



Review

<https://doi.org/10.5564/pib.v39i1.3148>

PROCEEDINGS OF
PIB
THE INSTITUTE OF BIOLOGY

Importance of genetic analysis and genomic tools for wildlife conservation

Batsukh TSERENDULAM* , Tumendemberel ULZIISAIKHAN , Baatar DELGERZUL 

Laboratory of Genetics, Institute of Biology, Mongolian Academy of Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia

*Corresponding author: tserendulamb@mas.ac.mn, <https://orcid.org/0000-0002-8409-0968>

Abstract. Around 2.16 million species have been discovered on the earth to date. Among them over 42000 species are threatened for extinction. Conservation biology is a field of study focusing on the protection of biodiversity and the viability of wildlife populations. It plays a crucial role in understanding and conserving endangered species and maintaining overall biodiversity. The International Convention on Biological Diversity (CBD) states that biodiversity should be protected at three levels: ecosystems, species, and genes. Hence, the first step of conservation would be an assessment of its diversity. Conservation biologists have been using genetics and in recent years, genomics techniques to assess the genetic diversity of wildlife. Here we discuss not only some important concepts of population genetics but also the role of using genetics and genomics in conserving wildlife and its importance in planning genetic management.

Keywords: RADseq, GTseq, NGS, SNP, conservation management

Received 09 October 2023; received in revised form 11 October 2023; accepted 17 November 2023

© 2023 Author(s). This is an open access article under the [CC BY-NC 4.0 license](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

Introduction

There is no definite estimation of how many species exist on earth. Several researchers reported somewhere in range of 5 to 10 million species [1-4] living on our planet. Nevertheless, only about 2.16 million species are discovered so far according to IUCN Red List [5]. Among 150388 species assessed in total by IUCN, 28% (42100 species) of them are threatened with extinction. To protect our planet biodiversity, researchers have been working in various scientific fields such as conservation biology, and conservation genetics/genomics. The International Convention on Biological Diversity (CBD) states that biodiversity should be aimed to protected at three levels: ecosystems, species, and genes. Here we discuss not only some important concepts of population genetics but also the role of using genetics and genomics in conserving wildlife and its importance in planning genetic management.

Genetic Variation

Genetic variation within populations ensures that individuals exhibit a range of traits and characteristics. These variations may include differences in morphology, physiology, behavior, and even immune responses [6]. Consequently, genetic variation acts as raw material for natural selection and is crucial for adaptation, evolution, and the long-term survival of species. Individuals with certain genetic traits may be better suited to survive and reproduce in new conditions when an environmental change occurs. This process is known as natural selection [7]. For example, before the Industrial Revolution, the peppered moth population in England predominantly consisted of light-colored moths with speckled patterns on their wings. However, during the late 18th and early 19th centuries, industrialization led to widespread air pollution and the darkening of tree bark due to soot and other pollutants. As a result, the light-colored moths became more visible to predators, particularly birds [8]. Alternatively, genetic variation is the driving

force behind evolutionary processes. Mutations, which are random changes in an organism's DNA sequence, introduce new genetic variants into a population. Over time, these mutations can accumulate, leading to the emergence of new traits and characteristics. In addition, genetic recombination, which occurs during sexual reproduction, shuffles existing genetic variation, creating novel combinations of alleles (gene variants). These processes of mutation, recombination, and genetic drift result in the gradual evolution of species, enabling them to adapt to different ecological niches and challenges [9]. Species with higher levels of genetic variation are better equipped to withstand environmental fluctuations, diseases, and other threats. This is because genetic diversity provides a reservoir of potential adaptations that can be drawn upon when needed. Conversely, populations with low genetic diversity are often more vulnerable to extinction because they lack the genetic resources necessary to adapt to new conditions or combat emerging diseases [10]. Hence, preventing and mitigating genetic diversity loss is a key goal in efforts to conserve endangered species and maintain overall biodiversity.

Loss of Genetic Diversity

The loss of genetic diversity can occur due to various factors, including habitat fragmentation, population bottlenecks, and human activities. Habitat fragmentation occurs when a continuous habitat is broken into smaller, isolated patches due to activities like urban development, agriculture, or infrastructure construction.

Fragmentation reduces gene flow between isolated populations, leading to inbreeding and reduced genetic diversity. For example, The Florida panther population experienced habitat fragmentation due to urbanization and highways, leading to inbreeding and genetic issues [11]. Another important aspect is population bottleneck occurs when a population undergoes a sharp reduction in size, often due to natural disasters, disease outbreaks, or human activities. Consequently, bottlenecks lead to a loss of genetic diversity because only a small subset of the population's genes survive [12]. For example, the northern elephant seal population was reduced to a few dozen individuals in the 19th century due to hunting. As a result, they have low genetic diversity today [13]. So, assessing genetic diversity using genetic or genomic tools helps conservationists identify risk levels and create effective management plans to recover from the loss. Recent studies, such as one by Boulay *et al.* (2019), have used molecular techniques to understand how genetic diversity contributes to coral resilience in the face of climate change [86]. Also, a study published in 2020 by Sandeep Sharma *et al.* assessed genetic diversity in Indian tiger populations using microsatellite

markers [87]. The research highlighted the importance of maintaining genetic diversity to ensure the tiger's long-term survival.

Model and non-model organisms

Some organisms are popular models that have been studied for decades by thousands of scientists from a wide range of disciplines and contributed to an integrative understanding of more complex systems. Other organisms are more niche systems used by a small number of research teams. These organisms may be studied for specific reasons, such as their unique features or simplicity of study in the laboratory. Model organisms are not only organisms that are used for experimental research but also organisms with a representational scope and target. Because model organisms are of scientific interest to numerous researchers, a wealth of knowledge is available to them. This makes it easier for scientists to study these organisms and to make new discoveries [14].

On the other hand, most non-model organisms are i) Not cultivable as a stable isolated species in controlled laboratory conditions, ii) not well characterized at the molecular biology level, iii) target of investigation of a small number of scientists, regardless of their taxonomy. As a result, non-model organisms are often difficult to use for experiments. Non-model organisms are fundamentally interesting because they are different from current models.

The interest in non-model species is the heart of comparative biology, which aims to expose the mechanisms underlying biological diversity. The specialized and unique biology of such diversified species requires the development of specific methods and the adaptation of originally conceived strategies for model organisms [14, 15].

Conservation genetics/genomics tools

In recent years, speedy development in various genomic techniques has given a better understanding of the functional significance of genetic variation in natural populations [16, 17]. Allendorf *et al.* (2010) [16] illustrated nicely how traditional genetic markers and conservation genomics research can answer many important questions in the conservation of biodiversity (Fig. 1).

There are various genetic tools to study species within and among the population. Understanding genetic variations in a population requires knowledge of theory, data collection, and analysis [18]. The main task of those conservation genetic and genomic tools is studying genetic diversity and genetic variation at many levels (genes, individuals, populations, subspecies, species,

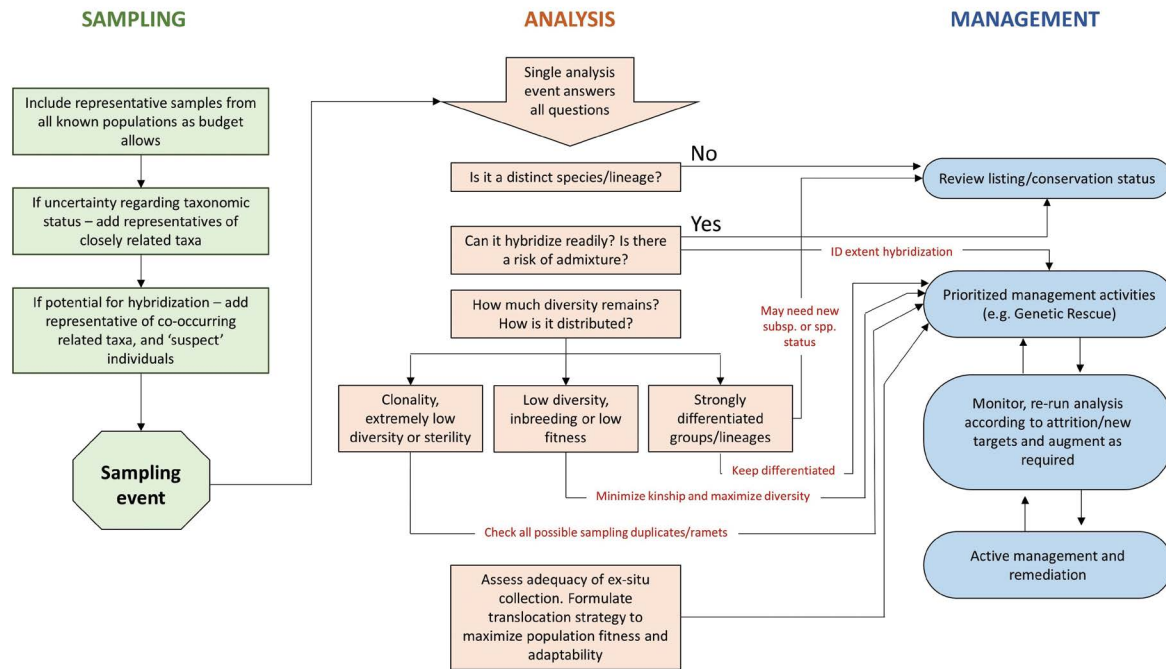


Fig. 1 Schematic diagram of interacting factors in the conservation of natural populations. Traditional conservation genetics, using neutral markers, provides direct estimates of some interacting factors (blue). Conservation genomics can address a wider range of factors (red). It also promises more precise estimates of neutral processes (blue) and an understanding of the specific genetic basis of these factors. For example, traditional conservation genetics can estimate overall migration rates or inbreeding coefficients, whereas genomic tools can assess gene flow rates that are specific to adaptive loci or founder-specific inbreeding coefficients. Adapted from Allendorf *et al.* (2010) [16].

genera, etc) to give a picture of the current genetic structure to help to comprehend the evolutionary history of taxa and future developmental potential of the species or population but also help to explain which process or factors are influencing to the targeted species.

Rossetto *et al.* (2021) [88] presented the workflow of conservation genomics research of threatened plants. We simplified the workflow as follows which is suitable for all kinds of target species (Fig. 2).

Genetic markers prior genomics era (neutral markers)

Genetic data based on various genetic markers is used in wildlife conservation for many different purposes. For instance, analyzing population structure, genetic speciation, and evolutionary processes and assessment of management units [19], moreover tracking or identifying illegal trade or hunting of wild endangered species, etc [20, 21].

Nuclear genomic markers. Allozymes have been the first main nucleus marker following RFLPs (restriction fragment length polymorphisms) and AFLPs (amplified fragment length polymorphisms) [22] from the end of the

1960s until the 2000s. Microsatellites are another widely used marker in population genetics and conservation biology studies since the 1990s up until now. They are particularly valuable for studying populations with limited genetic data. Microsatellite markers, a variable number of tandem repetitive regions of DNA, are usually different between individuals, usually the locus ranging from 5 to 100.

Mitochondrial/chloroplast DNA marker.

Besides the nucleus, animals and plants have DNA in mitochondria, in addition, plants have DNA in chloroplasts too. This organellar DNA is small (in most animals, length is ~17kbp) and circular in shape with thousands of copies per cell which makes it easier than nucleus DNA to isolate and study. From the 70s and 80s restriction enzyme digestion was used to study mtDNA genetic variations [23, 24] until Sanger sequencing became popular. There are many population genetic studies of variable regions so so-called D-loop region of the mtDNA [25]. mtDNA is easier to isolate and work with than nucleus DNA in old samples, faecal samples, etc. For instance, mtDNA analysis was done

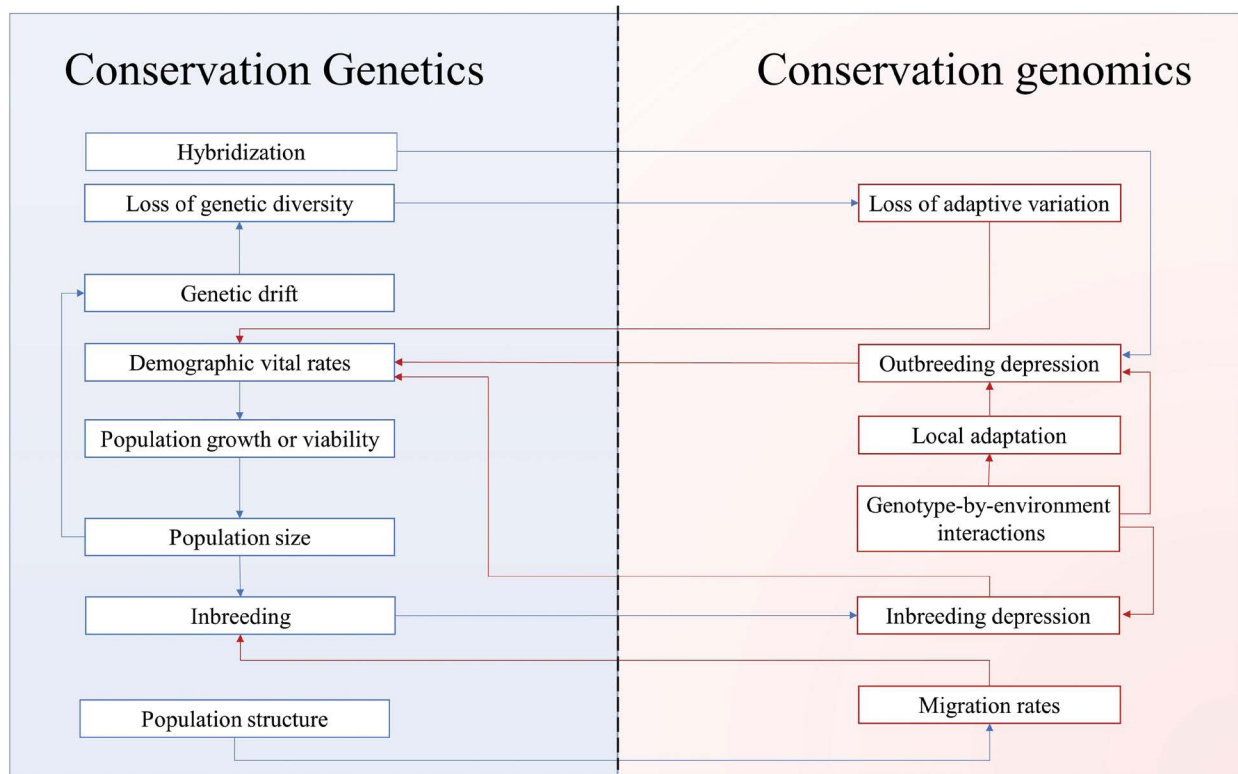


Fig. 2. Workflow of conservation genetic research. Modified from Rossetto *et al.* (2021) [88]

in noninvasive faecal samples of endangered Mongolian species such as argali sheep and ibex to compare genetic variations among different populations in Mongolia [26], [27]. For species identification, mtDNA barcodes are being used extensively, especially protein-coding universal DNA barcode gene, 5' end of CO1 is the most widely used [28, 29].

There is reported to be a lower mutation rate in plant mitochondrial DNA, making it less favorable than in animals [30-32]. Nevertheless, Byrne & Hankinson (2012) [91] identified 7 variable chloroplast regions useful for studying the phylogeographic structure of plants. Complete plastome alignment of 25 species showed similar variable regions in the cpDNA [33] and even the full length of cpDNA gives a highly informative phylogenetic knowledge [34].

Chromosome. In the conservation genetic approach, we should pay attention to chromosomal variability too. Sequencing DNA alone cannot solve many fundamental questions in population genome biology, because how chromosomes are organized and their' change in various situation are impossible to be answered mating between 2 close species produces a hybrid individual with distinct chromosomal numbers, which lead to fertility problems [35-37]. For example, if a horse with 64 chromosomes and a donkey with 62 chromosomes mate, it will lead to

an infertile mule with 63 chromosomes. Chromosomal changes including inversion, translocation, deletion, karyotype variations, and polyploidy can be associated with important differences in species such as morphology, behaviour, fertility, and adaptability [38-41]. In general, plants have more chromosomal change/rearrangements than animals [42]. *Petrogale sharmani*, *Petrogale mareeba*, and *Petrogale coenensis* were not variable enough to be distinct species at morphologically and genome sequence level but in the chromosomal level, there were 3 distinct species [43]. Therefore, it is suggested that chromosome variation and genomics research need to be linked [44].

Conservation genomic tools

Recent advancements in DNA sequencing technologies have revolutionized genetic diversity assessment. High-throughput sequencing allows for more comprehensive analyses of genetic diversity at the genomic level [45].

One could briefly summarize that genomic work consists of sample collection, DNA isolation, High-Throughput sequencing, and bioinformatic analysis. Next-generation sequencing (NGS) has revolutionized the conservation genetic study about genetic differences/varieties. It is used for nonmodel organism population

genomics analysis through identifying not only insertions, inversion, and duplications but also single nucleotide polymorphisms (SNPs) [46]. SNP markers are increasingly used for genetic diversity assessments due to their abundance in the genome. SNP arrays and genotyping-by-sequencing (GBS) are common techniques for SNP analysis [47].

NGS has 3 main steps (<https://www.illumina.com/science/technology/next-generation-sequencing.html>): fragmenting DNA (mostly by sonication), adapter and index ligation followed by PCR (polymerase chain reaction) amplification of all or target DNA and preparation of sequencing library. The last step is the parallel sequencing of DNA fragments.

