

Оригинальная статья

УДК 597.55:575.174.015.3

<https://doi.org/10.35885/1684-7318-2025-2-153-164>

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА ПОПУЛЯЦИЙ РОТАНА *PERCCOTTUS GLENII* (PERCIFORMES, ODONTOBUTIDAE) ВОЛЖСКОГО И ИРТЫШСКОГО БАССЕЙНОВ

О. Н. Жигилева^{1✉}, И. П. Колесников¹, А. И. Файзулин², М. В. Рубанова²

¹ Тюменский государственный университет

Россия, 625003, г. Тюмень, ул. Володарского, д. 6

² Самарский федеральный исследовательский центр РАН,

Институт экологии Волжского бассейна РАН

Россия, 445003, г. Тольятти, ул. Комзина, д. 10

Поступила в редакцию 17.04.2024 г., после доработки 15.12.2024 г., принята 17.12.2024 г., опубликована 24.07.2025 г.

Аннотация. Даны оценки генетического разнообразия и дифференциации популяций ротана *Percottus glenii* из водоемов Волжского и Иртышского бассейнов на основании ISSR маркеров. В изученной части Волжского бассейна доля полиморфных локусов (P) ротана составила 80.4%, генетическое разнообразие (h) – 0.26. Все исследованные популяции ротана в районе Куйбышевского водохранилища (Ульяновская, Самарская область, Тольятти) генетически слабо дифференцированы и происходят из одного источника инвазии. Показатели полиморфизма и генетического разнообразия ротана в водоемах бассейна р. Иртыш выше, чем в Поволжье, составляют: $P = 98.2\%$, $h = 0.33$. Генетическая дифференциация между популяциями оз. Ипкуль и р. Тобол (Тюменская область) слабо выражена ($G_{ST} = 0.07$), поток генов между ними – значительный, что свидетельствует об их недавнем расхождении или происхождении одной популяции от другой. Между популяциями оз. Березово (Курганская область) и оз. Малое Плоское (Казахстан) генетическая дифференциация высокая ($G_{ST} = 0.31$), что может свидетельствовать о разных источниках инвазии ротана на юге Сибири и в Северном Казахстане. Данные о более высоком полиморфизме ротана в бассейне р. Иртыш, а также значительной генетической дифференциации между популяциями ротана Волжского и Иртышского бассейнов ($G_{ST} = 0.40$) лишь частично подтверждают общепринятую гипотезу о заселении ротаном Сибири через Южно-Уральский инвазионный коридор, указывая на наличие нескольких разнородных источников инвазии ротана в Обь-Иртышском бассейне.

Ключевые слова: ротан, биологические инвазии, полиморфизм, ДНК-маркеры, пути расселения

✉ Для корреспонденции. Кафедра экологии и генетики Института биологии Тюменского государственного университета.

ORCID и e-mail адреса: Жигилева Оксана Николаевна: <https://orcid.org/0000-0002-3782-3014>, zhigileva@mail.ru; Колесников Илья Павлович: <https://orcid.org/0009-0008-7574-2734>, ilfik12.29.1999@mail.ru; Файзулин Александр Ильдусович: <https://orcid.org/0000-0002-2595-7453>, alexandr-faizulin@yandex.ru; Рубанова Марина Васильевна: <https://orcid.org/0000-0001-9932-6227>, rubanova-ievb@mail.ru.

Финансирование. Исследование было выполнено при финансовой поддержке Правительства Тюменской области в рамках проекта Западно-Сибирского межрегионального научно-образовательного центра (№ 89-ДОН (2)) и по теме государственного задания Института экологии Волжского бассейна РАН – филиала Самарского научного центра РАН (№ 1021060107212-5-1.6.20; 1.6.19 «Изменение, устойчивость и сохранение биологического разнообразия под воздействием глобальных изменений климата и интенсивной антропогенной нагрузки на экосистемы Волжского бассейна»).

Соблюдение этических норм. Протоколы с использованием животных были одобрены Комиссией по биоэтике Тюменского государственного университета (протокол № 14 от 09.09.2024 г.).

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования. Жигилева О. Н., Колесников И. П., Файзулин А. И., Рубанова М. В. Сравнительная характеристика генетического полиморфизма популяций ротана *Percottus glenii* (Perciformes, Odontobutidae) Волжского и Иртышского бассейнов // Поволжский экологический журнал. 2025. № 2. С. 153 – 164. <https://doi.org/10.35885/1684-7318-2025-2-153-164>

ВВЕДЕНИЕ

Одним из чужеродных видов для многих водоемов Европы и Сибири является ротан *Percottus glenii* Dubowski, 1877 (Perciformes, Odontobutidae). Данный вид успешно осваивает все новые естественные и техногенные водоемы (Reshetnikov, 2010; Ruchin et al., 2019), где формирует популяции с довольно высокой плотностью (Reshetnikov, Petlina, 2007; Chemagin, 2014; Susliaev et al., 2016) и включается в трофические связи экосистем (Reshetnikov et al., 2013). Инвазивные виды несут угрозу биоразнообразию местной фауны и флоры (Doherty et al., 2016), в связи с чем большой интерес для отслеживания и предотвращения инвазии представляет изучение ее источников и путей расселения инвазивных видов.

