
THEORETICAL AND PRACTICAL ISSUES OF ECOLOGY



V. M. Pomohaibo¹ ✉ Cand. Sci. (Biol.), Professor
L. D. Orlova² Dr. Sci. (Biol.), Professor
N. A. Vlasenko² Cand. Sci. (Biol.)

UDK 574+577.2.04

¹*Poltava M. V. Ostrogradsky Regional Institute
of Postgraduate Pedagogical Education,
Sobornosti str., 64, Poltava, Ukraine, 36000*

²*Poltava National Pedagogical V. G. Korolenko University,
Ostrogradskiy str., 2, Poltava, Ukraine, 36009*

FREE DNA IN NATURE AS A TOOL OF ECOLOGICAL MONITORING OF THE ENVIRONMENT

Abstract. Free DNA in nature or the environmental DNA (eDNA) contains unique information about the diversity not only of unicellular but also of multicellular organisms – fungi, plants, invertebrates and vertebrates in the past and contemporary nature. eDNA of a soil surface and of an aquatic environment may indicate a presence of contemporary living organisms and deposits, sediments and glaciers – wildlife diversity in the geological past.

Fungi are reducers, symbions and parasites and play an important ecological role in nature, and so it is important to know their taxonomic and functional characteristics. Analysis eDNA in samples of forest soil showed that ascomycetes and basidiomycetes are represented most of all. They were identified as mycorrhizal types, plant pathogens and saprotrophes. In soils of different climatic zones DNA of numerous taxons of plant (herbs, shrubs, trees), unicellular and multicellular animals (protozoans, earthworms, birds, mammals) was discovered. In spite of this unknown species of fungi and earthworms were discovered. It was ascertained that eDNA of soil surface layer do not move practically and it is able to display a complete taxonomic filling of vertebrates and relative biomass of individual species.

Researches of eDNA of freshwater ecosystems is focused to identify and control spreading of invasive species of crustaceans, mollusks, fishes, amphibians and reptiles with the goal of conservation of biological diversity and ecological balance. It is shown that eDNA may be a better tool to identify these species in comparison with traditional methods of audio and visual observation. At the same time a population size and an ontogenetic stage are not important. Another research direction of eDNA in a fresh water aims to identify species of aquatic animals (crustaceans, insects, fish, amphibians and mammals) at risk of extinction. A short time of eDNA existence in freshwater ecosystems is very useful for a nature protecting, because it can indicate a presence, status and disappearance of species. Thus eDNA of previous population, which is rapidly destroyed, will not interfere with the analysis. However, it is necessary to remember that in river ecosystems eDNA moves with the stream at a great distance. Further researches of eDNA in seawater samples are necessary, because in this aquatic environment the ability to move and storage time of free genetic material is insignificant.

In land deposits, water sediments and glaciers free DNA do not move and may be preserved for long periods – till hundreds of thousands of years, that gives a possibility to obtain valuable information about

✉ Tel.: +38050-833-81-33. E-mail: vmpom@yandex.ua

DOI: 10.15421/031702

ISSN 1726-1112. *Ecology and noospherology*. 2017. Vol. 28, no. 1–2

17

the wildlife of paleoenvironments. In samples of permafrost deposits was found eDNA of numerous taxons of fungi, plants, three species of beetles, two species of fossil bird moa, mammoth, bison, horse.

Water sediments is rich in eDNA also. In sea sediments extracellular DNA is much more than in sea water. Moreover, the anoxic conditions slow down destructive processes that ensures its long-term preservation. Sea sediments, especially estuary sediments are used to determine influence of human activities on the biological communities of ecosystems. Sediments of freshwater lake also contain eDNA, which represent degrading consequences of human interaction with the environment. Results of eDNA study of lake sediments as well as a study of soil deposits complement results of a study of pollen and fossil plant residues. It confirms a feasibility to combine traditional and molecular genetic methods in ecological researches to obtain most authentic data about past plant diversity.

eDNA of many organisms is contained in glaciers. The analysis of this DNA permitted to identify 57 taxons of fungi, 8 orders of higher plants, taxons of protozoans and insects.

Keywords: *environmental DNA (eDNA), past and present biodiversity, top soil, fresh and sea water, sediments, glaciers.*

УДК 574+577.2.04

В. М. Помогайбо¹
Л. Д. Орлова²
Н. А. Власенко²

канд. биол. наук, проф.
д-р биол. наук, проф.
канд. биол. наук

¹*Полтавський обласний інститут післядипломного педагогічного образования
ім. М. В. Остроградського, вул. Соборності, 64, г. Полтава, Україна, 36000,
тел.: +38050-833-81-33, e-mail: vtpom@yandex.ua*

²*Полтавський національний педагогічний університет ім. В. Г. Короленко,
вул. Остроградського, 2, г. Полтава, Україна, 36009*

СВОБОДНАЯ ДНК В ПРИРОДЕ КАК ИНСТРУМЕНТ ЭКОЛОГИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА ОКРУЖАЮЩЕЙ СРЕДЫ

Аннотация. Обзор научных публикаций посвящен исследованию ДНК окружающей среды (ДНКос), которая содержит уникальную информацию о разнообразии живых организмов прошлой и современной природы. Представлены данные о наличии и биологической принадлежности ДНКос в различных типах окружающей среды – верхнем слое почвы, пресной и морской воде, отложениях суши, осадках озер и морей, ледниках. Молекулярно-генетический анализ ДНКос почвы и воды предоставляет информацию о таксономическом и количественном составе современной живой природы, а ДНКос отложений, осадков и ледников способна свидетельствовать о структуре прошлых экосистем и их динамике на протяжении длительного геологического периода. Для создания эффективных технологий научно обоснованного возобновляющего природопользования необходимы дальнейшие исследования ДНКос.

