

ПРЕДИСЛОВИЕ

Тренинговый курс «Использование ДНК технологий для идентификации и изучения чужеродных и находящихся под угрозой исчезновения видов»

Курс проведен в рамках двух проектов международной технической помощи:

Проект **Инициативы «БиоМост»** **Глобальная таксономическая**
«Передача технологии ДНК-инициатива **«Создание**
штрихкодирования для национальной и региональной сети
инвентаризации и мониторинга для изучения чужеродных видов с
редких и находящихся под угрозой использованием ДНК-технологий в
исчезновения видов в Беларуси и качестве инструмента для решения
других странах Центральной и проблем, связанных с определением
Восточной Европы» (финансирование таксономической принадлежности»
получено от правительства (финансирование получено от
Республики Корея) Японского фонда биоразнообразия).

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси» и ГНПО «Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам» с 20 по 30 августа 2018 г. провели тренинговый курс «Использование ДНК технологий для идентификации и изучения чужеродных и находящихся под угрозой исчезновения видов» для специалистов из 7 стран Центральной и Восточной Европы и Центральной Азии с целью их обучения современному молекулярно-генетическому методу ДНК-идентификации видов для повышения эффективности как научных исследований, так и их прикладного применения на национальном и региональном уровнях.

ДНК-штрихкодирование, генетический баркодинг, ДНК-баркодинг (англ. *DNA barcoding*) был предложен как метод видовой идентификации эукариот с помощью стандартных коротких фрагментов ДНК (ДНК-баркодов). Термин «ДНК-штрихкодирование» был впервые введен Полом Эбером и его коллегами в 2003 году в их публикации «Биологическая идентификация с помощью ДНК-штрихкодов» (Hebert et al., 2003).

В качестве стандартного участка для большинства групп животных был предложен варибельный 5' локус митохондриального гена, который кодирует одну субъединицу фермента цитохром с-оксидазы (CO1), который различается у разных видов птиц, насекомых, рыб, млекопитающих и других животных. Его достаточно просто определить в любом живом организме или в его остатках.

Для растений используют пластидные гены рибулозобисфосфаткарбоксилазы (*rbcL*), матуразы К (*matK*) и некодирующий участок пластидной ДНК (*psbA-trnH*), для растений и грибов – последовательности ядерного внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS), а для прокариот – ген рРНК субъединицы рибосомы с коэффициентом

седиментации 16 (16SrRNA). Буквенные последовательности фрагментов этих генов представляют собой штрихкоды, которые можно хранить в цифровом виде и анализировать с помощью соответствующих компьютерных программ. К настоящему времени не найдено единого участка, универсального для всех растений, и в качестве филогенетических молекулярных маркеров для классификации растений на разных таксономических уровнях используются мультилокусные комбинации 2-3 ДНК-штрихкодов.

В последние десятилетия, метод ДНК-штрихкодирования рассматривается исследователями как уникальный по точности и удобству инструмент для изучения биоразнообразия, позволяющий идентифицировать виды на основе отдельных фрагментов организма, его биологических жидкостей, а также стадий жизненного цикла с недостаточным количеством морфологических признаков, а также как менее затратный метод в таких случаях, когда требуется проанализировать большое количество образцов. Этот подход использует цифровую природу генетической информации, что позволяет автоматизировать как сами аналитические протоколы, так и их использование для диагностических нужд.

ДНК-баркодинг, как экономически эффективный и надежный подход для идентификации, применяется сегодня в таких областях, как (ЮНЕП/КБР/ВОНТТК):

- Сельское и лесное хозяйство – выявление и мониторинг сельскохозяйственных и лесных вредителей;
- Здоровье человека – выявление и мониторинг переносчиков болезней человека и выявление путей передачи заболеваний;
- Инвазивные виды – выявление и мониторинг чужеродных видов, которые негативно воздействуют на экосистемы, среду обитания и негативные виды, обеспечивая таким образом быстрое их обнаружение и предотвращение вселения инвазивных видов в новые места обитания;
- Вымирающие виды – повышение таксономических и экологических знаний об исчезающих видах, создание сетей мониторинговых точек для предотвращения незаконного сбора и торговли вымирающими видами путем их эффективного выявления;
- Контроль происхождения продуктов питания, обнаружение загрязнения пищевых продуктов (например, морепродукты, мясо и натуральные продукты).

Важно отметить, что применение данного метода выходит за рамки академической науки, делая ДНК-баркодинг полезным инструментом для специалистов, работающих в областях, связанных с биоразнообразием. Широкое применение ДНК-баркодинга было признано на 13-й Конференции Сторон Конвенции о биологическом разнообразии, которое в одном из своих решений предложило Сторонам *«оказывать по мере необходимости содействие развитию международной сети штрихкодов жизни, технологии на основе секвенирования ДНК (ДНК-штрихкодирование) и созданию соответствующих референсных библиотек ДНК-штрихкодов для приоритетных таксономических групп организмов ...»* в качестве средства для

наращивания глобального потенциала, поддерживающего общие цели Конвенции и ее Глобальной таксономической инициативы (Решение XIII/31 от 13 декабря 2016 г.).

PREFACE

TRAINING COURSE

“USING DNA TECHNOLOGIES FOR IDENTIFICATION AND STUDY OF ALIEN AND ENDANGERED SPECIES”

The training course was held within a framework of two International Technical Assistance projects:

BioBridge Initiative project “Transfer of DNA-Barcoding Technology for the Inventory and Monitoring of Rare and Endangered Species in Belarus and other Central and Eastern European Countries” (financed by the government of the Republic of Korea) **Global Taxonomy Initiative** “Building a national and regional network for the study of alien species using DNA technologies as a great tool helping with the taxonomic impediment” (financed by the Japan Fund of Biological Diversity).

On 20-30 August 2018, the State Scientific Institution “Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus” and the State Scientific and Production Amalgamation “Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus” held the training course entitled “Using DNA technologies for identification and study of alien and endangered species” on the DNA barcoding for the specialists representing 7 countries of Central and Eastern Europe and Central Asia aimed at training them on the modern molecular genetic method of DNA identification of species for the enhanced effectiveness of both scientific investigations and their applied use at national and regional levels.

DNA barcoding was proposed as a method for the species identification of eukaryotes using standard short DNA fragments (DNA barcodes). The term “DNA barcoding” was originally introduced by Paul Hebert and his colleagues in 2003 in their publication “Biological identification through DNA barcodes” (Hebert et al., 2003).

A variable 5' mitochondrial gene locus, which encodes one subunit of the cytochrome c-oxidase enzyme (CO1) varying in different species of birds, insects, fish, mammals and other animals, was proposed as a standard region for most groups of animals. It is sufficient to simply identify it in any living organism or its residues.

For plants, plastid genes of ribulose biphosphate carboxylase (rbcL), K maturase (matK) and a noncoding region of plastid DNA (psbA-trnH) are used; for plants and fungi – nuclear internal transcribed spacer (ITS) sequences are used; for prokaryotes – rRNA gene of a ribosome subunit with the sedimentation coefficient 16 (16SrRNA). Letter sequences of such genes' fragments constitute barcodes that can be stored in the digital form and analyzed using appropriate computer programs. To date, no single site, which is universal for all plants, has been found and

multilocus combinations of 2-3 DNA barcodes are used as phylogenetic molecular markers for the classification of plants at different taxonomic levels.

Over the past decades, modern researchers consider this method as a unique tool in terms of accuracy and convenience for biodiversity study, allowing to identify species based on separate organism fragments, its biological fluids and life cycle stages with the insufficient number of morphological characters. DNA barcoding is particularly effective as a cost-effective method for such cases when a large number of samples are required to be analyzed. This approach uses the digital nature of genetic information allowing to automate both analytical protocols themselves and their use for diagnostic purposes.

