

**АНАЛИЗ ДНК КАК ПЕРСПЕКТИВНЫЙ ИНСТРУМЕНТ
ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ВОДНЫХ ОРГАНИЗМОВ В СОВРЕМЕННОЙ РОССИИ**

© 2025 г. А.М. Орлов*** ***, Н.И. Рабазанов*** ***,

**Институт океанологии им. П.П. Ширшова РАН
Россия, 117218, г. Москва, Нахимовский просп., д. 36. E-mail: orlov.am@ocean.ru*

***Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН
Россия, 119071, г. Москва, Ленинский просп., д. 33*

****Дагестанский государственный университет
Россия, 367008, г. Махачкала, ул. Батырая, д. 4а. E-mail: rniuh@mail.ru*

*****Прикаспийский институт биологических ресурсов Дагестанского
федерального исследовательского центра РАН
Россия, 367008, г. Махачкала, ул. М. Гаджиева, д. 45*

Поступила в редакцию 25.03.2025. После доработки 01.06.2025. Принята к публикации 01.07.2025.

Представлен краткий обзор современного состояния и перспектив исследований водных организмов с использованием различных методов анализа ДНК (aDNA – древняя ДНК, eDNA – экологическая ДНК, hDNA – историческая ДНК) на постсоветском пространстве с акцентом на ситуацию в современной России. Показано, что, несмотря на бурное развитие исследований анализа ДНК, выделенной из водной среды для решения фундаментальных и прикладных задач во всем мире, в России они находятся лишь на начальном этапе. Аналогичная ситуация наблюдается в странах, входивших ранее в состав бывшего СССР, а также в ряде других развивающихся государств. Представленная по России информация может быть актуальна и для других стран, где исследования с использованием анализа ДНК, выделенной из водной среды, находятся на начальном этапе.

Ключевые слова: eDNA, aDNA, hDNA, биоразнообразие, инвазивные, редкие и исчезающие виды, осетровые, минога, трофология.

DOI: 10.24412/1993-3916-2025-3-183-189

EDN: ZUYIQQ

В последние десятилетия по мере совершенствования технологий молекулярно-генетических методов исследования с использованием анализа ДНК все чаще применяются в различных областях человеческой деятельности, включая медицину, биологию, генетику, биоинформатику и криминологию. Прогресс в этой области не обошел стороной и водные науки, такие как гидробиология, ихтиология, водная экология и рыболовство (Tanya, Kumar, 2010; Orlov, 2022). Между тем, в современной России, которая имеет самую большую площадь морской акватории и сегодня занимает четвертое место в мире по объему вылова, генетические методы с использованием ДНК, выделенной из водной среды, все еще находятся в зачаточном состоянии.

Материалы и методы

В данном обзоре представлены некоторые перспективные для современной России направления исследований, основанные на использовании анализа ДНК, выделенной из водной среды. В обзор не включены методы генетических исследований водных организмов с использованием ДНК, которые уже стали в стране достаточно традиционными: ДНК-штрихкодирование, применяемое для изучения биоразнообразия (Prokofiev et al., 2022a, 2022b), документирование распространения видов (Orlov et al., 2021, 2023; Orlov, Orlova, 2024), филогенетические и филогеографические реконструкции (Voskoboinikova et al., 2020; Chikurova et al., 2023), изучение внутривидовой структуры популяций рыб (Orlova et al., 2019; Emelianova et al., 2022a, 2022b).

Целью данной публикации является краткий обзор текущего состояния и перспектив исследований с использованием различных методов анализа ДНК, выделенной из водной среды,

в современной России, которые могут быть также актуальны и для других развивающихся стран, где подобные исследования находятся в начальной стадии.

Результаты и обсуждение

Древняя ДНК (англ. «ancient DNA – aDNA»). Извлечение ДНК из археологических и палеонтологических образцов является чрезвычайно сложной, а порой и невыполнимой задачей. Из-за особенностей строения костей рыб их ДНК деградирует гораздо быстрее, чем у наземных позвоночных (Ferrari et al., 2021). Тем не менее, при изучении биоразнообразия рыб реки Волга (центральная Россия) были получены положительные результаты на основе анализа ДНК костей рыб из археологических памятников, датируемых XVII и XVIII веками (Alexeev et al., 2024).