Место и время вселения ротана в Волжском бассейне установлены. Первый выпуск произошел в г. Москве в 1948 г., с дальнейшим расселением по водоемам Московской области (Spanovskaya et al., 1964; Reshetnikov, 2001). Следующий занос ротана вместе с производителями амурского сазана произведен на юго-западе Нижегородской области в Илевском рыбхозе (1970 г.) (Kuderskij, 1980). Далее расселение ротана шло с севера на юг по Куйбышевскому водохранилищу (с 1981 г.) и почти за десятилетие достигло к 1983 г. Саратовского, а к 1996 г. – Волгоградского водохранилища (Shamov, 1983; Evlanov et al., 1998; Shashulovskii, Ermolin, 2005).

Точное место и время вселения ротана в Обь-Иртышский бассейн не задокументированы. Известно, что уже в 1980-х гг. ротан был обнаружен в реках и озерах Южного Урала, в 1990-х гг. – Среднего Урала и Сибири (Reshetnikov, Chibilev, 2009; Susliaev et al., 2016; Baranov, Vasil'ev, 2022). Предположительно, он мог проникнуть наряду с другими вселенцами в бассейн Иртыша из Волжско-Камского бассейна через Южно-Уральский инвазионный коридор (Korljakov, Nohrin, 2014). Или, по другим данным, ротан был завезен в Челябинскую область человеком (Reshetnikov, Chibilev, 2009). Далее распространение ротана в южно-уральском очаге инвазии происходило в направлении с юга на северо-восток (Baranov, Vasil'ev, 2022) путем расселения по водотокам, а также благодаря обширным поло-

водьям. Кроме того, большую роль в Сибири играло преднамеренное расселение ротана рыбаками-любителями (Reshetnikov, Petlina, 2007; Reshetnikov, Chibilev, 2009), именно так ротан мог попасть в изолированные озера.

Сложность в реконструкции путей расселения ротана обусловлена двумя факторами: во-первых, наличием нескольких разных первичных источников инвазии, так называемых субареалов (Reshetnikov, Ficetola, 2011), с их последующим слиянием и перемешиванием популяций; во-вторых, быстрым стихийным вторичным распространением с участием человека, в том числе на сотни километров по суше.

Для реконструкции путей расселения и установления исходного региона происхождения инвазивных видов с успехом используются молекулярно-генетические маркеры. С их помощью также можно проследить эволюционные изменения и механизмы адаптации чужеродных видов в новых регионах (Salmenkova, 2008). Генетическая структура популяций ротана с использованием разнообразных молекулярных маркеров описана как для нативного ареала, так и для приобретенного (Luca et al., 2014; Xu et al., 2014; Grabowska et al., 2020; Yang et al., 2020; Zhang et al., 2021).

Ранее при изучении генетического полиморфизма ротана бассейна р. Иртыш было выяснено, что у этого вида при расселении не произошло значительного сокращения генетического полиморфизма и за несколько десятилетий на приобретенной части ареала сформировалась популяционно-генетическая структура, характерная для этого вида в нативном ареале (Zhigileva, Kulikova, 2016; Alyamkin et al., 2022). Также выдвинуто предположение о наличии как минимум двух альтернативных путей вселения ротана в бассейн Иртыша – из Волжского бассейна и через водоемы бассейна р. Ишим из Северного Казахстана (Zhigileva, Alyamkin, 2024).

Цель данного исследования – проверка гипотезы о заселении ротаном Сибири через Южно-Уральский инвазионный коридор путем сравнительного изучения полиморфизма его популяций из Волжского и Иртышского бассейнов.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

В Иртышском бассейне отлов ротана производили на удочку в 2019 г. в р. Тобол (с. Ярково, Тюменская область) и оз. Ипкуль (Нижнетавдинский район, Тюменская область), в 2022 г. в оз. Березово (Курганская область) и в 2021 г. в оз. Малое Плоское (Казахстан). Река Тобол является левым притоком р. Иртыш и протекает на территории России и Казахстана. Оз. Ипкуль связано каналом с оз. Кучак и соединяется с р. Иска. Оз. Березово находится в бассейне р. Уй (приток р. Тобол), оз. Малое Плоское находится в бассейне р. Ишим (приток р. Иртыш) (рис. 1).

В Волжском бассейне ротан был отловлен в 2022 г. в озерах Копейка, Пляжное и Тройка (Васильевские озера, Комсомольский район г. Тольятти), в пруду в районе с. Кирилловка (Самарская область) и в пруду в окрестностях с. Русский Мелекес (Ульяновская область). Места отлова ротана в Волжском бассейне находятся в районе Куйбышевского водохранилища в направлении с севера на юг от места его вселения в 1970 г. Всего было исследовано 92 особи ротана (табл. 1).