Ключевые слова: *ДНК окружающей среды (ДНКос), прошлое и современное биоразнообразие, верхний слой почвы, пресная и морская вода, отложения, осадки, ледники.*

УДК 574+577.2.04

В. М. Помогайбо¹
Л. Д. Орлова²
Н. О. Власенко²

канд. биол. наук, проф.
д-р биол. наук, проф.
канд. биол. наук

¹*Полтавський обласний інститут післядипломної педагогічної освіти
ім. М. В. Остроградського, вул. Соборності, 64, Полтава, Україна, 36000,
тел.: +38050-833-81-33, e-mail: vtpom@yandex.ua*

²*Полтавський національний педагогічний університет ім. В. Г. Короленко,
вул. Остроградського, 2, м. Полтава, Україна, 36009*

ВІЛЬНА ДНК У ПРИРОДІ ЯК ІНСТРУМЕНТ ЕКОЛОГІЧНОГО МОНІТОРИНГУ ДОВКІЛЛЯ

Анотація. Огляд наукових публікацій присвячено дослідженню ДНК навколишнього середовища (ДНКнс), яка містить унікальну інформацію про різноманіття живих організмів у

минулій та сучасній природі. Подано дані про наявність і біологічну приналежність ДНКнс у різних типах навколишнього середовища – поверхневому ґрунті, прісній та морській воді, відкладеннях суходолу, осадах морів та озер, льодовиках. Молекулярно-генетичний аналіз ДНКнс ґрунту та води надає інформацію про таксономічну та кількісну структуру сучасної живої природи, а ДНКнс відкладень, осадів та льодовиків здатна свідчити про структуру минулих екосистем та їх динаміку протягом тривалого геологічного часу. Для розробки ефективних технологій науково обґрунтованого відтворюючого природокористування необхідні подальші дослідження ДНКнс.

Ключові слова: ДНК навколишнього середовища (ДНКнс), давнє та сучасне біорізноманіття, поверхневий ґрунт, прісна та морська вода, відкладення, осади, льодовики.

ВСТУП

У навколишньому середовищі генетичний матеріал може перебувати у двох станах – у складі організму та поза його межами. ДНК поза організмом дістала назву «ДНК навколишнього середовища; ДНКнс» (*англ.* environmental DNA; eDNA). Характеристика ДНКнс за походженням, фізичним станом, перетвореннями під дією чинників навколишнього середовища, переміщеннями у довкіллі подана в нашій попередній публікації (Ромошаібо et al., 2016), а в цій статті розглядається наявність ДНКнс від різних організмів у зразках різних типів довкілля. Типами сучасного навколишнього середовища є поверхневий ґрунт, прісна і морська вода, а типами давнього навколишнього середовища – відкладення суходолу, морські осади, осади прісноводних озер і льодовики.

Сучасне навколишнє середовище

Поверхневий ґрунт. ДНКнс у ґрунті може перебувати в клітинному та позаклітинному стані. Припускається, що позаклітинної ДНКнс тут більше (Levy-Booth et al., 2007; Pietramellara et al., 2009). У численних дослідженнях було показано, що ґрунтова ДНКнс придатна для ефективного визначення таксономічного різноманіття не лише одноклітинних, а й багатоклітинних організмів – грибів, рослин, безхребетних та хребетних тварин.

Гриби, як редуценти, симбіонти і паразити, відіграють важливу екологічну роль у природі, тому дослідження ДНКнс у ґрунті дає можливість виявити їх таксономічні та функціональні особливості (Anderson and Cairney, 2004). Аналіз ДНКнс у зразках лісового ґрунту показав, що найбільше тут представлені угруповання аскоміцетів та базидіоміцетів – понад 80 % (O'Brien et al., 2005; Vuée et al., 2009). Серед них ідентифіковано мікоризні види, рослинні патогени та сапротрофи. При цьому сапротрофні гриби існують у лісовій підстилці, а мікоризні – у верхньому шарі власне ґрунту. З глибиною щільність угруповань грибів зменшується. У лісовому ґрунті за результатами аналізу ДНКнс була виявлена також присутність рослин, одноклітинних і багатоклітинних тварин. Дослідники констатують, що видову приналежність значної частини ДНКнс визначити не вдалося. Це може свідчити про те, що вона або походить від невідомих науці видів, або значно пошкоджена.

За допомогою генетичного аналізу ґрунтової ДНКнс було здійснено дослідження різних альпійських рослинних угруповань – низинних луків, субальпійського пасовища, сухих висотних луків та пустищ (Taberlet et al., 2012). У кожному угрупованні були ідентифіковані домінуючі види трав'янистих і чагарникових рослин. На основі аналізу ДНКнс із ґрунтів різних кліматичних зон (північної – Норвегія, помірної – Франція та тропічної – Гвінея) було визначено понад 90 родин і до 700 видів рослин, переважно дерев (Yoccoz et al., 2012). При цьому таксономічна ідентифікація рослинних угруповань на основі аналізу ДНКнс повністю відповідала ідентифікації на основі традиційного екологічного моніторингу. Було також виявлено, що в ґрунті ДНКнс фактично не переміщується.

Так, ДНКнс культивованих рослин була масово виявлена в ґрунті поля вирощування, а за його межами не спостерігалася.

За допомогою аналізу ДНКнс вивчається також біорізноманіття земляних безхребетних тварин. Особливо важливими є дослідження угруповань земляних черв'яків – важливих індикаторів функціонування та життєздатності ґрунтових екосистем. Наприклад, у ґрунті французьких Альп було виявлено ДНКнс 13 видів земляних черв'яків, із яких відомі 9 (Bienert et al., 2012). У зразках поверхневого ґрунту ряду екосистем була виявлена ДНКнс різноманітних вищих хребетних тварин: на страусовій фермі – культивованого виду страусів, у зоопарку – лева, африканського та індійського слонів, у саванних заповідниках – жирафа, зебри, антилопи, верблюда, тигра, страуса тощо (Andersen et al., 2012). При цьому було констатовано, що ДНКнс поверхневого ґрунту здатна відображати повне таксономічне наповнення хребетних тварин та відносну біомасу окремих їх видів.

Прісна вода. Одне з перших досліджень ДНКнс прісної води зосередилось на ДНК людини, корови, свині та вівці з метою виявлення джерел фекального забруднення поверхневих вод (Martellini et al., 2005). Пізніше ДНКнс північноамериканського виду жаби-бугая була несподівано виділена із зразків води природного водоймища у Франції (Ficetola et al., 2008). Цей факт швидко ініціював зацікавленість дослідників водними екосистемами та зростання кількості досліджень у напрямку збереження природи (Environmental DNA, 2015). Численні подальші дослідження продовжували зосереджуватися на виявленні чужоземних інвазивних видів тварин. Було показано, що ДНКнс може бути більш досконалим інструментом виявлення таких видів порівняно з традиційними методами звукового та візуального спостереження. Цей засіб дозволяє найраніше виявляти присутність чужоземних інвазивних видів, незалежно від розміру популяції та стадії онтогенезу. Так, у прісних водоймах південно-західної Франції шляхом аналізу ДНКнс було виявлено 38 місць існування американської жаби-бугая, в той час як за допомогою традиційного денного та нічного спостереження – всього 7 місць (Dejean et al., 2012).

