

<https://www.doi.org/10.33910/2686-9519-2026-18-2-522-534><https://www.zoobank.org/References/C0C41D47-4185-45C6-A9C1-7044B122D164>

УДК 597.553.2(282.256.35)

Генетическая характеристика популяций нельмы *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) рек Западной Сибири

О. Н. Жигилева^{1,2✉}, В. Е. Куницкая², Г. И. Волосников³¹ Тюменский государственный университет, ул. Володарского, д. 6, 625003, г. Тюмень, Россия² Тюменский филиал Всероссийского научно-исследовательского института рыболовства и океанографии («Госрыбцентр»), ул. Одесская, д. 33, 625023, г. Тюмень, Россия³ Тобольская комплексная научная станция УрО РАН, ул. академика Юрия Осипова, д. 15, 626150, г. Тобольск, Россия

Сведения об авторах

Жигилева Оксана Николаевна

E-mail: zhigileva@mail.ru

SPIN-код: 3704-2521

Scopus Author ID: 36697517200

ResearcherID: C-8142-2014

ORCID: 0000-0002-3782-3014

Куницкая Вероника Евгеньевна

E-mail: vek_mgn@mail.ru

Волосников Глеб Игоревич

E-mail: g-volosnikov@mail.ru

SPIN-код: 3773-4124

Scopus Author ID: 57298875300

ORCID: 0000-0001-9149-2001

Аннотация. Представлены первые данные о генетическом полиморфизме популяций нельмы *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) из рек Обь, Иртыш и Таз Западной Сибири, Россия. Всего было изучено 54 экземпляра нельмы из четырех мест отлова с использованием 33 маркеров межмикросателлитных последовательностей. У нельмы из природных популяций рек Западной Сибири доля полиморфных локусов (P) составила 30–45 %, генетическое разнообразие (h) варьировало в пределах от 0.12 до 0.21. Показатели генетического полиморфизма в популяции нельмы реки Иртыш были в 1.5 раза выше по сравнению с популяциями рек Обь и Таз. Популяции нельмы из рек Иртыш и Обь генетически были ближе друг к другу, чем к популяции реки Таз. Генетическая дифференциация нельмы изученной части ареала хорошо выражена ($G_{st} = 0.235$), на межпопуляционную составляющую приходится 24 % генетического разнообразия, поток генов незначительный ($Nm = 1.622$). Генетические данные подтверждают выделение двух популяционных группировок нельмы — северной (р. Таз) и южной (р. Иртыш). Полученные данные о генетическом полиморфизме и дифференциации популяций нельмы из рек Западной Сибири могут быть полезны для принятия научно обоснованных решений по восстановлению и рациональному использованию запасов этого ценного вида сиговых рыб.

Права: © Авторы (2026). Опубликовано Российским государственным педагогическим университетом им. А. И. Герцена. Открытый доступ на условиях лицензии CC BY-NC 4.0.

Ключевые слова: нельма, генетический полиморфизм, дифференциация популяций, ISSR-маркеры, река Таз, река Обь, река Иртыш, Западная Сибирь

Genetic characteristics of populations of inconnu *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) from rivers of Western Siberia

O. N. Zhigileva^{1, 2✉}, V. E. Kunitskaya², G. I. Volosnikov³

¹Tyumen State University, 6 Volodarskogo Str., 625003, Tyumen, Russia

²Tyumen Branch of the Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography ('Gosrybcenter'), 33 Odesskaya Str., 625023, Tyumen, Russia

³Tobolsk Complex Scientific Station, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 15 Akademika Yuria Osipova Str., 626150, Tobolsk, Russia

Authors

Oksana N. Zhigileva

E-mail: zhigileva@mail.ru

SPIN: 3704-2521

Scopus Author ID: 36697517200

ResearcherID: C-8142-2014

ORCID: 0000-0002-3782-3014

Veronika E. Kunitskaya

E-mail: vek_mgn@mail.ru

Gleb I. Volosnikov

E-mail: g-volosnikov@mail.ru

SPIN: 3773-4124

Scopus Author ID: 57298875300

ORCID: 0000-0001-9149-2001

Copyright: © The Authors (2026).
Published by Herzen State Pedagogical
University of Russia. Open access under
CC BY-NC License 4.0.

Abstract. This article presents the first data on genetic polymorphism of inconnu *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) populations in the Ob, Irtysh, and Taz rivers of Western Siberia, Russia. A total of 54 inconnu specimens from four localities were studied using 33 inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. In natural populations of inconnu from Western Siberian rivers, the proportion of polymorphic loci (P) ranged from 30 to 45 %, and genetic diversity (h) varied from 0.12 to 0.21. Genetic diversity was 1.5 times higher in the Irtysh River inconnu populations than in those of the Ob and Taz rivers. The inconnu populations of the Irtysh and Ob rivers were genetically closer to each other than to the population of the Taz River. Genetic differentiation among inconnu in the studied portion of their range was well defined ($G_{st} = 0.235$); interpopulation diversity accounted for 24 % of the genetic diversity, while gene flow was low ($N_m = 1.622$). Genetic data confirm the distinction of two inconnu population: northern (Taz River) and southern (Irtysh River). The data on genetic polymorphism and differentiation of inconnu populations from the rivers of Western Siberia can inform scientifically based decisions regarding the restoration and rational management of stocks of this valuable whitefish species.

Keywords: inconnu, genetic polymorphism, population differentiation, ISSR markers, Taz River, Ob River, Irtysh River, Western Siberia

Введение

Сиговые рыбы — ценные объекты промысла и аквакультуры. Из-за высокого промыслового давления, а также загрязнения воды и изменения климата природные популяции многих видов сиговых рыб сокращаются (Богданов 2015; Бухардинова 2022а; Шилин 2022). Это приводит к потере их коммерческой ценности и необходимости разработки программ по восстановлению естественных популяций. Для предотвращения потери рыбных ресурсов региональные программы должны учитывать популяционную структуру и дифференциацию промысловых видов. Для многих видов сиговых рыб с их высокой морфоэкологической пластичностью, нередко вызывающей споры даже в отношении их таксономического положения (Боровикова, Махров 2009), вопросы популяционной структуры остаются относительно малоизученными.