Для генетических исследований брали образцы мышечной ткани рыб, которые фиксировали в 96%-м этаноле и хранили при -20°C. ДНК экстрагировали

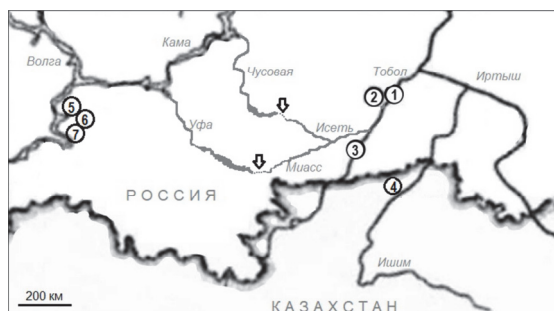


Рис. 1. Схема расположения мест отлова *P. glenii* в бассейне р. Иртыш (1 – р. Тобол (Тюменская область), 2 – оз. Ипкуль (Тюменская область), 3 – оз. Березово (Курганская область), 4 – оз. Малое Плоское (Казахстан)) и в Волжском бассейне (5 – пруд в окрестностях с. Русский Мелекес (Ульяновская область), 6 – пруд с. Кирилловка (Самарская область), 7 – Васильевские озера (г. Тольятти)). Стрелками показаны искусственные каналы, соединяющие реки Волжско-Камского и Обь-Иртышского бассейнов

Fig. 1. A schematic map of the places where *P. glenii* was caught in the Irtysh River basin (1 – Tobol River (Tyumen region), 2 – Lake Ipkul (Tyumen region), 3 – Lake Berezovo (Kurgan region), 4 – Lake Maloe Ploskoye (Kazakhstan)) and the Volga basin (5 – a pond near the village of Russky Melekess (Ulyanovsk region), 6 – a pond near the village of Kirillovka (Samara region), 7 – the Vasilyevskie Lakes (Togliatti)). The arrows indicate the artificial canals connecting the rivers of the Volga–Kama and Ob–Irtysh basins

методом щелочного лизиса. Генотипирование рыб проводили методом полимеразной цепной реакции последовательностей, ограниченных простыми повторами (англ. Inter simple sequence repeat polymerase chain reaction – ISSR-PCR) (Zietjewicz et al., 1994). Для ISSR-PCR использовали праймеры с динуклеотидными повторами (AG)₈C (UBC-808), (AG)₈G (UBC-809), (AG)₈T (UBC-807), (CA)₈G (UBC-818). Амплификацию проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей ПЦР буфер (0.01 М Трис-HCl, 0.05 М KCl, 0.1% 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: 94°C – 7 мин, затем 94°C – 30 с, 52°C – 45 с, 72°C – 2 мин (40 циклов); 72°C – 7 мин. Продукты ПЦР разделяли методом электрофореза в 6%-м полиакриламидном геле в 1×Трис-ЭДТА-боратном буфере.

Таблица 1. Места отлова *P. glenii*

Table 1. *P. glenii* catching location

№ / No	Место сбора образцов / Sample collection location	Координаты / Coordinates	Год / Year	Число особей / Number of specimens
1	2	3	4	5
Иртышский бассейн / The Irtysh river basin				
1	Река Тобол вблизи с. Ярково (Тюменская область) / The Tobol river near the village of Yarkovo (Tyumen region)	57°24'N, 67°05'E	2019	18
2	Озеро Ипкуль Нижнетавдинского района (Тюменская область) / Lake Ipkul, Nizhnetavdinsky district (Tyumen region)	57°22'N, 66°07'E	2019	20
3	Озеро Березово (Курганская область) / Lake Berezovo (Kurgan region)	54°83'N, 65°08'E	2021	9
4	Озеро Малое Плоское (Северо-Казахстанская область, Казахстан) / Lake Maloe Ploskoye (North-Kazakhstan region, Kazakhstan)	54°44'N, 69°32'E	2021	19

Окончание табл. 1
Table 1. Continuation

1	2	3	4	5
Волжский бассейн / The Volga river basin				
5	Пруд в окр. с. Русский Мелекес (Ульяновская область) / Pond near the village of Russky Melekess (Ulyanovsk region)	54°18'N, 49°30'E	2022	7
6	Пруд с. Кирилловка (Самарская область) / pond near the village of Kirillovka (Samara region)	53°83'N, 49°79'E	2022	6
7	Васильевские озера (г. Тольятти) / Vasilyevskie Lakes (Togliatti)	53°29'N, 49°30'E	2022	13
Всего				92

Процент полиморфных локусов (P), генетическое разнообразие (h), наблюдаемое (n_a) и эффективное число аллелей (n_e), индексы генетического сходства (I) и генетические дистанции Нея (D), показатели генетической дифференциации (H_T , H_S , G_{ST}) и потока генов (Nm) рассчитывали с использованием программы POPGEN (Yeh et al., 1999). Дендрограмму строили методом UPGMA с применением этой же программы.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

У ротана с использованием четырех видов праймеров выявлено 52 локуса. Число ампликонов в реакции с разными праймерами варьировало от 8 до 17, из них от 75 до 100% были полиморфны. В общей выборке все изученные локусы были полиморфны ($P = 100\%$), с наблюдаемым числом аллелей $n_a = 2.00$, эффективным числом аллелей $n_e = 1.64$ и показателем генетического разнообразия $h = 0.36$. Общие показатели полиморфизма и генетического разнообразия ротана в бассейне Иртыша составили: $P = 98.2\%$ и $h = 0.33$ и были в 1.2 раза выше, чем в Поволжье, где эти показатели были равны 80.4% и 0.26 соответственно. В отдельных изученных популяциях показатели довольно сильно различались (табл. 2). Самый высокий полиморфизм выявлен у ротана из оз. Березово (Курганская область): $P = 75\%$, $h = 0.29$; а самый низкий – из пруда с. Кирилловка (Самарская область): $P = 36.5\%$, $h = 0.13$.