Однако наиболее успешным результатом российских исследований водных организмов с использованием ДНК стало восстановление митохондриального генома вымершей Стеллеровой (морской) коровы *Hydrodamalis gigas* (Sharko et al., 2019). Результаты этого исследования позволили сделать вывод, что вымирание данного морского млекопитающего началось задолго до появления первых палеолитических людей в берингоморском регионе (Sharko et al., 2021).

Кроме того, была предпринята попытка выделить ДНК из костей тихоокеанской сельди *Clupea pallasii* Valenciennes, 1847, собранных на древних стоянках алеутов на острове Адак (Алеутские острова, США), датируемых средним и поздним голоценом (Крылович и др., 2013). Целью этого проекта было сравнение современной структуры популяции тихоокеанской сельди (Orlova et al., 2021; Nedoluzhko et al., 2022) с таковой в позднем голоцене, которое не увенчалось успехом.

Историческая ДНК (англ. «historical DNA – hDNA»). В последние годы разработаны методики восстановления деградированной ДНК из образцов животных и растений, хранящихся в музейных коллекциях, в т.ч. чучел и зафиксированных в формалине рыб (Appleyard et al., 2021). Эта процедура весьма трудоёмка и затратна, а также требует разработки специфических подходов для каждого конкретного таксона (таксономической группы). В современных условиях финансирования российской науки такие работы, как правило, могут быть выполнены только в рамках исследовательских грантов. В качестве примеров успешных исследований, поддержанных Российским научным фондом, можно привести два проекта.

Первый проект (Nedoluzhko et al., 2020) был направлен на изучение филогенетических связей в слабоизученном роде осетровых *Pseudoscaphirhynchus* (Scaphirhynchinae, Acipenseridae) путем сравнительного анализа полных митохондриальных геномов. Род включает 3 вида: большого амударьинского лопатноса *Pseudoscaphirhynchus kaufmanni* (Kessler, 1877), малого амударьинского лопатноса *Pseudoscaphirhynchus hermanni* (Kessler, 1877) и сырдарьинского лопатноса *Pseudoscaphirhynchus fedtschenkoi* (Kessler, 1872), которые являются эндемиками бассейна Аральского моря и рек Амударья и Сырдарья в пределах современных Казахстана, Узбекистана и Туркменистана. Первые два вида находятся на грани исчезновения, а последний считается вымершим, поэтому его генетический материал был получен из тканей музейного чучела.

Второй проект был направлен на извлечение ДНК из чешуи, хранящейся в архивах более 40 лет, 2 вымерших и 2 современных экологических форм севанской форели *Salmo ischchan* Kessler, 1877, эндемичной для озера Севан в Армении (Levin et al., 2018). Проведенные исследования позволили восстановить митохондриальные геномы всех указанных форм севанской форели и реконструировать их митогеномную филогению.

Секвенирование ДНК музейных коллекций в настоящее время является важной и актуальной задачей. Этот анализ особенно актуален для таксонов, характеризующихся наибольшим видовым разнообразием и слабо разработанной таксономией. Зоологический институт РАН (Санкт-Петербург, Россия) располагает наиболее представительными коллекциями рыб российской фауны, включая типовый материал, который собирался на протяжении двух столетий. Ранние коллекции изначально фиксировались в формалине. Такой тип фиксации разрушает структуру ДНК и сильно затрудняет секвенирование ДНК образцов (Appleyard et al., 2021). К сожалению, приходится констатировать, что инициативный проект, направленный на секвенирование ДНК типовых материалов из коллекций Зоологического института РАН наиболее богатыми видами семейств рыб отечественной ихтиофауны со слабо разработанной таксономией (Zoaridae, Cottidae, Liparidae, Cyprinidae), пока не получил финансовой поддержки.

Контроль инвазивных видов. В последние годы большое внимание уделяется чужеродным видам в российских водах (Дгебуадзе и др., 2008; Слынько и др., 2010). Однако методы, использующие экологическую ДНК – eDNA (англ. «environmental DNA») в качестве инструмента для их контроля, российскими исследователями до середины 2010-х годов вообще не рассматривались (Махров и др., 2014). В последние годы в российских научных журналах появились обзорные статьи, посвященные исследованиям с использованием ДНК, выделенной из водной среды, в т.ч. направленные на выявление видов-вселенцев (Никифоров и др., 2018; Пинахина, Чекунова, 2020). Однако в них приводятся сведения о состоянии таких исследований в различных странах мира, но аналогичная информация по России полностью отсутствует.