Аналіз ДНКнс двох видів азійського коропа в річкових системах штату Іллінойс (США) показав, що ареал їх поширення значно більший, ніж вважалось згідно з традиційними методами спостереження (Jerde et al., 2011). Цей підхід пізніше був використаний у дослідженнях інших видів цього ж коропа (Jerde et al., 2013). Він також показав присутність у водних екосистемах малопоширених видів риб (Mahon et al., 2013).

Дослідження інвазивної риби-місяця в Японії з використанням ДНКнс підтвердили результати попередніх візуальних спостережень (Takahara et al., 2013). Недавно використання ДНКнс було поширене і на інвазивних плазунів (Piaggio et al., 2014), молюсків (Goldberg et al., 2013) та ракоподібних (Treguier et al., 2014). Моніторинг інвазивних видів тварин є важливим інструментом контролю за їх поширенням з метою збереження екологічної рівноваги та біологічного різноманіття прісноводних екосистем.

Інший напрям вивчення прісноводної ДНКнс стосується видів, яким загрожує зникнення. Тут більшість досліджень спрямовані на виявлення видів земноводних – жаб, саламандр, тритонів (Goldberget al., 2011; Thomsenet al., 2011; Olson et al., 2012; Pilliodet al., 2013; Santaset al., 2013) та визначення їх кількісних показників (Thomsenet al., 2011; Pilliodet al., 2013), які дають нові можливості для оцінки чисельності видів. Також був здійснений кількісний аналіз рибної біомаси в прісній воді (Takahara et al., 2012) та видовий склад рибних угруповань (Thomsen et al., 2011; Minamoto et al., 2012). Крім того, було показано, що за допомогою ДНКнс можна контролювати стан видів прісноводних ракоподібних, комах, риб, земноводних та ссавців і що такий підхід може дати досить повну інформацію про фауну річок, озер та ставків (Thomsenet al., 2011).

ДНКнс крупних організмів у прісній воді перебуває переважно всередині окремих клітин або мітохондрій (Turner et al., 2014), а вивільнена руйнується протягом днів або тижнів (Dejean et al., 2011; Thomsen et al., 2011; Pilliod et al., 2014). Короткий час існування ДНКнс у прісноводних екосистемах робить її надзвичайно корисною у справі охорони природи, бо може сигналізувати про наявність видів, їх стан та зникнення. При цьому ДНКнс попередніх популяцій, яка швидко руйнується, не буде заважати аналізу. Проте в річкових екосистемах має місце переміщення ДНКнс за течією на значні відстані. Так, вільна ДНК форелі була переміщена на відстань 240 м за течією ріки від місця розташування клітки з живими рибами (Jane et al., 2014). А ДНКнс дафнії та перлівниці, які населяють озеро, була виявлена на відстані 10 км вниз за течією ріки, яка витікає з цього озера (Deiner and Altermatt, 2014). Подібні явища необхідно брати до уваги при дослідженні ДНКнс у річкових екосистемах.

Морська вода. Нині добре відомо, що біорізноманіття прокаріотів та одноклітинних еукаріотів у морській воді може бути визначене за допомогою секвенування ДНК, виділеної з її зразків (Zinger et al., 2011). Проте для вивчення морської рибної фауни більш інформативним методом є баркодинг ДНКнс із зразків морської води (Kelly et al., 2014). У морській воді можна виявити також ДНКнс від дельфінів, але на відстані всього близько 10 м від тварин (Foote et al., 2012). Однак у морській воді вільна ДНК руйнується досить швидко – від декількох годин (Dell'Anno and Corinaldesi, 2004) до кількох днів (Thomsen et al., 2012). Ці експерименти свідчать, що можливість переміщення та тривалість зберігання ДНКнс у морській воді незначні. Потрібні подальші дослідження, щоб переконатися, що ДНКнс може бути дійовим інструментом екологічного моніторингу морського середовища.

Давнє навколишнє середовище

Відкладення суходолу. Аналіз ДНКнс, як метод визначення різноманітності угруповань макроорганізмів, був уперше застосований до відкладень, які містять ДНК зниклих ссавців, птахів та рослин. Наприклад, у скам'янілих екскрементах викопного дрібного лінивця в печерних відкладеннях (штат Невада, США) віком у межах 11–28 тис. років тому було виявлено ДНК 13 родин і порядків дерев і трав'янистих рослин, якими він живився (Hofreiter et al., 2000). У зразках сибірської вічної мерзлоти віком у межах 10–400 тис. років тому ідентифіковано ДНК мамонта, бізона, коня та 19 різних таксонів рослин, а в доісторичних відкладеннях печер Нової Зеландії – ДНК двох видів викопного птаха моа та до 30 таксонів рослин (Willerslev et al., 2003).

Також було показано, що в давніх відкладеннях зберігається ДНК грибів та комах. Наприклад, із зразків ґрунту вічної мерзлоти Північно-Східного Сибіру віком 300–400 тис. років тому було виділено ДНК різних таксонів грибів – адаптованих до холоду дріжджів, паразитів рослин, симбіонтів у складі лишайників тощо (Lydolph et al., 2005). А у вічній мерзлоті Аляски та Чукотки віком до 26 тис. років тому була виявлена ДНК трьох видів жуків – довгоносіка, жужелиці та стафілініди (Thomsen et al., 2009).

ДНК, яка могла переміститися вертикально, не виявлена в давніх (Hansen et al., 2006; Willerslev et al., 2004, 2007) або недавно (<1000 років тому) замерзлих відкладеннях (Hebsgaard et al., 2009), але між шарами незамерзлих відкладень переміщення ДНК можливе (Haile et al., 2007; Andersen et al., 2012).

У суходільних відкладеннях ДНКнс може походити з фекалій, сечі, злущень шкіри, волосся тощо, про що свідчить виявлена там ДНК копрофільних та кератинофільних грибів (Lydolph et al., 2005). Високу ефективність для ідентифікації давнього біорізноманіття (Sønstebo et al., 2010) та дослідження недавніх екологічних змін у Гренландії (Jørgensen et al., 2012b) за зразками вічної мерзлоти показала

сучасна технологія масового паралельного секвенування (*англ.* massively parallel sequencing – MPS) (Tucker et al., 2009).

