

ОБНАРУЖЕНИЕ АМУРСКОГО ЧЕБАЧКА *PSEUDORASBORA PARVA* (TEMMINCK ET SCHLEGEL) (АСТИНОПТЕРЫГИИ: СУПРИНИДАЕ) В БАССЕЙНЕ РЕКИ БРАХМАПУТРА (ТИБЕТСКОЕ ПЛАТО, КИТАЙ)

© 2013 Махров А.А.¹, Артамонова В.С.¹, Карабанов Д.П.²

¹ ФГБУН Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН,
Москва, 119071, makhrov12@mail.ru

² ФГБУН Институт биологии внутренних вод им. И.Д. Папанина РАН,
Борок Ярославской области, 152742, dk@ibiw.yaroslavl.ru

Поступила в редакцию 20.02.2013

В небольшом оросительном канале, впадающем в верхнюю часть реки Брахмапутра, поймано две особи амурского чебачка. Видовая принадлежность этих рыб подтверждена морфологическим анализом и определением последовательности митохондриального гена COI, кодирующего субъединицу I цитохромоксидазы (баркодинг).

Ключевые слова: рыбы, чужеродный вид, биологические инвазии, баркодинг, Тибет, *Pseudorasbora parva*.

Введение

Уникальная ихтиофауна многочисленных и разнообразных водоёмов Тибетского (Тибет-Цинхайского) плато до сих пор остаётся плохо изученной, поскольку данный регион весьма обширен и труднодоступен [обзоры: Wu, Tan, 1991; The fishes of the Hengduan..., 1998; Fish and..., 1999].

Между тем, природа Тибета быстро меняется как в результате глобальных процессов изменения климата, так и в ходе реализации масштабных программ преобразования ландшафтов, призванных ускорить экономическое развитие этого района Китайской Народной Республики. В результате, как и в других районах Китая, здесь стремительно растёт число чужеродных видов [Xie et al., 2001; Ding et al., 2008]. Настоящая работа посвящена выявлению одного из чужеродных видов рыб в водоёмах южного Тибета.

Материал и методика

В ходе работ, проводимых в рамках российско-китайской экспедиции в Тибет, 27 сентября 2012 г. в небольшом искусственном канале, используемом для орошения и впадающем слева в р. Цангпо (под этим названием известно верхнее течение р. Брахмапутра), сачком с ячей 1 мм были пойманы два экземпляра рыб, по внешнему виду напоминающих амурского чебачка (рис. 1). Координаты места поимки – 29°21'24" с. ш., 90°42'55" в. д.; это территория Тибетского автономного района Китайской Народной Республики.

Пойманные особи были целиком зафиксированы в 96%-м этаноле. С целью уточнения видовой принадлежности рыб был выполнен их морфологический и генетический анализ. Для сравнения в ходе морфологического анализа были