Обнаружение редких и исчезающих видов. Экологическая ДНК также может быть использована в качестве инструмента для обнаружения редких и находящихся под угрозой исчезновения видов, таких как осетровые в бассейнах Азовского, Чёрного, Каспийского и Аральского морей, а также каспийская минога *Caspionuzyon wagneri* (Kessler, 1870) – эндемик бассейна Каспийского моря. Численность осетровых и миноги в Понто-Каспийском бассейне резко сократилась за последние десятилетия (Orlov et al., 2022; Иванов и др., 2023; Дудкин и др., 2024) – до такой степени, что традиционные методы оценки запасов в отношении данных видов оказываются неэффективными. Использование экологической ДНК с отбором проб в традиционных местах зимовки осетровых и миноги может помочь определить реальное состояние их популяций. Эти подходы могут быть применены и к другим находящимся под угрозой исчезновения видам водных животных, занесенным в Красную книгу Российской Федерации, Красный список Международного Союза Охраны Природы (МСОП) и/или приложения к Конвенции о международной торговле видами дикой фауны и флоры, находящимися под угрозой исчезновения (СИТЕС).

Мониторинг биоразнообразия. В последние годы изучению биоразнообразия уделяется повышенное внимание в связи с его существенным снижением в условиях глобального изменения климата и усиления антропогенного воздействия на природные экосистемы. Использование экологической ДНК для изучения и мониторинга биоразнообразия можно считать наиболее перспективным неинвазивным и относительно недорогим методом (Harrison et al., 2019; Sahu et al., 2022). Однако в России в настоящее время исследования морского биоразнообразия с использованием экологической ДНК не проводятся или находятся на начальных стадиях сбора и накопления образцов (Orlov et al., 2020).

Оценка запасов. Использование eDNA для оценки биомассы и численности промысловых видов имеет большой потенциал (Rourke et al., 2022). В последние годы этот подход активно развивается во многих странах (Kirtane et al., 2021; Stoeckle et al., 2021; Jo et al., 2022) и обеспечивает значительную экономию средств по сравнению с траловыми съёмками с использованием дорогостоящих орудий лова и исследовательских судов. Кроме того, использование eDNA является более экологичным методом, позволяющим минимизировать ущерб окружающей среде и водным организмам. Для России применение данной методологии представляется весьма перспективным в условиях старения научно-исследовательского флота, роста цен на топливо и сокращения государственного финансирования научных исследований, однако он пока не получил должного развития (Никифоров и др., 2018; Orlov, Volvenko, 2022).

Исследования состава пищи и трофических взаимоотношений. Методика использования анализа ДНК (метабаркодинг) в трофических исследованиях пока не нашла своего применения в России. Более того, как показывает анализ публикаций, посвященных изучению составу пищи, особенностям питания и трофическим связям рыб (Решетников и др., 2013), объем таких исследований даже с использованием традиционных методов в России из года в год сокращается.

Особый интерес представляет использование анализа ДНК для изучения пищевого поведения различных видов паразитических миног, поскольку содержимое их пищеварительного тракта состоит из однородной смеси крови и/или тканей их жертв. В этом случае анализ ДНК содержимого их пищеварительного тракта может быть лучшим методом идентификации вида жертвы (Clemens et al., 2019). Этот подход представляется наиболее актуальным в отношении 2 видов паразитических миног, которые симпатрически обитают в северной части Тихого океана и, вероятно, употребляют в пищу разные виды жертв: трёхзубая минога *Enthosphenus tridentatus* (Richardson, 1836) и тихоокеанская минога *Lethenteron camtschaticum* (Tilesius, 1811). Однако

данная проблема пока плохо изучена (Орлов и др., 2008, 2014) и требует дальнейшего исследования.

Распознавание ран, нанесенных симпатрическими паразитическими миногами. Еще одна интересная проблема, где может быть использован анализ ДНК, – это видовая идентификация паразитических миног путем анализа свежих ран на телах их жертв. Раны, оставляемые особями трёхзубой и тихоокеанской миног, трудно отличить друг от друга (Siwicke, Seitz, 2015). Проблему можно решить путем отбора проб (соскобов) тканей со свежих ран их жертв для последующего анализа ДНК, который может помочь идентифицировать конкретные виды миног, ответственных за нападения (Clemens et al., 2019).

