

УДК [575.2+ 575.8]:597.5

UDC [575.2+ 575.8]:597.5

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ ПОПУЛЯЦИЙ ПОНТО-КАСПИЙСКИХ ВИДОВ БЫЧКА-ПЕСОЧНИКА И ЗАПАДНОГО ТУПОНОСОГО БЫЧКА, ОБИТАЮЩИХ В ВОДОТОКАХ БЕЛАРУСИ

COMPARATIVE ANALYSIS OF GENETIC VARIABILITY OF POPULATIONS OF PONTO-CASPIAN SPECIES OF PROTERORHINUS SEMILUNARIS AND WESTERN NEOGOBIUS FLUVIATILI INHABITING THE WATERCOURSE OF BELARUS

В. И. Головенчик,
*младший научный сотрудник, аспирант
лаборатории ихтиологии ГНПО «НПЦ
НАН Беларуси по биоресурсам»;*

Е. С. Гайдученко,
*кандидат биологических наук, ведущий научный
сотрудник лабораторией ихтиологии ГНПО
«НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам»;*

В. К. Ризевский,
*кандидат биологических наук, заведующий
лаборатории ихтиологии ГНПО «НПЦ
НАН Беларуси по биоресурсам»;*

А. М. Романь,
*кандидат биологических наук, ведущий
научный сотрудник лаборатории ихтиологии
и гидробиологии и речных систем Института
гидробиологии НАН Украины;*

Т. П. Липинская,
*кандидат биологических наук, ведущий научный
сотрудник лаборатории гидробиологии ГНПО
«НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам»*

V. Golovenchik,
*Senior Researcher, Postgraduate Student
of the Laboratory of ichthyology, SSPA “SPC
of NAS of Belarus on bio-resources”;*

H. Gajduchenko,
*PhD in Biology, Leading Researcher
of the Laboratory of ichthyology, SSPA “SPC
of NAS of Belarus on bio-resources”;*

V. Rizevsky,
*PhD in Biology, Head of the Laboratory
of ichthyology, SSPA “SPC of NAS
of Belarus on bio-resources”;*

A. Roman,
*PhD in Biology, leading researcher
of laboratory of Ichthyology and Hydrobiology
of river system, Research Institute of
Hydrobiology of the NAS of Ukraine;*

T. Lipinskaya,
*PhD in Biology, Leading Researcher
of the Laboratory of ichthyology, SSPA “SPC
of NAS of Belarus on bio-resources”*

Поступила в редакцию 17.07.20.

Received on 17.07.20.

В статье представлены данные об уровне генетической вариабельности в нативных и чужеродных популяциях (*Proterorhinus semilunaris* (Heckel, 1837)) и бычка-песочника (*Neogobius fluviatilis* (Pallas, 1814)). Показано отсутствие генетического разнообразия у бычка-песочника и высокие его показатели у западного тупоносого бычка в популяциях, обитающих в водных объектах Беларуси. Полученные в ходе исследования данные, вероятнее всего, объясняются тем, что вселение западного тупоносого бычка на территорию Беларуси произошло путем множественных непреднамеренных интродукций, а вселение бычка-песочника – путем интродукции небольшого числа особей еще до строительства каскада водохранилищ на р. Днепр (Украина).

Ключевые слова: чужеродные виды, генетическая вариабельность, гаплотипическое разнообразие, интродукция.

The article presents the data on the level of genetic variability in native and foreign populations of *Proterorhinus semilunaris* and *Neogobius fluviatilis*. It shows the absence of genetic diversity of *Proterorhinus semilunaris* and high indicators of it in *Neogobius fluviatilis* in the populations inhabiting the water bodies of Belarus. The obtained data are probably explained by the fact that inhabitation of *Neogobius fluviatilis* of the territory of Belarus has occurred by the way of multiple unpremeditated introductions, and occurrence of *Proterorhinus semilunaris* was caused by introduction of small number of individuals before building the cascade of water reservoirs on the Dnieper river (the Ukraine).

Keywords: foreign species, genetic variability, haplotypal diversity, introductio.