As a cost-effective and reliable method, DNA barcoding is used in such areas as (UNEP/CBD/SBSTTA):

- Agriculture and forestry – identification and monitoring of agricultural and forest pests;
- Human health – detection and monitoring of human disease carriers and the ways of disease transmission;
- Invasive species – detection and monitoring of alien species, which adversely affect ecosystems, habitats and native species, contributing to the rapid detection and prevention of invasive species' invasion into new habitats;
- Endangered species – enhanced taxonomic and ecological knowledge of endangered species; establishing of checkpoint networks to prevent illegal collection of and trade in endangered species through their effective detection;
- Control over food origin, detection of food contamination (for example, seafood, meat and natural food).

It is essential to note that the use of this method goes beyond academic science, making DNA barcoding a useful tool for professionals working in biodiversity-related fields. The widespread use of DNA barcoding was recognized at the 13th Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity, which in one of its Decisions invited the Parties *“to support the development, with the assistance, as appropriate, of the international barcode of life network, of DNA sequence-based technology (DNA barcoding) and associated DNA barcode reference libraries for priority taxonomic groups of organisms...”* as a means to build global capacity that supports the overall objectives of the Convention and its Global Taxonomy Initiative (Decision XIII/31 13 December, 2016).

РЕЗОЛЮЦИЯ

ТРЕНИНГОВЫЙ КУРС «ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДНК-ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ И ИЗУЧЕНИЯ ЧУЖЕРОДНЫХ И НАХОДЯЩИХСЯ ПОД УГРОЗОЙ ИСЧЕЗНОВЕНИЯ ВИДОВ» г. Минск

20 – 30 августа 2018 г.

Проведен в рамках следующих проектов:

Глобальная таксономическая инициатива «Создание национальной и региональной сети для изучения чужеродных видов с использованием ДНК-технологий в качестве инструмента для решения проблем, связанных с определением таксономической принадлежности» (финансовую поддержку оказывает Японский Фонд Биологического разнообразия);

Инициатива «БиоМост» «Передача технологии ДНК-штрихкодирования для инвентаризации и мониторинга редких и находящихся под угрозой исчезновения видов в Беларуси и других странах Центральной и Восточной Европы» (финансовую поддержку оказывает правительство Республики Корея).

ВВЕДЕНИЕ

Биологическое разнообразие живых организмов жизненно важный фактор для функционирования экосистем. Активное влияние человека на окружающую природу (осушение болот, создание искусственных водоемов, расширение сельскохозяйственных территорий, вырубка лесов, строительство дорог и жилых зданий и т. д.) и наблюдающееся в последние десятилетия изменение климата ухудшают условия существования видов и приводят к сокращению их численности и даже к исчезновению. Еще одной причиной снижения биологического разнообразия являются инвазивные виды. Редкие и исчезающие виды растений характеризуются низкой адаптационной способностью к указанным выше факторам, что приводит к потере ценных генотипов и снижению биоразнообразия в целом. Своевременное принятие соответствующих мер позволит сохранить биологическое разнообразие флоры и фауны и функционирование экосистем.

Новая генетическая методика ДНК-штрихкодирования, разработанная в Канаде и получившая широкое распространение в других странах, используется как в научной (ДНК-идентификация для таксономии, инвентаризация генетических ресурсов, своевременное обнаружение инвазивных видов, др.), так и в практической деятельности (борьба с браконьерством, например). Она особенно эффективна как менее затратный метод в таких случаях, когда требуется проанализировать большое количество образцов.

Данный проект направлен на подготовку специалистов по использованию технологии ДНК-штрихкодирования как одного из современных молекулярно-генетических методов для быстрого и эффективного скрининга видового разнообразия флоры и фауны с целью выявления редких и находящихся на грани исчезновения видов, а также изучения инвазивных и чужеродных видов (выявление, мониторинг динамики распространения), с целью разработки природоохранных мер и обеспечения устойчивого использования разнообразия.

Тренинговый курс по использованию технологии ДНК-штрихкодирования для специалистов стран Центральной и Восточной Европы и Центральной Азии организован при содействии Секретариата Конвенции о биологическом разнообразии в рамках совместного мероприятия по выполнению следующих проектов, прошедших конкурсный отбор в следующих международных инициативах, действующих при Конвенции ООН о биологическом разнообразии:

Глобальная таксономическая инициатива «Создание национальной и региональной сети для изучения чужеродных видов с использованием ДНК-технологий в качестве инструмента для решения проблем, связанных с определением таксономической принадлежности» (финансовую поддержку оказывает Японский Фонд Биологического разнообразия);

Инициатива «БиоМост» «Передача технологии ДНК-штрихкодирования для инвентаризации и мониторинга редких и находящихся под угрозой исчезновения видов в Беларуси и других странах Центральной и Восточной Европы» (финансовую поддержку оказывает правительство Республики Корея).

Проект

Глобальной таксономической инициативы

«Создание национальной и региональной сети для изучения чужеродных видов с использованием ДНК-технологий в качестве инструмента для решения проблем, связанных с определением таксономической принадлежности»

Цель проекта:

Создание национальной и региональной сети для быстрого обнаружения и изучения чужеродных видов с использованием ДНК-технологий.

Задачи проекта:

- Проверить существующий список водных чужеродных видов Беларуси (Украины, Молдовы, Армении) с использованием ДНК-баркодинга;
- Создать национальную / региональную справочную библиотеку ДНК-баркодов чужеродных видов;
- Пополнить Республиканский банк ДНК новыми видами (не менее 25);

- Помочь стажерам стать компетентными пользователями и лицами, вносящими вклад в пополнение баз данных ДНК-баркодов таких как BOLD и GenBank.

Полученные результаты по проекту:

1. Частично проверен список водных чужеродных видов рыб Беларуси, Украины, Грузии и ракообразных Грузии и Армении;
2. Разработана структура региональной справочной библиотеки ДНК-баркодов водных чужеродных видов;
3. Генетические последовательности, полученные в результате анализа образцов на генетическом анализаторе Applied Biosystems, подготовлены для депонирования в базу данных BOLD;
4. Создана региональная сеть специалистов по изучению водных чужеродных видов для сотрудничества между институтами стран-партнеров как основа для создания региональной сети «Штрих-код жизни».

Проект

Инициативы «БиоМост»

«Передача технологии ДНК-штрихкодирования для инвентаризации и мониторинга редких и находящихся под угрозой исчезновения видов в Беларуси и других странах Центральной и Восточной Европы»

Цель проекта: Внести вклад в общую цель содействия Беларуси и другим странам Центральной и Восточной Европы и Центральной Азии (Армения, Казахстан, Литва, Молдова, Таджикистан, Украина и др.) по использованию современных молекулярно-генетических технологий, таких как ДНК-штрихкодирование, для идентификации редких и находящихся на грани исчезновения видов (инвентаризация генетических ресурсов) и мониторинга биологического разнообразия.

Задачи проекта:

- Провести тренинг группы специалистов из Беларуси и других стран Центральной и Восточной Европы и Центральной Азии, включающий ознакомление с общей программой Глобальной таксономической инициативы и методическими подходами и приемами, используемыми при сборе образцов организмов для их последующего анализа;
- Разработать прототип Региональной референсной библиотеки ДНК-штрихкодов как самостоятельной структурной единицы базы данных Республиканского банка ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов (Беларусь);
- Создать региональную сеть специалистов, использующих технологию ДНК-штрихкодирования для обмена научно-методической информацией и проведения практических семинаров по использованию методов ДНК-идентификации для таксономических целей;

- Разработать проектное предложение по усилению региональной кооперации стран по развитию инициативы ДНК-штрихкодирования;
- Помочь стажерам стать компетентными пользователями и лицами, вносящими вклад в пополнение баз данных ДНК-баркодов, таких как BOLD и GenBank.

Полученные результаты по проекту:

- Проведено изучение 27 видов растений с использованием метода ДНК-штрихкодирования;
- Генетические последовательности, полученные в результате анализа образцов на генетическом анализаторе Applied Biosystems, подготовлены для депонирования в базу данных BOLD (27 видов);
- Разработан прототип региональной справочной библиотеки ДНК-штрихкодов как структурной единицы базы данных Республиканского банка ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов (Беларусь);
- Создана региональная сеть специалистов для сотрудничества между научно-исследовательскими и другими заинтересованными учреждениями стран-партнеров по изучению редких и находящихся на грани исчезновения видов растений как основы для создания региональной сети «Штрих-код жизни».