Выводы

Хотя изучение водных экосистем с использованием молекулярно-генетических методов в последние десятилетия во всем мире активно развивается, наблюдается заметный дисбаланс в количестве таких исследований между разными континентами. Например, недавний обзор Т. Schenekar (2023) показал, что по объему проводимых исследований лидирует Северная Америка, за ней с небольшим отрывом следуют Европа и Азия, с большим отрывом от них отстают Южная Америка и Австралия, а замыкает список Африка. Около 50% всех мировых исследований сосредоточено на изучении речных экосистем, в то время как из всех водных организмов наибольшее внимание уделяется рыбам (около половины проводимых исследований). Тем не менее, наименее изученными с использованием генетических методов остается пресноводная ихтиофауна бассейнов рек Конго, Меконг и Миссисипи, в то время как для морских рыб наибольшие пробелы отмечены в отношении Карибского моря и вод Восточной Африки (Marques et al., 2020).

Описанная нами ситуация в области водных генетических исследований в России не является уникальной для остального мира и характерна для ряда других стран. Например, исследования с использованием экологической ДНК находятся на ранней стадии развития во многих странах Африки (Perry et al., 2022; von der Heyden, 2023) и Латинской Америки (Cortelezzi, Paz, 2023). Аналогичная ситуация характерна для государств, входивших в состав бывшего СССР, например, Грузии (Beridze et al., 2023) и Казахстана (Abileva et al., 2023).

Для улучшения ситуации в указанных регионах правительства, соответствующие министерства и ведомства, а также научные фонды должны признать важность и необходимость регулярного мониторинга водных экосистем, в т.ч. с использованием молекулярно-генетических методов. При проведении таких исследований приоритет следует отдавать государственному контролю за инвазивными видами и мониторингу численности редких и находящихся под угрозой исчезновения видов. Также необходимо разрабатывать и совершенствовать методы оценки запасов промысловых рыб и беспозвоночных с использованием экологической ДНК в рамках проектов, финансируемых соответствующими агентствами и/или частными спонсорами (например, рыболовными компаниями). Другие направления фундаментальных исследований могли бы финансироваться научными фондами.

Финансирование. Работа выполнена в рамках госзадания Института океанологии им. П.П. Ширшова РАН № FMWE-2024-0022, а так же госзадания Прикаспийского института биологических ресурсов ДФИЦ РАН № FMSW 2025 – 0058.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Дгебуадзе Ю.Ю., Петросян В.Г., Бессонов С.А., Дергунова Н.Н., Ижевский С.С., Масляков В.Ю., Морозова О.В., Царевская Н.Г. 2008. Общая концепция создания проблемно-ориентированного интернет-портала по инвазиям чужеродных видов в Российской Федерации // Российский журнал биологических инвазий. Т. 1. № 2. С. 9-21.
- Дудкин С.И., Леонтьев С.Ю., Мирзоян А.В. 2024. Состояние запасов и уловов промысловых видов рыб Азовского и Чёрного морей за период 2000-2020 гг.: динамика и тенденции // Труды ВНИРО. Т. 195. С. 35-44.
- Иванов В.П., Пальцев В.Н., Шитулин С.В. 2023. Рыбные ресурсы Каспийского моря. М.: Изд-во ВНИРО. 560 с.
- Крылович О.А., Савинецкий А.Б., Савинецкий А.Б. 2013. Динамика добычи рыб древними алеутами острова Адак (Алеутские острова, Аляска) в среднем и позднем голоцене // Зоологический журнал. Т. 92. № 9.

С. 1117-1128.