Нельма *Stenodus leucichthys* (Pallas, 1773) является наиболее дивергировавшим так-

соном в семействе Coregonidae (Politov 2017). Вид представлен двумя подвидами — эндемичным каспийским *Stenodus leucichthys leucichthys* и арктическим *Stenodus leucichthys nelma*. *S. l. leucichthys* уже занесен в Красную книгу как вымерший в дикой природе — EW (Чакалтан 2012; Шилин 2022). При этом *S. l. nelma* является ценным промысловым видом в некоторых частях своего ареала и экономически важным видом для холодноводной аквакультуры (Kondakova et al. 2023). В последние десятилетия численность природных популяций нельмы резко сократилась, и ее промысел в бассейнах сибирских рек (Анадырь, Обь, Иртыш, Енисей) в настоящее время ограничен (Шестаков 2005; Кассал 2019; Заделёнов, Дербинева 2020).

Несмотря на угрозу исчезновения, о популяционно-генетической структуре и дифференциации этого вида до сих пор известно очень мало. Ряд работ был посвящен разработке молекулярно-генетических маркеров для уточнения филогении

и идентификации нельмы наряду с другими видами сиговых рыб (Politov et al. 2000; Schlei et al. 2008; Боровикова 2016; Norreo 2017). Генетический полиморфизм природных популяций нельмы изучен в неарктической части ее ареала — в бассейнах рек Кобук, Селавик и Юкон (западная Аляска) (Miller et al. 1998; Brown et al. 2025), в озере Грейт Слейв (северо-запад Канады) (Wiens et al. 2021). Авторы в основном использовали микросателлитные локусы и рестрикционный анализ мтДНК. В России генетический полиморфизм нельмы изучала Т. С. Голованова (Голованова 2005), которая описала аллозимную изменчивость каспийского и арктического подвигов для решения вопросов искусственного воспроизводства вида. О. М. Исаева с соавторами (Исаева и др. 2015) также применили аллозимные маркеры для изучения популяционно-генетической структуры нельмы реки Енисей, Восточная Сибирь. Данные о генетическом полиморфизме и дифференциации природных популяций нельмы в Обь-Иртышском бассейне до настоящего времени отсутствовали.

Цель настоящего исследования — изучение популяционно-генетической структуры нельмы в реках Западной Сибири.

Материалы и методы

Материалом для исследования послужили особи нельмы из трех рек Западной Сибири. Образцы нельмы из рек Иртыш и Таз добыты в научно-контрольных целях. Рыбы из реки Обь были изъяты госконтролем и предоставлены для экспертизы органом Федерального государственного контроля (надзора) в области рыболовства

и сохранения водных биоресурсов. Всего было изучено 54 особи нельмы из четырех мест отлова (табл. 1).

Материал для генетического анализа был представлен фрагментами плазминок, которые были зафиксированы в 96%-ном этаноле и хранились при температуре $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$. Геномную ДНК выделяли методом щелочного лизиса (Bender et al. 1983).

Для генотипирования использовался метод полимеразной цепной реакции последовательностей, ограниченных простыми повторами (Inter-Simple Sequence Repeat, ISSR) (Zietkiewicz et al. 1994). Амплификацию проводили в объеме 25 мкл, содержащем 1X реакционный буфер (0.01 М Трис-НСl, 0.05 М КCl, 0.1 % Тритон X-100), 4 мМ MgCl₂, 0.2 мМ dNTP, 2.5 мкМ праймера, 0.2 ед·мкл⁻¹ Taq-полимеразы и приблизительно 50 нг ДНК. Условия термоциклирования включали начальный этап денатурации при 95 °С в течение 7 мин, за которым следовали 40 циклов денатурации при 95 °С в течение 30 с, отжига при 52 °С в течение 30 с, элонгации при 72 °С в течение 2 мин, с заключительным этапом элонгации при 72 °С в течение 7 мин. Амплификацию проводили с использованием трех ISSR-праймеров (табл. 2).

Амплифицированные продукты разделяли методом электрофореза в 7%-ном полиакриламидном геле с использованием 1X Трис-ЭДТА-боратного буфера. Гели окрашивали бромидом этидия. Полосы визуализировали под УФ-светом с помощью гель-документирующей системы VersaDoc (Bio-Rad).

Популяционно-генетические характеристики, включая частоту аллелей, долю полиморфных локусов (*P*), генетическое разноо-

Характеристика выборок нельмы
Characteristics of inconnu samples

Таблица 1

Table 1

№	Река, место отлова	Год	Количество особей
1	Таз, 105 км	2023	5
2	Обь, Октябрьский р-н	2022	10
3	Иртыш, Уватский р-н	2022	31
4	Иртыш, Вагайский р-н	2022	8

Таблица 2

Характеристика ISSR-маркеров нельмы

Table 2

Characteristics of ISSR markers in inconnu

Праймер	Последовательность	Обозначение	Количество ампликонов (в т. ч. полиморфных)
UBC-808	5'-(AG) ₈ C-3'	P1	8 (5)
UBC-807	5'-(AG) ₈ T-3'	P3	13 (7)
UBC-818	5'-(CA) ₈ G-3'	P4	12 (11)
Всего			33 (23)

бразие (h), наблюдаемое (n_a) и эффективное число аллелей (n_e), генетические расстояния Нея (D), показатели генетической дифференциации (Ht , Hs , Gst) и поток генов (Nm), рассчитывали с помощью программы POPGEN (Yeh et al. 1999). Дендрограмму строили методом UPGMA с использованием этой же программы. Различия частот ампликонов между выборками оценивали по критерию χ^2 . Анализ молекулярной вариации (AMOVA) проводили в программе GENALEX 6.1 (Peakall, Smouse 2006). Для изучения генетической структуры использовали метод кластеризации, реализованный в STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al. 2000). Анализ в STRUCTURE проводился с использованием модели смешанного происхождения, коррелированных частот аллелей и априорной информации о популяции. Тестирование проведено при K от 1 до 4 с использованием 100 000 шагов для «выжигания» данных, а затем 1 000 000 поколений метода Монте-Карло с марковскими цепями (Markov Chain Monte Carlo, MCMC).

Результаты

Всего с использованием трех видов праймеров было сгенерировано 33 ампликона, 23 из которых были полиморфны. Наиболее полиморфные ISSR-паттерны получены с использованием праймера P4 (табл. 2). Доля полиморфных локусов варьировала в разных популяциях нельмы от 30 до 45 %, генетическое разнообразие — в пределах 0.12–0.21. Более высокие показатели генетического полиморфизма выявлены у нельмы из реки Иртыш. В выборках нельмы из рек Таз и Обь генетическое разнообразие было в 1.5 раза ниже (табл. 3).