Sequencing techniques could be named as first generation (Sanger sequencing), second/next generation (Whole genome sequencing), and third generation (Large fragment single molecule) sequencing. The first generation or Sanger sequencing method is for mostly 500-1000bp DNA fragments and includes microsatellite marker analysis. Second-generation sequencing is also called High Throughput or parallelization of sequencing reactions of 50-500bp DNA fragments using 454, Solexa, Ion Torrent, and Illumina machines [48, 49] Third-generation sequencing is the most recent method of PacBio and Oxford Nanopore Technology companies which can sequence native DNA in real-time with single-molecule resolution with tens of kilobase long fragments on average [50].

Reduced representation sequencing (RRS) technique is one of the cost effective and informative modern method which only digested fragments are sequenced and covers about 1-10% of genome. It is possible for studying species with no reference genome. RRS technique could be divided into *anonymous sequencing* and *amplicon sequencing* [51].

Anonymous sequencing: it can be understood as statistically random sequencing of the genome (Shotgun sequencing). The benefit of the method is that it can reveal many neutral loci which are particularly important for genetic diversity, connectivity, population structure, and hybridization. The main limitation is that it can detect fewer adaptive loci. Therefore, it has a weaker ability to draw conclusions about the selection [51]. Main example of anonymous sequencing include original RADseq (Restriction-site associated DNA sequencing) and its modified forms.

RADseq. Restriction-site associated DNA sequencing (RADseq) is the most widely used technique for the conservation genomics of many natural populations [52]. Basic RADseq uses only 1 enzyme digestion such as PstI or SbfI. It is not only cost-effective for many samples or large genomes but also cheaper for species lacking existing genetic resources or information

which means it is a good method for de novo assemblies of genomes of no reference genome. RADseq can produce 0.1-10% of the genome with 1000s-10000s of SNPs. The other version of RADseq is ddRAD or double digest RAD (Restriction site Associated DNA) which uses 2 restriction enzymes that yield more reads per region and more precise regions with less genomic coverage. Nevertheless, RADseq has some limitations such as allele callings influenced by bioinformatic filtering parameters, costly for large genomes with lower coverage, and less knowledge of where genomic regions of your SNPs lie of non-reference genomes.

Amplicon sequencing or targeted sequencing method: It is used for studying specific genes or regions that requires prior knowledge of heritable and functional genes of interest (via WGS or RADseq etc) and primer design. SNP panels could be developed to sequence targeted regions so that it gives the chance to link heritable traits and population viability, and identification of adaptively distinct populations [51].

SNP panel. Most SNP panels are first designed for human genetics or medical purposes. It is relatively new and in its' beginning stage of development, especially in noninvasive sampling for the conservation genetics field. SNP panels can be used to find out individual identity, relatedness, and pedigrees [53]. It could detect hybrids in threatened bull trout by analyzing neutral SNPs and adaptive loci [54]. A wider variety of sample types, such as faeces, hair, feathers, etc [46], could be used. Neutral and adaptive SNPs could be combined to define conservation units and show population ancestry tree [55]. SNPs panels could be combinations of neutral and adaptive loci. Therefore, adaptive genetic variation information obtained from SNP panel sequencing is useful for deciding the translocating locations of species you want to protect [56]. The most common SNP panel types, such as GT-seq, GRAS-Di, MIGseq, RADcap, and RAPTURE, are briefly described below:

Genotyping-in-Thousands by sequencing (GTseq) is a genotyping method of panels consisting of 50-500 SNPs by next-generation sequencing of multiplexed PCR products that could be used for SNPs genotyping of thousands of individuals [57].

Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct (GRAS-Di). It is a recently developed method for genotyping by sequencing [58, 59]. GRAS-Di is a derivative of amplicon sequencing technology and uses random primers for PCR amplification. GRAS-Di can identify many genetic markers covering all chromosomes even among genetically similar individuals and can be applied to hundreds to thousands of samples by using primer sets containing different index sequences at a relatively low cost. Amplified regions are highly reproducible among technical replicates, making it

possible to suppress missing data. GRAS-Di is applicable to species without reference genome sequences because the genotyping step of GRAS-Di can be conducted based on the presence and absence of amplified reads [60].

MIG-seq. Suyama and Matsuki (2015) proposed a novel method termed “multiplexed ISSR genotyping by sequencing” (MIG-seq) which uses NGS without prior restriction enzyme digestion that could discover de nova SNPs based on reduced representation library preparation by multiplexed inter-simple sequence repeat (ISSR) primers [92]. Although it is assumed to be a lower-cost method that produces a minimal number of polymorphisms, Nishimura *et al.* (2022) [61] showed that it is suitable for studying plants with bigger genomes such as wheat.

RADcap is a modified version of RADseq (3RAD) using another version of dual digestion for the identification of candidate SNP loci and uses custom sequence capture bait to increase candidate loci [62]. The advantage of this approach is cost-effective, genotypes

hundreds of individuals with higher coverage and fewer PCR duplicates.

RAPTURE (RAD Capture). This is a more effective newly developed RAD sequencing protocol by Ali *et al.* (2016) [62].

Meek and Larson (2019) suggested the most appropriate reduced representation genomic tools based on which information you want to answer, the budget, sample size, researchers’ bioinformatic knowledge, and the number of loci that could be studied [63] (**Fig. 3**).

SNP arrays

SNP arrays are the type of DNA microarray [65] that are suitable for non or minimal-invasive samples containing exceptionally low quantities of DNA input of various species [66, 67]. The brief description of some SNP arrays is described below:

Fluidigm 96-SNPChip System is a kind of automated PCR/qPCR SNP array system that uses microfluidics

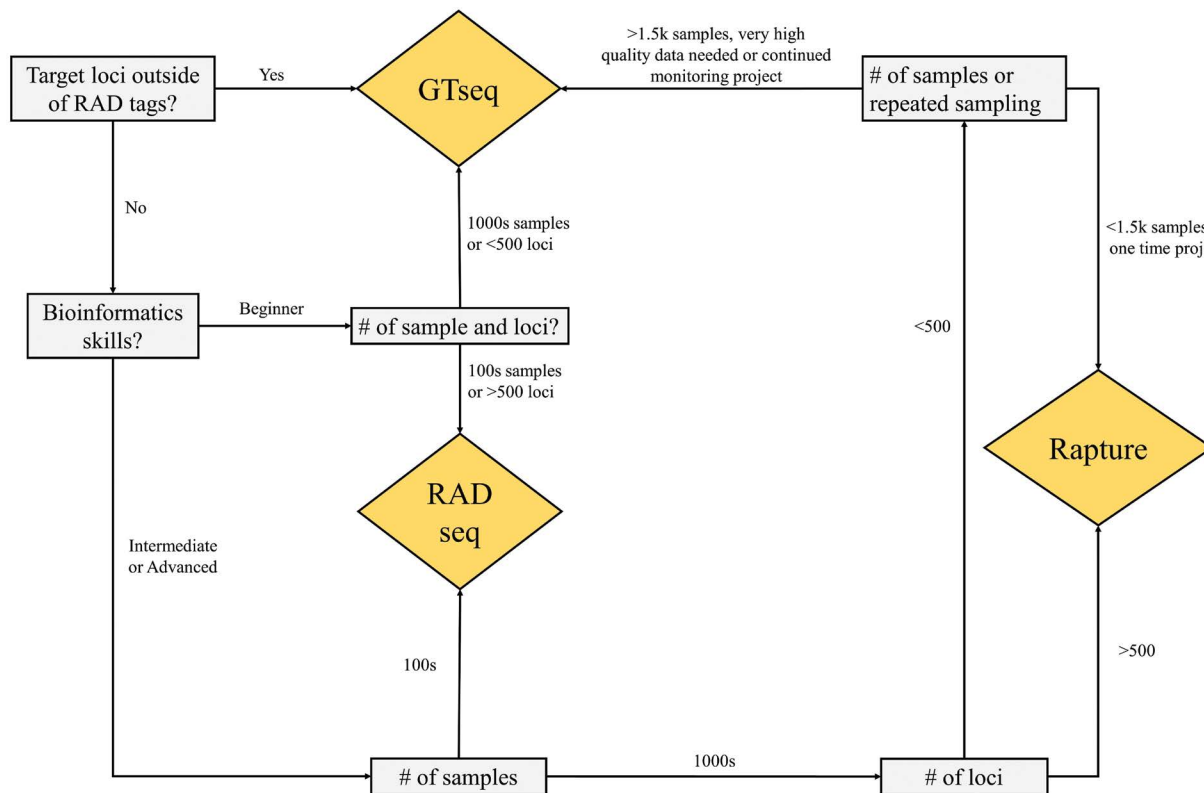


Fig. 3. Decision tree to determine the most efficient sequence-based approach for genotyping new species. It was assumed that researchers with “beginner” bioinformatics experience would have basic knowledge of Unix and computational infrastructure (power and storage) but would need substantial assistance to conduct a full genomics project. *Contract work out to a private company is necessary for the panel development. If there is already a panel developed, little to no bioinformatics knowledge is necessary for GTseq. Adapted from Meek and Larson (2019) [64].

Table 1. Comparison of characteristics of Reduced representation sequencing (RAD, Rapture), amplicon sequencing, and various SNP arrays. Modified from Meek & Larson (2019) [64] Carrol *et al.* (2018) [89].

Methods	Development cost, time (\$US)	Cost per sample (\$US)	Information: No. or loci generated, Population genetics analysis	Error rate	DNA quality required	Ease of preparation, required bioinformatic knowledge
RADseq	NA, NA	30	~20,000 loci	na	Medium-high	Moderate ~1week, intermediate/advanced
Rapture	4000, 4 months	15	500-10000 loci		Medium-high	Moderate ~1week, beginner/intermediate
GTseq	13000-15000 4 months	6\$ 3,6\$ based on 2068samples genotyped at 192 loci	~500/panel SNP genotype haplotypes		Low-medium Minimum 10ng for 1 st PCR	Simple/2days 2 PCR step and 1 normalization step; beginner
Fluidigm	4515\$ for oligos to 96 SNPs	1313\$ for genotyping 96 individuals at 96SNPs	SNP genotype	1%	nanograms	DNA isolation and PCR
Amplifluor	2310\$ for 96 loci, qPCR machine	262,5\$ for genotyping 96samples at 96 loci, based on 20 loci multiplex (based on 5000assay kit)	SNP genotype	1,4%	nanograms	PCR and analysis of qPCR
MassARRAY	2730\$ for oligos for 96 loci, assuming 2 alleles per locus; MassARRAY system	384 well format 8,5\$ 96well format 15\$ To genotype 96 individuals at 96 SNPs (24-loci multiplex)	SNP genotype	Faecal samples: 24-loci 9%; 48loci 25%	Nanograms, 10ng per multiplex reaction	Multiplex PCR, clean-up, primer extension and another clean-up step Run on compact mass spectrometer
Microsatellite sequencing			Microsatellite genotype		NA, estimated to be nanograms	

technology to study samples at nL volumes for genotyping, copy number variation, and expression of genes. This method can run over 500000 assays per week by 96 SNPs multiplexed 96 samples [68]. By the dim method, faeces of brown bears and grey wolves are successfully been studied for the reconstruction of pedigree and development/validation of SNP markers, respectively [69, 70].

Amplifluor SNP genotyping method is based on polymerase chain reaction using allele-specific and SNP-specific reverse primer which is detected/measured in real-time in TaqMan qPCR machine [71]. Morin & McCarthy (2007) developed and validated the SNP markers of Bowhead whale (*Balaena mysticetus*) using their bone samples by Amplifluor genotyping method [90].

MassARRAY (Sequenom): Technology is described for DNA methylation study of many human diseases in

clinical practice [72]. However, Goossens *et al.* (2016) studied sequenom technology for population structure and genetic diversity in comparison with microsatellite markers in faecal samples of Asian elephant (*Elephas maximus*) [93].

Genetic management

After assessment of genetic diversity, conservationists suggest a management plan, considering these key aspects to ensure their recovery and long-term survival.

Maintaining Genetic Diversity: Genetic management helps prevent the loss of genetic diversity within populations. This is crucial because genetic diversity provides the raw material for evolution and adaptation. Maintaining diverse gene pools enhances the resilience and long-term viability of populations [73].

Preventing Inbreeding: Genetic management

strategies, such as controlled breeding and translocation of individuals, reduce the risk of inbreeding. Inbreeding can lead to the expression of harmful recessive traits, lower reproductive fitness, and increased vulnerability to diseases, all of which can threaten a population's survival [74].

Enhancing Population Health: By carefully selecting breeding pairs based on their genetic backgrounds and compatibility, genetic management can improve the overall health of populations. Healthy populations are more likely to reproduce successfully and contribute to the recovery of endangered species.

Adaptive Potential: Genetic management can help maintain or introduce genetic variation that may be crucial for a population's ability to adapt to changing environmental conditions. This is particularly important in the face of climate change and habitat alterations [75].

Reducing Extinction Risk: Genetic management strategies, such as genetic rescue through the introduction of genetically diverse individuals, can reduce the risk of extinction for small and isolated populations. This is especially relevant for populations on the brink of extinction [76].

Monitoring Genetic Health: Genetic management involves ongoing monitoring of population genetics. This provides valuable data on the genetic health of populations over time, allowing for adjustments to management strategies as needed [16].

The genetic management plan is considered in species, subspecies, or population levels, depending on the coverage and extent of loss in genetic diversity.

Species

Most conservationists use species as a measure of biodiversity, with some attention given to different populations within heavily managed endangered species [77]. Species are the basic units of evolution and classification, but conservation geneticists typically focus on smaller groups of populations within species [78]. Especially in some countries, endemic species are considered a top priority in conservation as they are distributed in limited geographical ranges and/or exist in small population size [79].

Subspecies

Subspecies are typically defined as geographically separated groups of the same species. There are two situations where subspecies are important for conservation. The first is when populations on either side of a national or state boundary are assigned to different subspecies and receive various levels of protection. In this case, a species-wide conservation plan may be better

for both populations. The second situation is when small populations of a widespread species become the focus of conservation activities. Although these populations may be at elevated risk of local extinction, their conservation may not be warranted, especially if reintroduction is possible. However, some small populations may be critical to the species' long-term survival, especially if they are better adapted to changing climatic conditions than the main population [77, 78, 80].

Evolutionarily significant units (ESUs)

The concept of ESUs was first proposed by Ryder (1986) [81] as a conservation unit presenting significant adaptive variation. Later, the importance of molecular data and ecological data was added to the concept when defining ESUs. Waples (1991, 1995) emphasized that gene flow should be restricted enough for evolutionary differences to occur, hence ESUs should be reproductively isolated from other populations and should be a key component in the evolutionary legacy of species [82, 83]. Moritz (1994) has applied genetic data to define ESUs, where units that are monophyletic for mtDNA and have significantly different allele frequencies at nuclear loci are accepted as independent ESU (evolutionarily significant units) [84]. Then, proposed 8 management recommendations based on their genetic and ecological exchangeability in historical or recent timelines [85]. Translocations of individuals between ESUs are typically undesirable because they can disrupt the genetic integrity of both ESUs [78].

Management units (MUs)

MUs are populations within a species managed independently to conserve the overall species (ESU) [55, 84]. The definition of MUs as "populations with significant divergence of allele frequencies at nuclear or mitochondrial loci, regardless of the phylogenetic distinctiveness of the alleles" by Moritz (1994) is accepted [84]. However, Palsbøll *et al.* (2007) argues that demographic connectivity is the key factor in defining MUs, rather than the level of historical gene flow [94]. Moritz (1999) proposed that mixing individuals from different management units (MUs) but not from different evolutionarily significant units (ESUs) could be a viable strategy for genetic rescue [96]. This is because MUs are typically closely related to each other, while ESUs represent unique evolutionary lineages. However, Frankham *et al.* (2012) emphasized that mixing individuals from taxonomically recognized species is not considered acceptable by conservation managers [97]. This is because mixing individuals from distinct species can lead to hybridization and the loss of unique genetic diversity. Therefore, if there are multiple MUs

within a species, taxonomic over-splitting could restrict opportunities to rescue small, inbred populations. This is because conservation managers may be reluctant to mix individuals from different MUs, even if it is necessary to save the species from extinction.

In summary, genetic management is a critical tool in conservation genetics, offering a range of benefits that contribute to preserving and recovering endangered species and maintaining biodiversity. It helps address genetic challenges, reduce extinction risks, and enhance populations' long-term health and adaptability.