Введение. Бычок-песочник (*Neogobius fluviatilis* (Pallas, 1814)) и западный тупоносый бычок (*Proterorhinus semilunaris* (Heckel, 1837)) – Понто-Каспийские виды, естественный ареал которых включает в себя северную часть Эгейского моря, Мраморное, Черное, Каспийское и Азовское моря, устье Днепра и Днепро-Бугский лиман [1]. Данные виды к настоящему времени колонизировали пресноводные водоемы Центральной Европы [2] и систему Великих

Американских озер [3]. В Беларуси бычок-песочник был зарегистрирован еще в 30-х годах XX века и на данный момент широко расселился по бассейнам рек Днепр, Припять, а также в р. Виляя [4]. Западный тупоносый бычок в водоемах страны был зарегистрирован относительно недавно, в 2007 г., в районе Пинского порта [5], в настоящее время отмечается в р. Припять и нижнем течении белорусского участка р. Днепр [4].

Изучение процессов, которые происходят на молекулярно-генетическом уровне при заселении вида на новую территорию, имеет важное значение для понимания процесса инвазий в целом. Исследования в области филогенетики, эволюции и генетического разнообразия чужеродных популяций позволяют понять и предсказать динамику расселения чужеродных видов и их успешную натурализацию. Данные, полученные при сравнении уровня генетической variability между чужеродными и аборигенными популяциями могут быть использованы для определения путей проникновения видов на новую территорию, что, в свою очередь, является основополагающим аспектом для прогноза дальнейшего расселения видов и разработки мер по упреждению их проникновения и распространения [6].

Целью данной работы было сравнить уровень генетической variability чужеродных популяций бычка-песочника и западного тупоного бычка на белорусском участке Центрального Европейского инвазионного коридора на основании анализа variability генов *cyt b* и COI и интрона 1 гена S7.

Материалы и методы. В качестве материала для данного исследования были использованы последовательности генов *cyt b*, COI и интрона 1 гена S7 бычка-песочника и западного тупоного бычка, полученные авторами работы и представленные в Международных базах данных GenBank и BOLD. Подготовку ДНК для ПЦР реакции проводили при помощи наборов Genomic DNA Purification with spin column (Jena Bioscience). Целевые фрагменты были получены с использованием праймеров, разработанных для сем. Gobiidae [3]. Секвенирование провели в ЦКП «Геном» ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». Первичный анализ результатов секвенирования, редактирование и выравнивание последовательностей проводили в пакетах программ MEGA 7 [7]. Анализ внутригруппового генетического разнообразия проводили в программе DnaSP 6 [8]. Сети гаплотипов строили в программе PopArt [9].

Результаты и их обсуждение.

Бычок-песочник. Всего для бычка-песочника было проанализировано: 40 образцов (24 получены нами, из них 21 для Беларуси) гена COI с 206 по 623 нуклеотид полноразмерного гена, всего 418 п. н., 183 образца (50 получены нами, из них 38 для Беларуси) гена *cyt b* с 37 по 671 нуклеотид полноразмерного гена, всего 635 п. н., 29 образцов (23 получены нами, из них 17 для Беларуси) интрона 1 гена S7 размером 472 п.н.

В ходе анализа последовательностей генов бычка-песочника было обнаружено 14 гаплотипов гена *cyt b*, 5 гаплотипов гена COI и 5 гаплотипов интрона 1 гена S7. В области Центрального Европейского инвазионного коридора (от Киевского водохранилища вверх до Балтийского моря) обнаружены: один гаплотип гена *cyt b* (Нап_1), который также широко распространен в нативном ареале (Черное море и лиманы)

и представлен в Южном Европейском инвазионном коридоре (бассейн Северного моря – р. Рейн) (рисунок 1а), два гаплотипа гена COI (Нап_2 и Нап_5), которые больше нигде обнаружены не были (рисунок 1б), два гаплотипа интрона 1 гена S7, которые также больше нигде обнаружены не были (рисунок 1в).