Все исследованные выборки ротана относятся к разным популяциям, о чем свидетельствуют индексы генетического сходства и дистанции Нея (табл. 3). Исключение составили три выборки из озер Копейка, Пляжное и Тройка (г. Тольятти), которые генетически не дифференцированы. Также слабая дифференциация ($G_{ST} = 0.073$) и значительный поток генов ($Nm = 6.3 > 4$) наблюдаются между популяциями ротана оз. Ипкуль и р. Тобол.

Общее генетическое разнообразие (H_T) составило 0.362, а внутривидовое (H_S) – 0.217. Большая часть генетической изменчивости ротана приходится на межвидовый уровень – средневидовые показатели изменчивости на 30% меньше, чем общие.

Генетические дистанции между популяциями ротана бассейна Иртыша и Волжского бассейна варьировали в пределах 0.2432 – 0.3625 и были незначительно выше, чем дистанции между популяциями Сибири и Казахстана ($D = 0.2181 – 0.3036$).

Таблица 2. Показатели генетического полиморфизма *P. glenii* из разных водоемов
Table 2. Genetic polymorphism indices of *P. glenii* from different water bodies

№ / No	Выборка / Sample	<i>n</i>	<i>P</i> , %	<i>n_a</i>	<i>n_e</i>	<i>h</i>
1	Тобол / Tobol	18	61.54	1.62	1.40	0.22
2	Ипкуль / Ipkul	20	67.31	1.67	1.48	0.27
3	Березово / Berezovo	9	75.00	1.75	1.52	0.29
4	Малое Плоское / Maloe Ploskoye Lake	19	46.15	1.46	1.33	0.19
Иртышский бассейн, всего / The Irtysh river basin, total		66	98.15	1.98	1.59	0.33
Иртышский бассейн, в среднем / The Irtysh river basin, on average			62.5	1.63	1.43	0.24
5	Русский Мелекес / Russky Melekess	7	53.85	1.54	1.36	0.21
6	Кирилловка / Kirillovka	6	36.54	1.36	1.24	0.13
7	Васильевские озера / Vasilyevskie Lakes	12	61.54	1.62	1.37	0.21
Волжский бассейн, всего / The Volga river basin, total		25	80.43	1.80	1.43	0.26
Волжский бассейн, в среднем / The Volga river basin, on average			50.64	1.51	1.32	0.18

Примечание. *n* – количество особей, *P* – процент полиморфных локусов, *n_a* – наблюдаемое число аллелей, *n_e* – эффективное число аллелей, *h* – генетическое разнообразие.

Note. *n* – the number of individuals, *P* – the percentage of polymorphic loci, *n_a* – the observed number of alleles, *n_e* – the effective number of alleles, *h* – genetic diversity.

Между популяциями ротана бассейна р. Тобол и оз. Малое Плоское генетическая дифференциация высокая ($G_{ST} = 0.251 - 0.318$), поток генов ограничен ($Nm = 1.07 - 1.49$). Между популяциями ротана из водоемов Поволжья и бассейна Иртыша также довольно сильно выражена генетическая дифференциация ($G_{ST} = 0.403$, $Nm = 0.74$), на дендрограмме они формируют разные кластеры (рис. 2).

Таблица 3. Индексы генетического сходства и дистанции Нея* между популяциями *P. glenii*
Table 3. Nei's genetic identity indices and genetic distances* between *P. glenii* populations

Выборка / Sample**	1	2	3	4	5	6	7
1		0.949	0.788	0.759	0.765	0.736	0.782
2	0.053		0.773	0.804	0.748	0.725	0.761
3	0.239	0.257		0.738	0.753	0.701	0.784
4	0.275	0.218	0.304		0.730	0.714	0.696
5	0.267	0.290	0.284	0.314		0.902	0.906
6	0.306	0.322	0.356	0.337	0.103		0.931
7	0.246	0.273	0.243	0.363	0.098	0.071	

Примечание. * над диагональю – генетическое сходство (*I*), под диагональю – генетическая дистанция Нея (*D*); ** номер соответствует номеру выборки в табл. 1.

Note. * above the diagonal means genetic identity (*I*), below the diagonal – Nei's genetic distance (*D*); ** The number corresponds to the sample number in Table 1.

Оценки генетической изменчивости и дифференциации ротана из водоемов Обь-Иртышского бассейна, полученные в этом исследовании, укладываются в пределы: $P = 46 - 75\%$, $h = 0.19 - 0.29$, $D = 0.053 - 0.291$ и согласуются с данными, полученными ранее для ротана из других водоемов бассейна р. Иртыш (озер Андреевское, Сундукуль, Оброчное, рек Тобол и Малый Емец) (Alyamkin et al., 2022). Кроме того, полученные нами оценки межпопуляционной дифференциации ротана

согласуются с данными по дифференциации его популяций в нативном ареале, где около 40% изменчивости приходится на межпопуляционную составляющую (Zhang et al., 2021). Общее генетическое разнообразие ротана из двух исследованных нами частей его приобретенного ареала оказалось несколько меньше ($H_T = 0.362$), чем в нативном ареале ($H_T = 0.4639$) (Zhang et al., 2021). Тем не менее, значительного сокращения генетического разнообразия не наблюдается, в отличие от некоторых водоемов Европы, где было выявлено снижение полиморфизма в инвазионных популяциях ротана, предположительно, вследствие эффекта основателя (Luca et al., 2014). Наши и литературные данные указывают на возможность быстрого (в течение трех-четырех десятилетий) накопления микроэволюционных изменений и формирования популяционно-генетической структуры инвазивных видов при незначительной потере генетического разнообразия в приобретенном ареале.