Десять ампликонов (P1-2, P1-3, P1-4, P3-1, P3-4, P3-5, P3-8, P3-9, P3-10, P4-9) были мономорфны и единообразны во всех изученных выборках нельмы. Выявлена клинальная изменчивость — постепенное нарастание частоты P1-5 в направлении с севера на юг с 0.225 в р. Таз до 1.000 в реке Иртыш (Вагайский район). Выборки из реки Иртыш также отличались от других более низкой частотой ампликонов P4-3 и

Таблица 3

Показатели генетического полиморфизма нельмы

Table 3

Polymorphism indicators for inconnu

Река, место отлова	P , %	h	n_a	n_e
Таз	33.33	0.13	1.33	1.23
Обь	30.30	0.12	1.30	1.22
Иртыш, Уватский р-н	45.45	0.18	1.45	1.31
Иртыш, Вагайский р-н	45.45	0.18	1.45	1.33
Всего	60.61	0.20	1.60	1.34

Примечание: P — доля полиморфных локусов; h — генетическое разнообразие; n_a — наблюдаемое число аллелей; n_e — эффективное число аллелей.

Note: P — proportion of polymorphic loci; h — genetic diversity; n_a — observed number of alleles; n_e — effective number of alleles.

Таблица 4

Частоты ISSR-ампликонов в выборках нельмы из разных мест отлова

Table 4

ISSR amplicon frequencies in inconnu samples from different localities

Ампликон	Таз	Обь	Иртыш, Уватский р-н	Иртыш, Вагайский р-н
P1-1	0.553	0.553	0.432	0.293
P1-2	1.000	1.000	1.000	1.000
P1-3	1.000	1.000	1.000	1.000
P1-4	1.000	1.000	1.000	1.000
P1-5	0.225	0.684	0.689*	1.000**
P1-6	1.000	1.000	1.000	1.000
P1-7	0.225	0.452	0.304	0.087
P1-8	1.000	1.000	1.000	1.000
P3-1	1.000	1.000	1.000	1.000
P3-2	0.553	0.051*▲▲▲	1.000***	0.592▲▲▲■■■
P3-3	0.000	0.000	0.000	0.087
P3-4	1.000	1.000	1.000	1.000
P3-5	1.000	1.000	1.000	1.000
P3-6	1.000	0.368*	0.598	0.293*
P3-7	0.000	0.000▲▲▲	0.560*	0.293
P3-8	1.000	1.000	1.000	1.000
P3-9	1.000	1.000	1.000	1.000
P3-10	1.000	1.000	1.000	1.000
P3-11	1.000	1.000	0.746	0.592■
P3-12	1.000	1.000	0.820	0.423*▲■■
P3-13	0.106	0.293▲▲▲	0.820***	0.592
P4-1	0.553	0.684	0.820	1.000
P4-2	1.000	1.000	1.000	1.000
P4-3	1.000	1.000▲	0.641	0.592■
P4-4	1.000	1.000	1.000	0.592▲▲▲■
P4-5	0.553	0.684	0.598	0.423
P4-6	1.000	1.000▲	0.598	0.592■
P4-7	0.106	0.553	0.746**	0.423
P4-8	1.000	1.000	0.820	1.000
P4-9	1.000	1.000	1.000	1.000
P4-10	0.553	1.000*	1.000***	1.000
P4-11	0.368	1.000**	1.000***	1.000*
P4-12	0.106	0.163	0.139	0.087

Примечание: различия статистически значимы * по сравнению с выборкой р. Таз (p < 0.05), ** (p < 0.005), *** (p < 0.001); ■ по сравнению с выборкой р. Обь (p < 0.05), ■■ (p < 0.005), ■■■ (p < 0.001); ▲ по сравнению с выборкой р. Иртыш Уватского р-на (p < 0.05), ▲▲ (p < 0.005), ▲▲▲ (p < 0.001).

Note: * differences are statistically significant compared to the Taz River sample (p < 0.05), ** p < 0.005, *** p < 0.001; ■ compared to the Ob River sample (p < 0.05), ■■ p < 0.005, ■■■ p < 0.001; ▲ compared to the Irtysh River sample from Uvatsky District (p < 0.05), ▲▲ p < 0.005, ▲▲▲ p < 0.001.

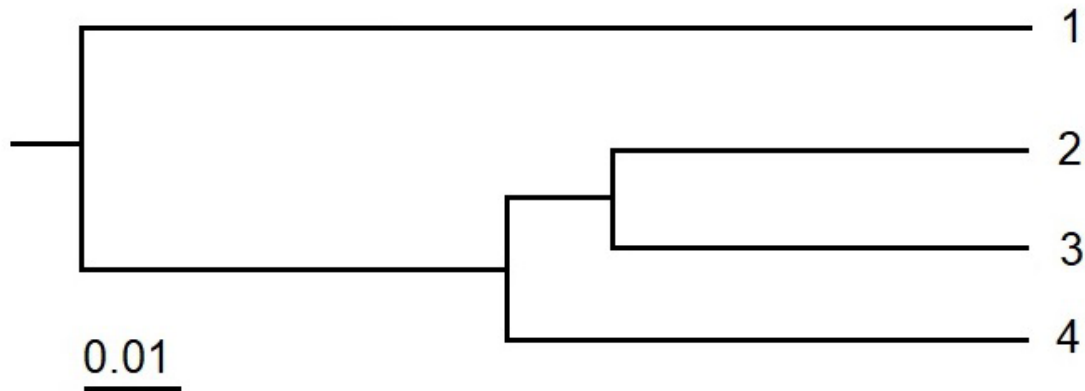


Рис. 1. Дендрограмма генетических дистанций нельмы из разных мест отлова: 1 — р. Таз; 2 — р. Обь (нижнее течение); 3 — р. Иртыш (Уватский р-н); 4 — р. Иртыш (Вагайский р-н)

Fig. 1. Dendrogram of genetic distances among inconnu from different localities: 1 — Taz River; 2 — Ob River (lower reaches); 3 — Irtys River (Uvatsky District); 4 — Irtys River (Vagaysky District)

Р4-6. Только у нельмы реки Иртыш встречались ампликоны РЗ-7 и РЗ-3 (табл. 4).

