдельных групп севрюги в кластеры: *a* — оптимальное количество полученных кластеров ( $\Delta K$ ); *б* — апостериорная вероятность принадлежности к кластерам при  $K = 4$  ( $K$  — количество кластеров); выборки (см. табл. 1): 1 — Кубань ИП, 2 — Азчеррыбвод, 3 — Аздонрыбвод, 4 — Азовское море, 5 — Черное море.

мой. По мнению Нея (Nei, 2005), вероятность фиксации различных аллелей в частично изолированных популяциях может быть усилена эффектом «бутылочного горлышка», что и наблюдается в проведенном исследовании при идентификации частных аллелей. Этот же автор указывал, что случайная потеря аллелей в результате резкого сокращения популяции затрудняет создание новой благоприятной эпистатической комбинации признаков для устойчивого развития вида.

Некогда у широко распространенной в Понто-Каспийском бассейне севрюги выделяли крупную популяцию в статусе подвида, нерестившуюся в реках Дон и Кубань, тогда как популяции в реках Дунай, Днепр, Терек были значительно малочисленнее (Берг

1948; Hensel, Holcik, 1997). Теперь считается, что вид вымер в верхнем и среднем Дунае, а нерестовые миграции в нижнем Дунае и в Азовском море практически прекратились (Bacalbasa-Dobrovici, 1997; Макаров, 2000). Проведенное STR-генотипирование не выявило различий между азовскими рыбами и рыбами из рек Дунай и Днепр, принадлежащих к поколению 1990-х гг. Величины  $F_{st}$  также указывают на незначительную степень дивергенции природных выборок по сравнению с обособленностью искусственных стад севрюги. Значения  $F_{st}$  и анализ с помощью метода главных компонент расположили современную выборку Кубань ИП ближе к природным популяциям, тогда как остальные искусственные стада достаточно дистанцированы друг от друга и от выборок

поколения 1990-х гг. (рис. 1). В замкнутых и лишенных потока генов извне domesticiрованных группах севрюги сохраняется аллельное разнообразие, одновременно в большинстве групп идентифицированы приватные аллели и определен избыток гетерозигот. Полученные данные, с нашей точки зрения, свидетельствуют о процессах формирования в условиях пресноводной аквакультуры отдельных «одомашненных» линий севрюги. На этом фоне остается непрогнозируемой успешность мероприятий по искусственному воспроизводству азово-черноморской севрюги как в отношении выживаемости выпускаемой молоди, так и в вопросе сохранения генетического разнообразия вида.

Работа по генотипированию образцов севрюги поддержана грантом РФФИ № 16-14-00221.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Берг Л.С. Рыбы пресных вод СССР и сопредельных стран. Ч.1. Л.; М.: Изд-во АН СССР, 1948. 514 с.
- Макаров Э.В. Проблемы сохранения и восстановления популяций осетровых и перспективы развития осетроводства в Азовском бассейне: Автореф. дис. ... докт. биол. наук. М.: АзНИИРХ, 2000. 70 с.
- Мюге Н.С., Барминцева А.Е., Рас-торгуев С.М. и др. Полиморфизм контрольного региона митохондриальной ДНК восьми видов осетровых и разработка системы ДНК-идентификации видов // Генетика. 2008. Т. 44. №7. С. 1–7.
- Aljanabi Salah M., Martinez I. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques // Nucl. Acids Res. 1999. V. 25. № 22. P. 4692–4693.
- Bacalbasa-Dobrovici N. Endangered migratory sturgeons of the lower Danube River and its delta // Environ. Biol. Fish. 1997. V. 48. P. 201–207.
- Cornuet J.M., Luikart G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data // Genetics. 1996. V. 144. №4. P. 2001–2014.
- Earl D.A., Von Holdt B.M. Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method // Cons. Genet. Res. 2012. V. 4. P. 359–361.
- Henderson-Arzahola A., King T.L. Novel microsatellite markers for Atlantic sturgeon (*Acipenser oxyrinchus*) population delineation and broodstock management // Mol. Ecol. Notes. 2002. V. 2. P. 437–439.
- Hensel K., Holcik J. Past and current status of sturgeons in the upper and middle Danube — Sturgeon Biodiversity and Conservation. Dordrecht: Kluwer Acad. Publ., 1997. P. 185–200.
- Nei M. Bottlenecks, genetic polymorphism and speciation // Genetics. 2005. V. 170. № 1. P. 1–4.
- Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update // Bioinformatics. 2012. V. 28. № 19. P. 2537–2539.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data // Genetics. 2000. V. 155. № 2. P. 945–959.
- Raymakers C. CITES, the Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora: its role in the conservation of *Acipenseriformes* // J. Appl. Ichthyol. 2006. V. 22. Suppl. 1. P. 53–63.
- Rousset F. Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux // Mol. Ecol. 2008. № 8. P. 103–110.
- Welsh A., May B. Development and standardization of disomic microsatellite markers for lake sturgeon genetic studies // J. Appl. Ichthyol. 2006. V. 22. P. 337–344.
- Zane L., Patarnello T., Ludwig A. et al. Isolation and characterization of microsatellites in the Adriatic sturgeon (*Acipenser naccarii*) // Mol. Ecol. Notes. 2002. V. 2. P. 586–588.

**MICROSATELLITE POLYMORPHISM OF THE NATURAL  
AND DOMESTICATED AZOV AND BLACK SEA POPULATIONS  
OF STELLATE STURGEON *ACIPENSER STELLATUS***

© 2018 г. N.N. Timoshkina<sup>1</sup>, N.A. Nebesikhina<sup>1</sup>, E.A. Ivanova<sup>1</sup>,  
A.G. Lepeshkov<sup>1</sup>, A.E. Barmintseva<sup>2</sup>

<sup>1</sup> *Azov Fisheries Research Institute, Rostov-on-Don, 344002*

<sup>2</sup> *Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography, Moscow, 107140*

On the basis of analysis of five microsatellite loci (*An20*, *AoxD161*, *AoxD165*, *Afug41*, *Afug51*), the special characteristics of intraspecies polymorphism of the natural and domesticated populations of the Azov and Black Sea stellate sturgeon are identified. Significant divergence between the individuals in different groups of broodstocks and between the individuals in broodstocks and in natural populations, according to the established distribution of frequencies of STR-alleles ( $p < 0.001$ ), is presented. By contrast, the groups of fish individuals from the Black Sea and the Sea of Azov are only slightly differentiated ( $F_{st} = 0.007$ ). It is evident that intraspecies population composition of the Azov and Black Sea stellate sturgeon underwent extensive changes, resulting from anthropogenic pressure.

*Keywords:* stellate sturgeon *Acipenser stellatus*, polymorphism, microsatellites.