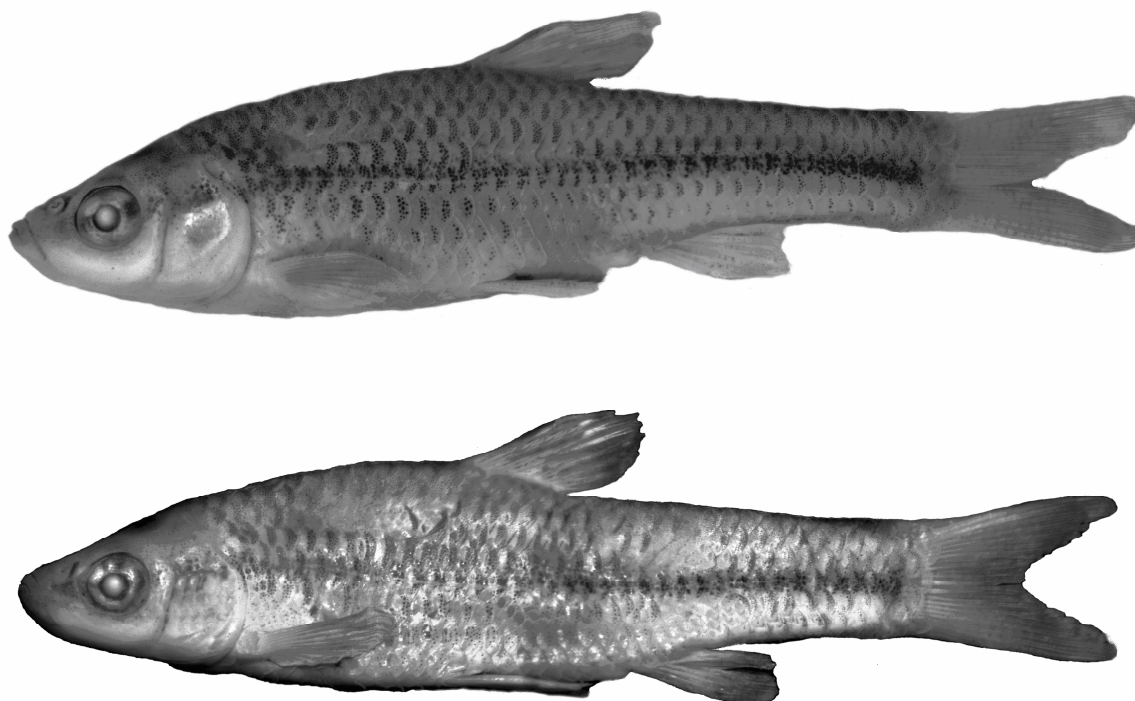


Рис. 1. Амурский чебачок *Pseudorasbora parva*, Юго-Западный Китай, бассейн р. Брахмапутра. Неполовозрелые особи, возраст 0+. Масштаб – 10 мм.

дополнительно тестированы выборки амурского чебачка из оз. Петропавловского в бассейне р. Амур (85 экз.) и мелиоративного канала около оз. Орловского в бассейне р. Уссури (33 экз.). Две особи амурского чебачка из оз. Петропавловского использованы для сравнения в ходе генетического анализа.

При изучении морфологии были исследованы меристические признаки, традиционно изучаемые у карповых рыб и, в первую очередь, признаки, позволяющие отличать друг от друга разных представителей рода *Pseudorasbora*. Все подсчёты выполнены одним оператором.

ДНК для генетического анализа выделяли из мышечной ткани рыб методом фенол-хлороформной экстракции [Sambrook et al., 1989].

Использование этой ДНК в качестве матрицы позволило проанализировать последовательность митохондриального гена COI, кодирующего субъединицу I цитохромоксидазы. Для получения

ПЦР-продукта, содержащего 5'-конец гена, и его секвенирования использовали универсальные праймеры, применяемые для баркодинга рыб – FishF1 (5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3') и FishR1 (5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3') [Ward et al., 2005].

Во всех случаях ПЦР-продукты получали на амплификаторе «Терцик» («ДНК-технология», Москва). Амплификацию проводили в 25 мкл буфера производства фирмы «Fermentas» (75 мМ Tris-HCl (pH=8.8), 20 мМ (NH₄)₂SO₄, 0.1% Tween 20, 2 мМ MgCl₂). Смесь для амплификации содержала около 300 нг общей клеточной ДНК, по 200 нмоль каждого из четырёх дезоксирибонуклеотидов, по 10 пмоль прямого и обратного праймеров и 0.7 ед. Taq-полимеразы (производство «Бионэм», Москва). Для предотвращения испарения в ходе реакции сверху на смесь наслаивали минеральное масло. Программа амплификации включала в себя этап

первоначальной денатурации ДНК (95°C, 4 мин.), 30 циклов синтеза ПЦР-продукта (95°C – 45 сек., 52°C – 45 сек., 72°C – 1 мин.), а также этап конечной элонгации цепи (72°C, 5 мин.).

Полученные ПЦР-продукты пересаживали при комнатной температуре, добавляя к смеси для амплификации этанол до конечной концентрации 70% и ацетат аммония до конечной концентрации 125 мМ. Осадок ДНК промывали 70%-м этанолом, высушивали и растворяли в бидистиллированной воде.