На дендрограмме выборки нельмы сформировали два кластера, в один из которых вошла выборка нельмы из реки Таз, во второй — из рек Обь и Иртыш (рис. 1). Генетические дистанции между выборками нельмы Оби и Иртыша ($D = 0.0485-0.0760$) были в 2 раза меньше по сравнению с таковыми р. Таз (табл. 5).

Анализ молекулярной вариации (АМО-VA) показал, что большая часть генетического разнообразия нельмы сосредоточена на внутривидовом уровне: внутривидовое разнообразие составило 76 %, межвидовое — 24 %. Генетическое разнообразие индивидов относительно общей выборки составило $H_t = 0.200$ и было выше, чем разнообразие отдельных выборок из разных мест отлова ($H_s = 0.153$).

Генетическая дифференциация нельмы изученной части ареала хорошо выражена ($G_{st} = 0.235$), поток генов незначительный ($N_m = 1.622$). Анализ популяционной принадлежности особей при $K = 2$ подтвердил выделение двух группировок, одна из которых соответствует выборке из реки Таз, вторая — из рек Обь и Иртыш (рис. 2).

Обсуждение

Доля полиморфных локусов в изученных нами популяциях нельмы составила 30–45 %, генетическое разнообразие варьировало в пределах 0.12–0.21. Это довольно низкие показатели для данного типа генетических маркеров и в сравнении со значениями этих параметров у других видов сиговых рыб, оценка генетического полиморфизма которых проводилась на основе сопоставимого набора генетических марке-

Таблица 5
Генетические дистанции между популяциями нельмы из разных мест отлова
Table 5
Genetic distances between inconnu populations from different localities

Место отлова	Таз	Обь	Иртыш, Уватский р-н
Обь	0.0638	—	
Иртыш, Уватский р-н	0.1101	0.0760	—
Иртыш, Вагайский р-н	0.1144	0.0485	0.0501

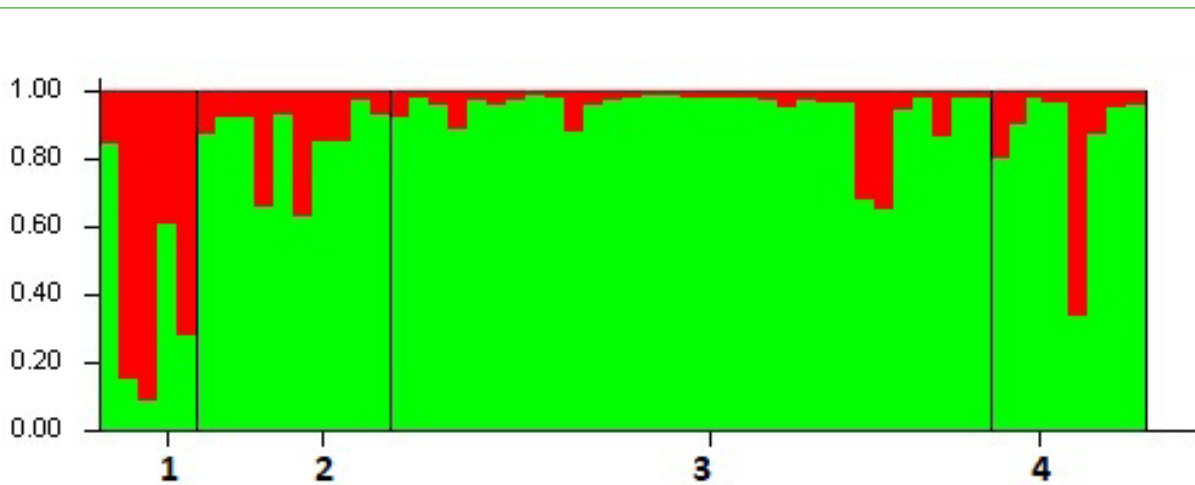


Рис. 2. Гистограмма, отражающая долю индивидуального происхождения при $K = 2$ в популяциях нельмы: 1 — р. Таз; 2 — р. Обь (нижнее течение); 3 — р. Иртыш (Уватский р-н); 4 — р. Иртыш (Вагайский р-н)

Fig. 2. Histogram of the proportion of individual origin at $K = 2$ in inconnu populations: 1 — Taz River; 2 — Ob River (lower reaches); 3 — Irtys River (Uvatsky District); 4 — Irtys River (Vagaysky District)

ров. Так, у пеляди *Coregonus peled* Gmelin, 1789 из рек Северная Сосьва, Обь и Таз доля полиморфных локусов составила 62–89 %, генетическое разнообразие — 0.23–0.36; у сига-пыжьяна *Coregonus lavaretus pidschian* Gmelin, 1788 из тех же мест отлова $P = 28–80$ %, $h = 0.10–0.33$; у тугуна *Coregonus tugun* Pallas, 1814 из рек Ляпин и Северная Сосьва $P = 71–85$ % и $h = 0.25–0.29$; у сибирской ряпушки *Coregonus sardinella* Valenciennes, 1848 из реки Мессо-Яха $P = 88$ % и $h = 0.37$ (Жигилева и др. 2024).

Низкий уровень полиморфизма нельмы, выявленный в наших исследованиях, не согласуется в целом с высоким генетическим полиморфизмом, характерным для сиговых рыб с их обширными ареалами и высокой экологической пластичностью. Снижение показателей полиморфизма может быть обусловлено критическим снижением эффективной численности и может рассматриваться как индикатор неблагоприятного состояния природных популяций, влекущий за собой потерю фенотипической, экологической и эволюционной пластичности и предшествующий вымиранию вида (Hellmair, Kinziger 2014).

Из трех изученных природных популяций более низкие показатели генетическо-

го полиморфизма выявлены у нельмы из рек Обь и Таз, где они были в 1.5 раза ниже по сравнению с популяцией реки Иртыш. Эта популяция сохранила наибольший уровень генетического разнообразия и может рассматриваться как источник генетических ресурсов вида с целью искусственного воспроизводства.