РЕЗУЛЬТАТЫ СОВМЕСТНОГО МЕРОПРИЯТИЯ

В рамках выполнения совместного мероприятия были сделаны следующие доклады:

1. Обзор программы Глобальной таксономической инициативы и обзор других исследовательских программ в Канаде. Докладчик: к.б.н. Алексей Борисенко, заместитель директора, отдел международного сотрудничества, Гуэлфский Университет, Канада;
2. ДНК-штрихкодирование как инструмент быстрой идентификации видов животных и растений, инвентаризации и сохранения генетических ресурсов. Докладчики: к.б.н. Т.П. Липинская, НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам; к.б.н. Е.П. Михаленко, ИГЦ НАН Беларуси;
3. ДНК-штрихкодирование как инструмент быстрой идентификации видов животных и растений, инвентаризации и сохранения генетических ресурсов, используемый также в качестве исследовательского и образовательного инструмента в Белорусском государственном университете. Докладчик: к.б.н. Н.В. Воронова, Белорусский государственный университет;
4. Инвазивные чужеродные виды и стратегия в данной области. Докладчик: д.б.н. В.П. Семенченко, член-корреспондент НАН Беларуси, НПЦ НАН Беларуси;

5. О Конвенции о международной торговле видами дикой фауны и флоры, находящимися под угрозой исчезновения, – СИТЕС.
Докладчик: к.б.н. Р.В. Новицкий, НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам;
6. Введение в Нагойский протокол к Конвенции о биологическом разнообразии – международный механизм регулирования доступа к генетическим ресурсам и совместного использования выгод.
Докладчик: к.б.н. Е.Н. Макеева, ИГЦ НАН Беларуси;
7. Ход выполнения Глобального проекта ПРООН-ГЭФ «Усиление людских ресурсов, правовых систем и институционального потенциала для реализации Нагойского протокола в Республике Беларусь».
Докладчик: к.б.н. Е.Н. Макеева, ИГЦ НАН Беларуси;
8. Практический опыт передачи генетических ресурсов: примеры и порядок оформления необходимых документов. Докладчик: К.А. Пантелей, ИГЦ НАН Беларуси.

**Прослушаны лекции по молекулярной генетике,
теории и практике применения ДНК-штрихкодирования**

- Теоретический курс «Введение в штриховое кодирование ДНК и систему BOLD». Докладчик: Алексей Борисенко, кандидат наук, заместитель директора, отдел международного сотрудничества, Гуэлфский Университет, Канада;
- Практический учебный курс по основам молекулярной генетики.
Докладчик в группе по изучению объектов животного происхождения: А.Молдован, Лаборатория систематики и молекулярной филогении, Институт зоологии, Молдавский государственный университет, Молдова.
Докладчик в группе по изучению объектов растительного происхождения: Е.И. Кузьмина;
- Биологическая информатика и анализ мегаданных.
Докладчики: Алексей Борисенко, кандидат наук, заместитель директора, отдел международного сотрудничества, Гуэлфский Университет, Канада.
Н.В. Воронова, к.б.н., Белорусский государственный университет;
- Введение в ДНК-штрихкодирование животных. Загрузка данных в системы BOLD, BLAST, MEGA. Докладчик: Т.П. Липинская, к.б.н., НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам;
- Введение в ДНК-штрихкодирование растений. Загрузка данных в системы BOLD, BLAST, MEGA. Докладчик: М. Кузьмина, Гуэльфский Университет, Канада.

Проведены практические занятия в двух группах, организованных по признаку «объект изучения»: группа по изучению водных животных и группа по изучению растений.

Лабораторные занятия проходили в НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам и ИГЦ НАН Беларуси. Секвенирование проводилось в Центре коллективного пользования «ГЕНОМ» ИГЦ НАН Беларуси.

Участниками семинара отмечено, что:

В современных условиях возрастающего прессинга на живую природу как антропогенных факторов, так и изменений климата, тематика тренингового курса «Использование ДНК-технологий для идентификации и изучения чужеродных и находящихся под угрозой исчезновения видов» актуальна и представляет интерес для стран, которые их представляют.

ПОСТАНОВИЛИ

1. Создать Региональную сеть специалистов по ДНК-штрихкодированию для обеспечения активного сотрудничества специалистов стран-партнеров и обмена информацией по теоретическим и практическим аспектам использования метода ДНК-штрихкодирования;
2. Создать Региональный координационный совет по ДНК-штрихкодированию в составе Макеевой Е.Н., Липинской Т.П. (Беларусь) и А. Лозан, А. Молдован (Молдова) для координации деятельности специалистов по разработке региональных проектов по изучению биологического разнообразия с использованием метода ДНК-штрихкодирования как одного из современных и эффективных молекулярно-генетических методов, используемых для таксономии, а также для организации семинаров и тренинговых курсов;
3. Разработать прототип Региональной референсной библиотеки ДНК-штрихкодов водных животных на базе лаборатории гидробиологии НПЦ по биоресурсам;
4. Разработать прототип Региональной референсной библиотеки ДНК-штрихкодов растений на базе Республиканского банка ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов Института генетики и цитологии НАН Беларуси.

RESOLUTION

TRAINING COURSE “USING DNA TECHNOLOGIES FOR IDENTIFICATION AND STUDY OF ALIEN AND ENDANGERED SPECIES”

Minsk
20-30 August 2018

held under the projects as follows:

Global Taxonomy Initiative “Building a national and regional network for the study of alien species using DNA technologies as a great tool helping with the taxonomic impediment”
(financed by the Japan Fund of Biological Diversity)

BioBridge Initiative “Transfer of DNA-Barcoding Technology for the Inventory and Monitoring of Rare and Endangered Species in Belarus and other Central and Eastern European Countries”
(financed by the government of the Republic of Korea).

INTRODUCTION

The biological diversity of living organisms is a vital factor for the functioning of ecosystems. Man’s active influence on the environment (draining of wetlands, creating artificial reservoirs, expanding agricultural areas, deforestation, building roads and residential buildings, and etc.) and the climate change observed in recent decades worsens the living conditions of species and leads to a reduction in their numbers and even to extinction. Another reason for declined biodiversity is invasive species. Rare and endangered plant species are characterized by low adaptability to the above factors, which leads to the loss of valuable genotypes and a decrease in biodiversity as a whole. Timely adoption of appropriate measures will allow preserving the biological diversity of flora and fauna and functioning of ecosystems.

DNA barcoding, a new genetic technique developed in Canada and widely applied in other countries, is used both in scientific (DNA identification for taxonomy, inventory of genetic resources, timely detection of invasive species, and etc.) and practical activities (combat poaching, for example). It is particularly effective as a less expensive method in such cases where it is required to analyze a large number of samples.

This project aims at training of specialists on the use of DNA barcoding technology as one of the modern molecular genetic methods for quick and effective screening of the species diversity of flora and fauna to identify rare and endangered

species, as well as to study invasive and alien species (identifying, monitoring distribution dynamics) with a view of developing environmental measures and ensuring the sustainable use of diversity.

A training course on the use of DNA barcoding technology for specialists from Central and Eastern Europe and Central Asia was organized with the assistance of the Secretariat of the Convention on Biological Diversity in the framework of a joint event on the following projects selected as part of international initiatives under the UN Convention on Biological Diversity:

Global Taxonomy Initiative “Building a national and regional network for the study of alien species using DNA technologies as a great tool helping with the taxonomic impediment” (financed by the Japan Fund of Biological Diversity);

BioBridge Initiative “Transfer of DNA-Barcoding Technology for the Inventory and Monitoring of Rare and Endangered Species in Belarus and other Central and Eastern European Countries” (financed by the Government of the Republic of Korea).

Global Taxonomy Initiative Project

“Building a national and regional network for the study of alien species using DNA technologies as a great tool helping with the taxonomic impediment”

Project objective:

Building a national and regional network for quick identification and study of alien species using DNA technologies.