References

- [1] A. D. Chapman, "Numbers of living species in Australia and the world," 2009.
- [2] C. Mora, D. P. Tittensor, S. Adl, A. G. Simpson, and B. Worm, "How many species are there on Earth and in the ocean?," *PLoS biology*, vol. 9, no. 8, p. e1001127, 2011, <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127>
- [3] M. J. Costello, R. M. May, and N. E. Stork, "Can we name Earth's species before they go extinct?," *science*, vol. 339, no. 6118, pp. 413-416, 2013, <https://doi.org/10.1126/science.123031>.
- [4] B. R. Scheffers, L. N. Joppa, S. L. Pimm, and W. F. Laurance, "What we know and don't know about Earth's missing biodiversity," *Trends in ecology & evolution*, vol. 27, no. 9, pp. 501-510, 2012, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.05.008>
- [5] R. I. IUCN, 2022.
- [6] R. Frankham, D. A. Briscoe, and J. D. Ballou, *Introduction to conservation genetics*. Cambridge university press, 2002, <https://doi.org/10.1017/CBO9780511808999>
- [7] B. Charlesworth and D. Charlesworth, "Elements of evolutionary genetics. Roberts and Company Publishers," ed: Greenwood Village, CO, 2010.
- [8] A. M. Harder, J. R. Willoughby, and J. M. Doyle, "Peppered Moths and the Industrial Revolution."
- [9] D. J. Futuyma, "Natural selection and adaptation," *Evolution*, pp. 279-301, 2009.
- [10] D. H. Reed and R. Frankham, "Correlation between fitness and genetic diversity," *Conservation biology*, vol. 17, no. 1, pp. 230-237, 2003, <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2003.01236.x>
- [11] P. Beier, "A focal species for conservation planning," *Cougar: Ecology and Conservation*. (Eds M. Hornocker and S. Negri.) pp, pp. 177-189, 2009.
- [12] J. L. Bouzat, "Conservation genetics of population bottlenecks: the role of chance, selection, and history," *Conservation Genetics*, vol. 11, pp. 463-478, 2010, <https://doi.org/10.1007/s10592-010-0049-0>
- [13] T. C. Rick *et al.*, "Where were the northern elephant seals? Holocene archaeology and biogeography of *Mirounga angustirostris*," *The Holocene*, vol. 21, no. 7, pp. 1159-1166, 2011, <https://doi.org/10.1177/0959683611400463>
- [14] J. Armengaud, J. Trapp, O. Pible, O. Geffard, A. Chaumot, and E. M. Hartmann, "Non-model organisms, a species endangered by proteogenomics," *Journal of proteomics*, vol. 105, pp. 5-18, 2014, <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2014.01.007>
- [15] J. J. Russell *et al.*, "Non-model model organisms," *BMC biology*, vol. 15, no. 1, pp. 1-31, 2017, <https://doi.org/10.1186/s12915-017-0391-5>
- [16] F. W. Allendorf, P. A. Hohenlohe, and G. Luikart, "Genomics and the future of conservation genetics," *Nature reviews genetics*, vol. 11, no. 10, pp. 697-709, 2010, <https://doi.org/10.1038/nrg2844>
- [17] A. B. Shafer *et al.*, "Genomics and the challenging translation into conservation practice," *Trends in ecology & evolution*, vol. 30, no. 2, pp. 78-87, 2015, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.11.009>
- [18] F. Allendorf, "Small populations and genetic drift. In 'Conservation and the genomics of populations'. (Eds FW Allendorf, WC Funk, SN Aitken, M Byrne, G Luikart) pp. 113-132," ed: Oxford University Press: Oxford, 2022, <https://doi.org/10.1093/oso/9780198856566.003.0006>
- [19] P. Abdul-Muneer, "Application of microsatellite markers in conservation genetics and fisheries management: recent advances in population structure analysis and conservation strategies," *Genetics research international*, vol. 2014, 2014, <https://doi.org/10.1155%2F2014%2F691759>
- [20] C. Baker, F. Cipriano, and S. Palumbi, "Molecular genetic identification of whale and dolphin products from commercial markets in Korea and Japan," *Molecular ecology*, vol. 5, no. 5, pp. 671-685, 1996, <http://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1996.tb00362.x>
- [21] S. M. Ferreira, C. Greaver, G. A. Knight, M. H. Knight, I. P. Smit, and D. Pienaar, "Disruption of rhino demography by poachers may lead to population declines in Kruger National Park, South Africa," *PLoS One*, vol. 10, no. 6, p. e0127783, 2015, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0127783>
- [22] C. Schlötterer, "The evolution of molecular markers—just a matter of fashion?," *Nature reviews genetics*, vol. 5, no. 1, pp. 63-69, 2004, <https://doi.org/10.1038/nrg1249>
- [23] J. C. Avise, "Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals," *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. B, Biological Sciences*, vol. 312, no.

- 1154, pp. 325-342, 1986, <https://doi.org/10.1098/rstb.1986.0011>
- [24] J. C. Avise, C. Giblin-Davidson, J. Laerm, J. C. Patton, and R. A. Lansman, "Mitochondrial DNA clones and matriarchal phylogeny within and among geographic populations of the pocket gopher, *Geomys pinetis*," *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 76, no. 12, pp. 6694-6698, 1979, <https://doi.org/10.1073/pnas.76.12.6694>
- [25] K. Srikulnath et al., "Asian Elephant Evolutionary Relationships: New Perspectives from Mitochondrial D-Loop Haplotype Diversity," *Sustainability*, vol. 15, no. 1, p. 720, 2022, <http://dx.doi.org/10.3390/su15010720>
- [26] T. Bilguun, B. Delgerzul, Z. Unudbayasgalan, B. Galbadrakh, and B. Tserendulam, "Genetic analysis of mitochondrial ND5 gene of siberian ibex (*Capra sibirica* Pallas, 1776) population in Mongolia," *Proceedings of the Mongolian Academy of Sciences*, pp. 48-53, 2019, <http://dx.doi.org/10.5564/pmas.v59i3.1246>
- [27] B. Delgerzul, Z. Unudbayasgalan, T. Bilguun, C. Battsetseg, B. Galbadrakh, and B. Tserendulam, "Genetic comparison of Altai and Gobi argali sheep (*Ovis ammon*) populations using mitochondrial and microsatellite markers: Implication on conservation," *Proceedings of the Mongolian Academy of Sciences*, pp. 54-61, 2019, <https://doi.org/10.5564/pmas.v59i3.1247>
- [28] P. D. Hebert, S. Ratnasingham, and J. R. De Waard, "Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species," *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, vol. 270, no. suppl_1, pp. S96-S99, 2003, <https://doi.org/10.1098%2Frsbl.2003.0025>
- [29] W. J. Kress, K. J. Wurdack, E. A. Zimmer, L. A. Weigt, and D. H. Janzen, "Use of DNA barcodes to identify flowering plants," *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 102, no. 23, pp. 8369-8374, 2005.
- [30] S. R. Clegg, "Modern organizations: Organization studies in the postmodern world," *Modern Organizations*, pp. 1-272, 1990.
- [31] R. J. Petit, J. Duminil, S. Fineschi, A. Hampe, D. Salvini, and G. G. Vendramin, "Invited review: comparative organization of chloroplast, mitochondrial and nuclear diversity in plant populations," *Molecular Ecology*, vol. 14, no. 3, pp. 689-701, 2005, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02410.x>
- [32] J. R. Powell, "Molecular techniques in population genetics: a brief history," in *Molecular ecology and evolution: Approaches and applications*: Springer, 1994, pp. 131-156, https://doi.org/10.1007/978-3-0348-7527-1_8
- [33] J. Shaw, H. L. Shafer, O. R. Leonard, M. J. Kovach, M. Schorr, and A. B. Morris, "Chloroplast DNA sequence utility for the lowest phylogenetic and phylogeographic inferences in angiosperms: the tortoise and the hare IV," *American Journal of Botany*, vol. 101, no. 11, pp. 1987-2004, 2014, <https://doi.org/10.3732/ajb.1400398>
- [34] J. Tonti-Filippini, P. G. Nevill, K. Dixon, and I. Small, "What can we do with 1000 plastid genomes?," vol. 90, ed: Wiley Online Library, 2017, pp. 808-818, <https://doi.org/10.1111/tpj.13491>
- [35] M. W. Nachman and J. B. Searle, "Why is the house mouse karyotype so variable?," *Trends in ecology & evolution*, vol. 10, no. 10, pp. 397-402, 1995, [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(00\)89155-7](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(00)89155-7)
- [36] L. H. Rieseberg, "Chromosomal rearrangements and speciation," *Trends in ecology & evolution*, vol. 16, no. 7, pp. 351-358, 2001, [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(01\)02187-5](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(01)02187-5)
- [37] M. Wellenreuther and L. Bernatchez, "Eco-evolutionary genomics of chromosomal inversions," *Trends in ecology & evolution*, vol. 33, no. 6, pp. 427-440, 2018, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.04.002>
- [38] J. D. Rising and G. F. Shields, "Chromosomal and morphological correlates in two New World sparrows (Emberizidae)," *Evolution*, pp. 654-662, 1980, <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1980.tb04004.x>
- [39] H. C. Hauffe and J. B. Searle, "Chromosomal heterozygosity and fertility in house mice (*Mus musculus domesticus*) from Northern Italy," *Genetics*, vol. 150, no. 3, pp. 1143-1154, 1998, <https://doi.org/10.1093/genetics/150.3.1143>
- [40] B. C. Husband and H. A. Sabara, "Reproductive isolation between autotetraploids and their diploid progenitors in fireweed, *Chamerion angustifolium* (Onagraceae)," *New Phytologist*, vol. 161, no. 3, pp. 703-713, 2004, <https://doi.org/10.1046/j.1469-8137.2004.00998.x>
- [41] M. A. Ferguson-Smith and V. Trifonov, "Mammalian karyotype evolution," *Nature Reviews Genetics*, vol. 8, no. 12, pp. 950-962, 2007, <https://doi.org/10.1038/nrg2199>
- [42] A. A. Hoffmann and L. H. Rieseberg, "Revisiting the impact of inversions in evolution: from population genetic markers to drivers of adaptive shifts and speciation?," *Annual review of ecology, evolution, and systematics*, vol. 39, pp. 21-42, 2008, <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.39.110707.173532>
- [43] M. Eldridge and R. Close, "Taxonomy of rock

- wallabies, Petrogale (Marsupialia, Macropodidae). 1. A revision of the Eastern Petrogale with the description of 3 new species,” *Australian Journal of Zoology*, vol. 40, no. 6, pp. 605-625, 1992, <http://dx.doi.org/10.1071/ZO9920605>
- [44] J. E. Deakin *et al.*, “Chromosomics: Bridging the gap between genomes and chromosomes,” *Genes*, vol. 10, no. 8, p. 627, 2019, <https://doi.org/10.3390/genes10080627>
- [45] J. M. Churko, G. L. Mantalas, M. P. Snyder, and J. C. Wu, “Overview of high throughput sequencing technologies to elucidate molecular pathways in cardiovascular diseases,” *Circ Res*, vol. 112, no. 12, pp. 1613-23, Jun 7 2013, <https://doi.org/10.1161/circresaha.113.300939>
- [46] M. Wellenreuther, C. Mérot, E. Berdan, and L. Bernatchez, “Going beyond SNPs: The role of structural genomic variants in adaptive evolution and species diversification,” *Molecular ecology*, vol. 28, no. 6, pp. 1203-1209, 2019, <https://doi.org/10.1111/mec.15066>
- [47] M. C. Fischer *et al.*, “Estimating genomic diversity and population differentiation - an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri*,” *BMC Genomics*, vol. 18, no. 1, p. 69, Jan 11 2017, <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3459-7>
- [48] B. E. Slatko, A. F. Gardner, and F. M. Ausubel, “Overview of next-generation sequencing technologies,” *Current protocols in molecular biology*, vol. 122, no. 1, p. e59, 2018, <https://doi.org/10.1002/cpmb.59>
- [49] O. Akintunde, T. Tucker, and V. J. Carabetta, “The evolution of next-generation sequencing technologies,” *arXiv preprint arXiv:2305.08724*, 2023.
- [50] T. Xiao and W. Zhou, “The third generation sequencing: the advanced approach to genetic diseases,” *Translational pediatrics*, vol. 9, no. 2, p. 163, 2020, <https://doi.org/10.21037/tp.2020.03.06>
- [51] M. Kardos and A. B. Shafer, “The peril of genotyped conservation,” *Trends in ecology & evolution*, vol. 33, no. 11, pp. 827-839, 2018, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.08.011>
- [52] J. M. Catchen, P. A. Hohenlohe, L. Bernatchez, W. C. Funk, K. R. Andrews, and F. W. Allendorf, “Unbroken: RADseq remains a powerful tool for understanding the genetics of adaptation in natural populations,” *Molecular ecology resources*, vol. 17, no. 3, pp. 362-365, 2017, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12669>
- [53] K. R. Andrews *et al.*, “A bioinformatic pipeline for identifying informative SNP panels for parentage assignment from RAD seq data,” *Molecular Ecology Resources*, vol. 18, no. 6, pp. 1263-1281, 2018, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12910>
- [54] S. J. Amish *et al.*, “Rapid SNP genotyping, sex identification, and hybrid-detection in threatened bull trout,” *Conservation Genetics Resources*, vol. 14, no. 4, pp. 421-427, 2022, <https://doi.org/10.1007/s12686-022-01289-w>
- [55] W. C. Funk, J. K. McKay, P. A. Hohenlohe, and F. W. Allendorf, “Harnessing genomics for delineating conservation units,” *Trends in ecology & evolution*, vol. 27, no. 9, pp. 489-496, 2012, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.05.012>
- [56] S. P. Flanagan, B. R. Forester, E. K. Latch, S. N. Aitken, and S. Hoban, “Guidelines for planning genomic assessment and monitoring of locally adaptive variation to inform species conservation,” *Evolutionary applications*, vol. 11, no. 7, pp. 1035-1052, 2018, <https://doi.org/10.1111/eva.12569>
- [57] N. R. Campbell, S. A. Harmon, and S. R. Narum, “Genotyping-in-Thousands by sequencing (GT-seq): A cost effective SNP genotyping method based on custom amplicon sequencing,” *Molecular ecology resources*, vol. 15, no. 4, pp. 855-867, 2015, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12357>
- [58] H. Enoki, “The construction of pseudomolecules of a commercial strawberry by DeNovoMAGIC and new genotyping technology, GRAS-Di,” in *Plant and Animal Genome XXVII Conference (January 12-16, 2019)*, 2019: PAG.
- [59] S. Hosoya *et al.*, “Random PCR-based genotyping by sequencing technology GRAS-Di (genotyping by random amplicon sequencing, direct) reveals genetic structure of mangrove fishes,” *Molecular ecology resources*, vol. 19, no. 5, pp. 1153-1163, 2019, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13025>
- [60] Y. Miki *et al.*, “GRAS-Di system facilitates high-density genetic map construction and QTL identification in recombinant inbred lines of the wheat progenitor *Aegilops tauschii*,” *Scientific Reports*, vol. 10, no. 1, p. 21455, 2020, <https://doi.org/10.1038/s41598-020-78589-4>
- [61] K. Nishimura *et al.*, “MIG-seq is an effective method for high-throughput genotyping in wheat (*Triticum* spp.),” *DNA Research*, vol. 29, no. 2, p. dsac011, 2022, <https://doi.org/10.1093/dnares/dsac011>
- [62] S. L. Hoffberg *et al.*, “RAD cap: sequence capture of dual-digest RAD seq libraries with identifiable duplicates and reduced missing data,” *Molecular ecology resources*, vol. 16, no. 5, pp. 1264-1278, 2016, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12566>
- [63] O. A. Ali *et al.*, “RAD capture (Rapture): flexible and efficient sequence-based genotyping,” *Genetics*, vol. 202, no. 2, pp. 389-400, 2016, <https://doi.org/10.1534/genetics.116.018881>