В реакцию секвенирования брали около 0.3 пмоль ПЦР-продукта и 3.2 пмоль соответствующего праймера. Каждый полученный ПЦР-продукт секвенировали как с прямого, так и с обратного праймера. Секвенирование ДНК проводили с помощью набора реактивов ABI PRISM® BigDye™ Terminator v. 3.1 с последующим анализом продуктов реакции на автоматическом секвенаторе ДНК ABI PRISM 3730 Applied Biosystems (Applied Biosystems, USA) на базе Межинститутского Центра коллективного пользования «ГЕНОМ» ИМБ РАН.

Полученные последовательности ДНК выравнивали и анализировали с использованием алгоритма ClustalW, интегрированного в пакет UGENE v. 1.11.4 [Okonechnikov et al., 2012].

При построении медианной сети гаплотипов использовали программу NETWORK 4.6 (Fluxus Technology Ltd.). Помимо собственных данных, медианная сеть включала данные о последовательностях гена COI мтДНК для особей вида *P. parva*, собранных в разных регионах Европы и Азии, которые представлены в Международной базе данных GenBank: JF802126 (Китай); JQ979164, JQ979165, JQ979166, JQ979167 (различные популяции на территории Турции); HQ600753, HQ600754, HQ600755, HQ600756 (разные озёра Греции); HQ960448, HQ960488, HQ960540, HQ960572, HQ960580, HQ960668, HQ960835, HQ961065, HQ961066 (водоёмы Чешской Республики);

HQ536439, HQ536440 (водоёмы Республики Корея).

Результаты

Также как типичные представители вида *Pseudorasbora parva*, особи из бассейна Брахмапутры характеризуются прогонистым вальковатым телом. Усики нет. Голова широкая. Рот верхний, практически перпендикулярный продольной оси тела. Есть ноздри. Относительно большие глаза. Боковая линия полная, прямая. Спинной плавник без шипов. Плавательный пузырь двухкамерный. Брюшина серого цвета. Чешуя по внешнему краю пигментирована. Имеется продольная тёмная полоса по всему телу. Тело светло-серого цвета, живот серебристо-белый.

Результаты исследования морфологических признаков для каждой из двух рыб, выловленных в оросительном канале, впадающем в р. Брахмапутра, представлены в таблице. В этой же таблице для сравнения даны значения соответствующих признаков для других представителей рода *Pseudorasbora* на основании собственных и литературных данных.

Две последовательности, полученные при секвенировании ПЦР-продуктов, амплифицировавшихся при использовании в качестве матрицы ДНК исследуемых рыб, оказались полностью идентичными друг другу и имели длину 655 п.н. (без учёта длины праймеров). Такую же длину имели последовательности ПЦР-продуктов, полученных с использованием тех же праймеров, когда в качестве матрицы брали ДНК, выделенную из тканей амурского чебачка из оз. Петропавловское, хотя их последовательности отличались от последовательностей рыб, выловленных в бассейне Брахмапутры, на шесть нуклеотидов (около 0.9 %).

Полученные нами последовательности были зарегистрированы в GenBank (NCBI) под номерами KC688868 (Китай, бассейн р. Брахмапутра), KC688869 (Россия, бассейн р. Амур, оз. Петропавловское).

Таблица. Диагностические признаки рыб рода *Pseudorasbora*

Популяция	1		2	3	4	5
	1	1	<i>M (lim.)</i>	<i>M (lim.)</i>	<i>M (lim.)</i>	<i>M (lim.)</i>
N, экз.	1	1	85	33	36	8
SL	34.5	33.7	65.6 (49.3–78.1)	47.7 (41.6–81.6)	98.0 (58–117)	39.0 (26.0–36.8)
<i>D</i>	III 7	III 7	(II) III 7	(II) III 7	III 7	II 7
<i>A</i>	III 6	III 6	(II) III 6	(II) III 6	III 6	III 6
<i>P</i>	I 12	I 12	I 12–13	I 12–13	I 11–13	I 15
<i>V</i>	I 7	I 7	I 7	I 6–7	I 7	I 8
<i>ll</i>	36	37	35–39	35–38	43–45	7–15* (35–36)
<i>sD</i>	6	5	5–6	5–6	5–6	6–7
<i>sA</i>	3	4	3–4	4	4–5	5
<i>Vert.</i>	36	37	35–38	35–38	42–44	
<i>d.ph.</i>	5–5	5–5	5–5. 5–4. 4–5	5–5	5–5	5–5