Полученные нами данные о генетическом разнообразии популяций ротана водоемов Поволжья свидетельствуют об их происхождении из одного источника – все исследованные выборки имеют относительно низкий уровень полиморфизма, слабо генетически дифференцированы друг от друга, формируют на дендрограмме один кластер. В исследованной части Волжского бассейна расселение ротана от материнской популяции шло по рекам (Artaev, 2016) и далее, по прибрежному мелководью водохранилищ, где численность не высока, и вид заносится в половодье в пойменные водоемы (Semenov, 2011). Все три изученные группы водоемов Волжского бассейна относительно изолированы от путей расселения ротана, особенно пруд с. Кирилловка.

Напротив, в бассейне р. Иртыш выборки ротана генетически разнородны, имеют высокие показатели дифференциации и генетического полиморфизма. Это подтверждает гипотезу о наличии нескольких источников инвазии ротана на юге Западной Сибири, выдвинутую ранее на основе анализа полиморфизма мтДНК (Zhigileva, Alyamkin, 2024). Эффект основателя при этом наиболее сильно выражен в изолированном оз. Малое Плоское (Казахстан), в котором ротан имеет низкий уровень полиморфизма.

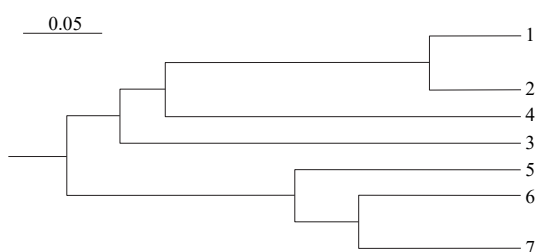


Рис. 2. Дендрограмма генетических дистанций *P. glenii* из разных водоемов в бассейне р. Иртыш (1 – р. Тобол (Тюменская область), 2 – оз. Ипкуль (Тюменская область), 3 – оз. Березово (Курганская область), 4 – оз. Малое Плоское (Казахстан)) и в Волжском бассейне (5 – пруд в окрестностях с. Русский Мелекесс (Ульяновская область), 6 – пруд с. Кирилловка (Самарская область), 7 – Васильевские озера (г. Тольятти))

Fig. 2. Dendrogram of genetic distances of *P. glenii* from different water bodies in the Irtysh River basin (1 – the Tobol River (Tyumen region), 2 – Lake Ipkul (Tyumen region), 3 – Lake Berezovo (Kurgan region), 4 – Lake Maloe Ploskoye (Kazakhstan)) and the Volga basin (5 – a pond near the village of Russky Melekess (Ulyanovsk region), 6 – a pond near the village of Kirillovka (Samara region), 7 – the Vasilyevskie Lakes (Togliatti))

Выборки ротана из р. Тобол (Ярково) и оз. Ипкуль имеют высокое генетическое сходство и низкую дифференциацию, что свидетельствует о недавнем расхождении этих популяций или о происхождении одной популяции от другой. Эти выборки также высоко генетически родственны по данным полиморфизма мтДНК другим популяциям ротана из близлежащих водоемов (озер Андреевское, Сундукуль, Оброчное, р. Тобол в Ялуторовском районе), изученных ранее (Zhigileva, Alyamkin, 2024), и вероятно происходят из одного источника инвазии.

Самые высокие показатели полиморфизма ротана выявлены в оз. Березово Курганской области, наиболее юго-западной популяции из исследованных в Обь-Иртышском бассейне. Это может быть обусловлено как более благоприятными (оптимальными для ротана) условиями обитания, так и близостью к первичному источнику инвазии, что отчасти подтверждает гипотезу о вселении ротана в Обь-Иртышский бассейн из водоемов Южного Урала.

В то же время не выявлено генетического сходства между изученными нами популяциями ротана Поволжья с выборками из бассейна Иртыша, которые генетически довольно сильно различаются. Это позволяет заключить, что исследованные нами популяции ротана окрестностей Куйбышевского водохранилища не являются непосредственным источником инвазии ротана водоемов Сибири. Если, согласно гипотезе, ротан проник в бассейн Иртыша из Волжско-Камского бассейна, то источником инвазии была какая-то другая популяция. Еще одно возможное объяснение наличия генетических различий между популяциями ротана – влияние дрейфа генов, поскольку заселение новых местообитаний происходит небольшим числом особей-основателей, что ведет к изменению частот аллелей по сравнению с родительской популяцией и отражается на показателях генетической дистанции.

Альтернативными источниками проникновения ротана в бассейн Иртыша могут быть томский и казахстанский источники инвазии. В настоящее время происходит активное расширение ареала ротана из томского очага инвазии – по р. Оби (Reshetnikov et al., 2017), а также озерам лесостепной зоны. Указывается, что основное направление распространения чужеродных видов в озерах юга Западной Сибири (Обь-Иртышское междуречье) между 55° с.ш. и 57° с.ш. – с востока на запад (Yadrenkina, 2012, р. 154). Третий возможный источник, характерный для бассейна р. Ишим – Средняя Азия, хотя в настоящее время инвазия ротана в Юго-Восточном Казахстане и Узбекистане не подтвердилась (Reshetnikov, 2010), тем не менее, в литературе были указания на несколько непреднамеренных завозов ротана в Казахстан и Узбекистан из Китая (Borisova, 1972; Seleznev, 1974).

