

Пак Хе Мин, Им Сон О

Текущее состояние исследований по сохранению ластоногих в Корее

Корейская Корпорация по управлению морской средой, Сеул, Республика Корея

В 2020 году были исследованы особенности распределения ластоногих в корейской акватории Восточного моря. В условиях пандемии COVID-19 были разработаны альтернативные методы мониторинга пространственного распределения ластоногих вместо традиционных судовых наблюдений. Мы разработали праймеры ДНК для шести различных видов ластоногих (*Phoca largha*, *Histriophoca fasciata*, *Pusa hispida*, *Callorhinus ursinus*, *Zalophus sp.* *Eumetopias jubatus*) для их обнаружения в пробах морской воды. Более высокие концентрации ДНК ($3461,76 \pm 1229,14$ копий/л) мы обнаружили в Жёлтом море (станции на о. Баеннёндо), где с весны по осень проживало около 200~300 особей *P. largha*. С другой стороны, более низкие концентрации ДНК *P. largha* были обнаружены в Восточном море по причине несоответствия их миграционного периода (зима) нашему периоду отбора проб (конец мая - октябрь). В целом, появление ластоногих (*P. largha*, *C. ursinus* и *E. jubatus*) отмечено в Восточном море в зимний период. С археологического объекта на о. Уллын в Восточном море молекулярными методами собрано более 40 образцов костей ластоногих, и идентифицирован как *Z. japonicus* из последовательностей ДНК митохондриальной области контроля (D-loop) Из анализа BLAST следует, что корейские последовательности *Zalophus* D-loop показали высокое сходство с японскими *Z. japonicus* (99.39%) с AB262362. Как и ожидалось, митохондриальная последовательность четко отличалась от двух других у морских львов, *Z. californianus* и *Z. wollebaeki* (91-92%). В дальнейшем для проверки основных мест обитания ластоногих в заграничных водах, а также в Восточном море будет применяться экологический ДНК-метод. Для разработки стратегии сохранения ластоногих необходимо международное научное сотрудничество, а именно, непрерывные научные исследования с участием России, Японии, США и КНДР.

Park Hye-min, IM Seong Oh

Current status of Pinniped conservation research in KOREA

Korea Marine Environment Management Corporation, Seoul, Republic of Korea

The distribution patterns of Pinnipeds in the East Sea of Korea were investigated in 2020. Under the COVID-19 pandemic condition, we developed alternative methods for monitoring spatial distributions of pinnipeds instead of traditional ship-based observations. We designed DNA primers for six different pinniped species (*Phoca largha*, *Histriophoca fasciata*, *Pusa hispida*, *Callorhinus ursinus*, *Zalophus sp.* *Eumetopias jubatus*) for detecting them in seawater samples. We detected higher concentrations of DNA (3461.76 ± 1229.14 copies/L) in the Yellow Sea (Baeng-nyeong Island stations) where approximately 200~300 individuals of *P. largha* have inhabited from spring to autumn. On the other hand, lower concentrations of *P. largha* DNA were detected in the East Sea due to unmatched season between their migration period (Winter) and our sampling times (late May to October). Generally, appearance of pinnipeds (*P. largha*, *C. ursinus*, and *E. jubatus*) was reported in the East Sea during winter seasons. From an archaeological site in Ulleung Island in the East Sea, more than 40 bone samples of pinniped were collected and identified as *Z. japonicus* from the DNA sequences of mitochondrial control region (D-loop) using molecular methods. From the BLAST analysis, Korean *Zalophus* D-loop sequences showed high sequence similarity with Japanese *Z. japonicus* (99.39%) with AB262362. As expected, the mitochondrial sequence was clearly distinct from two other sea lions, *Z. californianus* and *Z. wollebaeki* (91–92%). In the future, we will apply environmental DNA method to verify major habitats of pinnipeds in overseas waters as well as in the East Sea. For developing pinniped conservation strategies, international research cooperations and continuous researches should be required among Russia, Japan, USA and the RO Korea.