



Республиканский банк ДНК и инвентаризация генетических ресурсов: результаты этапа 2018 года

Михаленко Елена Петровна

заместитель руководителя Республиканского банка ДНК
человека, животных, растений и микроорганизмов

Кубрак Светлана Владимировна

старший научный сотрудник Республиканского банка ДНК
человека, животных, растений и микроорганизмов

**Участие в выполнении глобального проекта ПРООН-ГЭФ
«Усиление людских ресурсов, правовых систем и
институционального потенциала для реализации Нагойского
протокола в Республике Беларусь»
UNDP/GEF GLOBAL PROJECT ON ABS
(May 2017- August 2019)**

Компонент 2

Инвентаризация и ДНК-шрихкодирование генетических ресурсов Республики Беларусь, а также информирование заинтересованных лиц о механизмах реализации Нагойского протокола и возможностях сотрудничества между поставщиками и потребителями генетических ресурсов



Республиканский банк ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов

создан в 2013 г.

**В 2016г. получил статус
национального достояния
(постановление Совета
Министров Республики Беларусь
№ 629 от 13 августа 2016г.)**

**Руководитель банка ДНК:
академик НАН Беларуси
А.В. Кильчевский**

Республиканский банк ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов

Приоритетные задачи Республиканского банка ДНК :

1 - разработка и реализация скоординированных и научно аргументированных мероприятий по длительному, качественному хранению и эффективному использованию коллекций образцов ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов и оригинального биологического материала, из которого были получены образцы ДНК;

2 - сбор, хранение и систематизация информации о коллекциях генетического материала;

- организация эффективного взаимодействия с другими банками ДНК и коллекциями генетического материала с целью вхождения в международную сеть банков ДНК для обмена образцами, технологиями и информацией;

3 - развитие кооперационных связей с профильными учреждениями с целью проведения совместных научных исследований по направлениям, востребованным реальным сектором экономики, и эффективного внедрения научных разработок в практику;

4 - инвентаризация генетических ресурсов редких и находящихся под угрозой исчезновения видов растений и животных Республики Беларусь.

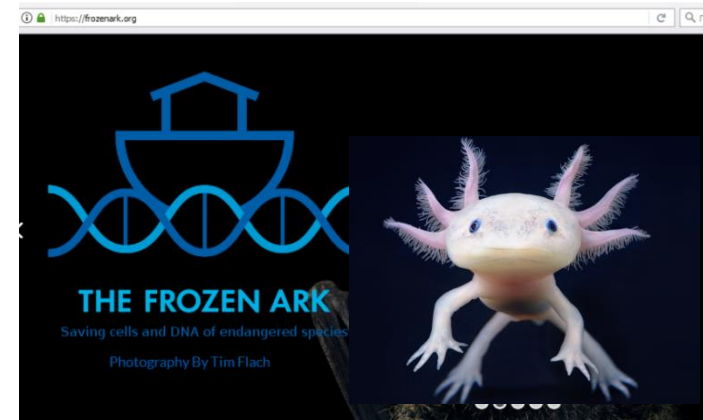









5 тематических секций Республиканского банка ДНК:

- Банк ДНК человека
- Банк ДНК животных
- Банк ДНК растений
- Банк ДНК микроорганизмов
- Банк ДНК редких и находящихся

под угрозой исчезновения видов
растений и животных Республики
Беларусь



DNA Bank Network **DNA Bank Network Germany**

<p>microorganisms</p>  <p>German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, Braunschweig</p>		<p>plants, algae and protists</p>  <p>Botanic Garden and Botanical Museum Berlin-Dahlem</p>
<p>invertebrates II, vertebrates</p>  <p>Zoologisches Forschungsmuseum Alexander Koenig, Bonn</p>		<p>invertebrates I and fungi</p>  <p>Zoologische Staatssammlung München</p>

SANBI

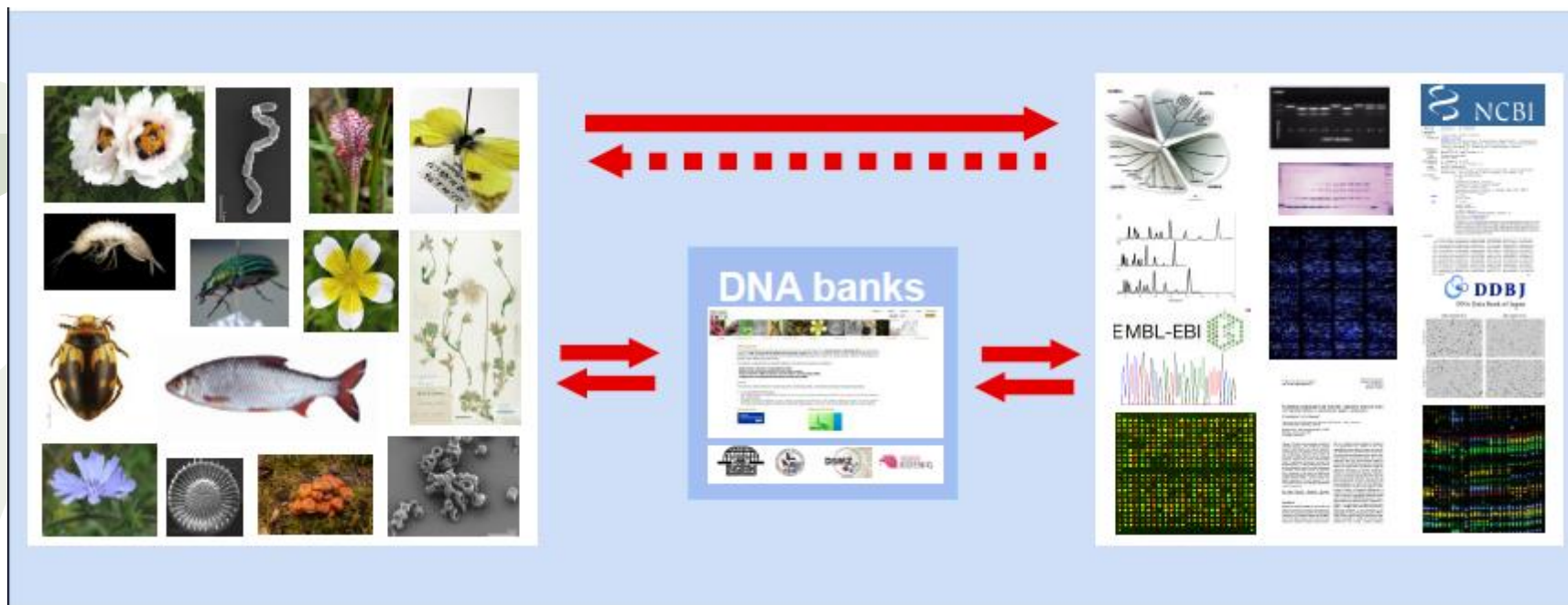
South African National Biodiversity Institute