Морські осади. Водні осади (морські та прісноводні) також багаті на ДНКнс. Виявлено, що в морських осадах набагато більше позаклітинної ДНК, ніж у воді (Dell'Anno and Danovaro, 2005). До того ж безкисневі умови суттєво уповільнюють нуклеазну деградацію ДНКнс і забезпечують її тривале зберігання (Corinaldesi et al., 2011). Так, у морських та естуарних осадах була виявлена ДНКнс нематод як індикатора мезофауни (Bhadury et al., 2006). Естуарні осади були також використані для визначення впливу діяльності людини на евкаріотичні угруповання екосистем (Chariton et al., 2010). Детальні аналізи ДНКнс морського бентоса (Fonseca et al., 2010) та морських осадів (Pawlowski et al., 2011) за допомогою технології масового паралельного секвенування на невеликій території виявили велике різноманіття практично всіх головних груп евкаріотів, більшість із яких були морськими.

Озерні осади. Осади прісноводних озер традиційно використовували як джерело пилку, але виявилося, що вони містять також ДНКнс таких макроорганізмів, як риби (Matisoo-Smith et al., 2008). Пізніше із озерних осадів віком до 4600 років тому була виділена ДНК рослин із родин Березові, Букові та Сапіндові, аналіз якої підтвердив таксономічну ідентифікацію на основі викопних решток (Anderson-Carpenter et al., 2011). Факт тривалого зберігання ДНКнс у безкисневих умовах дає можливість кращого усвідомлення екологічних і еволюційних наслідків змін у навколишньому середовищі. Традиційно вважалося, що на Скандинавському півострові протягом останнього зледеніння дерева, навіть хвойні, були відсутні. Однак в озерних осадах віком до 22 тис. років тому на території Норвегії була виявлена ДНК ялини та сосни (Parducci et al., 2012). Аналіз ДНКнс озерних осадів дає змогу усвідомити також процеси взаємодії людини з довкіллям. За допомогою цього методу було продемонстровано деградуючий вплив розвитку тваринництва на місцеві природні екосистеми Франції, починаючи з кам'яного віку (Giguet-Covex et al., 2014).

Результати дослідження ДНКнс озерних осадів, як і ґрунтових відкладень, доповнюють результати дослідження пилку та викопних рослинних решток, стверджуючи доцільність поєднання традиційних та молекулярно-генетичних методів екологічних досліджень з метою одержання найбільш достовірних даних про рослинне різноманіття минулих часів. Переконливим прикладом може бути порівняння результатів визначення голоценового (від близько 11,7 тис. років тому до сучасності) різноманіття рослин у центральній частині Скандинавії за наявності в озерних осадах пилку та вільної ДНК (Parducci et al., 2013). На підставі наявності пилку було ідентифіковано 46 таксонів проти 14 за аналізом ДНКнс. Об'єднання цих двох методів дозволило ідентифікувати 52 рослинних таксони.

Льодовики. Традиційним методом ідентифікації біоматеріалу минулих екосистем у льодовиках був морфологічний опис пилку рослин, спор грибів та решток тіл тварин і рослин. Але в кінці 90-х років минулого століття датський еволюційний генетик Е. Віллерслеу з колегами в шарі льодовика на півночі Гренландії віком 2000–4000 років тому вперше виявив локальну та переміщену ДНКнс різноманітних евкаріотів (Willerslev et al., 1999). На підставі молекулярно-генетичного аналізу цієї ДНК було ідентифіковано 57 чітких таксонів грибів, рослин та найпростіших до рівня родів. Гриби представлені аскоміцетами та базидіоміцетами, рослини – зеленими та золотистими водоростями і хвойними деревами, а найпростіші – інфузоріями.

Пізніше міжнародна дослідницька група на чолі з Е. Віллерслеу в двокілометровій товщі льодовика на півдні Гренландії знайшла ДНКнс рослин та членистоногих лісової екосистеми, яка існувала на цій території протягом останнього міжльодовикового періоду протягом 450–800 тис. років тому (Willerslev et al., 2007). За результатами дослідження було ідентифіковано 8 порядків вищих рослин: Хвойні,

Букові, Магнолієві, Розові, Айстрові, Бобові, Злакові, Ломикаменеві. У частини цих порядків удалося визначити родини та роди. Членистоногі представлені лише одним рядом комах – Лускокрилі.

Результати цих досліджень показали придатність молекулярно-генетичного аналізу ДНКс льодовиків для екологічної реконструкції угруповань давніх організмів та мінливість цих угруповань під дією кліматичних змін протягом тривалого геологічного часу.

ВИСНОВКИ

Подані в нашому огляді дані свідчать, що ДНК навколишнього середовища (ДНКс) містить унікальну інформацію про різноманіття живих організмів у минулій та сучасній природі. Ця вільна ДНК від різних організмів наявна практично в усіх типах навколишнього середовища – поверхневому ґрунті, прісній та морській воді, відкладеннях суходолу, осадах морів та озер, льодовиках. Молекулярно-генетичний аналіз ДНКс ґрунту та води надає інформацію про таксономічну та кількісну структуру сучасної живої природи, а ДНКс відкладень, осадів та льодовиків здатна свідчити про структуру минулих екосистем та їх динаміку протягом тривалого геологічного часу. Для розробки ефективних технологій науково обґрунтованого відтворюючого природокористування необхідні подальші дослідження ДНКс.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ / REFERENCES