Примечание. Указаны средние значения (*M*) и диапазон варьирования (*lim*) признаков. Популяции: 1 – верховья р. Брахмапутра, новая находка (наши данные); 2 – Россия, бассейн р. Амур, оз. Петропавловское (наши данные); 3 – Россия, бассейн р. Уссури, осушенный канал около оз. Орловского (наши данные); 4 – *P. elongata*, имеет тёмное пятно на хвостовом плавнике [Yue, 1998; Kong et al., 2006]; 5 – *P. interrupta* [Xiao et al., 2007], * – боковая линия неполная, указано число прободённых чешуй. Обозначения признаков: *SL* – стандартная длина; *D*, *A*, *P*, *V* – число лучей соответственно в хвостовом, спинном, анальном, грудном и брюшном плавнике; *ll* – число чешуй в боковой линии; *sD*, *sA* – число рядов чешуй над и под боковой линией; *Vert.* – общее число позвонков; *d.ph.* – формула глоточных зубов.

Медианная сеть гаплотипов для 5'-фрагмента гена COI представителей вида *P. parva*, включающая данные, полученные в этой работе, а также данные, представленные в Международной базе данных GenBank, приведена на рис. 2. При этом концевые участки секвенированных нами последовательностей (один нуклеотид с 5'-конца и 3 нуклеотида с 3'-конца) были исключены из анализа, так как в ряде последовательностей, представленных в GenBank, данные для концевых нуклеотидов отсутствовали.

Обсуждение

В настоящее время принято считать, что на территории Китая обитает три вида, представляющие род *Pseudorasbora* Bleeker, 1860. Типовой представитель рода – амурский чебачок *P. parva* исходно встречается во многих

водоёмах бассейна Тихого океана не только на территории КНР [Yue, 1998], но и в реках российской части водосборного бассейна р. Амур, реках западного побережья Японского моря и Японии [Никольский, 1956]. Как отдельный вид того же рода в первой половине XX в. был описан эндемик горных водоёмов юго-восточного Китая *P. elongata* Wu, 1939, отличающийся от других видов большим числом чешуй в боковой линии [Kong et al., 2006]. Третий вид, *P. interrupta*, был описан совсем недавно как эндемик, обитающий в горных водоёмах провинции Гуандун южного Китая; его отличительным признаком служит неполная боковая линия [Xiao et al., 2007].

Анализ морфологических признаков, в первую очередь, числа чешуй в боковой линии и числа позвонков, которые служат основными диагности-