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Относительно низкие показатели генетического полиморфизма ротана в районе Куйбышевского водохранилища, низкие показатели генетической дифференциации между ними, формирование одного кластера на дендрограмме свидетельствуют о генетическом родстве изученных выборок и их возможном происхождении из одного источника инвазии. Популяции ротана бассейна р. Иртыш неоднородны в генетическом отношении, отличаются более высоким уровнем генетического полиморфизма и дифференциации. Данные о генетическом полиморфизме

ротана лишь частично подтверждают гипотезу о заселении ротаном Сибири через Южно-Уральский инвазионный коридор, указывая на наличие нескольких разнородных источников инвазии ротана в Обь-Иртышском бассейне.

Авторы выражают благодарность К. А. Бойченко, П. А. Бушуевой за помощь в сборе материала.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

Alyamkin G. V., Zhigileva O. N., Zhokhov A. E. Genetic variability of the Amur sleeper *Perccottus glenii* and of their parasite, cestode *Nippotaenia mogurndae*, outside the natural area of distribution. *Inland Water Biology*, 2022, vol. 15, no. 2, pp. 179–188. <https://doi.org/10.1134/S1995082922010023>

Artaev O. N. *Perccottus glehni* in the Moksha river basin: Distribution and preferred groups of water bodies. *Proceedings of the Mordovia State Nature Reserve*, 2016, iss. 17, pp. 3–7 (in Russian).

Baranov V. Y., Vasil'ev A. G. Phenotypic plasticity of the Amur sleeper (*Perccottus glenii*) invasive populations during the colonization of water bodies. *Russian Journal of Biological Invasions*, 2022, vol. 13, iss. 4, pp. 412–427. <https://doi.org/10.1134/S2075111722040038>

Borisova A. T. Accidental invaders into the water bodies of Uzbekistan. *Journal of Ichthyology*, 1972, vol. 12, no. 1, pp. 49–53 (in Russian).

Chemagin A. A. Distribution of Amur-sleeper (*Perccottus glenii* Dybowski, 1877) in flood-plain lakes of the Lower Irtysh. *Fundamental Research*, 2014, no. 11, pp. 2656–2660 (in Russian).

Doherty T. S., Glen A. S., Nimmo D. G., Ritchie E. G., Dickman C. R. Invasive predators and global biodiversity loss. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2016, vol. 113, no. 40, pp. 11261–11265. <https://doi.org/10.1073/pnas.1602480113>

Evlanov I. A., Kozlovskij S. V., Antonov P. I. *Kadastr ryb Samarskoj oblasti* [Cadastre of Fish in the Samara Region]. Togliatti, Institute of Ecology of the Volga River Basin of Russian Academy of Sciences Publ., 1998. 222 p. (in Russian).

Grabowska J., Kvach Yu., Rewicz T., Pupins M., Kutsokon I., Dykyy I., Antal L., Zieba G., Rakauskas V., Trichkova T., Ceirans A., Grabowski M. First insights into the molecular population structure and origins of the invasive Chinese sleeper, *Perccottus glenii*, in Europe. *NeoBiota*, 2020, vol. 57, pp. 87–107. <https://doi.org/10.3897/neobiota.57.48958>

Korljakov K. A., Nohrin D. Ju. Trends in the emergence of the Volga–Ob invasive corridor. *Bulletin of the Council of Young Scientists and Specialists of the Chelyabinsk Region*, 2014, no. 2, pp. 19–38 (in Russian).

Kuderskij L. A. Rotan in ponds of Gorky region. In: *Rybkhozhajstvennoe izuchenie vnutrennikh vodoemov* [Fishery Study of Inland Water Bodies]. Leningrad, GosNIORH Publ., 1980, iss. 25, pp. 28–33 (in Russian).

Luca M., Urech D., Nicuta D., Ghiorghita G., Druica R. C., Gorgan L. D. The genetic variability of the invasive *Perccottus glenii* from Siret River, using the cytochrome *b* gene. *Annals of the Romanian Society for Cell Biology*, 2014, vol. 19, no. 1, pp. 11–20. <https://doi.org/10.ANN/RSCB-2014-0015:RSCB>

Reshetnikov A. N. Influence of introduced fish *Perccottus glenii* (Odontobutidae, Pisces). *Journal of General Biology*, 2001, vol. 62, no. 4, pp. 352–361.