- Махров А.А., Карabanов Д.П., Кодухова Ю.В. 2014. Генетические методы борьбы с чужеродными видами // Российский журнал биологических инвазий. Т. 7. № 2. С. 110-126.
- Никифоров А.И., Круглова Д.К., Посохова Е.С., Рабазанов Н.И., Орлов А.М., Гаврилов Б.А. 2018. Исследования с использованием выделенной из водной среды ДНК: состояние и перспективы // Успехи современной биологии. Т. 138. № 1. С. 18-30.
- Пинахина Д.В., Чекунова Е.М. 2020. ДНК окружающей среды: история изучения, современные и перспективные направления в фундаментальных и прикладных исследованиях // Экологическая генетика. Т. 18. № 4. С. 493-509.
- Решетников Ю.С., Мина М.В., Дгебуадзе Ю.Ю. 2013. Тематика ихтиологических исследований на страницах журнала «Вопросы ихтиологии» // Вопросы ихтиологии. Т. 53. № 1. С. 6.-15.
- Орлов А.М., Байталюк А.А., Пеленёв Д.В. 2014. Особенности распределения и размерный состав тихоокеанской миноги *Lethenteron camtschaticum* в Северной Пацифике // Океанология. Т. 54. № 2. 200-215.
- Орлов А.М., Савиных В.Ф., Пеленёв Д.В. 2008. Особенности пространственного распределения и размерного состава трехзубой миноги *Lampetra tridentata* в Северной Пацифике // Биология моря. Т. 34. № 5. С. 324-335.
- Слынько Ю.В., Дгебуадзе Ю.Ю., Новицкий Р.А., Христов О.А. 2010. Инвазии чужеродных рыб в бассейнах крупнейших рек Понто-Каспийского бассейна: состав, векторы, инвазионные пути и темпы // Российский журнал биологических инвазий. Т. 3. № 4. С. 74-89.
- Abileva G., Turzhanova A., Zhamangara A., Khapilina O., Kalendar R. 2024. Environmental DNA Reveals the Ecology and Seasonal Migration of a Rare Sturgeon Species in the Ural River // Environmental DNA. Vol. 6. P. e535.
- Appleyard S.A., Maher S., Pogonoski J.J., Bent S.J., Chua X.Y., McGrath A. 2021. Assessing DNA for Fish Identifications from Reference Collections: the Good, Bad and Ugly Shed Light on Formalin Fixation and Sequencing Approaches // Journal of Fish Biology. Vol. 98. P. 1421-1432.
- Beridze T., Japoshvili B., Edisherashvili T., Anderson C., Mumladze L. 2023. Fish Diversity Assessed by eDNA Detection Methods in the Rioni River // Metabarcoding and Metagenomics. Vol. 7. P. e96780.
- Chikurova E.A., Orlov A.M., Shchepetov D.M., Orlova S.Y. 2023. Separated by Space and Time but United by Kinship: Phylogeographical and Phylogenetic History of Two Species of *Eleginus* (Gadidae) Based on the Polymorphism of *Cyt b* Mitochondrial DNA Gene // Journal of Ichthyology Vol. 63. P. 216-241.
- Clemens B.J., Weitkamp L., Siwicke K., Wade J., Harris J., Hess J., Porter L., Parker K., Sutton T., Orlov A.M. 2019. Marine Biology of the Pacific Lamprey *Entosphenus tridentatus* // Reviews in Fish Biology and Fisheries. Vol. 29. P. 767-788.
- Cortezzi A., Paz L.E. 2023. Macroinvertebrate Biomonitoring in Latin America: Progress and Challenges // Freshwater Science. Vol. 42. P. 204-213.
- Emelianova O.R., Grigorov I.V., Orlov A.M., Orlova S.Y. 2022a. Polymorphism of mtDNA gene *Cyt b* of the Chukchi Sea polar cod, *Boreogadus saida* (Gadidae, Gadiformes) // Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography. Vol. 206. P. 105212.
- Emelianova O.R., Bulatov O.A., Grigorov I.V., Orlov A.M., Orlova S.Y. 2022b. Polymorphism of mtDNA Gene *Cyt b* of Walleye Pollock, *Gadus chalcogrammus* (Gadidae), in the Chukchi Sea, Western Bering Sea, and Sea of Okhotsk // Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography. Vol. 206. P. 105216.
- Ferrari G., Cuevas A., Gondek-Wyrozska A.T., Ballantyne R., Kersten O., Pálsdóttir A.H., van der Jagt I., Hufthammer A.K., Ystgaard I., Wickler S., Bigelow G.F., Harland J., Nicholson R., Orton D., Clavel B., Boessenkool S., Barrett G.H., Star B. 2021. The Preservation of Ancient DNA in Archaeological Fish Bone // Journal of Archaeological Science. Vol. 126. P. 105317.
- Harrison J.B., Sunday J.M., Rogers S.M. 2019. Predicting the Fate of eDNA in the Environment and Implications for Studying Biodiversity // Proceedings of the Royal Society B. Vol. 286. P. 20191409.
- Jo T., Takao K., Minamoto T. 2022. Linking the State of Environmental DNA to its Application for Biomonitoring and Stock Assessment: Targeting Mitochondrial/Nuclear Genes, and Different DNA Fragment Lengths and Particle Sizes // Environmental DNA. Vol. 4. P. 271-283.
- Kirtane A., Wiczorek D., Noji T., Baskin L., Ober C., Plosica R., Chenoweth A., Lynch K., Sassoubre L. 2021. Quantification of Environmental DNA (eDNA) Shedding and Decay Rates for Three Commercially Harvested Fish Species and Comparison Between eDNA Detection and Trawl Catches // Environmental DNA. Vol. 3. P. 1142-1155.
- Levin B., Simonov E., Rastorguev S., Boulygina E., Sharko F., Tsygankova S., Gabrielyan B., Roubenyan H., Mayden R., Nedoluzhko A. 2018. High-throughput Sequencing of the Mitochondrial Genomes from Archived Fish Scales: an Example of the Endangered Putative Species Flock of Sevan Trout *Salmo ischchan* // Hydrobiologia. Vol. 822. P. 217-228.
- Marques V., Milhau T., Albouy C., Dejean T., Manel S., Mouillot D., Juhel J.B. 2021. GAPeDNA: Assessing and Mapping Global Species Gaps in Genetic Databases for eDNA Metabarcoding // Diversity and Distribution.