- doi.org/10.1534/genetics.115.183665
- [64] M. H. Meek and W. A. Larson, "The future is now: Amplicon sequencing and sequence capture usher in the conservation genomics era," ed: Wiley Online Library, 2019, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12998>
- [65] T. LaFramboise, "Single nucleotide polymorphism arrays: a decade of biological, computational and technological advances," *Nucleic acids research*, vol. 37, no. 13, pp. 4181-4193, 2009, <https://doi.org/10.1093/nar/gkp552>
- [66] J. M. Doyle et al., "Genetic structure and viability selection in the golden eagle (*Aquila chrysaetos*), a vagile raptor with a Holarctic distribution," *Conservation Genetics*, vol. 17, pp. 1307-1322, 2016, <https://doi.org/10.1007/s10592-016-0863-0>
- [67] J. A. Dewoody et al., "Characterization of the gray whale *Eschrichtius robustus* genome and a genotyping array based on single-nucleotide polymorphisms in candidate genes," *The Biological Bulletin*, vol. 232, no. 3, pp. 186-197, 2017, <https://doi.org/10.1086/693483>
- [68] J. E. Seeb, C. E. Pascal, R. Ramakrishnan, and L. W. Seeb, "SNP genotyping by the 5'-nuclease reaction: advances in high-throughput genotyping with nonmodel organisms," *Single nucleotide polymorphisms: methods and protocols*, pp. 277-292, 2009, https://doi.org/10.1007/978-1-60327-411-1_18
- [69] A. J. Norman and G. Spong, "Single nucleotide polymorphism-based dispersal estimates using noninvasive sampling," *Ecology and Evolution*, vol. 5, no. 15, pp. 3056-3065, 2015, <https://doi.org/10.1002/ece3.1588>
- [70] V. B. Kraus, F. J. Blanco, M. Englund, M. A. Karsdal, and L. S. Lohmander, "Call for standardized definitions of osteoarthritis and risk stratification for clinical trials and clinical use," *Osteoarthritis and cartilage*, vol. 23, no. 8, pp. 1233-1241, 2015, <https://doi.org/10.1016/j.joca.2015.03.036>
- [71] A. M. Rickert, T. A. Borodina, E. J. Kuhn, H. Lehrach, and S. Sperling, "Refinement of single-nucleotide polymorphism genotyping methods on human genomic DNA: amplifluor allele-specific polymerase chain reaction versus ligation detection reaction-TaqMan," *Analytical biochemistry*, vol. 330, no. 2, pp. 288-297, 2004, <https://doi.org/10.1016/j.ab.2004.03.035>
- [72] E. J. Busó and M. Iborra, "Sequenom MassARRAY Technology for the Analysis of DNA Methylation: Clinical Applications," in *Epigenetic Biomarkers and Diagnostics*: Elsevier, 2016, pp. 137-153, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801899-6.00007-3>
- [73] F. P. Palstra and D. E. Ruzzante, "Genetic estimates of contemporary effective population size: what can they tell us about the importance of genetic stochasticity for wild population persistence?," *Molecular ecology*, vol. 17, no. 15, pp. 3428-3447, 2008, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03842.x>
- [74] P. W. Hedrick, "Gene flow and genetic restoration: the Florida panther as a case study," *Conservation Biology*, pp. 996-1007, 1995, <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.1995.9050988.x-i1>
- [75] A. A. Hoffmann and C. M. Sgrò, "Climate change and evolutionary adaptation," *Nature*, vol. 470, no. 7335, pp. 479-485, 2011, <https://doi.org/10.1038/nature09670>
- [76] P. W. Hedrick and R. Fredrickson, "Genetic rescue guidelines with examples from Mexican wolves and Florida panthers," *Conservation genetics*, vol. 11, pp. 615-626, 2010, <https://doi.org/10.1007/s10592-009-9999-5>
- [77] D. J. Coates, M. Byrne, and C. Moritz, "Genetic diversity and conservation units: dealing with the species-population continuum in the age of genomics," *Frontiers in Ecology and Evolution*, vol. 6, p. 165, 2018, <https://doi.org/10.3389/fevo.2018.00165>
- [78] D. S. Woodruff, "Populations, species, and conservation genetics," *Encyclopedia of biodiversity*, p. 811, 2001, <https://doi.org/10.1016%2FB0-12-226865-2%2F00355-2>
- [79] D. Kraus, A. Enns, A. Hebb, S. Murphy, D. A. R. Drake, and B. Bennett, "Prioritizing nationally endemic species for conservation," *Conservation Science and Practice*, vol. 5, no. 1, p. e12845, 2023, <https://doi.org/10.1111/csp2.12845>
- [80] R. M. Zink and L. B. Klicka, "The taxonomic basis of subspecies listed as threatened and endangered under the endangered species act," *Frontiers in Conservation Science*, vol. 3, p. 971280, 2022, <https://doi.org/10.3389/fcsc.2022.971280>
- [81] O. Ryder, "Conservation and systematic: The dilemma of subspecies," *Trends Ecol Evol*, vol. 1, pp. 9-10, 1986, [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(86\)90059-5](https://doi.org/10.1016/0169-5347(86)90059-5)
- [82] R. S. Waples, "Pacific salmon, *Oncorhynchus* spp., and the definition of 'species' under the Endangered Species Act," *Marine Fisheries Review*, vol. 53, no. 3, pp. 11-22, 1991.
- [83] R. S. Waples, "Evolutionarily significant units and the conservation of biological diversity under the Endangered Species Act," *Evolution and the aquatic ecosystem: defining unique units in population conservation*, 1995.
- [84] C. Moritz, "Defining 'evolutionarily significant

- units' for conservation," *Trends in ecology & evolution*, vol. 9, no. 10, pp. 373-375, 1994, [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(94\)90057-4](https://doi.org/10.1016/0169-5347(94)90057-4)
- [85] K. A. Crandall, O. R. Bininda-Emonds, G. M. Mace, and R. K. Wayne, "Considering evolutionary processes in conservation biology," *Trends in ecology & evolution*, vol. 15, no. 7, pp. 290-295, 2000, [https://doi.org/10.1016/s0169-5347\(00\)01876-0](https://doi.org/10.1016/s0169-5347(00)01876-0)
- [86] J. N. Boulay, M. E. Hellberg, J. Cortés, and I. B. Baums, "Unrecognized coral species diversity masks differences in functional ecology," *Proc. R. Soc. B.*, vol. 281, no. 1776, p. 20131580, Feb. 2014, <https://doi.org/10.1098/rspb.2013.1580>
- [87] S. Sharma, T. Dutta, J. E. Maldonado, T. C. Wood, H. S. Panwar, and J. Seidensticker, "Spatial genetic analysis reveals high connectivity of tiger (*Panthera tigris*) populations in the Satpura-Maikal landscape of Central India," *Ecol Evol*, vol. 3, no. 1, pp. 48–60, Jan. 2013, <https://doi.org/10.1002/ece3.432>
- [88] M. Rossetto *et al.*, "A conservation genomics workflow to guide practical management actions," *Global Ecology and Conservation*, vol. 26, p. e01492, Apr. 2021, <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01492>
- [89] E. L. Carroll *et al.*, "Genetic and genomic monitoring with minimally invasive sampling methods," *Evolutionary Applications*, vol. 11, no. 7, pp. 1094–1119, Aug. 2018, <https://doi.org/10.1111/eva.12600>
- [90] P. A. Morin and M. Mccarthy, "Highly accurate SNP genotyping from historical and low-quality samples," *Molecular Ecology Notes*, vol. 7, no. 6, pp. 937–946, Nov. 2007, <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01804.x>
- [91] M. Byrne and M. Hankinson, "Testing the variability of chloroplast sequences for plant phylogeography," *Aust. J. Bot.*, vol. 60, no. 7, p. 569, 2012, <https://doi.org/10.1071/BT12146>
- [92] Y. Suyama and Y. Matsuki, "MIG-seq: an effective PCR-based method for genome-wide single-nucleotide polymorphism genotyping using the next-generation sequencing platform," *Sci Rep*, vol. 5, no. 1, p. 16963, Nov. 2015, <https://doi.org/10.1038/srep16963>
- [93] B. Goossens *et al.*, "Habitat fragmentation and genetic diversity in natural populations of the Bornean elephant: Implications for conservation," *Biological Conservation*, vol. 196, pp. 80–92, Apr. 2016, <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.02.008>
- [94] P. Palsboll, M. Berube, and F. Allendorf, "Identification of management units using population genetic data," *Trends in Ecology & Evolution*, vol. 22, no. 1, pp. 11–16, Jan. 2007, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.09.003>
- [96] C. Moritz, "Conservation Units and Translocations: Strategies for Conserving Evolutionary Processes," *Hereditas*, vol. 130, no. 3, pp. 217–228, 1999, <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1999.00217.x>
- [97] R. Frankham *et al.*, "Implications of different species concepts for conserving biodiversity," *Biological Conservation*, vol. 153, pp. 25–31, Sep. 2012, <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.04.034>






Тойм өгүүлэл

<https://doi.org/10.5564/pib.v39i1.3148>

PROCEEDINGS OF
PiB
THE INSTITUTE OF BIOLOGY

Байгаль хамгаалахад генетикийн шинжилгээ, геномын арга хэрэгслийн ач холбогдол

Батсүх ЦЭРЭНДУЛАМ* , Түмэндэмбэрэл ӨлзийСАЙХАН , Баатар ДЭЛГЭРЗУЛ 

¹Монгол Улс, Улаанбаатар, Шинжлэх ухааны академи, Биологийн хүрээлэн, Генетикийн лаборатори

*Холбоо барих зохиогч: tserendulam@mas.ac.mn, <https://orcid.org/0000-0002-8409-0968>

Хураангуй. Өнөөдрийг хүртэл дэлхий дээр 2.16 сая орчим зүйлийг илрүүлжээ. Эдгээрээс 42000 гаруй зүйл устах аюулд ороод байна. Хамгааллын биологи нь биологийн олон янз байдлыг хамгаалах, зэрлэг ан амьтдын популяцийн амьдрах чадварыг судлахад чиглэсэн судалгааны салбар бөгөөд ховордсон амьтдын талаар судлах, хамгаалах, биологийн олон янз байдлыг бүхэлд нь хадгалахад чухал үүрэг гүйцэтгэдэг. Биологийн олон янз байдлын тухай олон улсын конвенцид биологийн олон янз байдлыг экосистем, зүйл, ген гэсэн гурван түвшинд хамгаалах ёстой гэж заасан байдаг. Тиймээс байгаль хамгаалах эхний алхам бол түүний олон янз байдлыг үнэлэх явдал юм. Хамгааллын биологичид зэрлэг ан амьтдын генетикийн олон янз байдлыг үнэлэхийн тулд генетикийн аргагүйг, сүүлийн жилүүдэд геномикийн аргыг ашиглаж байна. Энэ тойм өгүүлэлд популяцийн генетикийн зарим чухал ойлголтуудыг төдийгүй зэрлэг ан амьтдыг хамгаалахад генетик, геномиксийн аргуудыг ашиглах үүрэг болон генетикийн менежментийг төлөвлөхөд түүний ач холбогдлын талаар бичив.

Түлхүүр үгс: RADseq, GTseq, NGS, нэг нуклеотидын полиморфизм (SNP), хамгааллын менежмент

Хүлээн авсан 2023.10.09; хянан тохиолдуулсан 2023.10.11; зөвшөөрсөн 2023.11.17

© 2023 Зохиогчид. [CC BY-NC 4.0 license](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

Оршил

Дэлхий дээр хэдэн төрөл зүйл байдаг талаар тодорхой тооцоолол байдаггүй. Хэд хэдэн судлаачид манай гариг дээр 5-10 сая зүйл амьдардаг гэж мэдээлсэн [1-4]. Гэсэн хэдий ч Дэлхийн Байгаль Хамгаалах Холбооны Улаан дансанд (2022) 2,16 сая орчим зүйл л бүртгэгдсэн байна [5]. Дэлхийн Байгаль Хамгаалах Холбоонд нийт 150388 зүйл үнэлэгдсэний 28% нь (42100 зүйл) устах аюулд орсон байна. Манай гаригийн биологийн олон янз байдлыг хамгаалахын тулд судлаачид байгаль хамгаалах биологи, хамгааллын генетик/геномик зэрэг шинжлэх ухааны янз бүрийн чиглэлээр ажиллаж байна. Биологийн олон янз байдлын тухай олон улсын конвенцид биологийн олон янз байдлыг экосистем, төрөл зүйл, ген гэсэн гурван түвшинд хамгаалах ёстой гэж заасан байдаг. Энэ тойм өгүүлэлд популяцийн генетикийн зарим чухал ойлголтуудыг төдийгүй зэрлэг ан

амьтдыг хамгаалахад генетик, геномиксийн аргуудыг ашиглах үүрэг болон генетикийн менежментийг төлөвлөхөд түүний ач холбогдлын талаар бичив.

Генетик вариаци

Популяцийн доторх генетик вариаци нь тухайн популяци дахь бодгалиудын өвөрмөц онцлог, шинж чанарын хязгаараар илэрхийлэгддэг. Энэхүү вариациад зан төрхийн, физиологи болон морфологийн ялгаа, гэр ч байтугай дархлааны хариу урвал ч хамаардаг [6]. Иймээс, генетик вариаци нь байгалийн шалгарлын түүхий эд болж, төрөл зүйлийн дасан зохицох, хувьсал болон урт хугацаанд оршин тогтноход чухал үүрэг гүйцэтгэдэг. Хүрээлэн буй орчны өөрчлөлт болох үед тодорхой генетик шинж чанартай бодгалиуд шинэ нөхцөлд амьд үлдэх, үржихэд илүү нийцсэн байдаг. Энэ үйл явцыг байгалийн шалгарал гэж нэрлэдэг [7]. Жишээлбэл, аж үйлдвэрийн хувьсгалаас өмнө

Английн хусны төөлүүрч эрвээхэй (*Biston betularia betularia*)-н популяцид далавч дээрээ алаг хээтэй, цайвар эрвээхэйнүүд зонхилдог байв. Гэсэн хэдий ч, 18-р зууны сүүл 19-р зууны эхэн үед аж үйлдвэржилт явагдсанаар агаарын бохирдол ихэсч, хөө тортог болон бусад бохирдуулагчийн улмаас модны холтос харлахад хүргэсэн. Үүний үр дүнд цайвар эрвээхэй махчин амьтдад, ялангуяа шувуудад илүү тод харагдаж идэш, гэжээл нь болсноор тоо толгой эрс цөөрч байсан [8]. Өөрөөр хэлбэл, генетик вариаци нь хувьслын үйл явцын хөдөлгөгч хүч юм. Организмын ДНХ-ийн дараалал дахь санамсаргүй өөрчлөлтүүд болох мутаци нь популяцид генетикийн шинэ хувилбаруудыг нэвтрүүлдэг. Цаг хугацаа өнгөрөхөд эдгээр мутаци нь хуримтлагдаж, шинэ шинж чанар, өвөрмөц онцлогийг бий болгодог. Нэмж дурдахад бэлгийн нөхөн үржихүйн явцад үүсдэг генетик рекомбинац нь одоо байгаа генетик вариацийг хольж, аллелийн шинэ хослолыг (генийн хувилбар) үүсгэдэг. Мутаци, рекомбинаци, генетик дрейф зэрэг эдгээр үйл явц нь төрөл зүйлүүдэд аажмаар хувьслыг бий болгож, экологийн өөр өөр орчин, сорилтод дасан зохицох боломжийг олгодог [9]. Генетик вариацийн түвшин өндөртэй зүйлүүд нь хүрээлэн буй орчны хэлбэлзэл, өвчин болон бусад аюулыг тэсвэрлэхэд илүү сайн бэлтгэгдсэн байдаг. Учир нь генетикийн олон янз байдал нь шаардлагатай үед ашиглах боломжтой дасан зохицох нөөцийг бүрдүүлдэг. Үүний эсрэгээр, генетик олон янз байдал багатай популяц нь шинэ нөхцөлд дасан зохицох эсвэл шинээр гарч ирж буй өвчинтэй тэмцэхэд шаардлагатай удамшлын нөөцгүй тул устах аюулд илүү өртөмтгий байдаг [10]. Тиймээс, генетик олон янз байдлын алдагдлыг бууруулах, урьдчилан сэргийлэх нь ховордсон амьтдыг хамгаалах, биологийн олон янз байдлыг бүхэлд нь хадгалах хүчин чармайлтын гол зорилго юм.

Генетикийн олон янз байдлын алдагдал

Генетик олон янз байдал алдагдах нь амьдрах орчны хуваагдал, тухайн популяцийн шилэн хоолойн механизм (bottleneck effect)-д өртсөн байдал, хүний үйл ажиллагаа зэрэг янз бүрийн хүчин зүйлээс шалтгаалж болно. Амьдрах орчны хуваагдал нь хот байгуулалт, хөдөө аж ахуй, дэд бүтцийн бүтээн байгуулалт зэрэг үйл ажиллагааны улмаас тасралтгүй амьдрах орчныг жижиг, тусгаарлагдсан хэсгүүдэд хуваах үед үүсдэг. Энэ бутархай байдал нь тусгаарлагдсан популяц хоорондын генийн урсгалыг бууруулж, цус ойртолт явагдаж генетикийн олон янз байдал буурахад хүргэдэг. Жишээлбэл, Флоридагийн ирвэсийн популяцид хотжилт, хурдны замын улмаас амьдрах орчны хуваагдалтай тулгарч улмаар цус

ойртолт болон дээрх генетикийн асуудалтай нүүр тулахад хүргэсэн [11]. Мөн өөр нэг чухал хүчин зүйл нь ихэвчлэн байгалийн гамшиг, өвчний дэгдэлт, хүний үйл ажиллагааны улмаас болж тухайн популяцийн бодгалийн тоо огцом буурч, үүний үр дүнд популяцид генийн багахан хэсэг л амьд үлддэг тул шилэн хоолойн механизм (bottleneck effect) нь генетикийн олон янз байдал алдагдахад хүргэдэг. [12]. Жишээлбэл, 19-р зуунд ан агнуурын улмаас хойд далайн заан (*Mirounga angustirostris*)-ы популяцийн бодгалийн тоо толгой хэдэн арав болтлоо эрс цөөрсөн. Үүний үр дүнд өнөөдөр тэдний генетикийн олон янз байдал бага байна [13]. Тиймээс генетикийн эсвэл геномын арга, аргачлалуудыг ашиглан генетикийн олон янз байдлыг үнэлэх нь байгаль хамгаалагчдад эрсдэлийн түвшнийг тодорхойлж, алдагдлыг нөхөн сэргээх үр дүнтэй менежментийн төлөвлөгөө гаргахад тусалдаг. Сүүлийн үеийн судалгаануудаас дурдвал, Boulay (2019) нарын эрдэмтэд молекул генетикийн арга технологийг ашиглан шүрийн популяцийн генетик олон янз байдал уур амьсгалын өөрчлөлтөд хэрхэн дасан зохицож байгааг судалж мэдсэн [86]. Мөн Sandeep Sharma (2020) нарын эрдэмтэд микросателит маркер ашиглан Энэтхэгийн барын популяцийн генетик олон янз байдлыг судалсан [87]. Үр дүнгээс тухайн барын популяц удаан хугацааны туршид мэнд үлдэхийн тулд генетик олон янз байдал өндөр байх нь чухал байгааг олж тогтоожээ.

Загварын ба загварын бус организмууд

Олон арван жилийн туршид салбар бүрийн олон эрдэмтэд нарийн, ойлгоход төвөгтэй цогц асуудлыг шийдвэрлэхийн тулд зарим организмыг ихээр ашигласаар ирсэн. Эдгээр түгээмэл судлагдсан организмуудаас гадна цөөн тооны судалгааны баг л судалгаандаа ашигладаг өвөрмөц систем бүхий организмууд ч байдаг. Өвөрмөц шинж агуулсан эсвэл лабораторид судлахад хялбар зэрэг тодорхой шалтгааны улмаас дээрх организмуудыг судалгаанд ашигладаг. Тус загвар организмууд нь тухайн судалгааны зорилго, зорилтыг төлөөлөхүйц организм байдаг. Ийм ч учраас загвар организмууд нь олон тооны судлаачдын шинжлэх ухааны сонирхлыг татан тэдгээрийн талаар асар их мэдээлэл олж авах боломжтой байдаг. Үүний дүнд, эдгээр организмуудыг судалснаар судлаачид шинээр нээлт нээхэд хялбар байдаг [14].