Project targets:

- Check the existing list of aquatic alien species of Belarus (Ukraine, Moldova, Armenia) using DNA barcoding;
- Establish a national/regional reference DNA barcodes library of alien species;
- Replenish the Republican DNA Bank with new species (25 at least);
- Help the trainees become competent users and individuals contributing to the replenishment of DNA barcode databases such as BOLD and GenBank.

The project outcomes received:

1. Partially checked list of aquatic alien fish species of Belarus, Ukraine and Georgia and the crustaceans of Georgia and Armenia;
2. Designed structure of the Regional Reference DNA Barcode Library of aquatic alien species;
3. Genetic sequences obtained as a result of samples’ analysis on the Applied Biosystems genetic analyzer prepared for deposit into the BOLD system;
4. Established Regional Specialist Network to study aquatic alien species with a view of collaboration between partner country institutions as a basis for building a Regional Network “Barcode of Life”.

BioBridge Initiative Project “Transfer of DNA-Barcoding Technology for the Inventory and Monitoring of Rare and Endangered Species in Belarus and other Central and Eastern European Countries”

Project objective:

Contribute to the overall objective in assisting Belarus and other countries of Central and Eastern Europe and Central Asia (Armenia, Kazakhstan, Lithuania, Moldova, Tajikistan, Ukraine, etc.) in use of modern molecular genetic technologies, such as DNA barcoding, to identify rare and endangered species (inventory of genetic resources) and biological diversity monitoring.

Project targets:

- Conduct training for a group of specialists from Belarus and other countries of Central and Eastern Europe and Central Asia, including familiarization with the general program of the Global Taxonomic Initiative and the methodological approaches and techniques used in collecting samples of organisms for their subsequent analysis;
- Develop a prototype of the Regional Reference Library of DNA Barcodes as an independent structural unit of the Republican DNA Bank of a human, animals, plants and microorganisms (Belarus);
- Build a Regional Specialist Network using DNA barcoding technology to exchange scientific and methodological information and conduct practical workshops on the use of DNA identification methods for taxonomic purposes;
- Develop a project proposal on the strengthened regional collaboration of countries in the development of DNA barcoding initiative;
- Assist trainees in becoming competent users and individuals contributing to the replenishment of DNA barcode databases such as BOLD and GenBank.

The project outcomes received:

- The study of 27 plant species using DNA-barcoding technique conducted;
- Genetic sequences obtained by analyzing samples on the Applied Biosystems genetic analyzer prepared for deposit into the BOLD system (27 species);
- Prototype of the Regional Reference DNA Barcodes Library as a structural unit of the database of the Republican DNA Bank of a human, animals, plants and microorganisms (Belarus) designed;
- A regional network of specialists for collaboration between research and other involved partner country institutions to study rare and endangered plant species as a basis for building a regional network “Barcode of Life” established.

JOINT EVENT OUTCOMES

The following reports were made as part of the joint event:

1. Overview of the Global Taxonomy Initiative program and of other research programs in Canada. Speaker: Alexey Borisenko, PhD, Deputy Director, Department of International Cooperation, University of Guelph, Canada;
2. DNA barcoding as a tool for the quick identification of animal and plant species, inventory and conservation of genetic resources. Reporter: T.P. Lipinskaya, PhD, Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus; E.P. Mikhalenko, PhD, the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus;
3. DNA barcoding as a tool for the quick identification of animal and plant species, inventory and conservation of genetic resources also used as a research and educational tool at the Belarusian State University. Reporter: N.V. Voronova, PhD, Belarusian State University;
4. Invasive alien species and the area-related strategy. Reporter: V.P. Semenchenko, PhD, NASB Corresponding Member, Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus;
5. Introduction to the Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora, CITES. Reporter: R.V. Novitsky, PhD, Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus;
6. Introduction to the Nagoya Protocol to the Convention on Biological Diversity – international mechanism regulating access to genetic resources and benefit-sharing. Reporter: E.N. Makeyeva, PhD, the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus;
7. Global UNDP-GEF Project progress “Strengthening of human resources, legal frameworks and institutional capacities to implement the Nagoya Protocol in the Republic of Belarus”. Reporter: E.N. Makeyeva, PhD, the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus;
8. Practical experience in providing (transfer) of genetic resources: examples and procedures for obtaining the required documentation. Reporter: K.A. Panteley, the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus.

Lectures on molecular genetics and the theory and practice of DNA barcoding technique use heard

- Theoretical course “Introduction to DNA barcoding and BOLD system”. Reporter: Alexey Borisenko, PhD, Deputy Director, Department of International Cooperation, University of Guelph, Canada
- Practical course on the bases of molecular genetics. Speaker in the group studying animal origin objects: A. Moldovan, Laboratory of Systematics and Molecular Phylogeny, Institute of Zoology, Moldavian State University, the Republic of Moldova;

Speaker in the group studying plant origin objects: E.I. Kuzminova, Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus

- Bioinformatics and megadata analysis. Reporters: Alexey Borisenko, PhD, Deputy Director, Department of International Cooperation, University of Guelph, Canada;
N.V. Voronova, PhD, Belarusian State University
- Introduction to the DNA barcoding of animals. Data upload into BOLD, BLAST and MEGA systems. Reporter: T.P. Lipinskaya, PhD, Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus;
- Introduction to the DNA barcoding of plants. Data upload into BOLD, BLAST, and MEGA systems. Reporter: M. Kuzmina, University of Guelph, Canada.

Practical activities were conducted in two groups organized by “the object of study”: a group studying aquatic animals and a group studying plants.

Laboratory practicals were held at the Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus, and the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, correspondingly. Sequencing was held at the Shareable Core Facilities GENOME, the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus.

The workshop participants noted:

In modern conditions of the increased pressure of anthropogenic factors and climate change on wildlife, the training course subject-matter “Using DNA technologies for identification and study of alien and endangered species” is acute and of interest to the countries they are presented by.

DECIDED:

1. Build a Regional DNA Barcoding Specialist Network to ensure active collaboration of partner country specialists and information exchange on theoretical and practical aspects of DNA barcoding use;
2. Build a Regional Coordination DNA Barcoding Board with the membership of E.N. Makeyeva, T.P. Lipinskaya, (Belarus) and A. Lozan, A. Moldovan (Moldova) to coordinate the activities of specialists in the development of regional projects for the study of biological diversity using DNA barcoding as one of the modern and effective molecular-genetic methods used for taxonomy, as well as for the organization of workshops and training courses;
3. Design a prototype of the Regional Reference DNA Barcode Library of aquatic animals at the Hydrobiology Laboratory of the Scientific and Practical Centre for Bioresources;
4. Design a prototype of the Regional Reference DNA Barcode Library of plants based on the Republican DNA bank of a human, animals, plants and microorganisms of the Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus.

ЗАКЛЮЧИТЕЛЬНЫЙ ОТЧЕТ

ПО ТРЕНИНГУ

«ПЕРЕДАЧА ТЕХНОЛОГИИ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ ДЛЯ ИНВЕНТАРИЗАЦИИ И МОНИТОРИНГА РЕДКИХ И НАХОДЯЩИХСЯ ПОД УГРОЗОЙ ИСЧЕЗНОВЕНИЯ ВИДОВ В БЕЛАРУСИ И ДРУГИХ СТРАНАХ ЦЕНТРАЛЬНОЙ И ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ»

**Г. МИНСК
20-30 АВГУСТА 2018 Г.**

Программа проведения обучающего курса по ДНК-штрихкодированию включала следующие этапы:

20 августа 2018 г. – Вводный семинар.

21 – 28 августа 2018 г. – Программа тренингового курса, включающего теоретические лекции и практические занятия.

29 августа 2018 г. – Итоговый семинар по подведению результатов осуществления тренингового курса по освоению технологии ДНК-штрихкодирования.

30 августа 2018 г. – Встреча специалистов по вопросам возможного сотрудничества. Отъезд участников.

ОСНОВНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ.

Тренинговый курс по ДНК-штрихкодированию включал теоретическую и практическую части.

Теоретическая часть.