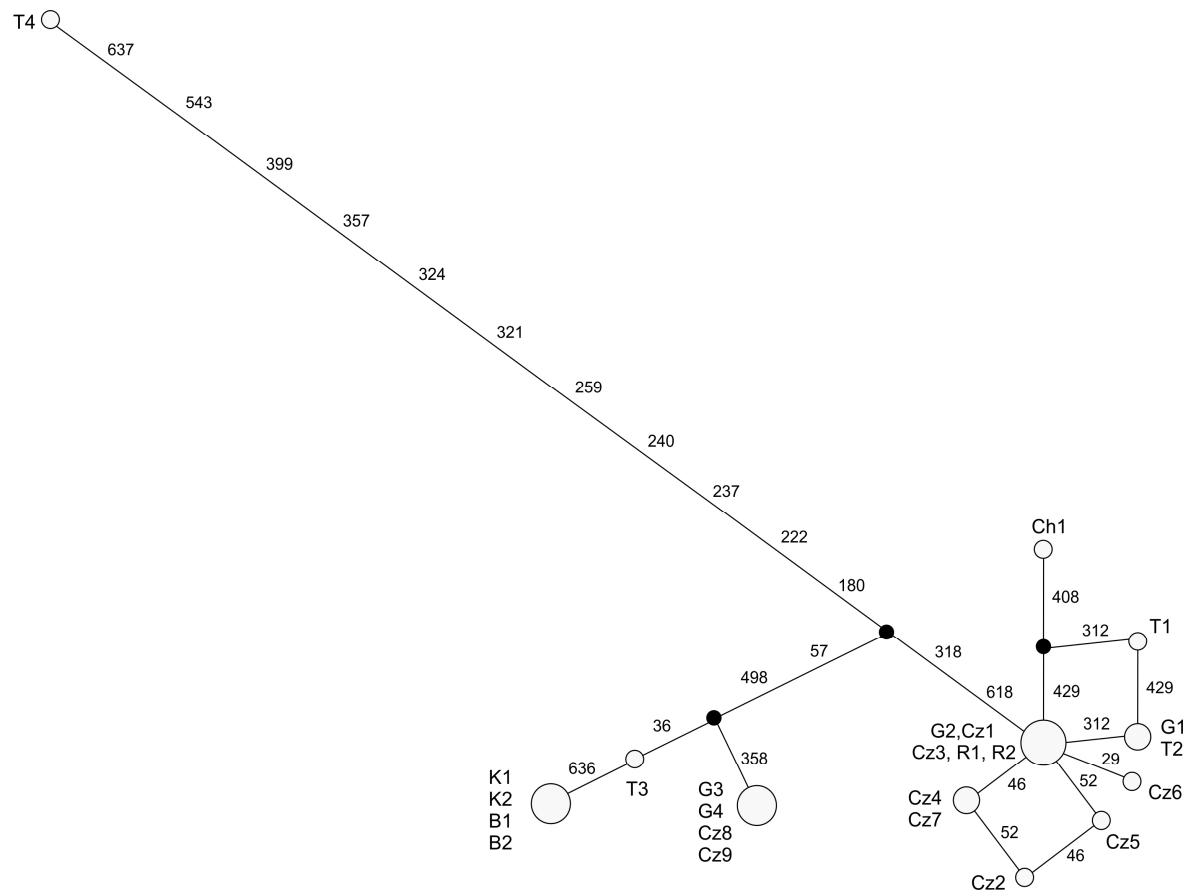


Рис. 2. Медианная сеть гаплотипов для частичной последовательности гена COI мтДНК амурского чебачка из разных регионов. Цифрами обозначены позиции нуклеотидных замен, различающих гаплотипы, соединенные соответствующими линиями. Площади кругов пропорциональны числу изученных последовательностей с данным гаплотипом. Буквенно-цифровые обозначения присвоены конкретным последовательностям, представленным в GenBank под следующими номерами: B1, B2 – KC688868 (B – Китай, бассейн р. Брахмапутра); Ch1 – JF802126 (Ch – Китай); Cz1 – HQ960448, Cz2 – HQ960488, Cz3 – HQ960540, Cz4 – HQ960572, Cz5 – HQ960580, Cz6 – HQ960668, Cz7 – HQ960835, Cz8 – HQ961065, Cz9 – HQ961066 (Cz – Чехия); G1 – HQ600753, G2 – HQ600754, G3 – HQ600755, G4 – HQ600756 (G – Греция); K1 – HQ536439, K2 – HQ536440 (K – Республика Корея); T1 – JQ979164, T2 – JQ979165, T3 – JQ979166, T4 – JQ979167 (T – Турция); R1, R2 – KC688869 (R – Россия, бассейн р. Амур)

ческими признаками, дающими возможность отнести конкретных особей рода *Pseudorasbora* к тому или иному виду, позволяет считать рыб, выловленных нами в бассейне Брахмапутры, представителями вида *P. parva* (таблица).