При искусственном воспроизводстве, как показано на примере других представителей сиговых рыб, сохраняется высокий генетический полиморфизм на ранних стадиях онтогенеза (Жигилева и др. 2021; Похазникова и др. 2024). Так, у половозрелых особей чира *Coregonus nasus* Pallas, 1776 из природных популяций показатели полиморфизма средние: $P = 52–58$ %, $h = 0.21–0.25$, в то время как в аквакультуре на ранних стадиях онтогенеза (эмбрионы, личинки) полиморфизм достигает 100 %, генетическое разнообразие — до 0.47 (Selyukov et al. 2023). Сходные высокие показатели полиморфизма ($P = 80–100$ %, $h = 0.44$) выявлены и у искусственно инкубируемых эмбрионов муксуна *Coregonus muksun* Pallas, 1814, полученных от диких производителей из рек Обь и Сосьва. По мере прохождения стадий онтогенеза полиморфизм снижается, причем в разной степени у разных видов

сиговых рыб (Жигилева и др. 2022). В связи с этим представляет интерес изучение динамики генетического полиморфизма нельмы на разных стадиях онтогенеза при искусственном воспроизводстве вида.

Популяции нельмы из рек Иртыш и Обь генетически ближе друг к другу, чем к популяции реки Таз (рис. 1). Согласно литературным данным (Кассал 2019), в реках Обь-Иртышского бассейна обитают особи нельмы полупроходной и туводной речной форм популяции Средней и Нижней Оби и Иртыша. Отношения между этими формами до сих пор не выяснены. Как показали исследования в «соседнем» бассейне реки Енисей, где также ранее предполагалось наличие проходной и жилой форм, популяционная структура нельмы оказалась более сложной. В настоящее время установлено, что в бассейне Енисея обитают как минимум три популяции, отличающиеся морфологически, генетически и сроками нереста (Исаева и др. 2015; Заделёнов, Дербинева 2020). Очевидно, наличие более сложной популяционной структуры справедливо и для нельмы Обь-Иртышского бассейна. По нашим данным, наблюдаются отчетливые генетические различия между более северными (р. Таз) и южными (рр. Обь, Иртыш) выборками нельмы. Ограниченный поток генов между ними может быть обусловлен разными местами и сроками нереста в связи со значительной протяженностью бассейна в широтном направлении. При этом полной репродуктивной изоляции не наблюдается и происхождение отдельных особей соответствует другим изученным популяциям (рис. 2). Доля особей с повышенной склонностью к протяженным миграциям является адаптацией нельмы к нестабильным условиям воспроизводства в северных реках и варьирует в популяциях, находящихся на разном расстоянии от Северного Ледовитого океана (Brown et al. 2025).

Выборка тазовской нельмы располагается обособленно на дендрограмме. Этот «северный» кластер, по-видимому, соответствует низовой полупроходной форме нельмы Обь-Тазовского бассейна. Отсутствие

выраженной генетической дифференциации между выборками рек Таз и низовьев Оби выявлено нами также при изучении другого вида сиговых рыб — сига-пыжьяна *C. l. pidschian*, в то время как у пеляди *C. peled* наблюдалась генетическая дифференциация тазовской, нижнеобской и северососьвинской популяций (Жигилева и др. 2024).

Особь нельмы, отловленная на участке рек Обь — Нижний Иртыш, формирует отдельный кластер на дендрограмме и статистически значимо отличается от тазовской группировки нельмы по частотам большинства (17 из 23) полиморфных локусов. Этот «южный» кластер может соответствовать речной форме Средней Оби и Иртыша, нерест которой проходит в реке Иртыш в конце сентября — начале октября, перед ледоставом, при температуре воды 3–8 °С (Кассал 2019).

Наличие стабильной временной и пространственной популяционной структуры, соответствующей модели изоляции расстоянием, было показано у нельмы нижнего и верхнего течения реки Маккензи и прилежащих озер в Канаде (Wiens et al. 2021). Исследование нельмы бассейна реки Юкон от ее истоков в Канаде до устья в Беринговом море на западе Аляски в США с использованием генетических маркеров также показало наличие двух основных групп, разделенных расстоянием от места нереста до моря. Путем химического анализа отолитов выявлена различная степень склонности к анадромному нересту среди популяций на расстоянии до 1700 км от моря, включая особей, которые ежегодно мигрируют между соленой и пресной водой, и тех, которые остаются в пресной воде на протяжении всей жизни (Brown et al. 2025). На Аляске в реках Кобук и Селавик нельма также формирует отдельные популяции, между которыми отсутствует поток генов (Miller et al. 1998).

Таким образом, несмотря на устоявшееся мнение о способности полупроходной нельмы к протяженным, тысячекилометровым миграциям (Кассал 2019; Бухардинова 2022b), смешивания разных популяционных группировок нельмы, по-видимому, не

наблюдается, и для этого вида характерно формирование выраженной популяционной структуры. Помимо этого, не все особи нельмы, участвующие в нерестовой, нагульной или покатной миграции, возвращаются в Обскую и Тазовскую губу. А учитывая тот факт, что для нельмы характерны пропуски нереста, популяционно-генетическая структура вида может быть еще более сложной, затрагивающей не только пространственный, но и временной аспекты.

Для понимания популяционной структуры нельмы рек Сибири требуются углубленные комплексные исследования на выборках смежных лет не только с использованием генетических маркеров, но и с привлечением данных по морфологии, биологии и физиологии этого уникального и ценного вида рыб.

Заключение

Выявлен относительно низкий уровень генетического полиморфизма в природных популяциях нельмы рек Западной Сибири, вероятно, характерный для данного вида и свидетельствующий о его уязвимости и необходимости сохранения его генетических ресурсов. Более низкие показатели полиморфизма выявлены у нельмы рек Таз и Обь; в реке Иртыш генетическое разнообразие было в 1.5 раза выше. По генетическим данным выделяются две популяционные группировки нельмы: «низовая» (северная) в реке Таз, и в средней части Обь-Иртышского бассейна — на участке от Оби (Октябрьский район) до Среднего Иртыша. Для нельмы Обь-Иртышского бассейна характерно формирование популяционно-генетической структуры, обусловленной удаленностью от моря, сходной с таковой в других частях ареала вида.

Данные о полиморфизме и подразделенности популяций нельмы необходимо учитывать при планировании искусственного воспроизводства ее запасов.

Благодарности

Выражаем благодарность за помощь в сборе материала А. Г. Селюкову (Тюменский государственный университет) и П. А. Кочеткову (Тюменский филиал ВНИРО, «Госрыбцентр»).