- Andersen, K., Bird, K. L., Rasmussen, M., Haile, J., Breuning-Madsen, H., Kjær, K. H., Orlando, L., Gilbert, M. Th. P., Willerslev, E., 2012. Meta-barcoding of “dirt” DNA from soil reflects vertebrate biodiversity. *Mol. Ecol.* 21(8), 1966–1979.
- Anderson, I. C., Cairney, J. W. G., 2004. Diversity and ecology of soil fungal communities: increased understanding through the application of molecular techniques. *Environ. Microbiol.* 6(8), 769–779.
- Anderson-Carpenter, L. L., McLachlan, J. S., Jackson, S. T., Kuch, M., Lumibao, C. Y., Poinar, H. N., 2011. Ancient DNA from lake sediments: bridging the gap between paleoecology and genetics. *BMC Evol. Biol.* 11(1), 30, 15 p.
- Bhadury, P., Austen, M. C., Bilton, D. T., Lamshead, P. J. D., Rogers, A. D., Smerdon, G. R., 2006. Molecular detection of marine nematodes from environmental samples: overcoming eukaryotic interference. *Aquat. Microb. Ecol.* 44(1), 97–103.
- Bienert, F., De Danieli, S., Miquel, C., Coissac, E., Poillot, C., Brun, J.-J., Taberlet, P., 2012. Tracking earthworm communities from soil DNA. *Mol. Ecol.* 21(8), 2017–2030.
- Blum, S. A. E., Lorenz, M. G., 1997. Mechanism of retarded DNA degradation and prokaryotic origin of DNases in nonsterile soils. *Syst. Appl. Microbiol.* 20(4), 513–521.
- Brock, T. D., 1987. The study of microorganisms in-situ: progress and problems. *Symp. Soc. Gen. Microbiol.* 41, 1–17.
- Buée, M., Reich, M., Murat, C., Morin, E., Nilsson, R. H., Uroz, S., Martin, F., 2009. 454 Pyrosequencing analyses of forest soils reveal an unexpectedly high fungal diversity. *New Phytol.* 184(2), 449–456.
- Chariton, A. A., Court, L. N., Hartley, D. M., Colloff, M. J., Hardy, C. M., 2010. Ecological assessment of estuarine sediments by pyrosequencing eukaryotic ribosomal DNA. *Front. Ecol. Environ.* 8(5), 233–238.
- Corinaldesi, C., Barucca, M., Luna, G. M., Dell’Anno, A., 2011. Preservation, origin and genetic imprint of extracellular DNA in permanently anoxic deep-sea sediments. *Mol. Ecol.* 20(3), 642–654.
- Deagle, B. E., Eveson, J. P., Jarman, S. N., 2006. Quantification of damage in DNA recovered from highly degraded samples – a case study on DNA in faeces. *Front. Zool.* 3(11), 1–10.
- Deiner, K., Altermatt, F., 2014. Transport distance of invertebrate environmental DNA in a natural river. *PLoS ONE.* 9(2), e88786.
- Dejean, T., Valentini, A., Duparc, A., Pellier-Cuit, S., Pompanon, F., Taberlet, P., Miaud, C., 2011. Persistence of environmental DNA in freshwater ecosystems. *PLoS ONE.* 6(8), e23398.
- Dejean, T., Valentini, A., Miquel, C., Taberlet, P., Bellemain, E., Miaud, C., 2012. Improved detection of an alien invasive species through environmental DNA barcoding: the example of the American bullfrog *Lithobates catesbeianus*. *J. Appl. Ecol.* 49(4), 953–959.
- Dell’Anno, A., Corinaldesi, C., 2004. Degradation and turnover of extracellular DNA in marine

- sediments: ecological and methodological considerations. *Appl. Environ. Microbiol.* 70(7), 4384–4386.
- Dell'Anno, A., Danovaro, R., 2005. Extracellular DNA plays a key role in deep-sea ecosystem functioning. *Science* 309(5744), 2179–2179.
- Environmental DNA: A powerful new tool for biological conservation, 2015. Special Issue. *Biol. Conserv.* 183, 1–102.
- Epp, L. S., Boessenkool, S., Bellemain, E. P., Haile, J., Esposito, A., Riaz, T., Erséus, C., Gusarov, V. I., Edwards, M. E., Johnsen, A., Stenøien, H. K., Hassel, K., Kausrud, H., Yoccoz, N. G., Bråthen, K. A., Willerslev, E., Taberlet, P., Coissac, E., Brochmann, C., 2012. New environmental metabarcodes for analysing soil DNA: potential for studying past and present ecosystems. *Mol. Ecol.* 21(8), 1821–1833.
- Ficetola, G. F., Miaud, C., Pompanon, F., Taberlet, P., 2008. Species detection using environmental DNA from water samples. *Biol. Lett.* 4(4), 423–425.
- Fierer, N., Jackson, R. B., 2006. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 103(3), 626–631.
- Fisher, M. M., Triplett, E. W., 1999. Automated approach for ribosomal intergenic spacer analysis of microbial diversity and its application to freshwater bacterial communities. *Appl. Environ. Microbiol.* 65(10), 4630–4636.
- Fonseca, V. G., Carvalho, G. R., Sung, W., Johnson, H. F., Power, D. M., Neill, S. P., Packer, M., Blaxter, M. L., Lamshead, P. J. D., Thomas, W. K., Creer, S., 2010. Second-generation environmental sequencing unmasking marine metazoan biodiversity. *Nat. Commun.* 1(7), 98, 8 p.
- Foote, A. D., Thomsen, P. F., Sveegaard, S., Wahlberg, M., Kielgast, J., Kyhn, L. A., Salling, A. B., Galatius, A., Orlando, L., Gilbert, M. Th. P., 2012. Investigating the potential use of environmental DNA (eDNA) for genetic monitoring of marine mammals. *PLoS ONE.* 7(8), e4178.
- Garibyan, L., Avashia, N., 2013. Polymerase Chain Reaction. *J. Investig. Derm.* 133(3), e6, 4 p.
- Giguet-Covex, C., Pansu, J., Arnaud, F., Rey, P.-J., Griggo, C., Gielly, L., Domaizon, I., Coissac, E., David, F., Choler, P., Poulenard, J., Taberlet, P., 2014. Long livestock farming history and human landscape shaping revealed by lake sediment DNA. *Nat. Commun.* 5(2), 3211, p.
- Goldberg, C. S., Pilliod, D. S., Arkle, R. S., Waits, L. P., 2011. Molecular detection of vertebrates in stream water: a demonstration using rocky mountain tailed frogs and idaho giant salamanders. *PLoS ONE.* 6(7), e22746, 5 p.
- Goldberg, C. S., Sepulveda, A., Ray, A., Baumgardt, J., Waits, L. P., 2013. Environmental DNA as a new method for early detection of New Zealand mudsnails (*Potamopyrgus antipodarum*). *Freshw. Sci.* 32(3), 792–800.
- Haile, J., Holdaway, R., Oliver, K., Bunce, M., Gilbert, M. Th. P., Nielsen, R., Munch, K., Ho, S. Y. W., Shapiro, B., Willerslev, E., 2007. Ancient DNA chronology within sediment deposits: are paleobiological reconstructions possible and is DNA leaching a factor? *Mol. Biol. Evol.* 24(4), 982–989.
- Haile, J., Froese, D. G., MacPhee, R. D., Roberts, R. G., Arnold, L. J., Reyes, A. V., Rasmussen, M., Nielsen, R., Brook, B. W., Robinson, S., 2009. Ancient DNA reveals late survival of mammoth and horse in interior Alaska. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 106(52), 22352–22357.
- Hansen, A. J., Mitchell, D. L., Wiuf, C., Paniker, L., Brand, T. B., Binladen, J., Gilichinsky, D. A., Rønn, R., Willerslev, E., 2006. Crosslinks rather than strand breaks determine access to ancient DNA sequences from frozen sediments. *Genetics.* 173(2), 1175–1179.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., deWaard, J. R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. Roy. Soc. B.* 270(1512), 313–321.
- Hebsgaard, M. B., Gilbert, M. T. P., Arneborg, J., Heyn, P., Allentoft, M. E., Bunce, M., Munch, K., Schweger, C., Willerslev, E., 2009. “The farm beneath the sand” – an archaeological case study on ancient “dirt” DNA. *Antiquity.* 83(320), 430–444
- Hofreiter, M., Poinar, H. N., Spaulding, W. G., Bauer, K., Martin, P. S., Possnert, G., Pääbo, S., 2000. A molecular analysis of ground sloth diet through the last glaciation. *Mol. Ecol.* 9(12), 1975–1984.
- Jane, S. F., Wilcox, T. M., McKelvey, K. S., Young, M. K., Schwartz, M. K., Lowe, W. H., Letcher, B. H., Whiteley, A. R., 2014. Distance, flow and PCR inhibition: eDNA dynamics in two headwater streams. *Mol. Ecol. Resour.* 15(1), 216–227.
- Jerde, C. L., Mahon, A. R., Chadderton, W. L., Lodge, D. M., 2011. “Sight-unseen” detection of rare aquatic species using environmental DNA. *Conserv. Lett.* 4(2), 150–157.
- Jerde, C. L., Chadderton, W. L., Mahon, A. R., Renshaw, M. A., Corush, J., Budny, M. L., Mysorekar, S., Lodge, D. M., 2013. Detection of Asian carp DNA as part of a Great Lakes basin-wide surveillance