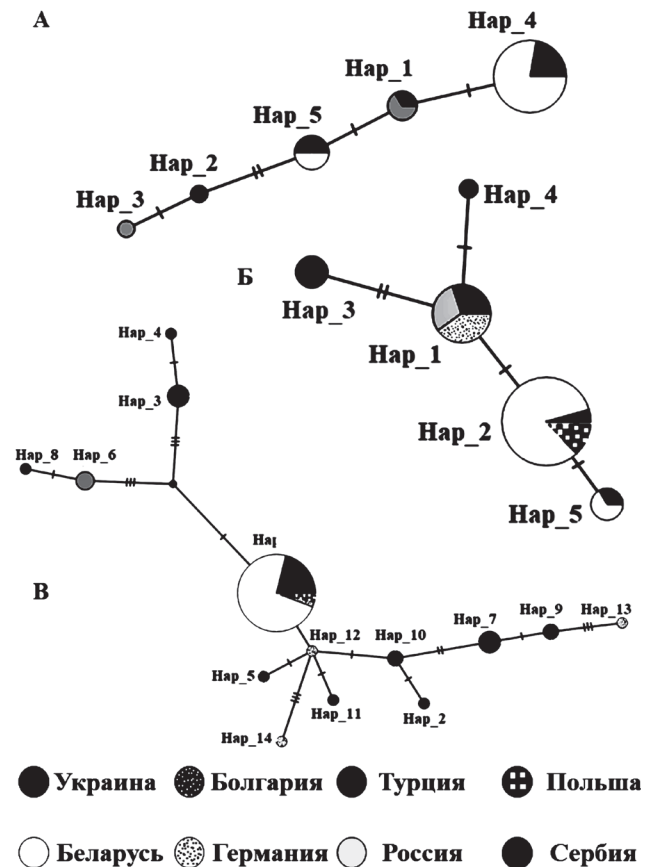


Рисунок 1 – Географическое распределение гаплотипов бычка-песочника, обнаруженных в ходе анализа для: а) гена *cyt b*; б) гена COI; в) интрона 1 гена S7

Особый интерес вызывает вопрос относительно причин столь небольшого количества гаплотипов гена *cyt b* бычка-песочника в Центральном Европейском инвазионном коридоре, особенно в сравнении с Южным коридором, где обнаружено 9 гаплотипов.

Все проанализированные последовательности бычка-песочника были разделены на пять групп: 1) образцы из приобретенного ареала – Беларусь; 2) образцы из приобретенного ареала – Южный Европейский инвазионный коридор; 3) образцы из приобретенного ареала – часть Центрального Европейского инвазионного коридора выше Каховского водохранилища; 4) образцы из приобретенного ареала – оз. Маньч и р. Волга; 5) образцы из нативного ареала – Черное, Мраморное и Азовское моря. Для каждой группы были рассчитаны показатели генетического разнообразия (таблица 1).

Таблица 1 – Данные генетического разнообразия бычка-песочника

Место сбора	N	S	H	Hd	π	k
<i>COI</i>						
Беларусь	21	1	2	0,181	0,00043	0,18
Центральный Европейский инвазионный коридор	25	1	2	0,220	0,00053	0,22
оз. Маньч и р. Волга	3	0	–	–	–	–
Южный Европейский инвазионный коридор	5	0	–	–	–	–
Черное, Мраморное, Азовское моря и лиманы	6	3	3	0,733	0,00367	1,53
<i>Cyt b</i>						
Беларусь	38	0	–	–	–	–
Центральный Европейский инвазионный коридор	49	3	2	0,040	0,00019	0,122
оз. Маньч и р. Волга	3	0	–	–	–	–
Южный Европейский инвазионный коридор	11	13	9	0,963	0,00756	4,80
Черное, Мраморное, Азовское моря и лиманы	10	15	8	0,933	0,00731	4,64
<i>Интрон 1 гена S7</i>						
Беларусь	17	2	2	0,220	0,00093	0,441
Центральный Европейский инвазионный коридор	23	2	2	0,300	0,00127	0,60
оз. Маньч и р. Волга	3	4	2	0,667	0,0056	2,66
Черное, Мраморное, Азовское моря и лиманы	2	3	2	1,000	0,0063	3,000

Примечание: N – число последовательностей; S – число переменных сайтов; h – число гаплотипов; Hd – гаплотипическое разнообразие; k – среднее число нуклеотидных различий.