Acknowledgements

We would like to express our gratitude to A. G. Selyukov (Tyumen State University) and P. A. Kochetkov (Tyumen Branch of Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography, "Gosrybcenter") for his assistance in collecting the material.

Финансирование

Исследование было выполнено при поддержке Правительства Тюменской области в рамках проекта Западно-Сибирского межрегионального научно-образовательного центра № 89-ДОН (2); ГЗ Закономерности распределения и миграции рыб в лотических и лимнических водных объектах Обь-Иртышского бассейна FUUM-2025-0004 1022040700418-3-1.6.21.

Funding

The study was carried out 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); State Assignment Patterns of distribution and migration of fish in lotic and limnic water bodies of the Ob-Irtysh basin FUUM-2025-0004 1022040700418-3-1.6.21.

Литература

- Богданов, В. (2015) Современное состояние и проблемы восстановления ресурсов сиговых рыб нижней Оби. *Экология Сибири и Урала*, № 1, с. 22–26.
- Боровикова, Е. А. (2016) Молекулярно-генетические исследования в решении проблем филогении и филогеографии сиговых рыб (Coregonidae). *Труды Института биологии внутренних вод им. И. Д. Папанина РАН*, вып. 73 (76), с. 46–63. <https://doi.org/10.24411/0320-3557-2016-10004>
- Боровикова, Е. А., Махров, А. А. (2009) Систематическое положение и происхождение сигов (Coregonus, Coregonidae, Osteichthyes) Европы. Генетический подход. *Успехи современной биологии*, т. 129, № 1, с. 58–66.

- Бухардинова, М. В. (2022а) Обзор данных по биологии нельмы *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773). *Вестник Астраханского государственного технического университета. Серия: Рыбное хозяйство*, № 4, с. 90–102. <https://doi.org/10.24143/2073-5529-2022-4-90-102>
- Бухардинова, М. В. (2022б) Распространение и миграционный цикл нельмы *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773). *Вестник Астраханского государственного технического университета*, № 1 (73), с. 16–24. <https://doi.org/10.24143/1812-9498-2022-1-16-24>
- Голованова, Т. С. (2005) Анализ генетической изменчивости белорыбицы и нельмы *Stenodus leucichthys* (Güldenstädt, 1772) в связи с задачами искусственного воспроизводства. Автореферат диссертации на соискание степени кандидата биологических наук. М., ВНИРО, 24 с.
- Жигилева, О. Н., Мельничук, А. Д., Могильникова, Е. Н. и др. (2024) Пространственно-временная динамика показателей генетического полиморфизма рыб Обь-Иртышского бассейна. В кн.: Д. В. Тихоненков (ред.). *Биоразнообразие и экология популяций и сообществ водных и околводных организмов бассейна Средней и Нижней Оби*. Волгоград: Перископ-Волга, с. 220–282.
- Жигилева, О. Н., Селюков, А. Г., Алексеева, Е. А., Похазникова, А. А. (2022) Изменение показателей генетического полиморфизма сиговых рыб при искусственном воспроизводстве. В кн.: *Изучение водных и наземных экосистем: история и современность. Тезисы докладов II Международной научно-практической конференции*. Севастополь: Институт биологии южных морей имени А. О. Ковалевского РАН, с. 265–266.
- Жигилева, О. Н., Селюков, А. Г., Мельничук, А. Д., Матасова, Д. А. (2021) Мониторинг и сохранение генетического полиморфизма сиговых рыб при искусственном воспроизводстве. В кн.: *Перспективные технологии аквакультуры: материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием*. М.: Перо, с. 51–57.
- Заделёнов, В. А., Дербинева, Е. В. (2020) Нельма *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) (Salmoniformes, Coregonidae) реки Енисей: структура популяции, промысел, воспроизводство. *Вопросы рыболовства*, т. 21, № 2, с. 156–168. <https://doi.org/10.36038/0234-2774-2020-21-2-156-168>
- Исаева, О. М., Заделёнов, В. А., Политов, Д. В. (2015) Популяционная изменчивость нельмы р. Енисей. В кн.: С. Л. Рудакова (ред.). *Современное состояние и методы изучения экосистем внутренних водоемов: сборник материалов I Всероссийской научной конференции, посвященной 100-летию со дня рождения Игоря Ивановича Куренкова*. Петропавловск-Камчатский: КамчатНИРО, с. 157–161.
- Кассал, Б. Ю. (2019) Росто-весовая характеристика нельмы *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) из реки Иртыш. *Байкальский зоологический журнал*, № 3 (26), с. 64–69.
- Похазникова, А. А., Жигилева, О. Н., Селюков, А. Г., Айтмухамбетова, И. Р. (2024) Оценка генетического разнообразия чира *Coregonus nasus* при искусственном выращивании молоди. *АПК: Инновационные технологии*, № 1 (64), с. 60–70.
- Чакалтана, Д. А. (2012) Современное состояние запасов белорыбицы в Волго-Каспийском бассейне. *Вестник КазНУ. Серия экологическая*, т. 33, № 1, с. 136–139.
- Шестаков, А. В. (2005) Материалы по биологии нельмы (*Stenodus leucichthys nelma*) среднего течения реки Анадырь. *Чтения памяти Владимира Яковлевича Леванидова*, вып. 3, с. 552–556.
- Шилин, Н. И. (2022) Современное состояние белорыбицы *Stenodus leucichthys leucichthys* и проблемы её искусственного воспроизводства. *Охрана окружающей среды и заповедное дело*, № 2, с. 21–25.
- Bender, W., Spierer, P., Hogness, D. S., Chambon, P. (1983) Chromosomal walking and jumping to isolate DNA from the *Ace* and *rosy* loci and the bithorax complex in *Drosophila melanogaster*. *Journal of Molecular Biology*, vol. 168, no. 1, pp. 17–33. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(83\)80320-9](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(83)80320-9)
- Brown, R. J., Drew, K. A., Olsen, J. B. (2025) Yukon River Inconnu: Biology, distribution, and migration. *Transactions of the American Fisheries Society*, vol. 154, no. 5, pp. 505–522. <https://doi.org/10.1093/tafafs/vnaf026>
- Hellmair, M., Kinziger, A. P. (2014) Increased extinction potential of insular fish populations with reduced life history variation and low genetic diversity. *PLoS One*, vol. 9, no. 11, article e113139. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0113139>
- Horreo, J. L. (2017) Revisiting the mitogenomic phylogeny of Salmoninae: New insights thanks to recent sequencing advances. *PeerJ*, vol. 5, article e3828. <https://doi.org/10.7717/peerj.3828>
- Kondakova, E. A., Bogdanova, V. A., Ottesen, O., Alexandrov, A. A. (2023) The development of the digestive system and the fate of the yolk syncytial layer in postembryogenesis of *Stenodus leucichthys nelma* (Teleostei). *Journal of Morphology*, vol. 284, no. 7, article e21604. <https://doi.org/10.1002/jmor.21604>