Анализ последовательности гена COI подтверждает этот вывод. Хотя данная последовательность для видов *P. elongata* и *P. interrupta* неизвестна, из рис. 2 хорошо видно, что исследованный нами участок митохондриальной ДНК у рыб из бассейна

Брахмапутры только на один нуклеотид отличается от имеющейся в GenBank последовательности для *P. parva* (№ JQ979166) из Турции (Davuldere) и полностью совпадает с последовательностью, приводимой в этой базе данных для двух представителей вида *P. parva* из Республики Корея. И это при том, что разнообразие COI мтДНК внутри вида *P. parva* достаточно велико, что в целом характерно для видов, имеющих обширный ареал [Hebert et al., 2003]. На участке длиной 651 п.н.

различия между последовательностями у представителей данного вида из разных популяций могут достигать восьми нуклеотидов (около 1.2%), даже если не учитывать последовательность № JQ979167, которая охарактеризована в GenBank как последовательность гена COI мтДНК для амурского чебачка из Турции (Mugla).

Не имея данных по морфологии особи из Турции (Mugla) и первичных данных, полученных при анализе её генетических особенностей, мы не можем объяснить, почему последовательность COI мтДНК для неё отличается от других последовательностей не менее чем на 13 п.н. (2%), что для большинства групп животных соответствует различиям видового уровня [Hebert et al., 2003]. Однако для определения видовой принадлежности рыб, выловленных в бассейне р. Цангпо, важно то, что гаплотип COI мтДНК для этих особей относится к группе гаплотипов, безусловно характерных для вида *P. parva*.

Поскольку в реках бассейна Индийского океана представители рода *Pseudorasbora* ранее не отмечались, обнаруженные нами рыбы, судя по всему, вселились в бассейн р. Брахмапутра лишь недавно и, несомненно, при участии человека.

В водоёмах Тибет-Цинхайского плато, относящихся к бассейну Брахмапутры, амурский чебачок ранее отмечен не был [Lloyd, 1908; Tchang, Wang, 1962; Wu, Tan, 1991; The fishes of the Hengduan..., 1998; Fish and..., 1999]. Данный вид обитает в некоторых водоёмах восточной части этого плато, но только в бассейне реки Янцзы [The fishes of the Hengduan..., 1998]. Не известен он и в бассейне Брахмапутры в пределах Индии [Shetty et al., 1989; Voguah, Biswas, 2002].

В то же время, недавно амурский чебачок был отмечен как вид, перевезенный (translocation) из другого региона, в одном из водоёмов города Лхаса, находящегося в бассейне Брахмапутры [C. Zhang, personal

communication in: Gozlan et al., 2010]. Однако в данной статье не сообщается, является данный водоём проточным или замкнутым.

В настоящее время *P. parva* успешно натурализовался в водоёмах юга России, Восточной Европы, Закавказья, большинства стран Европейского Союза, Северной Африки (Алжир). Расширение ареала амурского чебачка связано, в основном, с непреднамеренной интродукцией этого вида при вселении растительноядных рыб [обзоры: Карабанов и др., 2010; Gozlan et al., 2010]. Видимо, именно таким путём он попал и в бассейн р. Тарим на западе Китая [Fish and..., 1999], в бассейн Меконга [Welcomme, Vidthayanom, 2003], а также на север Вьетнама, в бассейн реки Красная [Карабанов, Кодухова, 2013], хотя эта популяция может быть и южной границей естественного ареала.

В странах с буддийским населением есть ещё одна возможность для распространения чужеродных рыб, включая амурского чебачка – ритуальный выпуск живых рыб в водоёмы. Для использования в этих целях амурский чебачок продаётся в больших городах Тибета [C. Zhang, personal communication in: Gozlan et al., 2010]. Не исключено, что именно таким путём рыбы этого вида могли попасть в водоёмы города Лхаса.