- Vol. 27. P. 1880-1892.
- Nedoluzhko A.V., Sharko F.S., Tsygankova S.V., Boulygina E.S., Barmintseva A.E., Krasivskaya A.A., Ibragimova A.S., Gruzdeva N.M., Rastorguev S.M., Mugue N.S. 2020. Molecular Phylogeny of One Extinct and Two Critically Endangered Central Asian STURGEON SPECIES (GENUS *Pseudoscaphirhynchus*) Based on Their Mitochondrial Genomes // Scientific Reports. Vol. 10. P. 722.
- Nedoluzhko A., Orlova S.Y., Kurnosov D.S., Orlov A.M., Galindo-Villegas J., Rastorguev S.M. 2022. Genomic Signatures of Freshwater Adaptation in Pacific Herring (*Clupea pallasii*) // Genes. Vol. 13. P. 1856.
- Orlov A.M. 2022. Contemporary Ichthyological and Fisheries Research of Deepwater Fish: New Advances, Current Challenges, and Future Developments // Journal of Marine Science and Engineering. Vol. 10. P. 166.
- Orlov A.M., Barkhalov R.M., Rabazanov N.I., Orlova S.Y., Sokol'skii A.F. 2022. Caspian Lamprey *Caspiomyzon wagneri* (Petromyzontidae): a Review of Historical and Modern Data // Journal of Ichthyology. Vol. 62. P. 1245-1268.
- Orlov A.M., Orlova S.Y. 2024. Eastward Journey: a Second Capture and First Genetically Confirmed Record of Greenland Shark *Somniosus microcephalus* in the Laptev Sea (Siberian Arctic) // Environmental Biology of Fishes. Vol. 107. P. 47-57.
- Orlov A.M., Orlova S.Y., Rybakov M.O., Emelianova O.R., Vedishcheva E.V. 2023. First Record of the Northern Wolffish *Anarhichas denticulatus* Krøyer, 1845 (Anarhichadidae: Zoarcoidei: Perciformes) in the Siberian Arctic: further Evidence of Atlantification? // Climate. Vol. 11. P. 101.
- Orlov A.M., Rybakov M.O., Vedishcheva E.V., Volkov A.A., Orlova S.Y. 2021. Walleye Pollock *Gadus chalcogrammus*, a Species with Continuous Range from the Norwegian Sea to Korea, Japan, and California: New Records from the Siberian Arctic // Journal of Marine Science and Engineering. Vol. 9. P. 1141.
- Orlov A.M., Savin A.B., Gorbatenko K.M., Benzik A.N., Morozov T.B., Rybakov M.O., Terentiev D.A., Vedishcheva E.V., Kurbanov Yu.K., Nosov M.A., Orlova S.Yu. 2020. Biological Studies in the Russian Far Eastern and Arctic seas in the VNIRO Transarctic expedition // Trudy VNIRO. No. 181. P. 102-143.
- Orlov A.M., Volvenko I.V. 2022. Long-term Changes in the Distribution and Abundance of Nine Deep-water Skates (Arhynchobatidae: Rajiformes: Chondrichthyes) in the Northwestern Pacific // Animals. Vol. 12. P. 3485.
- Orlova S.Y., Schepetov D.M., Mugue N.S., Smirnova M.A., Senou H., Baitaliuk A.A., Orlov A.M. 2019. Evolutionary History Told by Mitochondrial Markers of Large Teleost Deep-Sea Predators of Family Anoplopomatidae Jordan & Gilbert 1883, Endemic to the North Pacific // Journal of Marine Biology Association of the United Kingdom. Vol. 99. P. 1683-1691.
- Orlova S.Y., Rastorguev S., Bagno T., Kurnosov D., Nedoluzhko A. 2021. Genetic Structure of Marine and Lake Forms of Pacific Herring *Clupea pallasii* // Peer Journal. Vol. 9. P. e12444.
