

## *DNA-based Approach to Wildlife Conservation: What Can and Can't be Done*

### ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОДХОД К ОХРАНЕ ПРИРОДЫ: ВОЗМОЖНОСТИ И ПРЕПЯТСТВИЯ?

*Schepetov D.M. (IDB RAS, Moscow, Russia)*

*Щепетов Д.М. (ИБР РАН, Москва, Россия)*

**Контакт:**

Дмитрий Щепетов  
d.schepetov@idbras.ru

**Contact:**

Dmitry Schepetov  
d.schepetov@idbras.ru

В современном мире “классическая” биология всё чаще успешно использует новейшие методы генетики и готовые тест-системы. В результате даже неспециалистам становятся доступны быстрые и надёжные способы определения таксономического статуса образца и оценки размеров и границ популяции. Накопленные в открытых базах данных последовательности ДНК и проверенные протоколы работы позволяют получать представление о видовой принадлежности образца, даже когда морфологические исследования невозможны. Наличие же опубликованных геномных данных или упрощающийся с каждым годом поиск подходящих маркеров позволяют достаточно надёжно разделять не только группы организмов, между которыми уже возникли репродуктивные барьеры, но и оценивать скорости потока генов между популяциями.

В то же время, в генетической криминалистике существуют отработанные процедуры, позволяющие получать стабильный и надёжный результат, даже в сложных случаях. Протоколы выделения ДНК, разработанные для образцов плохой сохранности, могут быть успешно применены для работы с помётом, клочками шерсти и в прочих случаях, когда прямой или инвазивный отбор материала невозможен. Также находят своё применение методы, разработанные для идентификации личности и определения степени родства, которые без труда можно применять не только к человеку.

Природоохранные программы могут получить существенный прирост эффективности, корректно используя как методы первичного научного поиска, так и отработанные стандартизированные процедуры проведения экспертизы. Использование генетических методов, на начальных этапах программы, колоссально облегчает валидацию получаемых данных. При этом самые сложные программы могут использовать даже генетическую паспортизацию индивидуумов. Тем не менее, нельзя не

In many cases field biology can greatly benefit from use of modern genetic methods and ready-to-use test systems, promoting ease of organism identification and quantitative means to assess population structure and sizes: Vast DNA sequence databases and available lab protocols make it possible to identify given organisms when methods of classic taxonomy are unavailable. With additional research or priorly available genomic data, population genetics methods allow to investigate beyond existing reproductive barriers and recover gene flow rates between populations.

At the same time, forensic science has lots of well established procedures, proven to be robust and easy to reproduce. DNA extraction protocols for trace material can be adopted for animal droppings, hair and other cases where direct or invasive tissue sampling is restricted. Moreover, principles of laboratory individual identification and kinship measurement, initially developed for humans, can be easily transferred to other species.

Wildlife conservation programs can greatly benefit, taking best from both worlds. From earliest stages, where DNA based approach provides foundation data easy to validate and share internationally, to the most advanced programs, focusing on forensic grade precision in individual organism identification. However, many caveats exist, and ignoring them may lead to uninformative or confusing results. In general, two types of issues arise:

First type is related to problem setting. Not every method is applicable to all situations. Genetic study results can be greatly dependable on sample size and priorly available information. This is especially true for endangered species, where available number of individuals may be extremely low.

Not all performed research gives conclusive results, despite absolutely adequate sample sizes and methods used. On one extreme end all knowledge yielded may

учитывать возможные затруднения, которые могут приводить к получению неинформативных или противоречивых результатов. В общем случае бывает два типа проблем:

Первый связан с постановкой задачи. Далеко не все методы применимы ко всем ситуациям. Генетические исследования, при некоторых подходах, очень чувствительны к размерам выборок и, в то же время, могут сильно зависеть от уже имеющейся сторонней информации. Особенно остро это может проявляться в случае редких и исчезающих видов, для которых не существует возможности собрать обширный материал.

Вторая проблема связана с тем, что далеко не каждое исследование даёт чёткий и однозначный результат, даже при абсолютно корректном применении всех выбранных методик. В худших из случаев, получается, что либо нет наблюдаемых различий (при недостаточной чувствительности метода), либо, наоборот, различия настолько велики, что не позволяют однозначно группировать исследуемые образцы. К тому же, может возникать сложность при трактовке результатов, полученных новейшими методами, что приводит к искаженным или вовсе неверным выводам.

be that all studied individuals are identical, as far as used markers can tell. In opposite case, all individuals may be different, with not enough similarity between them to group them in any meaningful way. Additionally, in many cases, results tend to be misinterpreted, leading to biased conclusions.