- program. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 70(4), 522–526.
- Johnson, S. S., Hebsgaard, M. B., Christensen, T. R., Mastepanov, M., Nielsen, R., Munch, K., Brand, T., Gilbert, M. T. P., Zuber, M. T., Bunce, M., Rønn, R., Gilichinsky, D., Froese, D., Willerslev, E., 2007. Ancient bacteria show evidence of DNA repair. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 104(36), 14401–14405.
- Jørgensen, T., Haile, J., Möller, P., Andreev, A., Boessenkool, S., Rasmussen, M., Kienast, F., Coissac, E., Taberlet, P., Brochmann, Ch., Bigelow, N. H., Andersen, K., Orlando, L., Gilbert, M. Th. P., Willerslev, E., 2012a. A comparative study of ancient sedimentary DNA, pollen and macrofossils from permafrost sediments of northern Siberia reveals long-term vegetational stability. *Mol. Ecol.* 21(8), 1989–2003.
- Jørgensen, T., Kjaer, K. H., Haile, J., Rasmussen, M., Boessenkool, S., Andersen, K., Coissac, E., Taberlet, P., Brochmann, C., Orlando, L., Gilbert, M. T. P., Willerslev, E., 2012b. Islands in the ice: detecting past vegetation on Greenlandic nunataks using historical records and sedimentary ancient DNA Meta-barcoding: islands in the ice. *Mol. Ecol.* 21(8), 1980–1988.
- Kelly, R. P., Port, J. A., Yamahara, K. M., Crowder, L. B., 2014. Using environmental DNA to census marine fishes in a large mesocosm. *PLoS ONE.* 9(1), e86175, 11 p.
- Levy-Booth, D. J., Campbell, R. G., Gulden, R. H., Hart, M. M., Powell, J. R., Klironomos, J. N., Pauls, K. P., Swanton, C. J., Trevors, J. T., Dunfield, K. E., 2007. Cycling of extracellular DNA in the soil environment. *Soil Biology and Biochemistry.* 39(12), 2977–2991.
- Lydolph, M. C., Jacobsen, J., Arctander, P., Gilbert, M. T. P., Gilichinsky, D. A., Hansen, A. J., Willerslev, E., Lange, L., 2005. Beringian paleoecology inferred from permafrost-preserved fungal DNA. *Appl. Environ. Microbiol.* 71(2), 1012–1017.
- Mahon, A. R., Jerde, C. L., Galaska, M., Bergner, J. L., Chadderton, W. L., Lodge, D. M., Hunter, M. E., Nico, L. G., 2013. Validation of eDNA surveillance sensitivity for detection of asian carps in controlled and field experiments. *PLoS ONE.* 8(3), e58316, 6 p.
- Martellini, A., Payment, P., Villemur, R., 2005. Use of eukaryotic mitochondrial DNA to differentiate human, bovine, porcine and ovine sources in fecally contaminated surface water. *Water Res.* 39(4), 541–548.
- Matisoo-Smith, E., Roberts, K., Welikala, N., Tannock, G., Chester, P., Feek, D., Flenley, J., 2008. Recovery of DNA and pollen from New Zealand lake sediments. *Quat. Int.* 184(1), 139–149.
- Minamoto, T., Yamanaka, H., Takahara, T., Honjo, M. N., Kawabata, Z., 2012. Surveillance of fish species composition using environmental DNA. *Limnology.* 13(2), 193–197.
- O'Brien, H. E., Parrent, J. L., Jackson, J. A., Moncalvo, J.-M., Vilgalys, R., 2005. Fungal community analysis by large-scale sequencing of environmental samples. *Appl. Environ. Microbiol.* 71(9), 5544–5550.
- Ogram, A., Saylor, G.S., Barkay, T., 1987. The extraction and purification of microbial DNA from sediments. *J. Microbiol. Methods.* 7(2-3), 57–66.
- Olsen, G. J., Lane, D. J., Giovannoni, S. J., Pace, N. R., Stahl, D. A., 1986. Microbial ecology and evolution: a ribosomal RNA approach. *Annu. Rev. Microbiol.* 40, 337–365.
- Olson, Z. H., Briggler, J. T., Williams, R. N., 2012. An eDNA approach to detect eastern hellbenders (*Cryptobranchus a. alleganiensis*) using samples of water. *Wildl. Res.* 39(7), 629.
- Pace, N. R., Stahl, D. A., Lane, D. J., Olsen, G. J., 1986. The analysis of natural microbial populations by ribosomal RNA sequences. In: *Advances in Microbial Ecology.* Vol. 9. (Ed. K. C. Marshall). N.-Y.: Springer Sc+BM, XIV+402 p., 1–55.
- Parducci, L., Jørgensen, T., Tollefsrud, M. M., Elverland, E., Alm, T., Fontana, S. L., Bennett, K. D., Haile, J., Matetovici, I., Suyama, Y., Edwards, M. E., Andersen, K., Rasmussen, M., Boessenkool, S., Coissac, E., Brochmann, Ch., Taberlet, P., Houmark-Nielsen, M., Larsen, N. K., Orlando, L., Gilbert, M. Th. P., Kjaer, K. H., Alsos, I. G., Willerslev, E., 2012. Glacial survival of boreal trees in northern Scandinavia. *Science.* 335(6072), 1083–1086.
- Parducci, L., Matetovici, I., Fontana, S. L., Bennett, K. D., Suyama, Y., Haile, J., Kjaer, K. H., Larsen, N. K., Drouzas, A. D., Willerslev, E., 2013. Molecular- and pollen-based vegetation analysis in lake sediments from central Scandinavia. *Mol. Ecol.* 22(13), 3511–3524.
- Paul, J. H., Jeffrey, W. H., DeFlaun, M. F., 1987. Dynamics of extracellular DNA in the marine environment. *Appl. Environ. Microbiol.* 53(1), 170–179.
- Paul, J. H., Jeffrey, W. H., David, A. W., DeFlaun, M. F., Cazares, L. H., 1989. Turnover of extracellular DNA in eutrophic and oligotrophic freshwater environments of southwest Florida. *Appl. Environ. Microbiol.* 55(7), 1823–1828.