- Perry I., Jåms I. B., Casas-Mulet R., Hamutoko J., Marchbank A., Lendelvo S., Naomab E., Mapani B., Creer S., Wanke H., Durance I., Kille P. 2022. Challenges to Implementing Environmental-DNA Monitoring in Namibia // Frontiers in Environmental Science. Vol. 9. P. 773991.
- Prokofiev A.M., Balanov A.A., Emelianova O.R., Orlov A.M., Orlova, S.Y. 2022a. A New Species of Lycodapus from the Emperor Seamount Chain, Northwestern Pacific Ocean (Teleostei: Zoarcidae) // Diversity. Vol. 14. P. 972.
- Prokofiev A.M., Emelianova O.R., Orlov A.M., Orlova S.Y. 2022b. A New Species of Diaphus Associated with Seamounts of the Emperor Chain, North-Western Pacific Ocean (Teleostei: Myctophiformes: Myctophidae) // Journal of Marine Science and Engineering. Vol. 10. P. 65.
- Rourke M.L., Fowler A.M., Hughes J.M., Broadhurst M.K., DiBattista J.D., Fielder S., Walburn J.W., Furlan E.M. 2022. Environmental DNA (eDNA) as a Tool for Assessing Fish Biomass: a Review of Approaches and Future Considerations for Resource Surveys // Environmental DNA. Vol. 4. P. 9-33.
- Sahu A., Kumar N., Singh C. P., Singh M. 2022. Environmental DNA (eDNA): Powerful Technique for Biodiversity Conservation // Journal for Nature Conservation. Vol. 71. P. 126325.
- Schenekar T. 2023. The Current State of eDNA Research in Freshwater Ecosystems: Are We Shifting from the Developmental Phase to Standard Application in Biomonitoring? // Hydrobiologia. Vol. 850. P. 1263-1282.
- Sharko F.S., Rastorguev S.M., Boulygina E.S., Tsygankova S.V., Ibragimova A.S., Tikhonov A.N., Nedoluzhko A.V. 2019. Molecular Phylogeny of the Extinct Steller's Sea Cow and Other Sirenia Species Based on Their Complete Mitochondrial Genomes // Genomics. Vol. 111. P. 1543-1546.
- Sharko F.S., Boulygina E.S., Tsygankova S.V., Slobodova N.V., Alekseev D.A., Krasivskaya A.A., Rastorguev S.M., Tikhonov A.N., Nedoluzhko A.V. 2021. Steller's Sea Cow Genome Suggests This Species Began Going Extinct before the Arrival of Paleolithic Humans // Nature Communications. Vol. 12. P. 2215.
- Siwicke K.A., Seitz A.C. 2015. Interpreting Lamprey Attacks on Pacific cod in the Eastern Bering Sea // Transactions of the American Fisheries Society. Vol. 144. P. 1249-1262.
- Stoeckle M.Y., Adolf J., Charlop-Powers Z., Duntun K.J., Hinks G., VanMorter S.M. 2021. Trawl and eDNA Assessment of Marine Fish Diversity, Seasonality, and Relative Abundance in Coastal New Jersey, USA // ICES Journal of Marine Science. Vol. 78. P. 293-304.
- Tanya C., Kumar R. 2010. Molecular Markers and Their Applications in Fisheries and Aquaculture // Advances in

- Bioscience and Biotechnology. Vol. 1. P. 281-291.
- von der Heyden S.* 2023. Environmental DNA Surveys of African Biodiversity: State of Knowledge, Challenges, and Opportunities // Environmental DNA. Vol. 5. P. 12-17.
- Voskoboinikova O.S., Kudryavtseva O.Yu., Orlov A.M., Orlova S.Yu., Nazarkin M.V., Chernova N.V., Maznikova O.A.* 2020. Relationships and Evolution of Lumpsuckers of the Family Cyclopteridae (Cottoidei) // Journal of Ichthyology. Vol. 60. P. 154-181.