Reshetnikov A. N. The current range of Amur sleeper *Perccottus glenii* Dybowski, 1877 (Odontobutidae, Pisces) in Eurasia. *Russian Journal of Biological Invasions*, 2010, vol. 1, iss. 2, pp. 119–126. <https://doi.org/10.1134/s2075111710020116>

Reshetnikov A. N., Chibilev E. A. Distribution of the fish rotan (*Perccottus glenii* Dybowski, 1877) in the Irtysh River basin and analysis of possible consequences for environment and

people. *Contemporary Problems of Ecology*, 2009, vol. 2, no. 3, pp. 224–228. <https://doi.org/10.1134/S1995425509030102>

Reshetnikov A. N., Ficetola G. F. Potential range of the invasive fish rotan (*Perccottus glennii*) in the Holarctic. *Biological Invasions*, 2011, vol. 13, iss. 12, pp. 2967–2980. <https://doi.org/10.1007/s10530-011-9982-1>

Reshetnikov A. N., Petlina A. P. Distribution of the fish rotan (*Perccottus glennii* Dybowski, 1877) in the Ob' River. *Contemporary Problems of Ecology*, 2007, vol. 14, no. 4, pp. 551–556 (in Russian).

Reshetnikov A. N., Sokolov S. G., Chikhlyayev I. V., Fayzulin A. I., Kirillov A. A., Kuzovnenko A. E., Protasova E. N., Skomorokhov M. O. Direct and indirect interactions between an invasive alien fish (*Perccottus glennii*) and two native semi-aquatic snakes. *Copeia*, 2013, vol. 2013, pp. 103–110. <https://doi.org/10.1643/CE-12-007>

Reshetnikov A. N., Golubtsov A. S., Zhuravlev V. B., Lomakin S. L., Rezvyi A. S. Range expansion of Rotan *Perccottus glennii*, Sunbleak *Leucaspis delineatus*, and Bleak *Alburnus alburnus* in the Ob River Basin. *Contemporary Problems of Ecology*, 2017, vol. 10, no. 6, pp. 612–620. <https://doi.org/10.1134/S1995425517060105>

Ruchin A. B., Osipov V. V., Fayzulin A. I., Bakin O. V., Tselishcheva L. G., Bayanov N. G. Chinese sleeper (*Perccottus glennii* Dybowski, 1877) (Pisces, Odontobutidae) in the reserves and national parks of the middle and lower Volga (Russia): Mini-review. *AACL Bioflux*, 2019, vol. 12, no. 4, pp. 1114–1124.

Salmenkova E. A. Population genetic processes in introduction of fish. *Russian Journal of Genetics*, 2008, vol. 44, iss. 7, pp. 758–766. <https://doi.org/10.1134/S1022795408070028>

Seleznev V. V. Low-value and trash fish species of the Chinese complex in the Kapchagay reservoir. In: *Fish Resources of Water Bodies of Kazakhstan and Their Use*. Alma-Ata, Kainar, 1974, iss. 8, pp. 143–148 (in Russian).

Semenov D. Ju. *Antropogennaya transformatsiya ihtiofauny Sredney Volgi v Kujbyshevskom vodohranilishche* [Anthropogenic Transformation of the Ichthyofauna of the Middle Volga in the Kuibyshev Reservoir]. Ulyanovsk, Ulyanovsk State University Publ., 2011. 114 p. (in Russian).

Shamov A. G. Goloveshka-rotan in the Kuibyshev reservoir. In: *Problemy okhrany vod i rybnykh resursov: tezisy dokladov III Povolzhskoi konferentsii* [Problems of Protection of Water and Fish Resources: Theses of reports of the III Volga Conference]. Kazan, Kazan State Pedagogical Institute Publ., 1983, pp. 147–148 (in Russian).

Shashulovskii V. A., Ermolin V. P. Ichthyofauna composition of the Volgograd Reservoir. *Voprosy ikhtiologii*, 2005, vol. 45, no. 3, pp. 324–330 (in Russian).

Spanovskaya V. D., Savvaitova K. A., Potapova T. L. About variability of rotan (*Perccottus glennii* Dyb fam. Eleotridae) under acclimatization. *Voprosy ikhtiologii*, 1964, vol. 4, no. 4, pp. 632–643 (in Russian).

Susliaev V. V., Reshetnikova S. N., Interesova E. A. Biology of rotan gobi *Perccottus glennii* Dybowski, 1877 in water basins of south-taiga zone of Western Siberia. *Bulletin of Novosibirsk State Agrarian University*, 2016, vol. 1, pp. 78–85 (in Russian).

Xu W., Yin W., Chen A., Li J., Lei G., Fu C. Phylogeographical analysis of a cold-temperate freshwater fish, the Amur sleeper (*Perccottus glennii*) in the Amur and Liaohe River basins of Northeast Asia. *Zoological Science*, 2014, vol. 31, no. 10, pp. 671–679. <https://doi.org/10.2108/zs130046>

Yadrenkina E. N. Distribution of alien fish species in lakes within the temperate climatic zone of Western Siberia. *Russian Journal of Biological Invasions*, 2012, vol. 3, iss. 2, pp. 145–157. <https://doi.org/10.1134/S2075111712020117>

Yang P., Hu Z., Liu Y., Jin G., Wang L. Mitochondrial genetic diversity and population structure of the Amur sleeper (*Perccottus glennii*) in Northeast China. *Pakistan Journal of Zoology*, 2020, vol. 52, iss. 4, pp. 1531–1539. <https://doi.org/10.17582/journal.pjz/20190528220510>

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА

Yeh F. C., Yang R., Boyle T. *Popgene. Version 1.31*. Edmonton, University of Alberta and Centre for International Forestry Research. 1999. Available at: http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html (accessed July 25, 2024).