- Pawlowski, J., Christen, R., Lecroq, B., Bachar, D., Shahbazkia, H. R., Amaral-Zettler, L., Guillou, L., 2011. Eukaryotic richness in the abyss: Insights from pyrotag sequencing. *PLoS ONE* 6(4), e18169, 10 p.
- Pedersen, M. W., Ginolhac, A., Orlando, L., Olsen, J., Andersen, K., Holm, J., Funder, S., Willerslev, E., Kjær, K. H., 2013. A comparative study of ancient environmental DNA to pollen and macrofossils from lake sediments reveals taxonomic overlap and additional plant taxa. *Quat. Sci. Rev.* 75, 161–168.
- Piaggio, A. J., Engeman, R. M., Hopken, M. W., Humphrey, J. S., Keacher, K. L., Bruce, W. E., Avery, M. L., 2014. Detecting an elusive invasive species: a diagnostic PCR to detect Burmese python in Florida waters and an assessment of persistence of environmental DNA. *Mol. Ecol. Resour.* 14(2), 374–380.
- Pietramellara, G., Ascher, J., Borgogni, F., Ceccherini, M. T., Guerri, G., Nannipieri, P., 2009. Extracellular DNA in soil and sediment: fate and ecological relevance. *Biol. Fertil. Soils.* 45(3), 219–235.
- Pilliod, D. S., Goldberg, C. S., Arkle, R. S., Waits, L. P., Richardson, J., 2013. Estimating occupancy and abundance of stream amphibians using environmental DNA from filtered water samples. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 70(8), 1123–1130.
- Pilliod, D. S., Goldberg, C. S., Arkle, R. S., Waits, L. P., 2014. Factors influencing detection of eDNA from a stream-dwelling amphibian. *Mol. Ecol. Resour.* 14(1), 109–116.
- Pomohaibo, V. M., Orlova, L. D., Vlasenko, N. A., 2016. DNK otochyuchoho seredovyscha: ekolohichnyy ta henetychnyy aspekty [Environmental DNA: ecological and genetic aspects]. *Ecology and Noospherology* 27(1-2), 16–24.
- Poté, J., Mavingui, P., Navarro, E., Rosselli, W., Wildi, W.P., Vogel, T.M., 2009b. Extracellular plant DNA in Geneva groundwater and traditional artesian drinking water fountains. *Chemosphere.* 75(4), 498–504.
- Rusch, D. B., Halpern, A. L., Sutton, G., Heidelberg, K. B., Williamson, S., Yooshep, S., Wu, D., Eisen, J. A., Hoffman, J. M., Remington, K., Beeson, K., Tran, B., Smith, H., Baden-Tillson, H., Stewart, C., Thorpe, J., Freeman, J., Andrews-Pfannkoch, C., Venter, J. E., Li, K., Kravitz, S., Heidelberg, J. F., Utterback, T., Rogers, Y.-H., Falcón, L. I., Souza, V., Bonilla-Rosso, G., Eguiarte, L. E., Karl, D. M., Sathyendranath, S., Platt, T., Bermingham, E., Gallardo, V., Tamayo-Castillo, G., Ferrari, M. R., Strausberg, R. L., Nealson, K., Friedman, R., Frazier, M., Venter, J. C., 2007. The sorcerer II global ocean sampling expedition: northwest Atlantic through eastern tropical pacific. *PLoS Biol.* 5(3), e77, 0398–0431.
- Santas, A. J., Persaud, T., Wolfe, B. A., Bauman, J. M., 2013. Noninvasive method for a statewide survey of eastern hellbenders *Cryptobranchus alleganiensis* using environmental DNA. *Int. J. Zool.* 2013, art. ID 174056, 6 p.
- Sogin, M. L., Morrison, H. G., Huber, J. A., Welch, D. M., Huse, S. M., Neal, P. R., Arrieta, J. M., Herndl, G. J., 2006. Microbial diversity in the deep sea and the underexplored “rare biosphere”. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 103(32), 12115–12120.
- Sønstebo, J. H., Gielly, L., Brysting, A. K., Elven, R., Edwards, M., Haile, J., Willerslev, E., Coissac, E., Rioux, D., Sannier, J., Taberlet, P., Brochmann, C., 2010. Using next-generation sequencing for molecular reconstruction of past Arctic vegetation and climate. *Mol. Ecol. Resour.* 10(6), 1009–1018.
- Taberlet, P., Prud’Homme, S. M., Campione, E., Roy, J., Miquel, C., Shehzad, W., Gielly, L., Rioux, D., Choler, P., Clément, J.-C., Melodelima, C., Pompanon, F., Coissac, E., 2012. Soil sampling and isolation of extracellular DNA from large amount of starting material suitable for metabarcoding studies. *Mol. Ecol.* 21(8), 1816–1820.
- Takahara, T., Minamoto, T., Yamanaka, H., Doi, H., Kawabata, Z., 2012. Estimation of fish biomass using environmental DNA. *PLoS ONE.* 7(4), e35868, 8 p.
- Takahara, T., Minamoto, T., Doi, H., 2013. Using environmental DNA to estimate the distribution of an invasive fish species in ponds. *PLoS ONE.* 8(2), e56584, 5 p.
- Thomsen, P. F., Elias, S., Gilbert, M. T. P., Haile, J., Munch, K., Kuzmina, S., Froese, D. G., Sher, A., Holdaway, R. N., Willerslev, E., 2009. Non-destructive sampling of ancient insect DNA. *PLoS One.* 4(4), e5048, 6 p.
- Thomsen, Ph. F., Kielgast, J., Iversen, L. L., Wiuf, C., Rasmussen, M., Gilbert, M. Th. P., Orlando, L., Willerslev, E., 2011. Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA. *Mol. Ecol.* 21(11), 2565–2573.
- Thomsen, Ph. F., Kielgast, J., Iversen, L. L., Møller, P. R., Rasmussen, M., Willerslev, E., 2012. Detection of a diverse marine fish fauna using environmental DNA from seawater samples. *PLoS ONE.* 7(8), e41732.
- Tomšovský M., Kolařík M., Paňoutová S. and Homolka L. Molecular phylogeny of European *Trametes* (Basidiomycetes, Polyporales) species based on LSU and ITS