Нөгөөтээгүүр, ихэнх загвар бус организмууд нь 1) лабораторийн хяналт дор өсгөвөрлөсөн тогтвортой тусгаар зүйл шиг өсгөвөрлөх боломжгүй, 2) молекул биологийн түвшинд сайн тодорхойлогдоогүй, 3) ангиллаас үл хамааран цөөн тооны эрдэмтдийн судлагдахуун байдаг тул загвар бус организмыг

туршилтад ашиглахад хүндрэлтэй байдаг. Загвар бус организмууд нь одоогийн загвар организмуудаас ялгаатай байгаа нь судлаачдын анхаарал сонирхлыг татдаг.

Харьцуулсан биологи нь биологийн олон янз байдлын үндсэн механизмыг илрүүлэхийг зорьдог бөгөөд үүний тулд загвар бус зүйлүүдийг ашигладаг. Ийнхүү олон янз байдал ихтэй зүйлийг нарийвчлан, тэдний өвөрмөц биологийг нь судлахдаа тэдэнд тусгайлан таарах арга зүйг боловсруулах, эсвэл загвар организмд ашигладаг стратегийг өөрчлөн боловсруулж хэрэглэдэг [14, 15].

Хамгааллын генетик/геномикийн хэрэгсэл

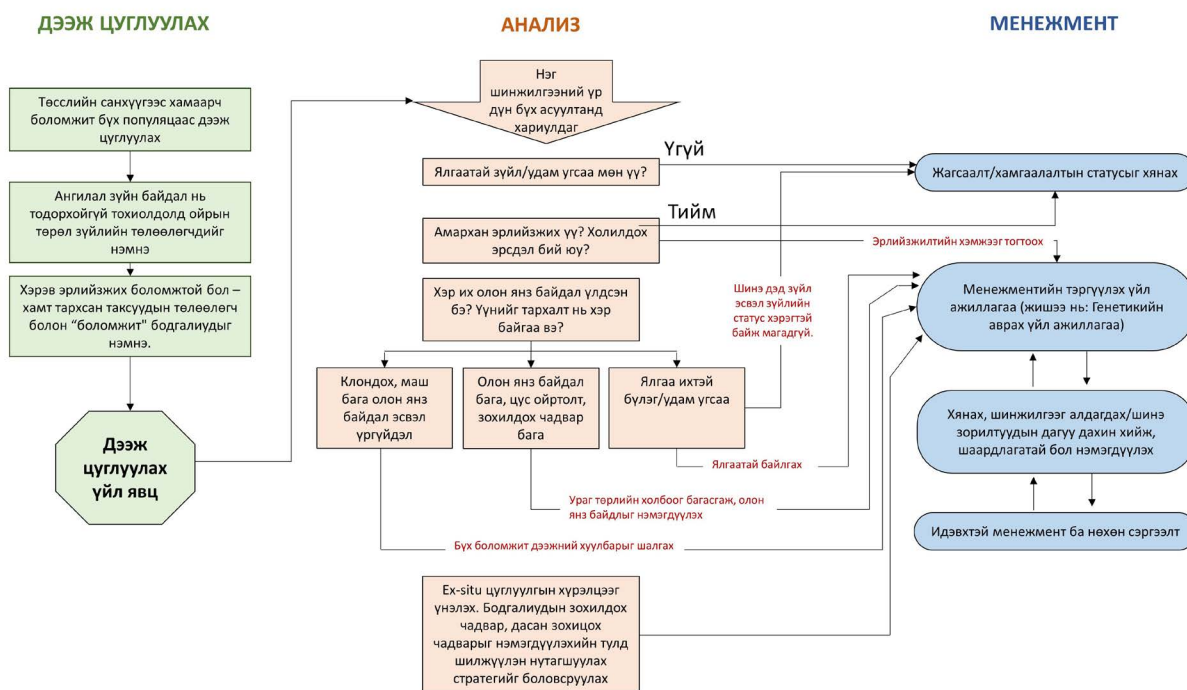
Сүүлийн жилүүдэд төрөл бүрийн геномын техникүүд хурдацтай хөгжиж байгаа нь байгалийн популяцийн генетикийн вариациудын үүрэг, ач холбогдлыг илүү сайн ойлгох боломжийг олгосон [16, 17]. Аллендорф нар (2010) [16] уламжлалт генетикийн маркерууд болон хамгааллын геномикийн судалгаа нь биологийн олон янз байдлыг хамгаалах

олон чухал асуултад хэрхэн хариулж болохыг маш сайн харуулсан (1-р зураг).

Популяц доторх болон популяц хоорондох зүйлүүдийг судлах төрөл бүрийн генетикийн арга хэрэгслүүд байдаг. Популяцийн генетик вариацийг/ өөрчлөлтийг ойлгохын тулд онолын мэдлэг, мэдээлэл цуглуулах, дүн шинжилгээ хийх шаардлагатай [18].

Эдгээр байгаль хамгааллын генетикийн болон геномын хэрэгслүүдийн гол үүрэг бол генетик олон янз байдал, генетикийн вариациудыг олон түвшинд (ген, бодгаль, популяц, дэд зүйл, зүйл, төрөл гэх мэт) судлах явдал бөгөөд одоогийн генетик бүтцийг дүрслэн харуулахын тулд ангилалзүйн болон геномын хувьслын түүхийг ойлгоход туслах төдийгүй тухайн зүйл, популяцийн ирээдүйн хөгжлийн боломжоос гадна зорилтот зүйлд ямар үйл явц эсвэл хүчин зүйлс нөлөөлж байгааг тайлбарлахад тусалдаг.

Россетто нар (2021) [88] ховордсон ургамлын хамгааллын геномикийн судалгааны ажлын явцыг танилцуулсан. Бид бүх төрлийн зорилтот төрөл зүйлд тохируулж уг бүдүүвчийг дараах байдлаар хялбаршуулсан (2-р зураг).



1-р зураг. Байгалийн популяцийг хамгаалахад чухал байдаг хүчин зүйлсийн харилцан үйлчлэлийн бүдүүвч диаграмм. Уламжлалт хамгааллын генетик нь саармаг маркер ашиглан харилцан үйлчлэлийн зарим хүчин зүйлийн шууд тооцооллыг үзүүлдэг (хөх өнгөөр дүрслэв). Хамгааллын геномик нь илүү өргөн хүрээний хүчин зүйлсийг шийдвэрлэх боломжтой (улаан өнгөөр дүрслэв) бөгөөд саармаг процессуудын (цэнхэр) илүү нарийн тооцоолол, эдгээр хүчин зүйлсийн тодорхой генетик үндэслэлийг гарган өгдөг. Жишээлбэл, уламжлалт хамгааллын генетик нь нийт шилжилт хөдөлгөөний түвшин эсвэл цус ойртолтын коэффициентийг тооцоолж чаддаг бол геномын хэрэгсэл нь дасан зохицох локус эсвэл үүсгэгч-өвөрмөц цус ойртолтын коэффициентэд хамаарах генийн урсгалын хурдыг үнэлэх боломжтой. Аллендорф нарын (2010) [16] судалгааны бүдүүвчийг өөрчлөн дахин зурав.



2-р зураг. Хамгааллын генетикийн судалгааны үйл явцын бүдүүвч. Россетта нарын (2021) [88] бүтээлээс авч, дахин засварлан зурав.

Геномын өмнөх үеийн генетикийн маркерууд (саармаг маркерууд)

Төрөл бүрийн генетикийн маркерт суурилсан генетикийн мэдээллүүдийг зэрлэг ан амьтдыг хамгаалахад янз бүрийн зорилгоор ашигладаг. Тухайлбал үүнд, популяцийн бүтэц, удамшлын төрөл, хувьслын үйл явцыг шинжлэх, менежментийн нэгжийн үнэлгээ [19], үүнээс гадна ховордсон зэрлэг амьтдын хууль бус худалдаа, агнуурыг хянах, илрүүлэх гэх мэт [20, 21].

Бөөмийн геномын маркерууд. Аллозим нь 1960-аад оны сүүлээс 2000-аад он хүртэл ашиглагдаж байсан бөгөөд түүний дараа RFLP (Рестрикцийн фрагментийн уртын полиморфизм) ба AFLP (олшруулсан фрагментийн уртын полиморфизм) бөөмийн маркерууд гарч ирсэн [22]. Микросателлитууд нь 1990-ээд оноос өнөөг хүртэл популяцийн генетик болон байгаль хамгаалах биологийн судалгаанд өргөн хэрэглэгддэг өөр нэг маркер юм. Эдгээр нь генетикийн мэдээлэл багатай популяцийг судлахад онцгой ач холбогдолтой юм. Микросателлит маркер (янз бүрийн тоотойгоор давтагддаг ДНХ-ийн бүсүүд) нь бодгаль хооронд ихэвчлэн ялгаатай байдаг ба гол төлөв тухайн локус нь 5-100 давталттай байдаг.

Митохондрийн/хлоропластын ДНХ маркер

Бөөмөөс гадна амьтан, ургамал нь митохондрийн гэдэг органеллдаа ДНХ-тэй байдаг. Харин, үүнээс гадна ургамлын хлоропласт мөн ДНХ-тэй байдаг. Энэхүү органеллуудийн ДНХ нь жижиг (ихэнх амьтдын хувьд урт нь ~17000 хн) бөгөөд дугуй хэлбэртэй, эс бүрт хэдэн мянган ширхэг байдаг нь бөөмийн ДНХ-ээс илүү тэднийг ялган авч, судлахад хялбар болгодог. 1970-80-аад оноос рестрикцийн ферментийг Сангер секвенсинг хийх арга түгээмэл болох хүртэл мтДНХ-ийн генетикийн өөрчлөлтийг судлахад ашиглаж байсан [23, 24]. мтДНХ-ийн D-гогцооны бүс гэж нэрлэгддэг хувьсамтгай хэсгийн дарааллыг ашиглан хийсэн популяцийн генетикийн олон судалгаа байдаг [25]. Хуучин дээж, ялгадасны буюу хорголын дээжийн хувьд мтДНХ-г ялгаж, түүнтэй ажиллахад бөөмийн ДНХ-г бодвол илүү хялбар байдаг. Тухайлбал, Монгол орны янз бүрийн популяцийн генетикийн өөрчлөлтийг харьцуулахын тулд аргаль хонь, янгир зэрэг ховордсон амьтдын хорголын инвазив бус дээжид мтДНХ-ийн судалгаа шинжилгээ хийсэн [26], [27]. Төрөл зүйлийг тодорхойлоход мтДНХ-ийн баркодыг өргөн ашиглаж байна, ялангуяа уураг кодлодог ДНХ баркодын ген, CO1-ийн 5' төгсгөл хэсэг хамгийн өргөн хэрэглэгддэг [28, 29].

Ургамлын митохондрийн ДНХ-д мутацийн түвшин бага байдаг тул амьтадтай адилхан өргөн хэмжээнд судалдаггүй [30-32]. Гэсэн хэдий ч Бирне & Ханкинсон (2012) нар ургамлын филогеографийн бүтцийг судлах судалгаанд тохиромжтой хлоропластын 7 хувьсах бүсийг тодорхойлж илрүүлжээ [91]. 25 зүйлийн плазтомыг харьцуулан судлахад хпДНХ-ийн төстэй хувьсамтгай бүсийг илрүүлсэн [33], тэр ч байтугай хпДНХ-ийн бүтэн дарааллыг судалбал филогенетикийн өргөн мэдлэгийг өгдөг байна [34].

Хромосом. Хамгааллын генетикийн хандлагад бид хромосомын хувьсах чадварыг бас анхаарч үзэх хэрэгтэй. Зөвхөн ДНХ-ийн дараалал тогтоох нь популяцийн геномын биологийн олон үндсэн асуултуудад хариулах боломжгүй. Учир нь ойрын хоёр зүйл эвцэлдсэнээр хромосомын тодорхой тоо бүхий эрлийз биетүүд төрж, нөхөн үржихүүд нь асуудал үүсдэг зэрэг янз бүрийн нөхцөлд хромосомууд хэрхэн өөрчлөгддөг, зохион байгуулагддаг зэрэгт хариулт өгч чаддаггүй [35-37]. Жишээлбэл, 64 хромосомтой адуу, 62 хромосомтой илжиг хоёр эвцэлдвэл 63 хромосомтой үргүйдэлтэй луус төрдөг. Хромосомын инверс, транслокац, делец, кариотипийн өөрчлөлт, полиплоид зэрэг өөрчлөлтүүд нь зүйлийн морфологи, зан төлөв, үржил шим, дасан зохицох чадвар зэрэг чухал ялгаатай талуудтай нь холбоотой байж болдог [38-41]. Ерөнхийдөө ургамал амьтдаас илүү хромосомын өөрчлөлт/дахин зохион байгуулалтад орох нь элбэг байдаг [42]. *Petrogale sharmani*, *Petrogale mareeba*, *Petrogale coenensis* нь морфологи, геномын дарааллын түвшинд ялгаатай зүйл байхаар хангалттай ялгаа илрээгүй ч хромосомын түвшинд 3 өөр зүйл байсан гэж тогтоогджээ [43]. Тиймээс хромосомын өөрчлөлт/варианц ба геномикийн судалгааг хооронд нь холбох шаардлагатай гэж үзэх болжээ [44].

Хамгааллын геномын арга хэрэгсэл

ДНХ-ийн дараалал тогтоох технологийн сүүлийн үеийн дэвшил нь генетикийн олон янз байдлын судалгаанд хувьсгал хийсэн. Өндөр хүчин чадалтай секвенсинг нь геномын түвшинд генетикийн олон янз байдлыг илүү дэлгэрэнгүй шинжлэх боломжийг олгодог [45].

Геномын судалгааны ажлыг товчхон дүгнэж хэлбэл дээж цуглуулах, ДНХ-ийг ялгах, Өндөр хүчин чадалтай секвенсинг хийх, биоинформатик анализ гэсэн шатуудаас бүрддэг. Дараагийн үеийн секвенсинг (NGS) нь генетик ялгаа/вариацийн талаархи генетикийн судалгаанд хувьсгал хийсэн. Үүнийг загвар бус организмуудын популяцийн геномикийн шинжилгээнд зөвхөн инсерц, инверц,

дубликацийг судлах төдийгүй нэг нуклеотидын полиморфизмыг (SNP) тодорхойлоход ашигладаг [46]. SNP маркерууд нь геномд элбэг байдаг тул генетикийн олон янз байдлыг үнэлэхэд улам бүр ашиглагдаж байна. SNP арай ба секвенсингээр генотип тогтоох (genotyping-by-sequencing: GBS) нь SNP шинжилгээний нийтлэг арга юм [47].

NGS нь 3 үндсэн үе шаттай (www.illumina.com/science/technology/next-generation-sequencing.html): ДНХ-г фрагмент болгон жижиглэх (ихэвчлэн хэт авианы аргаар), адаптер ба индексийг холбох, дараа нь нийт эсвэл зорилтот ДНХ дарааллыг ПГУ (полимеразын гинжин урвал)-аар олшруулах шат болон секвенсингийн сан бэлтгэх шат. Сүүлийн алхам бол ДНХ-ийн хэрчмүүдийн параллель секвенсинг хийх шат юм.

Секвенсингийн техникийг нэгдүгээр үе (Сангерийн дараалал), хоёр дахь/дараагийн үе (Бүтэн геномын дараалал) болон гурав дахь үеийн (Нэг том фрагментийн молекул) дараалал тогтоох гэж ангилж болно. Эхний үеийн буюу Сангер секвенсингийн арга нь ихэвчлэн 500-1000хн ДНХ-ийн хэрчимд зориулагдсан бөгөөд микросателлит маркерын шинжилгээг мөн агуулдаг. Хоёр дахь үеийн секвенсингийн арга нь 454, Solexa, Ion Torrent, Illumina машинуудыг ашиглан 50-500хн ДНХ-ийн хэсгүүдийн дарааллыг урвалын өндөр хүчин чадалтай буюу параллельчлагдсан секвенсингийн урвалаар явуулдаг [48, 49]. Гурав дахь үеийн секвенсингийн арга нь PacBio болон Oxford Nanopore компаниудын гаргасан анхдагч ДНХ-г дунджаар хэдэн арван мянган урттай хос нуклеотид ДНХ фрагментийг нэг молекулын нарийвчлалтайгаар бодит цаг хугацаанд дарааллыг нь тогтоож чаддаг хамгийн сүүлийн үеийн арга юм [50].

Багасгаж төлөөлүүлэн секвенсинг хийх арга (RRS)

Энэ техник нь зөвхөн хэрчигдсэн хэсгүүдийн дарааллыг тодорхойлдог, харьцангуй зардал багатай, мэдээлэл сайтай, геномын 1-10 орчим хувийн мэдээллийг гарган авах боломжтой орчин үеийн аргуудын нэг юм. Лавлагаа геномгүй зүйлүүдийг судлах боломжтой. RRS техникийг үл мэдэгдэх секвенсинг ба ампликоны секвенсинг гэж хувааж болно [51].