Анализ данных генетического разнообразия популяций бычка-песочника показал, что независимо от используемого маркера образцы из Центрального Европейского инвазионного коридора, и в частности из Беларуси, характеризуются низким генетическим разнообразием либо его отсутствием. Наиболее информативен оказался ген *cyt b*. При анализе его генетического разнообразия наблюдаются высокие показатели для нативного ареала и образцов из Южного Европейского инвазионного коридора и крайне низкие показатели в Центральном Европейском инвазионном коридоре и его отсутствие на территории Беларуси. Анализ других генов показывает схожий результат, однако они менее информативны, так как в базах данных отсутствует достаточное количество последовательностей для сравнения.

Западный тупоносый бычок. Для анализа генетической изменчивости западного тупоносого бычка было проанализировано: 60 образцов (28 получены нами, из них 15 для Беларуси) гена *COI* со 104 по 668 нуклеотид полноразмерного гена, всего 565 п.н., 62 образца (24 получены нами, из них 16 для Беларуси) гена *cyt b* с 24 по 626 нуклеотид полноразмерного гена, всего 603 п.н. В ходе анализа последовательностей генов было обнаружено 26 гаплотипов гена *cyt b* и 9 гаплотипов гена *COI*. В области Центрального Европейского инвазионного коридора (от Каховского водохранилища до р. Пины) обнаружено 4 гаплотипа гена *COI* (Нар_1 – Нар_4), при этом гаплотип Нар_1 также распространен в приобретенном ареале в р. Дунай, гаплотип Нар_2 – в нативном ареале в Симферопольском водохранилище, гаплотип Нар_3 – в приобретенном ареале в системе Великих озер (рисунок 2а).

Анализ гаплотипического разнообразия гена *cyt b* показал, что в области Центрального Европейского инвазионного коридора (от Каховского водохранилища до р. Пины) обнаружено 7 гаплотипов гена *cyt b* (Нар_1, Нар_2, Нар_8, Нар_17, Нар_24 – Нар_26), из них на территории Беларуси 4 гаплотипа (Нар_1, Нар_8, Нар_17, Нар_24, Нар_25), при этом гаплотипы Нар_1 и Нар_2 также распространены в Южном Европейском инвазионном коридоре, а гаплотип Нар_17 – в нативном ареале в Симферопольском водохранилище (рисунок 2б).

Также следует отметить схожесть расположения гаплотипов, полученных для двух генов. Четко выделяются два удаленных друг от друга кластера: в один из которых входят гаплотипы, представленные в Центральном Европейском инвазионном коридоре, в Южном Европейском инвазионном коридоре и в северо-западной части Черного моря, в другой – гаплотипы, распространенные в Центральном коридоре и северо-восточной части Черного моря – в районе Симферопольского водохранилища.

Все последовательности западного тупоносого бычка были разделены на пять групп: 1) образцы из приобретенного ареала – Беларусь; 2) образцы из приобретенного ареала – Южный Европейский инвазионный коридор; 3) образцы из приобретенного ареала – Центральный Европейский инвазионный коридор (р. Днепр выше Каховского водохранилища); 4) образцы из приобретенного ареала – система Великих Американских озер; 5) образцы из нативного ареала – Черное и Мраморное моря, Симферопольское водохранилище. Для каждой группы были рассчитаны показатели генетического разнообразия (таблица 2).