Наши данные свидетельствуют, что в настоящее время амурский чебачок уже натурализовался далеко за пределами города Лхаса, в водоёмах бассейна Брахмапутры выше устья реки Лхаса, и можно ожидать его дальнейшего распространения по этому бассейну. Оросительный канал, в котором он был обнаружен, вряд ли является подходящим местом для ритуальных выпусков рыб, поскольку они с большой долей вероятности могут погибнуть в процессе полива. Гораздо более вероятно, что отловленные нами особи – это потомки рыб, зашедших в оросительный канал из реки, тем более что, наряду с неполовозрелыми особями

амурского чебачка, в пределах данной оросительной системы была обнаружена молодь других карповых рыб, предварительно определённых как представители подсемейства Cultrinae.

В литературе имеются многочисленные данные о негативном влиянии *P. parva* на природные популяции гидробионтов. Так, амурский чебачок успешно гибридизирует с местными эндемичными и редкими видами карповых рыб [Konishi et al., 2003; Gozlan, Beyer, 2006], что может привести к невосполнимым потерям в биологическом разнообразии региона. Он также поедает икру эндемичных рыб рода *Schizothorax* [Xie et al., 2001] – ключевых видов экосистем водоёмов Тибета. По этим причинам необходимо специальное исследование распространения амурского чебачка в бассейне Брахмапутры и разработка мер контроля его популяций.

Благодарности

Пользуемся случаем поблагодарить организаторов и руководителей экспедиции в Тибет – Ю.Ю. Дгебуадзе, Сун Ю-Хуа, Б.И. Шефтеля и Фанг Юна, без помощи которых выполнение данной работы было бы невозможно. Мы также признательны Ю.В. Кодуховой за помощь в проведении морфологического анализа. Экспедиция проводилась в рамках совместного гранта № 11-04-91188-а РФФИ и ГФЕН, обработка материала – в рамках программы «Живая природа: современное состояние и проблемы развития» (подпрограмма «Динамика и сохранение генофондов») и гранта Президента РФ молодым российским учёным МК-2049.2013.4.

Литература

- Карабанов Д.П., Кодухова Ю.В. Амурский чебачок *Pseudorasbora parva* (Cyprinidae) – новый вид в ихтиофауне Вьетнама // Вопросы ихтиологии. 2013. Т. 53. № 2. (в печати).
- Карабанов Д.П., Кодухова Ю.В., Куцоконь Ю.К. Экспансия амурского чебачка *Pseudorasbora parva* (Cypriniformes, Cyprinidae) в водоемы Евразии // Вестник зоологии. 2010. Т. 44. № 2. С. 115–124.
- Никольский Г.В. Рыбы бассейна Амура. Итоги Амурской ихтиологической экспедиции 1945–1949. М.: Изд-во АН СССР, 1956. 551 с.
- Boruah S., Biswas S.P. Ecohydrology and fisheries of the upper Brahmaputra basin // The Environmentalist. 2002. V. 22. P. 119–131.
- Ding J., Mack R.N., Lu P., Ren M., Huang H. China's booming economy is sparking and accelerating biological invasions // BioScience. 2008. V. 58. No. 4. P. 317–324.
- Fish and Fisheries at higher altitudes: Asia / Ed. T. Petr. FAO Fisheries Technical Paper. No. 385. Rome: FAO, 1999. 304 p.
- The fishes of the Hengduan mountains region / Ed. Y. Chen. Science Press. 1998. 364 p. (in Chinese, Abstract in English).
- Gozlan R.E., Andreou D., Asaeda T. et al. Pan-continental invasion of *Pseudorasbora parva*: towards a better understanding of freshwater fish invasions // Fish Fisheries. 2010. V. 11. P. 315–340.
- Gozlan R.E., Beyer K. Hybridization between *Pseudorasbora parva* and *Leucaspis deleniatus* // Folia Zool. 2006. V. 55. No. 1. P. 53–60.
- Hebert P.D.H., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R. Biological identification through DNA barcodes // Proc. R. Soc. Lond. B. 2003. V. 270. P. 313–321.
- Kong D.P., Cui G.H., Yang J.X. Threatened fishes of the world: *Pseudorasbora elongate* Wu, 1939 (Cyprinidae) // Environ. Biol. Fish. 2006. V. 76. P. 69–70.
- Konishi M., Hosoya K., Takata K. Natural hybridization between endangered and introduced species of *Pseudorasbora*, with their genetic relationships and characteristics inferred from allozyme analyses // J. Fish Biol. 2003. V. 63. P. 213–231.