Zhang Y., Sun J., Shi L., Yu H., Ji Z. Population genetic pattern of the freshwater fish Amur sleeper (*Perccottus glenii*) across its native distribution area in China. *Conservation Genetics*, 2021, vol. 22, iss. 1, pp. 125–131. <https://doi.org/10.1007/s10592-020-01323-0>

Zhigileva O. N., Alyamkin G. V. Genetic polymorphism of invasive populations of Amur sleeper *Perccottus glenii* (Perciformes: Odontobutidae) from the Irtysh basin determined by the sequencing of the *Cytb* gene region. *Russian Journal of Biological Invasions*, 2024, vol. 15, iss. 3, pp. 318–323. <https://doi.org/10.1134/S2075111724700206>

Zhigileva O. N., Kulikova A. A. Specific biological features and genetic variation of Chinese sleeper *Perccottus glenii* (Odontobutidae) in aquatic bodies of Tyumen oblast. *Journal of Ichthyology*, 2016, vol. 56, no. 1, pp. 124–132. <https://doi.org/10.1134/S0032945216010173>

Zietjiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 1994, vol. 20, no. 2, pp. 176–183.

Comparative characteristics of the genetic polymorphism of populations of Chinese sleeper *Perccottus glenii* (Perciformes, Odontobutidae) in the Volga and Irtysh basins

O. N. Zhigileva ^{1✉}, I. P. Kolesnikov ¹, A. I. Fayzulin ², M. V. Rubanova ²

¹ Tyumen State University

6 Volodarskogo St., Tyumen 625003, Russia

² Samara Federal Research Center of Russian Academy of Sciences,

Institute of Ecology of the Volga River Basin of Russian Academy of Sciences

10 Komzina St., Togliatti 445003, Russia

Received: April 17, 2024 / revised: December 15, 2024 / accepted: December 17, 2024 / published: July 24, 2025

Abstract. The level of genetic diversity and differentiation of populations of the Chinese sleeper *Perccottus glenii* from water bodies of the Volga and Irtysh basins was assessed based on ISSR markers. In the studied part of the Volga basin, the proportion of polymorphic loci (P) of the Chinese sleeper was 80.4%, genetic diversity (h) was 0.26. All studied populations of the Chinese sleeper from the Kuibyshev Reservoir area (Ulyanovsk, Samara region, Togliatti) were genetically weakly differentiated and originate from a single source of invasion. The polymorphism and genetic diversity of the Chinese sleeper in the Irtysh basin were higher than in the Volga region and amounted to: $P = 98.2\%$, $h = 0.33$. Genetic differentiation between the populations of the Ipkul Lake and the Tobol River (Tyumen region) was weakly expressed ($G_{ST} = 0.07$), the gene flow between them was significant, which indicates their recent divergence or the origin of one population from another. The genetic differentiation between the populations of Lake Berezovo (Kurgan region) and Lake Maloe Ploskoe (Kazakhstan) was high ($G_{ST} = 0.31$), which may indicate different sources of invasion of the Chinese sleeper in southern Siberia and northern Kazakhstan. Data on the higher polymorphism of the Chinese sleeper in the Irtysh River basin, as well as significant genetic differentiation between its populations in the Volga and Irtysh basins ($G_{ST} = 0.40$), only partially confirm the generally accepted hypothesis of the colonization of Siberia by the Chinese sleeper through the South Ural invasion corridor, indicating the presence of several heterogeneous invasion sources in the Ob–Irtysh basin.

Keywords: Chinese sleeper, biological invasions, polymorphism, DNA markers, entry routes

Funding: This work was performed with the support of the Government of the Tyumen Region within the framework of the project of the West Siberian Interregional Scientific and Educational Center (No. 89-DON (2)) and the State Theme of the Institute of Ecology of the Volga Basin of the Russian Academy of Sciences – branch of the Samara Scientific Center of the Russian Academy of Sciences (No. 1021060107212-5-1.6.20; 1.6.19 “Change, Sustainability and Conservation of Biological Diversity Under the Influence of Global Climate Change and Intensive Anthropogenic Load on the Ecosystems of the Volga Basin”).

Ethics approval and consent to participate: Animal protocols were approved by the Bioethics Commission of the Tyumen State University (protocol No. 14 dated September 9, 2024).

Conflict of interest: The authors have declared that no competing interests exist.

For citation: Zhigileva O. N., Kolesnikov I. P., Fayzulin A. I., Rubanova M. V. Comparative characteristics of the genetic polymorphism of populations of Chinese sleeper *Perccottus glenii* (Perciformes, Odontobutidae) in the Volga and Irtysh basins. *Povolzhskiy Journal of Ecology*, 2025, no. 2, pp. 153–164 (in Russian). <https://doi.org/10.35885/1684-7318-2025-2-153-164>

✉ Corresponding author. Department of Ecology and Genetics of the Institute of Biology, Tyumen State University, Russia.

ORCID and e-mail addresses: Oksana N. Zhigileva: <https://orcid.org/0000-0002-3782-3014>, zhigileva@mail.ru; Ilya P. Kolesnikov: <https://orcid.org/0009-0008-7574-2734>, ilfik12.29_1999@mail.ru; Alexander I. Fayzulin: <https://orcid.org/0000-0002-2595-7453>, alexandr-fayzulin@yandex.ru; Marina V. Rubanova: <https://orcid.org/0000-0001-9932-6227>, rubanova-ievb@mail.ru.