Үл мэдэгдэх секвенсингийн арга: Энэ нь геномыг статистикийн хувьд санамсаргүйгээр дарааллыг нь (шотган секвенсинг) тогтоох арга гэж ойлгож болно. Аргын давуу тал нь удамшлын олон янз байдал, холбоо, популяцийн бүтэц, эрлийзжилтэд онцгой чухал ач холбогдолтой олон тооны саармаг локусуудыг илрүүлж чаддаг оршино. Гол дутагдалтай тал нь цөөн тооны дасан

зохицох локусыг илрүүлж чаддаг явдал юм. Тиймээс байгалийн шалгарлын талаар дүгнэлт хийх чадвар сул байдаг [51]. Үл мэдэгдэх секвенсингийн аргын гол жишээ нь гэвэл анхдагч RADseq (Restriction-site associated DNA sequencing) түүний бусад хувилбарууд юм.

RADseq. Рестрикцийн энзимийн хэрчих сайттай холбоотойгоор ДНХ-ийн секвенсинг хийдэг арга (Restriction-site associated DNA sequencing) нь байгалийн олон популяцийн хамгааллын геномикийн судалгаанд хамгийн өргөн хэрэглэгддэг арга юм [52]. Энгийн RADseq нь PstI эсвэл SbfI зэрэг зөвхөн 1 ферментээр ДНХ-г тасалдаг. Энэ нь олон дээжинд эсвэл том геномын хувьд хэмнэлттэй төдийгүй одоо байгаа генетикийн нөөц, мэдээлэлгүй зүйлийн хувьд хямд бөгөөд энэ нь лавлагаа геномгүй геномуудыг de novo assembly буюу шинээр угсран гаргах сайн арга юм. RADseq нь геномын 0.1-10%-ийн мэдээллийг 1000-10000 SNP-тэй үүсгэж чаддаг. RADseq-ийн өөр нэг хувилбар нь ddRAD буюу хоёр рестрикцийн ферментээр тасалдаг RAD (Restriction site Associated DNA) секвенсингийн арга бөгөөд ДНХ-ийн дарааллыг илүү тодорхой мужуудад илүү олон уншилтаар хийдэг ч нийт геномоос гаргах мэдээлэл арай багатай юм. Гэсэн хэдий ч, RADseq-д аллель дуудалт нь биоинформатик шүүлтүүрийн параметруудээс шалтгаалдаг, том геномуудад өндөр өртөгтэй хамрах хүрээ нь бага, лавлагаа геномгүй үед таны тогтоосон SNP-үүд геномын аль бүсэд хаана байрладаг талаар мэдээлэл бага гэх мэтийн дутагдалтай талууд байдаг.

Ампликоны секвенсинг буюу зорилтот секвенсингийн арга

Энэ нь тодорхой ген эсвэл генийн хэсгийг судлахад хэрэглэгддэг, тухайн сонирхсон генийн удамшлын болон үйл ажиллагаа үүргийнх нь талаар өмнөх мэдлэг (WGS эсвэл RADseq гэх мэтээр дамжуулан олсон) болон праймер дизайны шаарддаг. SNP панелийг зорилтот генийн хэсгүүдийн дарааллаар боловсруулан гаргаж болох бөгөөд ингэснээр удамшлын шинж чанар, популяцийн амьдрах чадварыг хооронд нь холбож, дасан зохицох чадвараараа ялгаатай популяцуудыг тодорхойлох боломжийг олгодог [51].

SNP панел: Ихэнх SNP панелуудыг анхлан хүний удамшлын болон эмнэлгийн зориулалтаар бүтээсэн байдаг. Энэ нь харьцангуй шинэ бөгөөд ялангуяа инвазив бус дээж авахад зориулагдсан байгаль хамгаалах генетикийн салбарт хөгжлийнхөө эхний үе шатанд байгаа арга юм. SNP панелийг бодгалийг танин тодорхойлох, хамаатан садан, удам угсааг олоход ашиглаж болно [53]. Эрлийз ховордсон

эр форел загаснуудыг саармаг SNP болон дасан зохицох чанарын локусуудаар илрүүлж чадсан [54]. Ялгадас, үс, өд гэх мэт илүү олон төрлийн дээжийг ашиглаж болно [46]. Саармаг SNP болон дасан зохицох чанарын локусуудыг нэгтгээд хамгааллын нэгжийг тодорхойлж, гарал үүслийн модыг гаргах боломжтойг харуулсан байна [55]. SNP панелуудад саармаг ба дасан зохицох чанарын локусууд байж болно. Тиймээс, SNP панелийн секвенсингээс олж авсан дасан зохицох генетик өөрчлөлтийн мэдээлэл нь таны хамгаалахыг хүсэж буй зүйлийн шилжүүлэн суулгах байршлыг тодорхойлоход тустай [56]. GT-seq, GRAS-Di, MIGseq, RADcap, RAPTURE зэрэг хамгийн түгээмэл SNP панелуудын төрлүүдийг доор товч тайлбарлав:

Genotyping-in-Thousands by sequencing (GTseq)

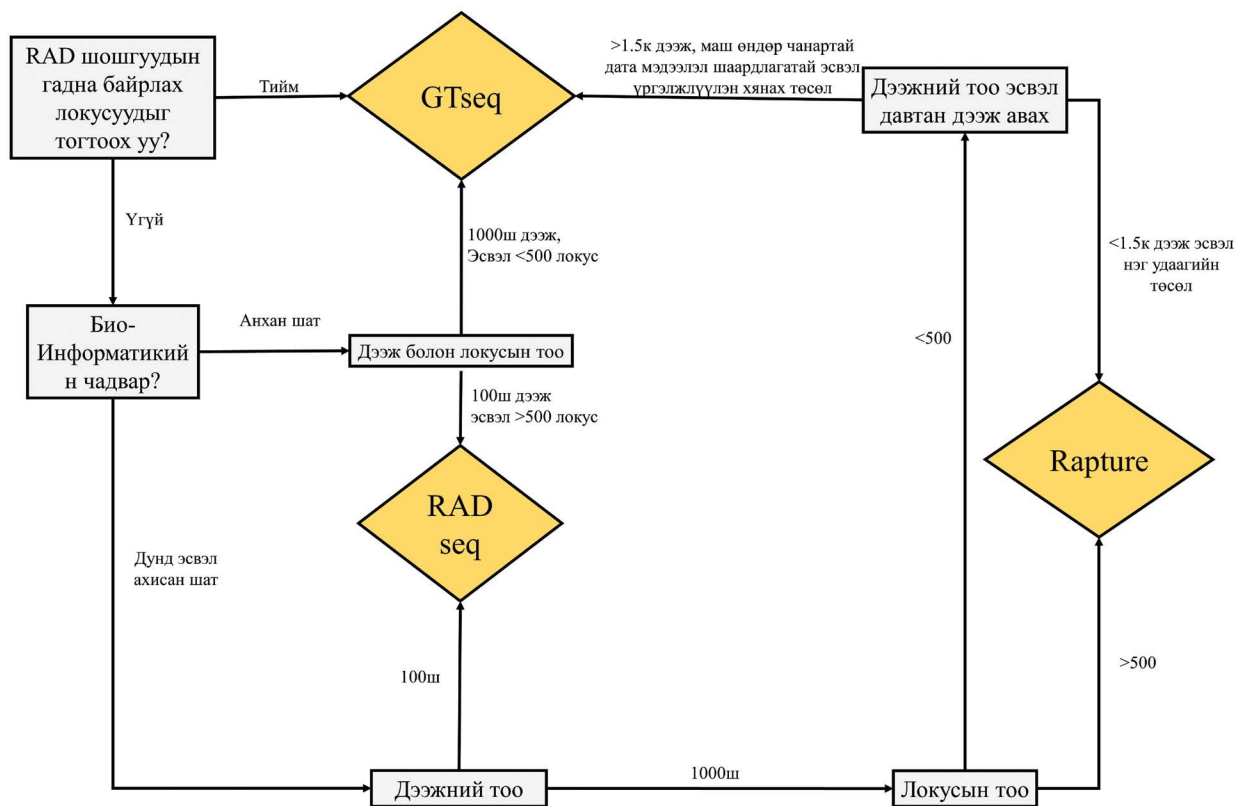
нь олон мянган бодгалийн SNP-ийн генотипийг тогтооход ашиглаж болох 50-500 SNP-ээс бүрдэх панелийн генотип тодорхойлох арга юм [57].

Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct (GRAS-Di)

нь ДНХ дараалал тогтоох замаар генотип тогтоох сүүлийн үед боловсруулсан арга юм [58, 59]. GRAS-Di ампликоны секвенсингийн технологиос үүссэн бөгөөд ПГУ-ын олшруулалтад санамсаргүй праймерыг ашигладаг. GRAS-Di нь генетикийн хувьд ижил төстэй хүмүүсийн дунд ч гэсэн бүх хромосомыг хамарсан олон генетикийн маркеруудыг тодорхойлох боломжтой бөгөөд харьцангуй бага зардлаар өөр өөр индекс дараалал агуулсан праймер багцыг ашиглан хэдэн зуугаас хэдэн мянган дээжид хэрэглэж болно. Техникийн давталтуудын дунд ч олшруулсан хэсгүүд нь маш их давтагдах боломжтой тул өгөгдөл дутуу үлдэх боломжгүй болгож болно. GRAS-Di-ийг лавлагаа геномын дараалалгүй зүйлүүдэд хэрэглэх боломжтой, учир нь GRAS-Di-ийн генотип тодорхойлох үе шат нь олшруулсан уншилт байгаа ба байхгүй эсэхээс хамаарч хийгдэж болдог [60].

MIG-seq. Суяма, Мацүки (2015) [92] нар “multiplexed ISSR genotyping by sequencing” (inter-simple sequence repeat-ISSR генотипийг мультиплекс секвенсингээр тогтоох) гэж нэрлэгддэг шинэ аргыг санал болгосон [92] бөгөөд энэ нь NGS-ийг рестрикцийн ферментээр урьдчилж таслалгүйгээр хийдэг. Ингэхдээ ISSR праймеруудын тусламжтай хийсэн мультиплекс ПГУ аргаар бэлтгэсэн багасгасан төлөөлөлтэй сангийн секвенсийг тогтоосноор de novo SNP-ийг илрүүлэх боломжтой арга юм. Энэ нь хамгийн бага хэмжээний полиморфизм үүсгэдэг бага өртөгтэй арга гэж үздэг ба энэ арга нь улаан буудай зэрэг том геномтой ургамлыг судлахад тохиромжтой гэдгийг харуулсан [61].

RADcap нь боломжит SNP локусыг тодорхойлохын тулд хос ферментээр хэрчдэг ба



3-р зураг. Шинэ зүйлүүдийн генотипийг тодорхойлох хамгийн үр дүнтэй секвенсингд суурилан тодорхойлох аргыг сонгох диаграм. Био-информатикийн “анхан шатны” туршлагатай судлаачид Unix болон компьютерийн (хүчин чадал, багтаамж) үндсэн мэдлэгтэй байх боловч геномикийн бүрэн төслийг хэрэгжүүлэхэд ихээхэн тусламж хэрэгтэй гэж үзэв. *Панел боловсруулахад хувийн компанитай гэрээ хийх шаардлагатай. Хэрэв аль хэдийн боловсруулсан панел байгаа бол GTseq-д биоинформатикийн мэдлэг бага эсвэл огт шаардлагагүй болно. Meek and Larson (2019)-ээс авсан [64].

зорилтот дарааллаар барих бай дарааллыг ашигладаг RADseq (3RAD)-ийн өөрчилсөн бас нэгэн хувилбар юм [62]. Энэ аргын давуу тал нь зардал багатай, олон зуун бодгалийн генотипийг тогтооходоо илүү их давталттайгаар, ПГУ-ын давхардал багатай хийдэг.

RAPTURE (RAD Capture). Энэ нь Али нарын (2016) шинээр боловсруулсан илүү үр дүнтэй RAD секвенсингийн протокол юм [62]. Мик ба Ларсон нар юунд хариулт авахыг зорьж байгаа байдал, төсөв мөнгө, түүврийн хэмжээ, судлаачдын биоинформатикийн мэдлэг, судалж болох байршлын тоо зэрэгт үндэслэн хамгийн тохиромжтой геномын багасган төлөөлүүлж судалдаг (reduced representation) арга хэрэгслүүдийг санал болгосон [63] (**3-р зураг**).

SNP аррай

SNP аррай бол төрөл бүрийн зүйлийн ДНХ-ийн эх үүсвэр маш бага хэмжээтэй, инвазив бус эсвэл бага зэргийн инвазив дээж [5] авахад тохиромжтой ДНХ-ийн микро-аррайн [66, 67] нэг төрөл юм. Зарим SNP аррайн товч тайлбарыг доор оруулав:

Fluidigm 96-SNPChip Систем нь генотип тодорхойлох, хуулбарын тооны вариаци, генийн экспрессийг судлахад зориулж дээжийг нанолитр эзлэхүүнээр судлахын тулд микрофлюидикийн технологийг ашигладаг нэг төрлийн автомат ПГУ/бхПГУ SNP аррайн систем юм. Энэ арга нь 96 SNP мультиплекс 96 дээжээр долоо хоногт 500000 гаруй шинжилгээ хийх боломжтой [68]. Энэ аргын хувьд, хүрэн баавгай, саарал чонын ялгадсыг ашиглан удмын санг сэргээн засварлах, SNP маркеруудыг боловсруулах болон баталгаажуулах зорилгоор тус тус амжилттай судалсан байна [69,70].

Amplifluor SNP генотип тогтоох арга нь аллелийн өвөрмөц ба SNP-ийн өвөрмөц урвуу праймерыг ашиглан хийдэг полимеразын гинжин урвал дээр суурилж TaqMan qPCR машин дээр бодит цаг хугацаанд илрүүлж/хэмждэг арга юм [71]. Моорин ба Маккарти (2007) Bowhead халимны (*Balaena mysticetus*) ясны дээжийг ашиглан Amplifluor генотип тогтоох аргаар SNP маркеруудыг боловсруулж баталгаажуулсан [90].

1-р хүснэгт. Багасгаж төлөөлүүлэн секвенсинг хийх арга (RAD, Rapture) болон төрөл бүрийн SNP аррайн шинж чанаруудын харьцуулалт. Meek & Larson (2019) [64] болон Carrol (2018) [89] нарын судалгааг нэгтгэн өөрчилж харуулав.

Аргазүй	Боловсруулан хийх зардал, хугацаа (\$)	Нэгж дээжийн зардал (\$US)	Мэдээлэл: Үүсгэх локусын тоо, Популяцийн генетик анализ	Алдааны давтамж	Шаардлагатай ДНХ-ийн чанар	Бэлдэхэд хялбар байдал, шаардагдах биоинформатикийн мэдлэг
RADseq	Тодорхойгүй	30	~20,000 локус	na	дундаж-дээд	дундаж ~7хоног, дундаж/ахисан шат
Rapture	4000\$, 4 сар	15	500-10000 локус		дундаж-дээд	дундаж ~7хоног, анхан шат /дундаж
GTseq	13000-15000\$ 4 сар	6\$ 192 локуст 2068 дээжийн генотипийг тодорхойлоход 3,6\$	~500/панел SNP генотип гаплотип		бага-дундаж эхний ПГУ-д доод тал нь 10нг	хялбар/2 өдөр 2 ПГУ шаттай, 1 тогтворжуулах шаттай; Анхан шат
Fluidigm	96 SNPs бүхий олигод 4515\$	1313\$ 96SNPs-д 96 бодгалийн генотипийг тодорхойлоход	SNP генотип	1%	нанограмм	ДНХ ялгах ба ПГУ
Amplifluor	96 локустайд 2310\$, qPCR машин	262,5\$ 96 локуст 96 дээжийн генотипийг тодорхойлохдоо 20 локусийг 1 мультиплекс болгоно. (5000 шинжилгээний китээр тооцов)	SNP генотип	1.4%	нанограмм	ПГУ ба бхПГУ анализ
MassARRAY	96 локус бүхий олигод 2730\$, докус бүрд 2 аллель гэж тооцоход; MassARRAY систем	384 нүхтэй бол 8,5\$ 96 нүхтэй бол 15\$ 96 SNPs-д 96 бодгалийн генотип тодорхойлно (24-локус мультиплекс)	SNP генотип	Хорголын дээжинд: 24-локус 9%; 48 локус 25%	нанограмм, мультиплекс ПГУ бүрт 10нг	мультиплекс ПГУ, цэвэрлэгээ, праймерийн уртсах шат, дахин цэвэрлэх шат compact mass spectrometer дээр уншуулах
Микросателлит секвенсинг			Мкросателлит генотип		Тодорхойгүй, Нанограммын хэмжээтэй гэж үздэг	

MassARRAY (Секвенном): Эмнэлзүйн практикт хүний олон өвчний ДНХ-ийн метилжилтийг судлах технологийг тайлбарлахдаа энэ аргаар хийсэн [71]. Гэвч, Гүүссэнс нар (2016) популяцийн бүтэц, генетик олон байдлын судалгааг Секвенном технологийг ашиглан микросателлитийн маркеруудтай харьцуулан Азийн зааны (*Elephas maximus*) ялгадасны дээжинд хийжээ [93].

Генетикийн менежмент

Тухайн популяцийн генетик олон янз байдлыг үнэлсний дараа байгаль хамгаалагчид тухайн популяцийг нөхөн сэргээх, урт хугацаанд мэнд үлдээхийн тулд эдгээр гол аргуудыг харгалзан менежментийн төлөвлөгөөг санал болгодог.

