



СГУ ИМ. Н.Г. ЧЕРНЫШЕВСКОГО
14 - 19 ИЮНЯ 2024
САРАТОВ

СБОРНИК ТЕЗИСОВ МЕЖДУНАРОДНОГО КОНГРЕССА

**VIII СЪЕЗД БАВИЛОВСКОГО ОБЩЕСТВА
ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ,**
ПОСВЯЩЕННЫЙ 300-ЛЕТИЮ
РОССИЙСКОЙ НАУКИ И
ВЫСШЕЙ ШКОЛЫ



congress.
vogis.
org



ВАВИЛОВСКОЕ
ОБЩЕСТВО
ГЕНЕТИКОВ
И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ
(ВОГиС)

САРАТОВСКИЙ
НАЦИОНАЛЬНЫЙ
ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ГОСУДАРСТВЕННЫЙ
УНИВЕРСИТЕТ
им. Н. Г. ЧЕРНЫШЕВСКОГО
(СГУ)



МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС

«VIII Съезд Вавиловского общества

генетиков и селекционеров, посвященный

300-летию российской науки и высшей школы»

Саратов

14-19 июня 2024 года

INTERNATIONAL CONGRESS

“VIII CONGRESS OF THE VAVILOV SOCIETY OF GENETICISTS AND BREEDERS,

DEDICATED TO THE 300TH ANNIVERSARY

OF RUSSIAN SCIENCE AND HIGHER EDUCATION”

SARATOV

JUNE 14-19, 2024

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

BOOK OF ABSTRACTS

ББК 28/04
УДК 575.1/2

Международный Конгресс «VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы». Саратов, 14–19 июня 2024 года | INTERNATIONAL CONGRESS “VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, dedicated to the 300th anniversary of Russian science and higher education” Saratov, June 14–19, 2024 Издательский дом «Петрополис», Санкт-Петербург, 2024. — 804 с.

В сборнике тезисов Международного Конгресса «VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы» (14-19 июня 2024 г., Саратов, Россия) представлены тезисы докладов участников Конгресса, одобренных программным комитетом. Тезисы опубликованы в авторской редакции.

Научное электронное издание

Статьи печатаются в авторской редакции.

ISBN 978-5-9676-1604-4

© Межрегиональная общественная организация
Вавиловское общество генетиков и селекционеров
(ВОГиС), 2024
© Коллектив авторов, 2024
© ИД «Петрополис», 2024



Изучение биоразнообразия водоплавающих птиц с помощью методов, основанных на детекции свободной ДНК в водной среде

А.Г. Демин¹, С.А. Галкина¹, А.В. Ильина¹, Д.А. Стариков², А.Ю. Скрипниченко¹, О.Д. Такки¹

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург

² Нижне-Свирский государственный природный заповедник, г. Лодейное Поле

rustle.reed@gmail.com

До настоящего времени мониторинг биоразнообразия водоплавающих и околоводных птиц базируется на классических методах прямого визуального наблюдения. Эффективность такого подхода ограничивается рядом естественных факторов — погодными условиями, длиной светового дня, а также лимитом времени и числа наблюдателей. Новым подходом, способным расширить возможности мониторинга водных экосистем, за последнее десятилетие стал метод анализа так называемой экологической или экосистемной ДНК (эДНК) в воде.

Первые серьезные публикации, направленные на изучение возможности мониторинга птиц с использованием метода eDNA, начали появляться только с 2018 года (Ushio et al., 2018; Schutz et al., 2020; 2021, Mojica et al., 2021, Saenz-Agudelo et al., 2021). Полученные данные указывают на перспективность применения эДНК для регистрации присутствия наземных позвоночных на открытых водоемах.

В ходе проведенного исследования был изучен потенциал применения эДНК для регистрации водоплавающих птиц в Свирском заливе Ладожского озера. Отбор проб воды выполнялся в период весенней и осенней миграции каждые 7 дней в трёх стационарных точках в районе Ладожской орнитологической станции (Нижне-Свирский заповедник). В течение всего периода пробоотбора ежедневно проводились визуальные учеты орнитофауны на акватории проведения работ. Из каждой точки отбирали и фильтровали через мембранные МСЕ фильтры по 1,8 литра природной воды по 2 литра фонового контроля (дистиллированная вода). Фильтры консервировали в 96% этилом спирте. Выделение ДНК проводили с использованием магнитных частиц и колонок для избавления от гумусовых кислот. Полученные образцы эДНК использовались для детекции видоспецифичных фрагментов митохондриальных генов 12S, 16S рРНК и COI птиц методом метабаркодирования с использованием нанопорового секвенирования. Результаты исследования продемонстрировали перспективность применения эДНК как инструмента для косвенной регистрации скрытого биоразнообразия различных групп позвоночных на больших открытых водоемах с высоким содержанием гумусовых кислот.

Все этапы пробоподготовки выполнялись на базе ресурсных центров «Хромас», «Развитие молекулярных и клеточных технологий» и «Центр Биобанк» Научного парка СПбГУ (г. Санкт-Петербург).

1. Ushio M., Murata K., Sado T., et al. Demonstration of the potential of environmental DNA as a tool for the detection of avian species // Scientific reports. 2018. 8(1), 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-22817-5>;
2. Schütz R., Tollrian R., Schweinsberg M. A novel environmental DNA detection approach for the wading birds *Platalea leucorodia*, *Recurvirostra avosetta* and *Tringa tetanus* // Conservation Genetics Resources. 2020. 12(4), 529–531. <https://doi.org/10.1007/s12686-020-01143-x>;
3. Mojica L., Diego J., Caballero S. Applications of eDNA metabarcoding for vertebrate diversity studies in northern Colombian water bodies // Frontiers in Ecology and Evolution. 2021. P. 522;
4. Saenz-Agudelo P., Delrieu-Trottin E., DiBattista J. D., et al. Monitoring vertebrate biodiversity of a protected coastal wetland using eDNA metabarcoding // Environmental DNA. 2021. <https://doi.org/10.1002/edn3.200>.

Работа поддержана грантом РНФ № 22-74-10043.