



Всероссийская конференция

# МОРСКАЯ БИОЛОГИЯ В 21 ВЕКЕ:

## БИОЛОГИЯ РАЗВИТИЯ, МОЛЕКУЛЯРНАЯ И КЛЕТОЧНАЯ БИОЛОГИЯ, БИОТЕХНОЛОГИЯ МОРСКИХ ОРГАНИЗМОВ

Владивосток  
12-15 сентября 2023 г.



Памяти академика  
Владимира Леонидовича  
Касьянова

### ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

г. Владивосток



Министерство науки и высшего образования Российской Федерации

Национальный научный центр морской биологии  
им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения  
Российской академии наук

Приморский океанариум - филиал ННЦМБ ДВО РАН

**ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ**  
**Всероссийской конференции**  
**«Морская биология в 21 веке:**  
**биология развития, молекулярная и клеточная биология,**  
**биотехнология морских организмов»**  
**(памяти академика Владимира Леонидовича Касьянова)**

12-15 сентября 2023 г.  
Владивосток, Россия

**ABSTRACTS**  
**of the All-Russian Conference**  
**"Marine Biology in the 21st Century:**  
**Developmental Biology, Molecular and Cell Biology,**  
**Marine Biotechnology"**  
**(in commemoration of the Academician Vladimir L.**  
**Kasyanov)**

September 12-15, 2023  
Vladivostok, Russia

Владивосток  
2023

УДК 574.5  
ББК 28.082.21  
М 805

Утверждено к печати Ученым советом  
Национального научного центра морской биологии им. А.В. Жирмунского  
Дальневосточного отделения Российской академии наук

«Морская биология в 21 веке: биология развития, молекулярная и клеточная биология, биотехнология морских организмов»: тезисы докладов Всероссийской конференции (памяти академика Владимира Леонидовича Касьянова), 12–15 сентября 2023 г., Владивосток, Россия / сост. В.М. Серков. – Владивосток: ННЦМБ ДВО РАН, 2023. – 385с.

"Marine Biology in the 21st Century: Developmental Biology, Molecular and Cell Biology, Marine Biotechnology" Abstracts of the All-Russian Conference (in commemoration of the Academician Vladimir L. Kasyanov), September 12–15, 2023, Vladivostok, Russia / Compiled by Vadim M. Serkov.– Vladivostok : NSCMB FEB RAS, 2023. – 385 p.  
ISBN – 978-5-91849-168-3

УДК 574.5  
ББК 28.082.21  
М 805

В сборнике публикуются тезисы докладов по следующим направлениям морской биологии: биология развития, молекулярная и клеточная биология, биотехнология морских организмов, а также по некоторым аспектам аквакультуры и индустрии публичных аквариумов (океанариумов).

Для эмбриологов, цитологов, биохимиков, генетиков, гидробиологов, ихтиологов, преподавателей и студентов ВУЗов.

This collection contains proceedings in the following fields of marine biology: developmental biology; molecular and cell biology; biotechnology of marine organisms; as well as on some aspects of aquaculture; and the public aquarium industry.

The issue will be of interest for embryologists, cytologists, biochemists, geneticists, hydrobiologists, ichthyologists, lecturers, and university students.

Ответственные редакторы: к.б.н. О.М. Корн  
к.б.н. Е.С. Корниенко  
Ответственный секретарь: к.б.н. В.М. Серков

ISBN - 978-5-91849-168-3

© ННЦМБ ДВО РАН, 2023

## ПРИМЕНЕНИЕ ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ДНК ИЗ ВОДНОЙ СРЕДЫ ДЛЯ ДЕТЕКЦИИ АРКТИЧЕСКИХ ВИДОВ ВОДОПЛАВАЮЩИХ ПТИЦ

*Демин А.Г., Галкина С.А., Ильина И.В., Демина И.В., Платонова Е.В.,  
Старииков Д.А.*

*Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург, rustle.reed@gmail.com*

Современный мониторинг биологического разнообразия и численности птиц в водных и околоводных экосистемах базируется на классических методах прямого визуального наблюдения, идентификации и учёта. Естественными факторами, ограничивающими эффективность такого подхода, являются погодные условия, длина светового дня, а также лимит времени и числа наблюдателей. Новым инструментом, потенциально способным расширить возможности мониторинга биоразнообразия водных экосистем в последние годы стал метод анализа так называемой экологической или средовой ДНК (eDNA) в воде. В данном методе видовая идентификация осуществляется с помощью анализа внеклеточной ДНК или ДНК клеточного дебриса, которые присутствуют в окружающей среде и образуются в результате секреции живых организмов или лизиса клеток (Valentini et al., 2009). При этом, видовая идентификация возможна благодаря высокой видоспецифичности некоторых элементов генома, широко используемых в качестве ДНК-штрихкодов, например, ряда последовательностей митохондриальных генов.