- Генетикийн олон янз байдлыг хадгалах: Генетикийн менежмент нь популяц доторх генетикийн олон янз байдлыг алдахаас сэргийлэхэд тусалдаг. Генетик олон янз байдал нь хувьслын болон дасан зохицох эх материал болдог учраас энэ маш чухал юм. Удмын санг хадгалах нь популяцийн тэсвэр тэвчээр, урт хугацааны амьдрах чадварыг нэмэгдүүлдэг [73].
- Цус ойртолтоос урьдчилан сэргийлэх: Генетик менежментийн стратеги бөгөөд тухайлбал, бодгалиудын хяналттай үржил, шилжүүлэн байршуулах зэрэг нь цус ойртолт үүсэх эрсдэлийг бууруулдаг. Цус ойртолт нь хор хөнөөлтэй рецессив шинж чанарыг илэрхийлж, нөхөн үржихүйн чадавхийг бууруулж, өвчин эмгэгт өртөмтгий байдлыг нэмэгдүүлэхэд хүргэдэг бөгөөд энэ нь тухайн популяцийг оршин тогтноход заналхийлдэг [74].
- Популяцийн амьдрах чадварыг сайжруулах: Үржлийн хосуудыг генетикийн гарал үүсэл, нийцтэй байдалд нь тулгуурлан болгоомжтой сонгох замаар хийх генетикийн менежмент нь популяцийн амьдрах чадварыг бүхэлд нь сайжруулж чадна. Эрүүл популяц амжилттай үржиж, ховордсон амьтдыг нөхөн сэргээхэд хувь нэмрээ оруулах магадлал өндөр байдаг
- Дасан зохицох чадамж: Генетикийн менежмент нь аливаа популяцийн хүрээлэн буй орчны өөрчлөлтөд дасан зохицох чадварт нэн чухал байж болох генетик вариацийг хадгалах эсвэл нэвтрүүлэхэд тусалдаг. Энэ нь уур амьсгалын өөрчлөлт, амьдрах орчны өөрчлөлтөд дасан зохицоход онцгой ач холбогдолтой юм [75].
- Устгах эрсдэлийг бууруулах: Генетикийн хувьд олон янзын бодгалиудыг нутагшуулах замаар удамшлыг аврах ажиллагаа нь жижиг болон тусгаарлагдсан популяцийн хувьд устгах эрсдэлийг бууруулж чадна. Энэ нь ялангуяа мөхлийн ирмэг

дээр байгаа популяцид хамааралтай [76].

- Амьдрах чадварын урт хугацааны генетик хяналт: Генетик менежментэд популяцийн генетикийн байнгын хяналтыг оролцуулдаг. Энэ нь цаг хугацааны явцад тухайн популяцийн генетикийн талаарх үнэ цэнтэй мэдээллийг өгч, шаардлагатай бол менежментийн стратегид өөрчлөлт оруулах боломжийг олгодог [16].

Генетикийн менежментийн төлөвлөгөөг удамшлын олон янз байдлын хамрах хүрээ, алдагдлын хэмжээ зэргээс шалтгаалан төрөл зүйл, дэд зүйл, популяцийн түвшинд авч үздэг.

Зүйл

Ихэнх байгаль хамгаалагчид зүйлийг биологийн олон янз байдлын хэмжүүр болгон ашигладаг бөгөөд нэн ховордсон амьтдын янз бүрийн популяцид анхаарлаа хандуулдаг [77]. Зүйл нь эволюц, ангилал зүйн үндсэн нэгж боловч хамгааллын генетикчид ихэвчлэн зүйл доторх тодорхой жижиг популяцид чиглэсэн судалгааны ажлыг хийдэг [78]. Ялангуяа зарим оронд эндемик зүйлүүд нь газарзүйн хязгаарлагдмал мужид тархсан буюу цөөн тооны популяц байдаг тул тэдгээрийг хамгаалах нэн тэргүүний зорилтот бүлэг гэж үздэг [79].

Дэд зүйл

Дэд зүйлийг ихэвчлэн ижил зүйлийн газарзүйн хувьд тусгаарлагдсан бүлгүүд гэж тодорхойлдог. Хамгааллын хоёр тохиолдолд дэд зүйл чухал ач холбогдолтой байдаг. Нэгдүгээрт, улсын болон улс доторх хилийн хоёр талд байгаа популяциуд өөр өөр дэд зүйлүүдэд хуваарилагдаж, өөр өөр түвшний хамгаалах төлөвлөгөөтэй тохиолдолд тухайн хоёр популяцийг нийтэд нь зүйлийн түвшний хамгаалах төлөвлөгөөтэй болгох нь илүү тохиромжтой. Хоёрдугаарт, өргөн тархалттай зүйлийн жижиг популяцийг голчлон хамгаалах явдал юм. Хэдийгээр эдгээр популяц нь орон нутагт устах эрсдэл өндөртэй байж болох ч, ялангуяа дахин нутагшуулах боломжтой бол тэдгээрийг хамгаалах шаардлагагүй байж болно. Гэсэн хэдий ч зарим жижиг популяц нь тухайн зүйлийг урт хугацаанд оршин тогтноход чухал үүрэг гүйцэтгэдэг байх боломжтой. Тухайлбал, цаг уурын өөрчлөлтөд үндсэн популяцаас илүү сайн дасан зохицсон [77, 78, 90].

Эволюцын ач холбогдолтой нэгжүүд (ESUs)

Эволюцын ач холбогдолтой нэгжийн тухай ойлголтыг анх ач холбогдолтой дасан зохицох вариацийг агуулсан хамгааллын нэгж хэмээн Райдэр (1986) санаачилсан [81]. Үүний дараагаас эволюцын

ач холбогдолтой нэгжийг тодорхойлоходоо молекулын үр дүн, экологийн мэдээллийн ач холбогдлыг үзэл баримтлалд нэмж оруулсан. Уэплэс (1991, 1995) эволюцын ялгаа үүсэхийн тулд генийн урсгалыг хангалттай хязгаарласан байх ёстой тул ESU-ийг бусад популяцаас нөхөн үржихүйн хувьд тусгаарлаж, зүйлийн эволюцын гол бүрэлдэхүүн хэсэг байх ёстой гэж онцолсон [82,83]. Моритц (1994) нь эволюцын ач холбогдолтой нэгжийг тодорхойлохын тулд генетикийн өгөгдлийг ашигласан бөгөөд мтДНХ-ийн хувьд монофилетик, бөөмийн ДНХ-д ялгаатай аллелийн давтамжтай нэгжүүдийг бие даасан эволюцын ач холбогдолтой нэгж гэж хүлээн зөвшөөрдөг [84]. Үүний дараа Крандалл (2000) нь түүхэн эсвэл одоогийн генетик болон экологийн солилцоонд тулгуурлан менежментийн 8 зөвлөмжийг санал болгосон [85]. Эволюцын ач холбогдолтой нэгж гэж үзсэн популяцуудын генетикийн онцлог байдал алдагдах магадлалтай тул нэгж хооронд бодгалиудыг шилжүүлэн суулгахыг ихэнх тохиолдолд зөвлөдөггүй [78].

Менежментийн нэгж (MUs)

Менежментийн нэгж гэдэг нь тухайн зүйлийг бүхэлд нь хамгаалахын тулд тусгайлан менежмент хийх шаардлагатай зүйл доторх популяцийг хэлдэг [55, 84]. Моритц (1994) менежментийн нэгжийг “филогенетикийн модноос үл хамаарах, мтДНХ болон бөөмийн ДНХ-ийн аллелийн давтамжийн мэдэгдэхүйц ялгаатай популяц” гэж тодорхойлсон байдаг [84]. Харин Палсбөл нар (2007) генийн урсгалын түвшнээс илүүтэй популяцуудын холбоо хамаарал нь менежментийн нэгжийг тодорхойлох гол хүчин зүйл гэж үзсэн [94]. Мөн Моритц (1999) эволюцын ач холбогдол бүхий өөр өөр нэгжийн биш харин өөр өөр менежментийн нэгжийн (MU) бодгалиудыг хооронд эвцэлдүүлэх нь генетикийн аврах (genetic rescue) стратеги болж чадна гэж санал болгосон [96]. Учир нь менежментийн нэгж нь ихэвчлэн бие биетэйгээ ойр буюу генетик ялгаа бага байдаг бол эволюцын ач холбогдолтой нэгж нь эволюцын өвөрмөц удам угсааг илэрхийлдэг. Гэсэн хэдий ч, Франкхам (2012) нарын үзэж байгаагаар байгаль хамгаалагч менежерүүд ангилал зүйн хувьд хүлээн зөвшөөрөгдсөн зүйлүүдийн бодгалиудыг хооронд нь холихгүй байх хэрэгтэй гэж онцолсон байдаг [97]. Учир нь өөр өөр зүйлийн бодгалиудыг хольсноор хоорондоо эрлийзжин өвөрмөц генетикийн олон янз байдал алдагдахад хүргэдэг. Тиймээс, хэрэв зүйл дотор олон менежментийн нэгж байвал, ангилал зүйн хувьд хэт хуваагдсаны улмаас жижиг инбридингд орсон популяцийг аврах боломж хязгаарлагдах аюултай юм. Учир нь байгаль

хамгаалагч менежерүүд зүйлийг устгах аюулаас аврах шаардлагатай байсан ч өөр өөр менежментийн нэгжид харьяалагдах бодгалиудыг хооронд нь холихоос татгалзаж болох юм.

Дүгнэж хэлэхэд, генетикийн менежмент нь нэн ховордсон амьтдыг хамгаалах, нөхөн сэргээх, биологийн олон янз байдлыг хадгалахад хувь нэмрээ оруулах зэрэг олон давуу талтай хамгааллын генетикийн чухал хэрэгсэл юм. Энэ нь генетикийн асуудлуудыг шийдвэрлэх, устгах эрсдэлийг бууруулах, популяц дахь бодгалиудын урт хугацааны эрүүл мэнд, дасан зохицох чадварыг сайжруулахад тусалдаг.

Ашигласан бүтээл

- [1] A. D. Chapman, “Numbers of living species in Australia and the world,” 2009.
- [2] C. Mora, D. P. Tittensor, S. Adl, A. G. Simpson, and B. Worm, “How many species are there on Earth and in the ocean?,” *PLoS biology*, vol. 9, no. 8, p. e1001127, 2011, <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127>
- [3] M. J. Costello, R. M. May, and N. E. Stork, “Can we name Earth’s species before they go extinct?,” *science*, vol. 339, no. 6118, pp. 413-416, 2013, <https://doi.org/10.1126/science.123031>.
- [4] B. R. Scheffers, L. N. Joppa, S. L. Pimm, and W. F. Laurance, “What we know and don’t know about Earth’s missing biodiversity,” *Trends in ecology & evolution*, vol. 27, no. 9, pp. 501-510, 2012, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.05.008>
- [5] R. I. IUCN, 2022.
- [6] R. Frankham, D. A. Briscoe, and J. D. Ballou, *Introduction to conservation genetics*. Cambridge university press, 2002, <https://doi.org/10.1017/CBO9780511808999>
- [7] B. Charlesworth and D. Charlesworth, “Elements of evolutionary genetics. Roberts and Company Publishers,” ed: Greenwood Village, CO, 2010.
- [8] A. M. Harder, J. R. Willoughby, and J. M. Doyle, “Peppered Moths and the Industrial Revolution.”
- [9] D. J. Futuyma, “Natural selection and adaptation,” *Evolution*, pp. 279-301, 2009.
- [10] D. H. Reed and R. Frankham, “Correlation between fitness and genetic diversity,” *Conservation biology*, vol. 17, no. 1, pp. 230-237, 2003, <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2003.01236.x>
- [11] P. Beier, “A focal species for conservation planning,” *Cougar: Ecology and Conservation*. (Eds M. Hornocker and S. Negri.) pp. 177-189, 2009.
- [12] J. L. Bouzat, “Conservation genetics of population bottlenecks: the role of chance, selection, and history,” *Conservation Genetics*, vol. 11, pp. 463-478, 2010, <https://doi.org/10.1007/s10592-010-0049-0>
- [13] T. C. Rick et al., “Where were the northern elephant seals? Holocene archaeology and biogeography

- of *Mirounga angustirostris*,” *The Holocene*, vol. 21, no. 7, pp. 1159-1166, 2011, <https://doi.org/10.1177/0959683611400463>
- [14] J. Armengaud, J. Trapp, O. Pible, O. Geffard, A. Chaumot, and E. M. Hartmann, “Non-model organisms, a species endangered by proteogenomics,” *Journal of proteomics*, vol. 105, pp. 5-18, 2014, <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2014.01.007>
- [15] J. J. Russell *et al.*, “Non-model model organisms,” *BMC biology*, vol. 15, no. 1, pp. 1-31, 2017, <https://doi.org/10.1186/s12915-017-0391-5>
- [16] F. W. Allendorf, P. A. Hohenlohe, and G. Luikart, “Genomics and the future of conservation genetics,” *Nature reviews genetics*, vol. 11, no. 10, pp. 697-709, 2010, <https://doi.org/10.1038/nrg2844>
- [17] A. B. Shafer *et al.*, “Genomics and the challenging translation into conservation practice,” *Trends in ecology & evolution*, vol. 30, no. 2, pp. 78-87, 2015, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.11.009>
- [18] F. Allendorf, “Small populations and genetic drift. In ‘Conservation and the genomics of populations’.” (Eds FW Allendorf, WC Funk, SN Aitken, M Byrne, G Luikart) pp. 113–132,” ed: Oxford University Press: Oxford, 2022, <https://doi.org/10.1093/oso/9780198856566.003.0006>
- [19] P. Abdul-Muneer, “Application of microsatellite markers in conservation genetics and fisheries management: recent advances in population structure analysis and conservation strategies,” *Genetics research international*, vol. 2014, 2014, <https://doi.org/10.1155%2F2014%2F691759>
- [20] C. Baker, F. Cipriano, and S. Palumbi, “Molecular genetic identification of whale and dolphin products from commercial markets in Korea and Japan,” *Molecular ecology*, vol. 5, no. 5, pp. 671-685, 1996, <http://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1996.tb00362.x>
- [21] S. M. Ferreira, C. Greaver, G. A. Knight, M. H. Knight, I. P. Smit, and D. Pienaar, “Disruption of rhino demography by poachers may lead to population declines in Kruger National Park, South Africa,” *PLoS One*, vol. 10, no. 6, p. e0127783, 2015, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0127783>
- [22] C. Schlötterer, “The evolution of molecular markers—just a matter of fashion?,” *Nature reviews genetics*, vol. 5, no. 1, pp. 63-69, 2004, <https://doi.org/10.1038/nrg1249>
- [23] J. C. Avise, “Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals,” *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. B, Biological Sciences*, vol. 312, no. 1154, pp. 325-342, 1986, <https://doi.org/10.1098/rstb.1986.0011>
- [24] J. C. Avise, C. Giblin-Davidson, J. Laerm, J. C. Patton, and R. A. Lansman, “Mitochondrial DNA clones and matriarchal phylogeny within and among geographic populations of the pocket gopher, *Geomys pinetis*,” *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 76, no. 12, pp. 6694-6698, 1979, <https://doi.org/10.1073/pnas.76.12.6694>
- [25] K. Srikulnath *et al.*, “Asian Elephant Evolutionary Relationships: New Perspectives from Mitochondrial D-Loop Haplotype Diversity,” *Sustainability*, vol. 15, no. 1, p. 720, 2022, <http://dx.doi.org/10.3390/su15010720>
- [26] T. Bilguun, B. Delgerzul, Z. Unudbayasgalan, B. Galbadrakh, and B. Tserendulam, “Genetic analysis of mitochondrial ND5 gene of siberian ibex (*Capra Sibirica*, Pallas, 1776) population in Mongolia,” *Proceedings of the Mongolian Academy of Sciences*, pp. 48-53, 2019, <http://dx.doi.org/10.5564/pmas.v59i3.1246>
- [27] B. Delgerzul, Z. Unudbayasgalan, T. Bilguun, C. Battsetseg, B. Galbadrakh, and B. Tserendulam, “Genetic comparison of Altai and Gobi argali sheep (*Ovis ammon*) populations using mitochondrial and microsatellite markers: Implication on conservation,” *Proceedings of the Mongolian Academy of Sciences*, pp. 54-61, 2019, <https://doi.org/10.5564/pmas.v59i3.1247>
- [28] P. D. Hebert, S. Ratnasingham, and J. R. De Waard, “Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species,” *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, vol. 270, no. suppl_1, pp. S96-S99, 2003, <https://doi.org/10.1098%2Frsbl.2003.0025>
- [29] W. J. Kress, K. J. Wurdack, E. A. Zimmer, L. A. Weigt, and D. H. Janzen, “Use of DNA barcodes to identify flowering plants,” *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 102, no. 23, pp. 8369-8374, 2005.
- [30] S. R. Clegg, “Modern organizations: Organization studies in the postmodern world,” *Modern Organizations*, pp. 1-272, 1990.
- [31] R. J. Petit, J. Duminil, S. Fineschi, A. Hampe, D. Salvini, and G. G. Vendramin, “Invited review: comparative organization of chloroplast, mitochondrial and nuclear diversity in plant populations,” *Molecular Ecology*, vol. 14, no. 3, pp. 689-701, 2005, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02410.x>
- [32] J. R. Powell, “Molecular techniques in population genetics: a brief history,” in *Molecular ecology and evolution: Approaches and applications*: Springer, 1994, pp. 131-156, https://doi.org/10.1007/978-3-0348-7527-1_8
- [33] J. Shaw, H. L. Shafer, O. R. Leonard, M. J. Kovach, M. Schorr, and A. B. Morris, “Chloroplast DNA sequence utility for the lowest phylogenetic and phylogeographic inferences in angiosperms: the tortoise and the hare IV,” *American Journal of Botany*, vol. 101, no. 11, pp. 1987-2004, 2014, <https://doi.org/10.3732/ajb.1400398>
- [34] J. Tonti-Filippini, P. G. Nevill, K. Dixon, and I. Small, “What can we do with 1000 plastid genomes?,” vol. 90, ed: Wiley Online Library, 2017, pp. 808-818,