Теоретические основы молекулярно-генетического анализа геномов живых организмов и концептуальные положения методологии ДНК-штрихкодирования для ее использования для таксономии были представлены в лекциях ведущих специалистов Гуэлфского университета, Канада, к.б.н. Алексеем Борисенко и к.б.н. Марией Кузьминой, аккредитованным инструктором по ДНК-штрихкодированию Анной Молдован и сотрудником Республиканского банка ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов Еленой Кузьминовой.

Алексей Борисенко представил подробную информацию о деятельности Глобальной таксономической инициативы в Канаде, истории ее создания и перспективных планах деятельности, а также проинформировал о направлениях научных исследований, проводящихся в Гуэлфском университете.

Кандидаты биологических наук Татьяна Липинская (НПЦ по биоресурсам НАН Беларуси), Елена Михаленко (ИГЦ НАН Беларуси) и Нина Воронова (Белорусский государственный университет) прочитали краткие курсы по практическому использованию метода ДНК-штрихкодирования в своей научной и преподавательской деятельности.

Доктор биологических наук, член-корреспондент НАН Беларуси Виталий Семенченко прочитал лекцию «Инвазивные чужеродные виды в Беларуси: результаты и перспективы их изучения», к которой отметил интерес ученых к использованию предлагаемого метода ДНК-штрихкодирования для скрининга видового разнообразия этих видов, мониторинга их распространения и разработки природоохранных мер.

Участие Беларуси в международных договорах, таких как СИТЕС и Нагойский протокол к Конвенции о биологическом разнообразии, направленных на сохранение и обеспечение устойчивого использования биологического разнообразия, включая вопросы доступа к генетическим ресурсам и традиционным знаниям по их использованию, было отражено в докладах Татьяны Железновой, консультанта управления биологического и ландшафтного разнообразия Министерства природных ресурсов и охраны окружающей среды Республики Беларусь, и Елены Макеевой, руководителя Национального координационного центра по вопросам доступа к генетическим ресурсам и совместного использования выгод (НКЦГР). Кроме того, Елена Макеева проинформировала участников тренингового курса о ходе выполнения проекта международной технической помощи ПРООН-ГЭФ «Усиление людских ресурсов, правовых систем и институционального потенциала для реализации Нагойского протокола в Республике Беларусь», в рамках которого анализируется национальное законодательство по вопросам регулирования доступа к генетическим ресурсам и традиционным знаниям, проводится инвентаризация генетических ресурсов, в том числе с использованием метода ДНК-штрихкодирования, а научный сотрудник НКЦГР Ксения Пантелей ознакомила участников с процедурой получения доступа к генетическим ресурсам и связанным с ними традиционным знаниям, действующей в настоящий период, и представила копию Международного признанного сертификата о соблюдении Нагойского протокола при передаче линий картофеля, полученных в ИГЦ НАН Беларуси, в Генбанк картофеля США – первый опыт в нашем регионе стран Центральной и Восточной Европы и Центральной Азии.

Учитывая тот факт, что все страны-Стороны Конвенции о биологическом разнообразии и Протоколов к ней готовятся к очередной 14-й Конференции Сторон Конвенции, 9-й Конференции Сторон Картахенского протокола и 3-й Конференции Сторон Нагойского протокола, Татьяна Железнова, как представитель государственного органа, ответственного за выполнение Нагойского протокола в Беларуси, а Елена Макеева, как Национальный координатор деятельности по вопросам доступа к генетическим ресурсам и совместного использования выгод и член бюро Конференции Сторон Конвенции, проинформировали участников о вопросах,

выносимых на обсуждение Сторон, и предложили обсудить и высказать свое мнение в отношении цифровой генетической информации с позиции возможного регулирования обращения с этой информацией. Участники семинара, как представители ученого сообщества в своих странах, подчеркнули важность сохранения цифровой генетической информации в открытом доступе как важного источника научной информации для планирования и совершенствования молекулярно-генетических исследований в целом. Одновременно было отмечено, что если цифровая генетическая информация используется для получения коммерческой продукции и определяется как конфиденциальная, то для таких ситуаций должны быть разработаны правовые меры регулирования и ответственности, если они выходят за рамки существующих мер правовой защиты информации.

Практическая часть

Практические мероприятия проводились в соответствии с планом, разработанным инструкторами и сотрудниками, оказывающими содействие в осуществлении лабораторных практических занятий. План деятельности приложен к данному отчету.

РЕЗУЛЬТАТЫ ВЫПОЛНЕНИЯ ПРОЕКТА

Цель проекта «Передача технологии ДНК штрихкодирования для инвентаризации и мониторинга редких и исчезающих видов в Беларуси и других восточноевропейских странах» была достигнута – технология была передана инструкторами, аккредитованными в Гуэлфском университете, Канада, в котором данная технология была разработана, а затем нашла широкое применение в течение последних 5 лет во многих странах.

Задачи проекта выполнены в полном объеме. Участники тренингового курса получили теоретические и практические знания по использованию методологии ДНК-штрихкодирования в разных областях – как в научных исследованиях, так и в природоохранной деятельности и криминалистике. Создана региональная сеть специалистов, владеющих технологией ДНК-штрихкодирования, как для обмена информацией и опытом ее использования, так и для разработки региональных проектов, предусматривающих использование ДНК штрихкодирования как одного из инструментов их выполнения. Важным практическим результатом является также пополнение Республиканского банка ДНК образцами животного и растительного происхождения для их изучения и долгосрочного хранения, а также создание региональных референсных библиотек ДНК штрихкодов водных животных (НПЦ по биоресурсам НАН Беларуси) и редких и находящихся на грани исчезновения видов растений (ИГЦ НАН Беларуси) для обеспечения эффективного сотрудничества учреждений стран региона Центральной и Восточной Европы и Центральной Азии. Была принята Резолюция как основополагающий документ для реализации полученных знаний и разработки

планов совместной деятельности в регионе. Участники курса получили сертификаты, подтверждающие прохождение ими тренингового курса по освоению методики ДНК-штрихкодирования.

Какова роль Национальных координаторов различных Сторон Конвенции о биологическом разнообразии, вовлеченных в проект?

Елена Макеева, Национальный координатор по вопросам доступа к генетическим ресурсам и совместного использования выгод, принимала участие в проекте как менеджер совместного проекта Инициативы «БиоМост» и Глобальной таксономической инициативы. В настоящее время в Беларуси нет Национальных координаторов в области Глобальной таксономической инициативы, но тренеры, прошедшие обучение в Канаде в рамках проекта Глобальной таксономической инициативы в 2015 году, прочитали теоретические лекции и провели практические занятия для участников.

Какой вид деятельности или подход способствовали устойчивому научно-техническому сотрудничеству и почему?

Совместные практические занятия и обсуждение полученных результатов способствовали созданию атмосферы творчества и активного обсуждения областей взаимного интереса, в которых сотрудничество будет наиболее эффективным.

Теперь, когда Вы уже получили опыт, какие, на ваш взгляд, виды деятельности или подходы следует реализовывать по-другому и почему?

Более тщательно следует отбирать специалистов для последующего обучения с позиции их профессиональной подготовки (раздельно обучать юристов и биологов) и владения навыками лабораторной работы.

Как можно было бы реализовать этот проект, чтобы способствовать поддержанию или увеличению полученных положительных результатов?

Положительные результаты проекта отражены в Резолюции.

Как этот проект может быть воспроизведен в другом регионе?

Этот проект может быть воспроизведен в любом другом регионе, в котором принимающая организация имеет необходимое оборудование для проведения молекулярно-генетических исследований. Эксперты и тренеры могут быть приглашены из Гуэльфского университета, Канада, а также из Беларуси и Молдовы, где ДНК-штрихкодирование уже используется как важный исследовательский/лабораторный технический инструмент.

Опишите вклад в неденежной форме различных заинтересованных сторон, участвующих в проекте. Укажите, каким образом можно увеличить этот вклад в ходе реализации будущих проектов.