- Miller, S. J., Underwood, T., Spearman, W. J. (1998) *Genetic assessment of inconnu (Stenodus leucichthys) from the Selawik and Kobuk Rivers, Alaska, using PCR and RFLP analyses*. Anchorage: U.S. Fish and Wildlife Service Publ., 13 p. (Alaska Fisheries Technical Report. No. 48).
- Peakall, R., Smouse, P. E. (2006) GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, vol. 6, no. 1, pp. 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
- Politov, D. V. (2017) Coregonids of Russia: Evolutionary genetic approach in assessment of the current state of biodiversity. *Fundamental and Applied Limnology*, vol. 189, no. 3, pp. 181–192. <https://doi.org/10.1127/fal/2017/0814>
- Politov, D. V., Gordon, N. Yu., Afanasiev, K. I. et al. (2000) Identification of palearctic coregonid fish species using mtDNA and allozyme genetic markers. *Journal of Fish Biology*, vol. 57, suppl. A, pp. 51–71. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2000.tb02244.x>
- Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, vol. 155, no. 2, pp. 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- Schlei, O. L., Crête-Lafrenière, A., Whiteley, A. R. et al. (2008) DNA barcoding of eight North American coregonine species. *Molecular Ecology Resources*, vol. 8, no. 6, pp. 1212–1218. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02350.x>
- Selyukov, A., Zhigileva, O., Shuman, L. et al. (2023) Cytomorphological and genetic indicators in the early ontogenesis of the wild and farmed broad whitefish (*Coregonus nasus*). *Aquaculture and Fisheries*, vol. 8, no. 3, pp. 261–266. <https://doi.org/10.1016/j.aaf.2021.12.012>
- Wiens, L. N., Bajno, R., Detwiler, J. T. et al. (2021) Genetic assessment of Inconnu (*Stenodus leucichthys*) in Great Slave Lake, Northwest Territories, Canada. *Fisheries Research*, vol. 234, article 105784. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105784>
- Yeh, F. C., Yang, R.-C., Boyle, T. (1999) *Popgene. Version 1.31*. [Online]. Available at: http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html (accessed 25.07.2025).
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., Labuda, D. (1994) Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, vol. 20, no. 2, pp. 176–183. <https://doi.org/10.1006/geno.1994.1151>

References

- Bender, W., Spierer, P., Hogness, D. S., Chambon, P. (1983) Chromosomal walking and jumping to isolate DNA from the *Ace* and *rosy* loci and the bithorax complex in *Drosophila melanogaster*. *Journal of Molecular Biology*, vol. 168, no. 1, pp. 17–33. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(83\)80320-9](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(83)80320-9) (In English)
- Bogdanov, V. (2015) The modern state and problems of restoration of *Coregonus* fish of the lower Ob River. *Ekologiya Sibiri i Urala*, no. 1, pp. 22–26. (In Russian)
- Borovikova, E. A. (2016) Use of molecular genetic markers in phylogeny and phylogeography of coregonid fishes. *Transactions of the Papanin Institute for Biology of Inland Waters RAS*, no. 73 (76), pp. 46–63. <https://doi.org/10.24411/0320-3557-2016-10004> (In Russian)
- Borovikova, E. A., Makhrov, A. A. (2009) Taxonomy and origin of whitefish and ciscoes (*Coregonus*, Coregonidae, Osteichthyes) in Europe. A genetic approach. *Advances in Current Biology*, vol. 129, no. 1, pp. 58–66. (In Russian)
- Brown, R. J., Drew, K. A., Olsen, J. B. (2025) Yukon River Inconnu: Biology, distribution, and migration. *Transactions of the American Fisheries Society*, vol. 154, no. 5, pp. 505–522. <https://doi.org/10.1093/tafafs/vnaf026> (In English)
- Bukhardinova, M. V. (2022a) Review of data on biology of nelma *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773). *Vestnik of Astrakhan State Technical University. Series: Fishing Industry*, no. 4, pp. 90–102. <https://doi.org/10.24143/2073-5529-2022-4-90-102> (In Russian)
- Bukhardinova, M. V. (2022b) Distribution and migration cycle of nelma *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773). *Vestnik of Astrakhan State Technical University*, no. 1 (73), pp. 16–24. <https://doi.org/10.24143/1812-9498-2022-1-16-24> (In Russian)
- Chakaltana, D. A. (2012) The current state of white salmon stocks in the Volga-Caspian basin. *Eurasian Journal of Ecology*, vol. 33, no. 1, pp. 136–139. (In Russian)
- Golovanova, T. S. (2005) *Analysis of genetic variability of white salmon and inconnu Stenodus leucichthys (Güldenstädt, 1772) in connection with the tasks of artificial reproduction. Extended abstract of PhD dissertation (Biology)*. Moscow, VNIRO, 24 p. (In Russian)
- Hellmair, M., Kinziger, A. P. (2014) Increased extinction potential of insular fish populations with reduced life history variation and low genetic diversity. *PLoS One*, vol. 9, no. 11, article e113139. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0113139> (In English)