Наиболее наглядно возможности нового метода были продемонстрированы в работах по изучению eDNA морских костистых рыб (Thomsen et al., 2012), китообразных (Foote et al., 2012), черепахах (Davy et al., 2015) и акул (Sigsgaard et al., 2016). После серии подобных публикаций методы анализа eDNA получили широкое распространение в экологических исследованиях (Bohmann et al., 2014; Garlapati et al., 2019; Wang et al., 2020; Saenz-Agudelo et al., 2021). Результаты многих работ наглядно продемонстрировали, что для ряда таксонов методы анализа eDNA более чувствительны, чем традиционный мониторинг (Sigsgaard et al., 2016). Огромный потенциал методов, основанных на eDNA, для мониторинга редких, исчезающих и инвазивных видов был отмечен специалистами в области охраны окружающей среды (Herder et al., 2014). Особый интерес представляет масштабное исследование, посвященное применению метода eDNA для изучения глобального биоразнообразия арктических сообществ животных (Leduc et al., 2019). Результаты этих исследований открывают новые горизонты для дальнейшего внедрения методов, основанных на анализе eDNA, в

практику экологического мониторинга, в том числе в арктическом регионе.

Первые серьезные публикации, направленные на изучение возможности мониторинга птиц с использованием метода eDNA, начали появляться только с 2018 г. (Ushio et al., 2018; Schutz et al., 2020; Mojica et al., 2021; Neice, McRae, 2021; Saenz-Agudelo et al., 2021). Полученные данные указывают на перспективность применения методов анализа eDNA для регистрации птиц не только в замкнутых небольших водоемах, но и на обширных открытых акваториях.

В ходе проведенного исследования был изучен потенциал применения eDNA для регистрации присутствия арктических водоплавающих видов птиц в Ладожском озере, приближающемся по своим размерным характеристикам к морскому заливу. Отбор проб воды выполняли в период с 23.04 по 28.05.2023 года каждые 7 дней в трёх стационарных точках в акватории Свирской губы Ладожского озера. В течение всего периода пробоотбора ежедневно выполняли визуальные учеты видового состава и численности орнитофауны на акватории проведения работ с оборудованных стационарных наблюдательных пунктов. Из каждой точки отбирали в стерильные литровые емкости по 2 литра природной воды и 2 литра так называемой нулевой пробы. Нулевую пробу отбирали путем переливания дистиллированной воды из заранее подготовленной тары в пустые литровые емкости непосредственно в точке пробоотбора и в дальнейшем использовали для контроля контаминации. Пробы фильтровали через мембранные МСЕ фильтры с диаметром пор 0.45 мкм. Далее фильтры использовали для выделения тотальной ДНК.

Полученные таким образом образцы eDNA использовали для детекции видоспецифичных фрагментов митохондриальной ДНК 13 видов арктических водоплавающих птиц – *Branta leucopsis*, *Anser fabalis*, *A. albifrons*, *Cygnus cygnus*, *C. bewickii*, *Anas penelope*, *A. acuta*, *Aythya fuligula*, *A. marila*, *Melanitta nigra*, *M. fusca*, *Gavia arctica* и *Larus argentatus*. Были сконструированы видоспецифичные тест-системы для проведения количественной ПЦР в реальном времени с зондами TaqMan к гипервариабельным сегментам HVR1 и HVR2 D-петли митохондриальной ДНК. Все этапы пробоподготовки и ПЦР выполняли на базе ресурсных центров "Хромас" и "Развитие молекулярных и клеточных технологий" СПбГУ (г. Санкт-Петербург). Проведенный эксперимент продемонстрировал возможность регистрации в пробах воды из крупного водоема видоспецифической ДНК целевых видов водоплавающих птиц. Полученные результаты указывают на перспективность дальнейшего изучения возможностей методик, основанных eDNA, в частности метабаркодирования, для мониторинга скрытого биоразнообразия орнитофауны мелководных морских заливов и проливов.

Работа поддержана грантом РФФ № 22-47-10043.