Приглашенные лекторы из учреждений Беларуси (Минприроды, Белгосуниверситета, ИГЦ НАН Беларуси и НПЦ по биоресурсам) и

сотрудники лабораторий, в которых проходили практические занятия, внесли свой вклад в данный проект своим участием (тратили свое рабочее время на нужды проекта), а ИГЦ НАН Беларуси и НПЦ по биоресурсам предоставили свое оборудование без взимания арендной платы за его использование.

Если бы проект включал в себя участие основных групп, таких как деловые, субнациональные и местные органы власти, НПО, молодежь, женщины, коренные народы и местные общины, то что бы Вы посоветовали для эффективного участия этой конкретной группы?

Этот проект требует участия людей с определенными профессиональными знаниями и навыками лабораторной работы, поэтому следует разработать четкий перечень критериев отбора для подобных тренингов.

В данном проекте женщины составляли 70% от общего количества участников тренингового курса; 6,45% (2 человека) – представители министерств; 3,22% (1 человек) – сотрудник частного охотничьего хозяйства; 16,13% – представители высших учебных заведений.

Предложите краткое описание проекта в 250 словах, которое будет опубликовано на веб-портале Инициативы «БиоМост».

Региональный проект «Использование ДНК-технологий для идентификации и изучения чужеродных и находящихся под угрозой исчезновения видов».

Страны-партнеры: Азербайджан, Армения, Беларусь, Грузия, Казахстан, Молдова, Украина.

Краткое описание проектного предложения: ДНК-штрихкодирование – это методика быстрой и точной идентификации видов путем секвенирования короткого сегмента стандартизированных участков генов и сравнения отдельных последовательностей с базой данных. Для защиты биоразнообразия от вторжения чужеродных видов и сохранения редких и находящихся под угрозой исчезновения видов в условиях быстрого роста экономических и биологических торговых отношений стран Центральной и Восточной Европы необходимо провести быструю инвентаризацию инвазивных, редких и находящихся под угрозой исчезновения видов для разработки эффективной стратегической программы по защите биоразнообразия в странах Центральной и Восточной Европы.

FINAL REPORT

on the training course

“Transfer of DNA Barcoding Technology for the Inventory and Monitoring of Rare and Endangered Species in Belarus and other Central and Eastern European Countries”

Minsk
20-30 August 2018

Detail the activities implemented during the project.

The DNA barcoding training programme included the following phases:

20 August 2018. Induction workshop.

21-28 August 2018. Training course, including theoretical lectures and hands-on training sessions.

29 August 2018. Culminating workshop, summarizing training course outcomes related to mastering of DNA barcoding technology.

30 August 2018. Meeting of specialists to discuss prospective collaboration. Departure of participants.

What are the main outcomes of the project? How will these results impact the state of the biodiversity? (What social and economic benefits has this project generated?) Please annex any written relevant document.

Main outcomes.

The DNA barcoding training course included a theoretical part and hands-on training sessions.

I. Theoretical part

The theoretical underpinnings of molecular-genetic analysis of living organisms' genomes and the conceptual provisions of DNA barcoding methodology for its use in taxonomy were presented during the lectures of:

Alexey Borisenko, PhD and **Maria Kuzmina**, PhD – lead experts from the University of Guelph, Canada

Anna Moldovan – an accredited DNA barcoding trainer

Elena Kuzminova – an employee of the Republican DNA Bank of a human, animals, plants and microorganisms.

Alexey Borisenko presented detailed information on the activities of the Global Taxonomic Initiative in Canada, the background to its development and

prospective activity plans. He also provided information on the areas of research carried out at the University of Guelph.

Tatiana Lipinskaya (PhD in Biology, the Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus), **Elena Mikhaleiko** (PhD in Biology, the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus) and **Nina Voronova** (PhD in Biology, the Belarusian State University) read short courses on the practical use of DNA barcoding in their research and teaching.

Vitaly Semenchko (D.Sc. in Biology, NASB Corresponding Member) read a lecture “Invasive alien species in Belarus: results and perspectives of their study”, in which he noted the interest of scientists in using the proposed method of DNA barcoding for the species diversity screening of these species, their distribution monitoring and elaborating of environmental protection measures.

Tatiana Zheleznova (Advisor, the Division of Biological and Landscape Diversity, the Ministry of Natural Resources and Environmental Protection of the Republic of Belarus) and **Elena Makeyeva** (Head of the National Coordination Centre on Access to Genetic Resources and Benefit-sharing) reflected in their reports the issues related to the participation of the Republic of Belarus in such International Treaties as CITES and the Nagoya Protocol to the Convention on Biological Diversity aimed at the conservation and sustainable use of biological diversity, including access to genetic resources-related issues and traditional knowledge with regard to their use. **Elena Makeyeva** also informed the training course participants on the progress of the UNDP-GEF International Technical Assistance Project “Strengthening of human resources, legal frameworks and institutional capacities to implement the Nagoya Protocol in the Republic of Belarus” and of the activities held under the Project, including analysis of national legislation on the issues related to access to genetic resources and traditional knowledge, the inventory of genetic resources, including the DNA barcoding technique use. **Kseniya Panteley** (Research Associate of the National Coordination Centre on Access to Genetic Resources and Benefit-sharing) informed on the ongoing procedure for obtaining access to genetic resources and traditional knowledge associated with them and presented a copy of the Internationally Recognized Certificate of Compliance with the Nagoya Protocol issued when providing the potato lines developed at the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, to the US Potato GenBank – the first experience among the countries of Central and Eastern Europe and Central Asia.

Taking into account that all country Parties to the Convention on Biological Diversity and its Protocols are gearing up for the next 14th Conference of the Parties to the Convention, the 9th Conference of the Parties to the Cartagena Protocol and the 3rd Conference of the Parties to the Nagoya Protocol, **Tatiana Zheleznova** as a representative of the state authority responsible for the Nagoya Protocol implementation in Belarus and **Elena Makeyeva** as the National Focal Point for access and benefit-sharing related issues and a member of the Convention Bureau of Parties informed the participants on the issues brought up for discussion by the Parties and suggested discussing and expressing their opinion on digital genetic information from the standpoint of its possible regulation with regard to information

management. The workshop participants as representatives of the academic community in their countries emphasized the importance of preserving digital genetic information in the public domain as an important source of scientific information for planning and improving molecular genetic research in general. At the same time, it was noted that if digital genetic information is used to obtain commercial products and is identified as confidential, then legal regulatory and liability measures should be developed for situations that go beyond the existing measures with a view of legal data protection.

2. Hands-on part

Hands-on activities were carried out in accordance with the plan developed by the trainers and staff assisting in implementing of learning-by-doing laboratory activities. The plan of activities is attached to the report.

PROJECT OUTCOMES

The project objective “Transfer of DNA barcoding technology for the inventory and monitoring of rare and endangered species in Belarus and other countries of Eastern Europe” was achieved – the technology was transferred by the trainers accredited at the University of Guelph, Canada, where the technology was developed, and over the past five years, many countries have been widely using it.

The project targets were fully implemented. The training course participants gained theoretical and practical knowledge on the use of DNA barcoding methodology in various areas – in scientific research, as well as in environmental protection and forensic science. A regional network of specialists who know how to use DNA barcoding technology was established both for sharing of information and experience with regard to its use. The network also aims at developing regional projects involving the use of DNA barcoding as one of the tools for their implementation. An important practical outcome is the replenishment of the Republican DNA Bank with the samples of animal and plant origin for their study and long-term storage, as well as the establishment of Regional Reference DNA Barcodes Libraries of aquatic animals (Scientific and Practical Centre for Bioresources, NAS of Belarus) and rare and endangered plant species (Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus) to ensure the efficient institutional collaboration among the countries of Central Europe and Central Asia. The Resolution was adopted as a capstone document on realization of the knowledge gained and the development of plans for joint activities in the Region. The course participants received Certificates of Completion confirming the mastered DNA barcoding techniques.

What has been the role of the CBD National Focal Points of different Parties involved in the project?

Elena Makeyeva, ABS NFP in Belarus, was involved in the project as its manager from the BBI part of the joint project conducted with GTI. At the moment,

there are no GTI NFPs in Belarus, but the trainers from Canada trained under the GTI project in 2015 delivered theoretical lectures and hands-on training sessions to the participants.