- Horreo, J. L. (2017) Revisiting the mitogenomic phylogeny of Salmoninae: New insights thanks to recent sequencing advances. *PeerJ*, vol. 5, article e3828. <https://doi.org/10.7717/peerj.3828> (In English)
- Isaeva, O. M., Zadelenov, V. A., Politov, D. V. (2015) Population variability of inconnu of the Yenisei River. In: S. L. Rudakova (ed.). *Current state and methods for studying ecosystems of inland waters: Proceedings of the I All-Russian scientific conference dedicated to the 100th anniversary of the birth of Igor Ivanovich Kurenkov*. Petropavlovsk-Kamchatsky: KamchatNIRO Publ., pp. 157–161. (In Russian)
- Kassal, B. Yu. (2019) Inhabitation of nelma *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) in the Ob-Irtysh Basin. *Baikal Zoological Journal*, no. 3 (26), pp. 64–69. (In Russian)
- Kondakova, E. A., Bogdanova, V. A., Ottesen, O., Alexandrov, A. A. (2023) The development of the digestive system and the fate of the yolk syncytial layer in postembryogenesis of *Stenodus leucichthys nelma* (Teleostei). *Journal of Morphology*, vol. 284, no. 7, article e21604. <https://doi.org/10.1002/jmor.21604> (In English)
- Miller, S. J., Underwood, T., Spearman, W. J. (1998) *Genetic assessment of inconnu (Stenodus leucichthys) from the Selawik and Kobuk Rivers, Alaska, using PCR and RFLP analyses*. Anchorage: U.S. Fish and Wildlife Service Publ., 13 p. (Alaska Fisheries Technical Report. No. 48). (In English)
- Peakall, R., Smouse, P. E. (2006) GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, vol. 6, no. 1, pp. 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x> (In English)
- Pokhaznikova, A. A., Zhigileva, O. N., Selyukov, A. G., Aitmukhambetova, I. R. (2024) Assessment of genetic diversity of the broad whitefish *Coregonus nasus* during artificial rearing. *AIC: Innovative Technologies*, no. 1 (64), pp. 60–70. (In Russian)
- Politov, D. V. (2017) Coregonids of Russia: Evolutionary genetic approach in assessment of the current state of biodiversity. *Fundamental and Applied Limnology*, vol. 189, no. 3, pp. 181–192. <https://doi.org/10.1127/fal/2017/0814> (In English)
- Politov, D. V., Gordon, N. Yu., Afanasiev, K. I. et al. (2000) Identification of palearctic coregonid fish species using mtDNA and allozyme genetic markers. *Journal of Fish Biology*, vol. 57, suppl. A, pp. 51–71. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2000.tb02244.x> (In English)
- Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, vol. 155, no. 2, pp. 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945> (In English)
- Schlei, O. L., Crête-Lafrenière, A., Whiteley, A. R. et al. (2008) DNA barcoding of eight North American coregonine species. *Molecular Ecology Resources*, vol. 8, no. 6, pp. 1212–1218. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02350.x> (In English)
- Selyukov, A., Zhigileva, O., Shuman, L. et al. (2023) Cytomorphological and genetic indicators in the early ontogenesis of the wild and farmed broad whitefish (*Coregonus nasus*). *Aquaculture and Fisheries*, vol. 8, no. 3, pp. 261–266. <https://doi.org/10.1016/j.aaf.2021.12.012> (In English)
- Shestakov, A. V. (2005) The materials in biology of inconnu (*Stenodus leucichthys nelma*) of middle current of the Anadyr River. *Vladimir Ya. Levanidov's Biennial Memorial Meetings*, no. 3, pp. 552–556. (In Russian)
- Shilin, N. (2022) The current state of the inconnu *Stenodus leucichthys leucichthys* and its artificial reproduction problems. *Environmental Protection and Nature Reserve Management*, no. 2, pp. 21–25. (In Russian)
- Wiens, L. N., Bajno, R., Detwiler, J. T. et al. (2021) Genetic assessment of Inconnu (*Stenodus leucichthys*) in Great Slave Lake, Northwest Territories, Canada. *Fisheries Research*, vol. 234, article 105784. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105784> (In English)
- Yeh, F. C., Yang, R.-C., Boyle, T. (1999) *Popgene. Version 1.31*. [Online]. Available at: http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html (accessed 25.07.2025). (In English)
- Zadelenov, V. A., Derbineva, E. V. (2020) Inconnu *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) (Salmoniformes, Coregonidae) River Yenisei: Population structure, fishery, reproduction. *Problems of Fisheries*, vol. 21, no. 2, pp. 156–168. <https://doi.org/10.36038/0234-2774-2020-21-2-156-168> (In Russian)
- Zhigileva, O. N., Mel'nichuk, A. D., Mogil'nikova, E. N. et al. (2024) Spatio-temporal dynamics of genetic polymorphism indices in fish of the Ob-Irtysh basin. In: D. V. Tikhonenkov (ed.). *Biodiversity and ecology of populations and communities of aquatic and semi-aquatic organisms in the Middle and Lower Ob basin*. Volgograd: Periscope-Volga Publ., pp. 220–282. (In Russian)
- Zhigileva, O. N., Selyukov, A. G., Alekseeva, E. A., Pokhaznikova, A. A. (2022) Changes in genetic polymorphism indices of whitefish during artificial reproduction. In: *Study of aquatic and terrestrial ecosystems: History and contemporary state. Book of abstracts of the 2nd International academic conference*. Sevastopol: A. O. Kovalevsky Institute of Biology of the Southern Seas Publ., pp. 265–266. (In Russian)

- Zhigileva, O. N., Selyukov, A. G., Melnichuk, A. D., Matasova, D. A. (2021) Monitoring and preservation of genetic polymorphism of sig fish under artificial reproduction. In: *Prospective technologies of aquaculture: Proceedings of the All-Russian scientific and practical conference with international participation*. Moscow: Pero Publ., pp. 51–57. (In Russian)
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., Labuda, D. (1994) Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, vol. 20, no. 2, pp. 176–183. <https://doi.org/10.1006/geno.1994.1151> (In English)

Для цитирования: Жигилева, О. Н., Куницкая, В. Е., Волосников, Г. И. (2026) Генетическая характеристика популяций нельмы *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) рек Западной Сибири. *Амурский зоологический журнал*, т. XVIII, № 2, с. 522–534. <https://www.doi.org/10.33910/2686-9519-2026-18-2-522-534>

Получена 12 февраля 2026; прошла рецензирование 22 марта 2026; принята 4 апреля 2026.

For citation: Zhigileva, O. N., Kunitskaya, V. E., Volosnikov, G. I. (2026) Genetic characteristics of populations of inconnu *Stenodus leucichthys nelma* (Pallas, 1773) from rivers of Western Siberia. *Amurian Zoological Journal*, vol. XVIII, no. 2, pp. 522–534. <https://www.doi.org/10.33910/2686-9519-2026-18-2-522-534>

Received 12 February 2026; reviewed 22 March 2026; accepted 4 April 2026.