- Lloyd R.E. Report on the fish collected in Tibet by Capt. F. H. Stewart, I.M.S. // Records of the Indian Museum. 1908. V. 2. part. 4. P. 341–344.
- Okonechnikov K.; Golosova O., Fursov M. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit // Bioinformatics. 2012. V. 28. No. 8. P. 1166–1167.
- Sambrook J., Fritsch E.F., Maniatis T. Molecular cloning: a laboratory manual. N.Y.: Cold Spring Harbor Lab. Press, 1989. 1626 p.
- Shetty H.P.C., Nandeesh M.C., Thingran A.G. Impact of exotic aquatic species in Indian waters // Exotic Aquatic Organisms in Asia. Proceedings of the Workshop on Introduction of Exotic Aquatic Organisms in Asia. Asian Fish. Soc. Spec. Pubi. / Ed. S.S. De Silva. Manila, Philippines: Asian Fisheries Society, 1989. P. 45–55.
- Tchang T., Wang W. A preliminary report on the fishes from Tibet // Acta Zoologica Sinica. 1962. V. 14. No. 4. P. 529–536 (in Chinese, English summary).
- Ward R.D., Zemlak T.S., Ihnes B.H. et al. DNA barcoding Australia fish species // Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. 2005. V. 360. P. 1847–1857.
- Welcomme R., Vidthayanom C. The impacts of introductions and stocking of exotic species in the Mekong Basin and policies for their control. MRC Tech. Pap. № 9. Laos, Phnom Penh: Mekong River Commission, 2003. XVIII + 38 p.
- Wu Y.-F., Tan Q.-J. Characteristics of the fish-fauna of the Qinghai-Xizang plateau and its geological distribution and formation // Acta Zoologica Sinica. 1991. V. 37. No. 2. P. 135–151. (In Chinese).
- Xiao Z., Lan Z.-H., Chen X.-L. A new species of the genus *Pseudorasbora* from Guangdong Province, China (Cypriniformes, Cyprinidae) // Acta Zootax. Sinica. 2007. V. 32. P. 977–980. (In Chinese).
- Xie Y., Li Z., Gregg W.P., Li D. Invasive species in China – an overview // Biodiversity and Conservation. 2001. V. 10. P. 1317–1341.
- Yue P.Q. Gobioninae // Fauna Sinica. Osteichthyes: Cypriniformes (II) / Eds. Chen Y., Chu X., Luo Y. et al. China, Beijing: Sci. Press, 1998. P. 262–389. (In Chinese).

**OCCURRENCE OF TOPMOUTH GUDGEON
PSEUDORASBORA PARVA (TEMMINCK ET
SCHLEGEL) (ACTINOPTERYGII: CYPRINIDAE)
IN DRAINAGE OF BRAHMAPUTRA RIVER
(QINGHAI-XIZANG (TIBETAN) PLATEAU, CHINA)**

© 2013 Makhrov A.A.¹, Artamonova V.S.¹, Karabanov D.P.²

¹ A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences,
Moscow, 119071, Russia, e-mail: makhrov12@mail.ru

² I.D. Papanin Institute for Biology of Inland Waters, Russian Academy of Sciences,
Borok, 152742, Russia, e-mail: dk@ibiw.yaroslavl.ru

Two individuals of *Pseudorasbora parva* were caught in a small field ditch flowing into the Yarlung Zangbo River (the upper reach of the Brahmaputra River). Taxonomic status of these specimens was confirmed due to morphological analysis and analysis of the mitochondrial Cytochrome-C oxidase subunit I (COI) sequences (known as Barcoding).

Key words: fish, alien species, biological invasions, DNA barcodes, Tibet, *Pseudorasbora parva*.