Which activity or approach efficiently succeeded to foster sustained TSC and why?

Joint hands-on activities and discussion of the obtained results contributed to the creative atmosphere and active discussion of mutual interest areas of the most fruitful collaboration.

Which activities or approaches would be done differently, now that you have experienced them, and why?

Specialists should be chosen more carefully for their subsequent training from the standpoint of their professional attainment (lawyers and biologists should be trained separately) and laboratory skills.

How could this project be pursued to maintain or scale up the positive results obtained?

Positive project outcomes are reflected in the Resolution.

How could this project be replicated in another region?

This project may be replicated in any other region, where the hosting institution is properly equipped for carrying out molecular-genetic research. Experts and trainers can be invited from Guelph University, Canada, and from Belarus and Moldova, where DNA barcoding is already used as an important research/lab technical tool.

Describe the in-kind contribution of different stakeholders involved in the project and how this type of contribution could be increased in future projects.

The invited lecturers from Belarusian institutions (the Ministry of Natural Resources and Environmental Protection, the Belarusian State University, the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, and the Scientific and Practical Center for Bioresources) and the staff of the laboratories the hands-on activities were held at contributed to the project through their participation (they spent their work hours on project needs) and the Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, and the Scientific and Practical Centre for Bioresources provided their equipment for the rent-free use.

If the project included the participation of major groups like business, subnational and local authorities, NGOs, youth, women, indigenous peoples and local communities, what would be your advice to engage this specific group efficiently?

This project requires the participation of people with certain professional knowledge and skills in laboratory work, therefore, a clear set of selection criteria should be developed for such training courses.

In this project, women accounted for 70% of the total number of training course participants; 6.45% (2 people) – ministerial representatives; 3.22% (1 person) – private hunting farm; 16.13% – representatives of higher educational institutions.

Propose the project summary in 250 words to be published on the Bio-Bridge web portal.

Regional project “Use of DNA technologies for identification and study of alien and endangered species”.

Partner countries: Azerbaijan, Armenia, Belarus, Georgia, Kazakhstan, Moldova, Ukraine

Brief description of the project proposal: DNA barcoding is a methodology for rapid and accurate identification of species by sequencing a short segment of standardized gene regions and comparing individual sequences to a reference database. In order to protect biodiversity from invasion of alien species and with a view of the conservation of rare and endangered species in the context of rapidly growing economic and biological trade relations of CEE countries, it is necessary to conduct a rapid inventory of invasive and rare and endangered species to develop an effective strategic program for the protection of biodiversity in CEE countries.

ПРОГРАММА

тренинга

«Использование ДНК технологий для идентификации и изучения чужеродных и находящихся под угрозой исчезновения видов»

Тренинг организован в рамках проекта Глобальной таксономической инициативы «Создание национальной и региональной сети для изучения чужеродных видов с использованием ДНК технологий в качестве отличного инструмента, помогающего в преодолении таксономического препятствия»

и проекта Инициативы «БиоМост» «Передача технологии ДНК-штрихкодирования для инвентаризации и мониторинга редких и исчезающих видов в Беларуси и других странах Центральной и Восточной Европы»

Место проведения: Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси

Научно-практический центр Национальной академии наук по биоресурсам
ул. Академическая 27, 220072 г. Минск, Беларусь

Дата: 20-30 августа 2018 г.

Дата	Время	Содержание	Описание	Информация о тренерах и месте проведения
День 1 20.08 понедельник	09:00–09:30	Регистрация	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т.Липинская, А.Молдован, Е.Макеева</i> <i>А.Борисенко Е.Макеева, К. Пантелей, Т. Железнова – официальный представитель Министерства природы и ресурсов Республики Беларусь</i>
	09:30–10:00	Официальное открытие Представление участников (инструктора, тренеры)		
	10:00–11:00	Обзор тренинга: цели, ожидаемые результаты и последующие мероприятия, в том числе краткосрочные и долгосрочные планы по выполнению ДНК- штрихкодирования в регионе. Введение в КБР-ГТИ, НПДСБ, Нагойский протокол и СИТЕС		
	11:00–13:00			
	14:00–18:00	ДНК-штрихкодирование как инструмент быстрой	Совместное мероприятие	Конференц-зал

		идентификации видов растений и животных для инвентаризации и сохранения генетических ресурсов. Стандартная технология проведения ДНК-штрихкодирования: системы данных штрихкодов жизни			<i>Т.Липинская, А.Молдован, Н.Воронова</i> <i>А.Борисенко</i>
День 2 21.08 вторник	9:00–13:00	Безопасность лабораторного помещения	Теоритическая часть	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т.Липинская, А.Молдован, А.Борисенко</i>
		Принципы безопасного сбора штрих-кодов (ДНК хранение и сбор метаданных) Запись, сохранение и маркировка данных и изображений Подготовка данных для подачи (размещение набора данных в Excel)	Практическая часть	Группа Инициативы «БиоМост»	Республиканский банк человека, животных, растений и микроорганизмов Института генетики и цитологии <i>Е.Михаленко, Н.Савина, Н.Воронова</i>
				Группа Глобальной таксономической инициативы	Лаборатория молекулярной зоологии, НПЦ по биоресурсам НАН Беларуси <i>Н.Гайдученко, В.Головенчик</i>
	14:00–18:00	Введение данных об образцах в систему BOLD	Теория и практика	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т.Липинская, А.Молдован</i>
День 3 22.08 среда	9:00–13:00	Введение данных об образцах в систему BOLD	Практическая часть	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т. Липинская, А.Молдован, А.Борисенко</i>
	14:00–18:00	Взятие пробы и взятие части из пробы	Теория	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т. Липинская, А.Молдован, А.Борисенко</i>
		Взятие тканевой пробы и выделение ДНК	Практическая часть	Группа Инициативы «БиоМост»	Республиканский банк человека, животных, растений и микроорганизмов Института генетики и цитологии <i>Е.Михаленко, Н.Савина, Н.Воронова</i>
			Группа	Лаборатория	

				Глобальной таксономической инициативы	молекулярной зоологии, НПЦ по биоресурсам НАН Беларуси <i>Н.Гайдученко, В.Головенчик</i>
День 4 23.08 четверг	9:00–13:00	ПЦР-амплификация	Теория	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т.Липинская, А.Молдован</i>
			Практическая часть	Группа Инициативы «БиоМост»	Республиканский банк человека, животных, растений и микроорганизмов Института генетики и цитологии <i>Е.Михаленко, Н.Савина, Н.Воронова</i>
				Группа Глобальной таксономической инициативы	Республиканский банк человека, животных, растений и микроорганизмов Института генетики и цитологии <i>Е.Михаленко, Н.Савина, Н.Воронова</i>
	14:00–16:00	Электрофорез в геле Секвенирование продуктов ПЦР (Очистка продуктов ПЦР и циклическое секвенирование будут проводиться Институтом генетики и цитологии на следующий день)	Теория	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т.Липинская, А.Молдован</i>
			Практическая часть	Группа Инициативы «БиоМост»	Республиканский банк человека, животных, растений и микроорганизмов Института генетики и цитологии <i>Е.Михаленко, Н.Савина, Н.Воронова</i>
				Группа Глобальной таксономической инициативы	Лаборатория молекулярной зоологии, НПЦ по биоресурсам НАН Беларуси <i>Н.Гайдученко, В.Головенчик</i>
16:00–18:00	Биоинформатика (опытные данные): общие положения, редактирование		Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т. Липинская, А.Молдован,</i>	

