

**Генетическое разнообразие древней и современной стерляди (*Acipenser ruthenus*) в бассейне Волги**

**Научный руководитель – Трифонов Владимир Александрович**

***Побединцева Мария Алексеевна***

*Студент (магистр)*

Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения РАН,  
Новосибирск, Россия

*E-mail: tarob@mcb.nsc.ru*

Осетровые (*Acipenseridae*) - семейство, занимающее особое положение на филогенетическом древе Лучеперых рыб. Оно включает 25 современных видов, 12 из которых распространены на территории России. Центром происхождения осетровых считается Понто-Каспийский регион, что, вероятно, является причиной большого разнообразия осетровых в бассейне р. Волга - в настоящий момент там обитает 6 видов. Все они являются уязвимыми по отношению к факторам климатического и антропогенного характера, а их численность сокращается в результате промысла, в том числе, незаконного.

Большое количество археоихтиологических находок, полученных при раскопках археологических памятников позднего голоцена с территории бассейна р. Волга, говорят о том, что осетровые являются важным промысловым видом на протяжении столетий. Один из видов, который широко представлен в собранных коллекциях - стерлядь (*A. ruthenus*).

Современные методы молекулярной биологии позволяют по-новому взглянуть на археологические и палеонтологические образцы. Палеогенетика дает возможность восстановить геномы древних представителей различных видов позвоночных и отследить формирование структуры современных популяций.

С целью оценить гаплотипическое разнообразие стерляди позднего голоцена в Волге, нами была выделена ДНК из костных остатков, полученных из различных археологических памятников, датированных VI-XV веками. Вследствие высокой фрагментации выделяемой ДНК, необходимо амплифицировать короткие перекрывающиеся фрагменты для полного покрытия интересующего региона. Использование системы вложенных праймеров помогает уменьшить контаминацию экзогенной ДНК. Секвенирование по Сэнгеру полученных ПЦР-продуктов позволило получить последовательность участка контрольного района митохондриальной ДНК. Проведенный филогенетический анализ и сравнение с последовательностями современных представителей стерляди из бассейна Волги показали, что образцы имеют уникальные замены и высокое разнообразие гаплотипов, но относятся к гаплогруппам характерным для современных каспийских популяций. В современных популяциях ранее нами было отмечено более низкое гаплотипическое разнообразие.

Наши данные свидетельствуют о том, что популяции стерляди в Каспийском бассейне прошли через бутылочное горлышко, связанное с интенсивным выловом и строительством плотин в XX веке.

Работа поддержана грантом РФФИ № 18-44-04007.