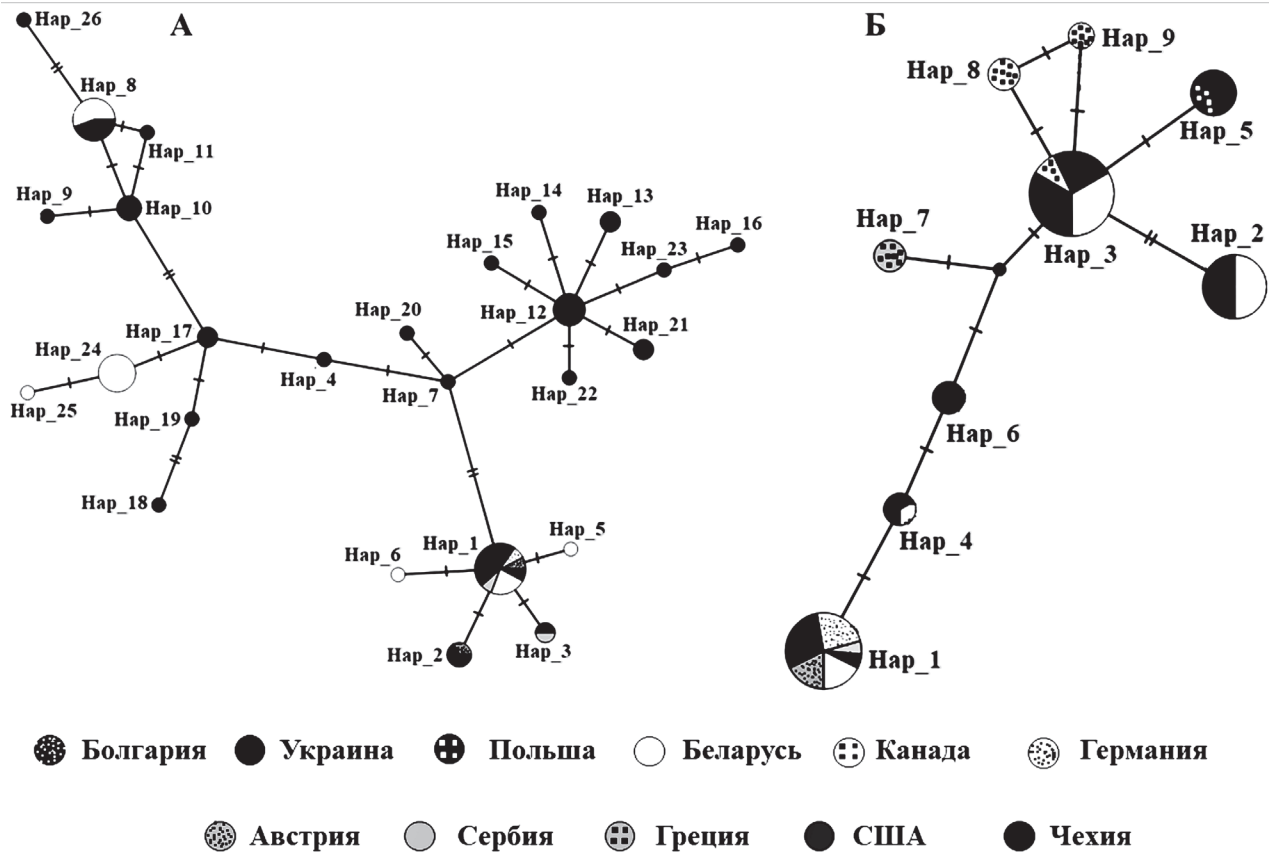


Рисунок 2 – Географическое распределение гаплотипов западного тупонозого бычка, обнаруженных в ходе анализа: а) гена *COI*; б) гена *Cyt b* (указаны места, расположенные в европейской части Евразии, гаплотипы из системы Великих Американских озер не отображены)

Таблица 2 – Данные о генетическом разнообразии западного тупонозого бычка

Место сбора	N	S	H	Hd	π	k
<i>COI</i>						
Беларусь	17	6	4	0,713	0,00429	2,42
Центральный Европейский инвазионный коридор	32	7	5	0,736	0,00414	2,33
Система Великих Американских озер	14	1	3	0,560	0,0001	0,56
Южный Европейский инвазионный коридор	17	5	2	0,382	0,0034	1,91
Черное и Мраморное моря, Симферопольское водохранилище	7	5	3	0,714	0,0035	2,00
<i>Cyt b</i>						
Беларусь	17	9	4	0,713	0,0055	3,33
Центральный Европейский инвазионный коридор	25	12	7	0,787	0,0064	3,86
Система Великих Американских озер	5	2	3	0,700	0,0013	0,80
Южный Европейский инвазионный коридор	14	7	6	0,681	0,0019	1,12
Черное и Мраморное моря, Симферопольское водохранилище	19	14	13	0,930	0,0041	2,50

Примечание: N – число последовательностей; S – число варибельных сайтов; h – число гаплотипов; Hd – гаплотипическое разнообразие; k – среднее число нуклеотидных различий.