		последовательности (сборка, выравнивание) и запрос на поиск информации в базе данных		<i>А.Борисенко</i>
День 5 24.08 пятница	9:00–18:00	Биоинформатика (экспериментальные данные): редактирование последовательностей и проверка данных. Представление информации о последовательностях в системе BOLD	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Н.Воронова</i> <i>Т.Липинская, А.Молдован, А.Борисенко</i>
День 6 25.08 суббота	10:00–14:00	Экскурсия в Зоологический музей и Центральный ботанический сад для просмотра различных коллекций животных и растений.	Совместное мероприятие	
26.08 воскресенье		Свободное время	Совместное мероприятие	
День 7 27.08 понедельник	9:00–13:00	BOLD: управление данными	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т.Липинская, А.Молдован, Л.Кузьмина</i>
	14:00–18:00	Анализ последовательностей с использованием BOLD, BLAST, MEGA Экскурсия в Республиканский банк ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов	Совместное мероприятие	Конференц-зал <i>Т.Липинская, А.Молдован, Л.Кузьмина</i> <i>Е.Михаленко, Е.Маккева</i>
День 8 28.08 вторник	9:00–13:00	Итоговое заседание: обсуждение недавно разработанного проекта BOLD (количество видов, качественные штрихкоды и недавно созданная региональная библиотека ДНК штрихкодов)	Совместное мероприятие	Круглый стол. Обсуждение вопросов Все участники
	14:00–18:00	Последующая деятельность: краткосрочное планирование по совершенствованию библиотеки ДНК штрихкодов через проекты, в которых задействованы все участники; дальнейшие планы по обеспечению функционирования региональной сети Долгосрочное планирование в области использования ДНК-штрихкодирования для идентификации инвазивных чужеродных видов и мониторинга биоразнообразия	Совместное мероприятие	Круглый стол. Обсуждение вопросов Все участники
День 9 29.08 среда	9:00–13:00	Советы и рекомендации (в письменной форме). Обсуждение вопросов, связанных с возможностями финансирования на региональном уровне, и т.д.	Совместное мероприятие	Круглый стол. Обсуждение вопросов
	14:00–18:00	Обсуждение вопросов с	Совместное	Все участники

		потенциальными сотрудниками.	мероприятие	
День 10 30.08 четверг	9:00–13:00	Обсуждение вопросов с потенциальными сотрудниками.	Совместное мероприятие	Круглый стол. Обсуждение вопросов
	14:00–18:00	Оценка мероприятия участниками. Представление форм обратной связи. Обсуждение тренинга. Церемония вручения сертификатов. Окончание тренинга. Церемония закрытия, отъезд участников.	Совместное мероприятие	Все участники

TRAINING AGENDA

“USING DNA TECHNOLOGIES FOR IDENTIFICATION AND STUDY OF ALIEN AND ENDANGERED SPECIES”

Organized within the framework of the GTI project “Building a national and regional network for the study of alien species using DNA technologies as a great tool helping with the taxonomic impediment” and

BBI project “Transfer of DNA-Barcoding Technology for the Inventory and Monitoring of Rare and Endangered Species in Belarus and other Central and Eastern European Countries”

Venue: Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (IGC)

Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus for Bioresources (SPCB)

27, Akademicheskaya St., Minsk, 220072 Belarus

Date: 20-30 August 2018

Date	Time	Content	Description	Name of instructor. Room
Day 1 20.08 Monday	09:00 – 09:30	Registration.	Joint event	Conference hall
	09:30 – 10:00	Official opening ceremony. Introduction of participants (instructors, trainees).		<i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, E. Makeyeva</i>
	10:00 – 11:00	Training overview: objectives, expected outcomes and follow-up activities, including short- and long-term plans to implement DNA barcoding in the region.		<i>A. Borisenko</i>
	11:00 – 13:00	Introduction to CBD-GTI, NBSAP, Nagoya Protocol, and CITES.		<i>E. Makeyeva, K. Panteley, T. Zheleznova - an authorized representative of the Ministry of Natural Resources and Environmental Protection of the Republic of Belarus.</i>
	14:00 – 18:00	Introduction to DNA barcoding as a tool for rapid identification of plant and animal species and for genetic resources inventory and conservation	Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, N. Voronova</i> <i>A. Borisenko</i>

		Standard DNA-barcoding workflow: Introduction to BOLD systems			
Day 2 21.08 Tuesday	9:00 – 13:00	Laboratory safety Principles of barcode-friendly collecting (DNA-friendly preservation and metadata collection) Data recording, preservation and labelling and Imaging Preparing data for submission (Excel dataset)	Theory	Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, A. Borisenko</i>
			Practical part	BBI group	Republican DNA Bank of a human, animals, plants and microorganisms, IGC <i>E. Mikhalenko, N. Savina, N. Voronova</i>
				GTI group	Laboratory of molecular zoology of SPCB <i>H. Gajduchenko, V. Golovenchik</i>
14:00 – 18:00	Specimen data uploading to BOLD	Theory and Practical part	Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan</i>	
Day 3 22.08 Wednesday	9:00 – 13:00	Specimen data uploading to BOLD	Practical part	Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, A. Borisenko</i>
	14:00 – 18:00	Sampling and sub-sampling Tissue sampling and DNA extraction	Theory	Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, A. Borisenko</i>
			Practical part	BBI group	Republican DNA Bank of a human, animals, plants and microorganisms, IGC <i>E. Mikhalenko, N. Savina, N. Voronova</i>
				GTI group	Laboratory of molecular zoology of SPCB <i>H. Gajduchenko, V. Golovenchik</i>
Day 4 23.08 Thursday	9:00 – 13:00	PCR amplification	Theory	Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan</i>
			Practical part	BBI group	Republican DNA Bank of a human, animals, plants and microorganisms, IGC <i>E. Mikhalenko, N. Savina, N. Voronova</i>
				GTI group	Laboratory of molecular zoology of SPCB <i>H. Gajduchenko, V. Golovenchik</i>

	14:00 – 16:00	Gel electrophoresis Sequencing of PCR products (<i>Cleaning up of PCR products and cycle sequencing will be done by the IGC the next day/overnight</i>)	Theory	Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan</i>
			Practical part	BBI group	Republican DNA Bank of a human, animals, plants and microorganisms, IGC <i>E. Mikhalenko, N. Savina, N. Voronova</i>
				GTI group	Laboratory of molecular zoology of SPCB <i>H. Gajduchenko, V. Golovenchik</i>
	16:00 – 18:00	Bioinformatics (test data): background information, sequence editing (assembly, alignment) and database query		Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, A. Borisenko.</i>
Day 5 24.08 Friday	9:00 – 18:00	Bioinformatics (real data): sequence editing and data validation Submission of traces and sequences to BOLD		Joint event	Conference hall <i>N. Voronova</i> <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, A. Borisenko</i>
Day 6 25.08 Saturday	10:00 – 14:00	Excursion to the Zoological Museum and Central Botanical Garden to see different collections of animals and plants		Joint event	
26.08 Sunday		Free time			
Day 7 27.08 Monday	9:00 – 13:00	BOLD: Managing data		Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, M. Kuzmina</i>
	14:00 – 18:00	Sequence analysis using BOLD, BLAST, MEGA Excursion to the Republican DNA Bank of a Human, Animals, Plants and Microorganisms		Joint event	Conference hall <i>T. Lipinskaya, A. Moldovan, M. Kuzmina E. Mikhalenko, E. Makeyeva</i>
Day 8 28.08 Tuesday	9:00 – 13:00	Wrap-up session: discussion on the newly created BOLD project (number of species, good quality barcodes and the newly established regional DNA barcode library)		Joint event	Round-table discussion All participants
	14:00 – 18:00	Follow-up activities: short term plans for strengthening the DNA barcode library through projects involving all the participants; follow-up plans for the regional network Long-term plans for using DNA barcoding for identification of invasive alien species and		Joint event	Round-table discussion All participants

		biodiversity monitoring		
Day 9 29.08 Wednesday	9:00 – 13:00	Grant writing tips & tricks. Discussions about possibilities for funding at the regional level etc.	Joint event	Round-table discussion All participants
	14:00 – 18:00	Discussion with potential collaborators	Joint event	Round-table discussion All participants
Day 10 30.08 Thursday	9:00 – 13:00	Discussion with potential collaborators.	Joint event	Round-table discussion All participants
	14:00 – 18:00	Evaluation by the participants. Submission of feedback forms. Discussion on the report of the training. Certificate Ceremony. End of the training. Closing ceremony, participants' departure.	Joint event	Round-table discussion All participants