- (nrDNA) sequences, *Nova Hedwigia*, 2006, 82(3-4): 269–280; doi:10.1127/0029-5035/2006/0082-0269
- Tréguier, A., Paillisson, J.-M., Dejean, T., Valentini, A., Schlaepfer, M.A., Roussel, J.-M., 2014. Environmental DNA surveillance for invertebrate species: advantages and technical limitations to detect invasive crayfish *Procambarus clarkii* in freshwater ponds. *J. Appl. Ecol.* 51(4), 871–879.
- Tringe, S. G., von Mering, C., Kobayashi, A., Salamov, A. A., Chen, K., Chang, H. W., Podar, M., Short, J. M., Mathur, E. J., Detter, J. C., Bork, P., Hugenholtz, P., Rubin, E. M., 2005. Comparative metagenomics of microbial communities. *Science*. 308(5721), 554–557.
- Tucker, T., Marra, M., Friedman, J. M., 2009. Massively parallel sequencing: The next big thing in genetic medicine. *Amer. J. Hum. Genet.* 85(2), 142–154.
- Turner, C. R., Barnes, M. A., Xu, Ch, C. Y., Jones, S. E., Jerde, Ch. L., Lodge, D. M., 2014. Particle size distribution and optimal capture of aqueous microbial eDNA. *Methods Ecol Evol.* 5(7), 676–684.
- Venter, J. C., Remington, K., Heidelberg, J. F., Halpern, A. L., Rusch, D., Eisen, J. A., Wu, D., Paulsen, I., Nelson, K. E., Nelson, W., Fouts, D. E., Levy, S., Knap, A. H., Lomas, M. W., Nealson, K., White, O., Peterson, J., Hoffman, J., Parsons, R., Baden-Tillson, H., Pfannkoch, C., Rogers, Y.-H., Smith, H. O., 2004. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science*. 304(5667), 66–74.
- Willerslev, E., Hansen, A., Christensen, B., Steffensen, J.P., Arctander, P., 1999. Diversity of Holocene life forms in fossil glacier ice. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 96(14), 8017–8021.
- Willerslev, E., Hansen, A. J., Binladen, J., Brand, T. B., Gilbert, M. Th. P., Shapiro, B., Bunce, M., Wiuf, C., Gilichinsky, D. A., Cooper, A., 2003. Diverse plant and animal genetic records from Holocene and Pleistocene sediments. *Science*. 300(5620), 791–795.
- Willerslev, E., Hansen, A. J., Rønn, R., Brand, T. B., Barnes, I., Wiuf, C., Gilichinsky, D. A., Mitchell, D., Cooper, A., 2004. Long-term persistence of bacterial DNA. *Curr. Biol.* 14(1), R9–R10.
- Willerslev, E., Cappellini, E., Boomsma, W., Nielsen, R., Hebsgaard, M. B., Brand, T. B., Hofreiter, M., Bunce, M., Poinar, H. N., Dahl-Jensen, D., Johnsen, S., Steffensen, J. P., Bennike, O., Schwenninger, J.-L., Nathan, R., Armitage, S., Hoog, C.-J., de, Alifimov, V., Christl, M., Beer, J., Muscheler, R., Barker, J., Sharp, M., Penkman, K. E. H., Haile, J., Taberlet, P., Gilbert, M. Th. P., Casoli, A., Campani, E., Collins, M. J., 2007. Ancient biomolecules from deep ice cores reveal a forested southern Greenland. *Science*. 317(5834), 111–114.
- Yoccoz, N. G., Brathen, K. A., Gielly, L., Haile, J., Edwards, E., Goslar, T., Stedingk, H., von, Bryisting, A. K., Coissac, E., Pompanon, F., Sønstebo, J. H., Miquel, C., Valentini, A., Bello, F., de, Chave, J., Thuiller, W., Wincker, P., Cruaud, C., Gavory, F., Rasmussen, M., Gilbert, M. Th. P., Orlando, L., Brochmann, C., Willerslev, E., Taberlet, P., 2012. DNA from soil mirrors plant taxonomic and growth form diversity. *Mol. Ecol.* 21(15), 3647–3655.
- Zinger, L., Amaral-Zettler, L. A., Fuhrman, J. A., Horner-Devine, M. C., Huse, S. M., Welch, D. B. M., Martiny, J. B. H., Sogin, M., Boetius, A., Ramette, A., 2011. Global patterns of bacterial beta-diversity in seafloor and seawater ecosystems. *PLoS ONE*. 6(9), e24570, 11 p.

Стаття надійшла в редакцію: 25.01.2017