Анализ данных генетического разнообразия западного тупонозого бычка показал, что оба гена образцов из Центрального Европейского инвазионного коридора характеризуются высоким гаплотипическим разнообразием при низких зна-

чениях нуклеотидного (таблица 2). Такие показатели генетического разнообразия, как правило, характерны для стабильных и генетически целостных популяций, которые расширяют свою среду обитания с высокой величиной эффектив-

ного числа основателей [10]. Генетическое разнообразие в чужеродных популяциях сравнимо с генетическим разнообразием в естественном ареале. Сходные данные были получены американскими коллегами при изучении инвазий западного тупоносового бычка в систему Великих озер. Данный факт был объяснен множественными случайными интродукциями особей данного вида с балластными водами [3].

Таким образом, сравнительный анализ генетической вариабельности чужеродных популяций бычка-песочника и западного тупоносового бычка на белорусском участке Центрального инвазионного коридора показал отсутствие генетического разнообразия у бычка-песочника и высокие его показатели у западного тупоносового бычка. Такой диаметрально противоположный результат можно объяснить различными механизмами проникновения видов в водоемы страны.

Низкие значения генетической вариабельности бычка-песочника на территории Беларуси, вероятнее всего, обусловлены тем, что в новое место обитания попало небольшое число особей из нативного ареала. Известно, что на территории страны бычок-песочник был зарегистрирован еще в начале XX столетия [12], то есть до начала строительства плотин на р. Днепр, Украина (первая Днепровская плотина была построена в 1932 г., а последняя Киевская – в 1975 г.), соответственно нельзя считать самостоятельную миграцию вида основным и тем более единственным путем проникновения в водоемы Беларуси. Вероятнее всего, вид попал на территорию Беларуси случайно в промежутке с середины XIX до начала XX в., когда началось активное судоходство по рекам Припять и Днепр. Известно, что в 1835 г. возникла первая пароходная компания на Днепре, а уже с 1858 г. начались регулярные пассажирские рейсы между Кременчугом (р. Днепр, Украина) и Пинском (р. Припять, Беларусь) [13]. С большой долей вероятности можно предположить, что небольшое количество особей-носителей гаплотипа Нар_1 вместе с судами попало в р. Припять, где впоследствии успешно расселились.

С другой стороны, высокие значения генетического разнообразия западного тупоносового бычка, вероятнее всего, обусловлены множественными

интродукциями особей на территорию страны. При этом, как показывает географическое распределение гаплотипов, интродукция происходила из разных мест нативного ареала. При проникновении вида на новую территорию путем множественных интродукций, как правило, генетическое разнообразие чужеродных популяций сравнимо с таковым у нативных [11]. А в случаях, когда интродукция произошла из разных локалитетов нативной популяции, то вариабельность чужеродной популяции может быть даже выше. Несмотря на то, что западный тупоносный бычок зарегистрирован на территории Беларуси в начале 2000-х г. [5], то есть уже после строительства каскада водохранилищ на р. Днепр (Украина), считать самостоятельное расселение единственным путем проникновения на территорию страны также не совсем верно. Вероятнее всего, проникновение произошло посредством речного транспорта, на что также косвенно указывает факт, что вид впервые был обнаружен в районе Пинского речного порта, где также наблюдается наибольшая его численность [14]. И этим фактом можно объяснить высокий уровень гаплотипического разнообразия, наблюдаемый в данной области.