- <https://doi.org/10.1111/tpj.13491>
- [35] M. W. Nachman and J. B. Searle, "Why is the house mouse karyotype so variable?," *Trends in ecology & evolution*, vol. 10, no. 10, pp. 397-402, 1995, [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(00\)89155-7](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(00)89155-7)
- [36] L. H. Rieseberg, "Chromosomal rearrangements and speciation," *Trends in ecology & evolution*, vol. 16, no. 7, pp. 351-358, 2001, [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(01\)02187-5](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(01)02187-5)
- [37] M. Wellenreuther and L. Bernatchez, "Eco-evolutionary genomics of chromosomal inversions," *Trends in ecology & evolution*, vol. 33, no. 6, pp. 427-440, 2018, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.04.002>
- [38] J. D. Rising and G. F. Shields, "Chromosomal and morphological correlates in two New World sparrows (Emberizidae)," *Evolution*, pp. 654-662, 1980, <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1980.tb04004.x>
- [39] H. C. Hauffe and J. B. Searle, "Chromosomal heterozygosity and fertility in house mice (*Mus musculus domesticus*) from Northern Italy," *Genetics*, vol. 150, no. 3, pp. 1143-1154, 1998, <https://doi.org/10.1093/genetics/150.3.1143>
- [40] B. C. Husband and H. A. Sabara, "Reproductive isolation between autotetraploids and their diploid progenitors in fireweed, *Chamerion angustifolium* (Onagraceae)," *New Phytologist*, vol. 161, no. 3, pp. 703-713, 2004, <https://doi.org/10.1046/j.1469-8137.2004.00998.x>
- [41] M. A. Ferguson-Smith and V. Trifonov, "Mammalian karyotype evolution," *Nature Reviews Genetics*, vol. 8, no. 12, pp. 950-962, 2007, <https://doi.org/10.1038/nrg2199>
- [42] A. A. Hoffmann and L. H. Rieseberg, "Revisiting the impact of inversions in evolution: from population genetic markers to drivers of adaptive shifts and speciation?," *Annual review of ecology, evolution, and systematics*, vol. 39, pp. 21-42, 2008, <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.39.110707.173532>
- [43] M. Eldridge and R. Close, "Taxonomy of rock wallabies, *Petrogale* (Marsupialia, Macropodidae). 1. A revision of the Eastern *Petrogale* with the description of 3 new species," *Australian Journal of Zoology*, vol. 40, no. 6, pp. 605-625, 1992, <http://dx.doi.org/10.1071/ZO9920605>
- [44] J. E. Deakin *et al.*, "Chromosomics: Bridging the gap between genomes and chromosomes," *Genes*, vol. 10, no. 8, p. 627, 2019, <https://doi.org/10.3390/genes10080627>
- [45] J. M. Churko, G. L. Mantalas, M. P. Snyder, and J. C. Wu, "Overview of high throughput sequencing technologies to elucidate molecular pathways in cardiovascular diseases," *Circ Res*, vol. 112, no. 12, pp. 1613-23, Jun 7 2013, <https://doi.org/10.1161/circresaha.113.300939>
- [46] M. Wellenreuther, C. Mérot, E. Berdan, and L. Bernatchez, "Going beyond SNPs: The role of structural genomic variants in adaptive evolution and species diversification," *Molecular ecology*, vol. 28, no. 6, pp. 1203-1209, 2019, <https://doi.org/10.1111/mec.15066>
- [47] M. C. Fischer *et al.*, "Estimating genomic diversity and population differentiation - an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri*," *BMC Genomics*, vol. 18, no. 1, p. 69, Jan 11 2017, <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3459-7>
- [48] B. E. Slatko, A. F. Gardner, and F. M. Ausubel, "Overview of next-generation sequencing technologies," *Current protocols in molecular biology*, vol. 122, no. 1, p. e59, 2018, <https://doi.org/10.1002/cpmb.59>
- [49] O. Akintunde, T. Tucker, and V. J. Carabetta, "The evolution of next-generation sequencing technologies," *arXiv preprint arXiv:2305.08724*, 2023.
- [50] T. Xiao and W. Zhou, "The third generation sequencing: the advanced approach to genetic diseases," *Translational pediatrics*, vol. 9, no. 2, p. 163, 2020, <https://doi.org/10.21037/tp.2020.03.06>
- [51] M. Kardos and A. B. Shafer, "The peril of gene-targeted conservation," *Trends in ecology & evolution*, vol. 33, no. 11, pp. 827-839, 2018, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.08.011>
- [52] J. M. Catchen, P. A. Hohenlohe, L. Bernatchez, W. C. Funk, K. R. Andrews, and F. W. Allendorf, "Unbroken: RADseq remains a powerful tool for understanding the genetics of adaptation in natural populations," *Molecular ecology resources*, vol. 17, no. 3, pp. 362-365, 2017, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12669>
- [53] K. R. Andrews *et al.*, "A bioinformatic pipeline for identifying informative SNP panels for parentage assignment from RAD seq data," *Molecular Ecology Resources*, vol. 18, no. 6, pp. 1263-1281, 2018, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12910>
- [54] S. J. Amish *et al.*, "Rapid SNP genotyping, sex identification, and hybrid-detection in threatened bull trout," *Conservation Genetics Resources*, vol. 14, no. 4, pp. 421-427, 2022, <https://doi.org/10.1007/s12686-022-01289-w>
- [55] W. C. Funk, J. K. McKay, P. A. Hohenlohe, and F. W. Allendorf, "Harnessing genomics for delineating conservation units," *Trends in ecology & evolution*, vol. 27, no. 9, pp. 489-496, 2012, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.05.012>
- [56] S. P. Flanagan, B. R. Forester, E. K. Latch, S. N. Aitken, and S. Hoban, "Guidelines for planning genomic assessment and monitoring of locally adaptive variation to inform species conservation," *Evolutionary applications*, vol. 11, no. 7, pp. 1035-1052, 2018, <https://doi.org/10.1111/eva.12569>
- [57] N. R. Campbell, S. A. Harmon, and S. R. Narum, "Genotyping-in-Thousands by sequencing (GT-seq): A cost effective SNP genotyping method based on custom amplicon sequencing," *Molecular ecology*

- resources*, vol. 15, no. 4, pp. 855-867, 2015, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12357>.
- [58] H. Enoki, "The construction of pseudomolecules of a commercial strawberry by DeNovoMAGIC and new genotyping technology, GRAS-Di," in *Plant and Animal Genome XXVII Conference (January 12-16, 2019)*, 2019: PAG.
- [59] S. Hosoya *et al.*, "Random PCR-based genotyping by sequencing technology GRAS-Di (genotyping by random amplicon sequencing, direct) reveals genetic structure of mangrove fishes," *Molecular ecology resources*, vol. 19, no. 5, pp. 1153-1163, 2019, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13025>
- [60] Y. Miki *et al.*, "GRAS-Di system facilitates high-density genetic map construction and QTL identification in recombinant inbred lines of the wheat progenitor *Aegilops tauschii*," *Scientific Reports*, vol. 10, no. 1, p. 21455, 2020, <https://doi.org/10.1038/s41598-020-78589-4>
- [61] K. Nishimura *et al.*, "MIG-seq is an effective method for high-throughput genotyping in wheat (*Triticum spp.*)," *DNA Research*, vol. 29, no. 2, p. dsac011, 2022, <https://doi.org/10.1093/dnares/dsac011>
- [62] S. L. Hoffberg *et al.*, "RAD cap: sequence capture of dual-digest RAD seq libraries with identifiable duplicates and reduced missing data," *Molecular ecology resources*, vol. 16, no. 5, pp. 1264-1278, 2016, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12566>
- [63] O. A. Ali *et al.*, "RAD capture (Rapture): flexible and efficient sequence-based genotyping," *Genetics*, vol. 202, no. 2, pp. 389-400, 2016, <https://doi.org/10.1534/genetics.115.183665>
- [64] M. H. Meek and W. A. Larson, "The future is now: Amplicon sequencing and sequence capture usher in the conservation genomics era," ed: Wiley Online Library, 2019, <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12998>
- [65] T. LaFramboise, "Single nucleotide polymorphism arrays: a decade of biological, computational and technological advances," *Nucleic acids research*, vol. 37, no. 13, pp. 4181-4193, 2009, <https://doi.org/10.1093/nar/gkp552>
- [66] J. M. Doyle *et al.*, "Genetic structure and viability selection in the golden eagle (*Aquila chrysaetos*), a vagile raptor with a Holarctic distribution," *Conservation Genetics*, vol. 17, pp. 1307-1322, 2016, <https://doi.org/10.1007/s10592-016-0863-0>
- [67] J. A. Dewoody *et al.*, "Characterization of the gray whale *Eschrichtius robustus* genome and a genotyping array based on single-nucleotide polymorphisms in candidate genes," *The Biological Bulletin*, vol. 232, no. 3, pp. 186-197, 2017, <https://doi.org/10.1086/693483>
- [68] J. E. Seeb, C. E. Pascal, R. Ramakrishnan, and L. W. Seeb, "SNP genotyping by the 5'-nuclease reaction: advances in high-throughput genotyping with nonmodel organisms," *Single nucleotide polymorphisms: methods and protocols*, pp. 277-292, 2009, https://doi.org/10.1007/978-1-60327-411-1_18
- [69] A. J. Norman and G. Spong, "Single nucleotide polymorphism-based dispersal estimates using noninvasive sampling," *Ecology and Evolution*, vol. 5, no. 15, pp. 3056-3065, 2015, <https://doi.org/10.1002/ece3.1588>
- [70] V. B. Kraus, F. J. Blanco, M. Englund, M. A. Karsdal, and L. S. Lohmander, "Call for standardized definitions of osteoarthritis and risk stratification for clinical trials and clinical use," *Osteoarthritis and cartilage*, vol. 23, no. 8, pp. 1233-1241, 2015, <https://doi.org/10.1016/j.joca.2015.03.036>
- [71] A. M. Rickert, T. A. Borodina, E. J. Kuhn, H. Lehrach, and S. Sperling, "Refinement of single-nucleotide polymorphism genotyping methods on human genomic DNA: amplifluor allele-specific polymerase chain reaction versus ligation detection reaction-TaqMan," *Analytical biochemistry*, vol. 330, no. 2, pp. 288-297, 2004, <https://doi.org/10.1016/j.ab.2004.03.035>
- [72] E. J. Busó and M. Iborra, "Sequenom MassARRAY Technology for the Analysis of DNA Methylation: Clinical Applications," in *Epigenetic Biomarkers and Diagnostics*: Elsevier, 2016, pp. 137-153, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801899-6.00007-3>
- [73] F. P. Palstra and D. E. Ruzzante, "Genetic estimates of contemporary effective population size: what can they tell us about the importance of genetic stochasticity for wild population persistence?," *Molecular ecology*, vol. 17, no. 15, pp. 3428-3447, 2008, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2008.03842.x>
- [74] P. W. Hedrick, "Gene flow and genetic restoration: the Florida panther as a case study," *Conservation Biology*, pp. 996-1007, 1995, <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.1995.9050988.x-i1>
- [75] A. A. Hoffmann and C. M. Sgrò, "Climate change and evolutionary adaptation," *Nature*, vol. 470, no. 7335, pp. 479-485, 2011, <https://doi.org/10.1038/nature09670>
- [76] P. W. Hedrick and R. Fredrickson, "Genetic rescue guidelines with examples from Mexican wolves and Florida panthers," *Conservation genetics*, vol. 11, pp. 615-626, 2010, <https://doi.org/10.1007/s10592-009-9999-5>
- [77] D. J. Coates, M. Byrne, and C. Moritz, "Genetic diversity and conservation units: dealing with the species-population continuum in the age of genomics," *Frontiers in Ecology and Evolution*, vol. 6, p. 165, 2018, <https://doi.org/10.3389/fevo.2018.00165>
- [78] D. S. Woodruff, "Populations, species, and conservation genetics," *Encyclopedia of biodiversity*, p. 811, 2001, <https://doi.org/10.1016%2FB0-12-226865-2%2F00355-2>
- [79] D. Kraus, A. Enns, A. Hebb, S. Murphy, D. A. R. Drake, and B. Bennett, "Prioritizing nationally endemic species for conservation," *Conservation*

- Science and Practice*, vol. 5, no. 1, p. e12845, 2023, <https://doi.org/10.1111/csp2.12845>
- [80] R. M. Zink and L. B. Klicka, “The taxonomic basis of subspecies listed as threatened and endangered under the endangered species act,” *Frontiers in Conservation Science*, vol. 3, p. 971280, 2022, <https://doi.org/10.3389/fcosc.2022.971280>
- [81] O. Ryder, “Conservation and systematic: The dilemma of subspecies,” *Trends Ecol Evol*, vol. 1, pp. 9-10, 1986, [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(86\)90059-5](https://doi.org/10.1016/0169-5347(86)90059-5)
- [82] R. S. Waples, “Pacific salmon, *Oncorhynchus* spp., and the definition of “species” under the Endangered Species Act,” *Marine Fisheries Review*, vol. 53, no. 3, pp. 11-22, 1991.
- [83] R. S. Waples, “Evolutionarily significant units and the conservation of biological diversity under the Endangered Species Act,” *Evolution and the aquatic ecosystem: defining unique units in population conservation*, 1995.
- [84] C. Moritz, “Defining ‘evolutionarily significant units’ for conservation,” *Trends in ecology & evolution*, vol. 9, no. 10, pp. 373-375, 1994, [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(94\)90057-4](https://doi.org/10.1016/0169-5347(94)90057-4)
- [85] K. A. Crandall, O. R. Bininda-Emonds, G. M. Mace, and R. K. Wayne, “Considering evolutionary processes in conservation biology,” *Trends in ecology & evolution*, vol. 15, no. 7, pp. 290-295, 2000, [https://doi.org/10.1016/s0169-5347\(00\)01876-0](https://doi.org/10.1016/s0169-5347(00)01876-0)
- [86] J. N. Boulay, M. E. Hellberg, J. Cortés, and I. B. Baums, “Unrecognized coral species diversity masks differences in functional ecology,” *Proc. R. Soc. B.*, vol. 281, no. 1776, p. 20131580, Feb. 2014, <https://doi.org/10.1098/rspb.2013.1580>
- [87] S. Sharma, T. Dutta, J. E. Maldonado, T. C. Wood, H. S. Panwar, and J. Seidensticker, “Spatial genetic analysis reveals high connectivity of tiger (*Panthera tigris*) populations in the Satpura-Maikal landscape of Central India,” *Ecol Evol*, vol. 3, no. 1, pp. 48–60, Jan. 2013, <https://doi.org/10.1002/ece3.432>
- [88] M. Rossetto *et al.*, “A conservation genomics workflow to guide practical management actions,” *Global Ecology and Conservation*, vol. 26, p. e01492, Apr. 2021, <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01492>
- [89] E. L. Carroll *et al.*, “Genetic and genomic monitoring with minimally invasive sampling methods,” *Evolutionary Applications*, vol. 11, no. 7, pp. 1094–1119, Aug. 2018, <https://doi.org/10.1111/eva.12600>
- [90] P. A. Morin and M. McCarthy, “Highly accurate SNP genotyping from historical and low-quality samples,” *Molecular Ecology Notes*, vol. 7, no. 6, pp. 937–946, Nov. 2007, <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01804.x>
- [91] M. Byrne and M. Hankinson, “Testing the variability of chloroplast sequences for plant phylogeography,” *Aust. J. Bot.*, vol. 60, no. 7, p. 569, 2012, <https://doi.org/10.1071/BT12146>
- [92] Y. Suyama and Y. Matsuki, “MIG-seq: an effective PCR-based method for genome-wide single-nucleotide polymorphism genotyping using the next-generation sequencing platform,” *Sci Rep*, vol. 5, no. 1, p. 16963, Nov. 2015, <https://doi.org/10.1038/srep16963>
- [93] B. Goossens *et al.*, “Habitat fragmentation and genetic diversity in natural populations of the Bornean elephant: Implications for conservation,” *Biological Conservation*, vol. 196, pp. 80–92, Apr. 2016, <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.02.008>
- [94] P. Palsboll, M. Berube, and F. Allendorf, “Identification of management units using population genetic data,” *Trends in Ecology & Evolution*, vol. 22, no. 1, pp. 11–16, Jan. 2007, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.09.003>
- [96] C. Moritz, “Conservation Units and Translocations: Strategies for Conserving Evolutionary Processes,” *Hereditas*, vol. 130, no. 3, pp. 217–228, 1999, <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1999.00217.x>
- [97] R. Frankham *et al.*, “Implications of different species concepts for conserving biodiversity,” *Biological Conservation*, vol. 153, pp. 25–31, Sep. 2012, <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.04.034>