Заключение. Таким образом, в ходе исследования показано, что: 1) популяция бычка-песочника, представленная в водоемах Беларуси, характеризуется крайне низким уровнем генетической вариабельности, а в случае с геном *суf b* ее отсутствием; 2) популяция западного тупоносового бычка, представленная в водоемах страны, напротив, характеризуется высоким уровнем генетического разнообразия, сравнимым с таковым в нативном ареале.

С высокой долей вероятности можно предположить, что полученный результат связан с различными механизмами проникновения видов на территорию Беларуси. Бычок-песочник проник на территорию страны в период с середины XIX до начала XX в. путем случайной интродукции небольшого числа особей посредством речного транспорта, а западный тупоносный бычок – также с помощью речного транспорта, но в конце XX в. и путем множественных интродукций. Дальнейшее распространение видов по водотокам страны происходило путем естественного расселения.

ЛИТЕРАТУРА

1. Фауна України : в 40 т /редкол.: В. А. Топачевский (глав. ред.) [и др.]. – Киев: Наук. Думка. – Т. 8: Окунеобразные (бычковые), скорпенообразные, камбалообразные, присоскообразные, удильщикообразные / А. И. Смирнов. – 1986. – 320 с.
2. Grabowska, J. Alien invasive fish species in Polish waters: an overview / J. Grabowska, J. Kotusz, A. Witkowski // Folia Zool. – 2010. – V. 59. – P. 73–85.
3. Stepien, C. A. Invasion genetics of Ponto-Caspian gobies in the Great Lakes: a 'cryptic' species, absence of founder effects, and comparative risk analysis / C. A. Stepien, M. A. Tumeo // Biological Invasions. – 2006. – Vol. 8. – P. 61–78.
4. Понто-Каспийские иммигранты в структуре молоди рыб прибрежной мелководной зоны р. Днепр (в пределах Беларуси) / Ризевский В. К. [и др.] // Вопросы рыбного хозяйства Беларуси. – 2014. – Вып. 30. – С. 267–280.

REFERENCES

1. Fauna Ukraini : v 40 t /redkol.: V. A. Topachevskij (glav. red.) [i dr.]. – Kiev: Nauk. Dumka. – T. 8: Okuneobraznye (bychkovye), skorpenoobraznye, kambaloobraznye, prisoskoobraznye, udil'shchikoobraznye / A. I. Smirnov. – 1986. – 320 s.
2. Grabowska, J. Alien invasive fish species in Polish waters: an overview / J. Grabowska, J. Kotusz, A. Witkowski // Folia Zool. – 2010. – V. 59. – P. 73–85.
3. Stepien, C. A. Invasion genetics of Ponto-Caspian gobies in the Great Lakes: a 'cryptic' species, absence of founder effects, and comparative risk analysis / C. A. Stepien, M. A. Tumeo // Biological Invasions. – 2006. – Vol. 8. – P. 61–78.
4. Ponto-Kaspijskie immigranty v strukture molodi ryb pribrezhnoj melkovodnoj zony r. Dnepr (v predelah Belarusi) / Rizevskij V. K. [i dr.] // Voprosy rybnogo hozyajstva Belarusi. – 2014. – Vyp. 30. – S. 267–280.

5. First record of the invasive Ponto-Caspian tubenose goby *Proterorhinus marmoratus* (Pallas, 1814) from the River Pripyat, Belarus / Rizevsky V. [et al.] // *Aquatic Invasions*. – 2007. – Vol. 2. – P. 275–277.
6. *Williamson, M. Biological Invasions / M. Williamson – USA: Springer Science & Business Media, 1996. – 244 p.*
7. Kumar, S. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets / S. Kumar, G. Stecher, K. Tamura // *Molecular Biology and Evolution*. – 2016. – V. 33. – P. 1870–1874.
8. *Rozas J. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets / J. Rozas // Molecular Biology and Evolution. 2017. Vol. 34. P. 3299–3302.*
9. *Leigh, J. W. PopART: Full-feature software for haplotype network construction / J. W. Leigh, D. Bryant // Methods Ecological Evolution. – 2015. – V.6. – P. 1110–1116.*
10. *Абрамсон, Н. И. Филогеография: итоги, проблемы, перспективы / Н. И. Абрамсон // Вестник ВОГиС. – 2007. – Т. 11. – № 2. – С. 307–321.*
11. Something in the way you move: dispersal pathways affect invasion success / Wilson J. [et al.] // *Trends in Ecology and Evolution*. – 2009. – V. 24. – P. 136–144.
12. *Воронцов, Е. М. Состав и характеристика ихтиофауны водоемов Западной области и БССР и характеристика ихтиофауны верхнеднепровского бассейна / Е. М. Воронцов // Фауна и экология. – Смоленск. – 1937. – Вып. 3. – С. 59–86.*
13. *Озерова, Н. А. Сплав по Березине, Днепру и Припяти весной 1841 г. в связи с открытием судоходства на Королевском (Днепровско-Бугском) канале / Н. А. Озерова, В. А. Широкова, О. С. Романова // Труды XX Годичной (2014) конференции Института истории естествознания и техники им. С. И. Вавилова РАН, Москва, 17–21 февраля 2014 / ИИЕТ РАН; редкол.: Ю. М. Батурин [и др.]. – Москва, 2014. – С. 498–502.*
14. Понто-каспийские виды-аутовселенцы в структуре молоди рыб прибрежной мелководной зоны белорусского участка центрального инвазионного коридора / В. К. Ризевский [и др.] // *Вопросы рыбного хозяйства Беларуси*. – 2016. – № 32. – С. 206–219.
5. First record of the invasive Ponto-Caspian tubenose goby *Proterorhinus marmoratus* (Pallas, 1814) from the River Pripyat, Belarus / Rizevsky V. [et al.] // *Aquatic Invasions*. – 2007. – Vol. 2. – P. 275–277.
6. *Williamson, M. Biological Invasions / M. Williamson – USA: Springer Science & Business Media, 1996. – 244 p.*
7. Kumar, S. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets / S. Kumar, G. Stecher, K. Tamura // *Molecular Biology and Evolution*. – 2016. – V. 33. – P. 1870–1874.
8. *Rozas J. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets / J. Rozas // Molecular Biology and Evolution. 2017. Vol. 34. P. 3299–3302.*
9. *Leigh, J. W. PopART: Full-feature software for haplotype network construction / J. W. Leigh, D. Bryant // Methods Ecological Evolution. – 2015. – V.6. – P. 1110–1116.*
10. *Abramson, N. I. Filogeografiya: itogi, problemy, perspektivy / N. I. Abramson // Vestnik VOGiS. – 2007. – Т. 11. – № 2. – С. 307–321.*
11. Something in the way you move: dispersal pathways affect invasion success / Wilson J. [et al.] // *Trends in Ecology and Evolution*. – 2009. – V. 24. – P. 136–144.
12. *Voroncov, E. M. Sostav iharakteristika ihtiofauny vodonemov Zapadnoj oblasti i BSSR i harakteristika ihtiofauny verhnedneprovskogo bassejna / E. M. Voroncov // Fauna i ekologiya. – Smolensk. – 1937. – Vyp. 3. – S. 59–86.*
13. *Ozerova, N. A. Splav po Berezhine, Dnepru i Pripyati vesnoj 1841 g. v svyazi s otkrytiem sudohodstva na Korolevskom (Dneprovsko-Bugskom) kanale / N. A. Ozerova, V. A. Shirokova, O. S. Romanova // Trudy XX Godichnoj (2014) konferencii Instituta istorii estestvoznaniya i tekhniki im. S. I. Vavilova RAN, Moskva, 17–21 fevralya 2014 / IIET RAN; redkol.: Yu. M. Baturin [i dr.]. – Moskva, 2014. – S. 498–502.*
14. Ponto-kaspijskie vidy-autovselency v strukture molodi ryb pribrezhnoj melkovodnoj zony beloruskogo uchastka central'nogo invazionnogo koridora / V. K. Rizevskij [i dr.] // *Voprosy rybnogo hozyajstva Belarusi*. – 2016. – № 32. – S. 206–219.