Biodiversity for Life

Банк ДНК редких и находящихся под угрозой исчезновения видов растений и животных Республики Беларусь

- 1) Общебиологическая информация;
- 2) Хранение образцов;
- 3) Результаты молекулярно-генетические исследований и их анализ.



DNA Bank Network (Thomas Knebelberger)

Банк ДНК редких и находящихся под угрозой исчезновения видов растений и животных Республики Беларусь

Партнеры Республиканского банка ДНК:

- * Национальный парк «Нарочанский»
- * Национальный парк «Беловежская пуща»
- * Институт экспериментальной ботаники им. В.Ф. Купревича НАН Беларуси
- * Биологический факультет Брестского государственного университета
- * Биологический факультет Витебского государственного университета



Банк ДНК редких и находящихся под угрозой исчезновения видов растений и животных Республики Беларусь



Кафедра ботаники и экологии биологического факультета Брестского государственного университета имени А.С. Пушкина

к.б.н., доцент Колбас Александр Петрович

к.б.н., доцент Маиусевич Наталья Михайловна

2018 г - 90 образцов биологического материала редких и исчезающих растений Брестского региона

№ п/п	Характеристика биологического материала 2018 г., Брест
1	Тайник яйцевидный,
2	Осока войлочная
3	Омела австрийская,
4	Пыльцеголовник длиннолистный,
5	Кадило сарматское
6	Любка зеленоцветковая,
7	Венерин башмачок настоящий,
8	Зубянка клубненосная,
9	Дремлик морозниколистный (зимовниковый),
10	Пальчатокоренник майский,

№ п/п	Характеристика биологического материала 2018 г., Брест
11	Ятрышник дремлик,
12	Чистоуст величавый,
13	Многоножка обыкновенная,
14	Плющ обыкновенный,
15	Костенец черный,
16	Пихта белая,
17	Виноград,
18	Гроздовник многораздельный,
19	Гроздовник ромашколистный,
20	Купальница европейская,
21	Ирис сибирский,

Банк ДНК редких и находящихся под угрозой исчезновения видов растений и животных Республики Беларусь



Институт экспериментальной ботаники им. В.Ф. Купревича НАН Беларуси
к.б.н., ст.н.с. Савчук Сергей Сергеевич
н.с. Лебедево Владимир Николаевич

2018 г - 55 образцов биологического материала редких и исчезающих растений

№ п/п	Характеристика биологического материала 2018 г., Брест
1	Альдрованда пузырчатая
2	Волчник боровой
3	Гроздовник многораздельный
4	Гроздовник простой
5	Гроздовник ромашколистый
6	Грудница обыкновенная
7	Зверобой мохнатый
8	Касатик безлиственный
9	Лапчатка белая
10	Ленец бепрецветничковый
11	Лобелия Дортманна
12	Ломонос прямой

№ п/п	Характеристика биологического материала 2018 г., Брест
13	Лук медвежий
14	Мякотница однолистная
15	Пальчатокоренник майский
16	Прибрежница одноцветная
17	Прострел раскрытый
18	Прострел обыкновенный
19	Прострел луговой
20	Солонечник русский
21	Осака войлочная
22	Чемерица Лобеля
23	Хаммарбия болотная
24	Шелковник Кауфманна

Банк ДНК редких и находящихся под угрозой исчезновения видов растений и животных Республики Беларусь



Национальный парк «Нарочанский» научный отдел

зам. ген. директора по научной работе Люштык Валерий Семенович
сотрудник Ежова Ольга Сергеевна

2018 г - 46 образцов биологического материала редких и исчезающих растений, произрастающих на территории национального парка «Нарочанский»

№ п/п	Характеристика биологического материала 2018 г., Брест
1	Арника горная
2	Горечавка крестообразная,
3	Дремлик темно-красный,
4	Береза карликовая,
5	Козелец голый
6	Касатик сибирский,
7	Венерин башмачок настоящий,

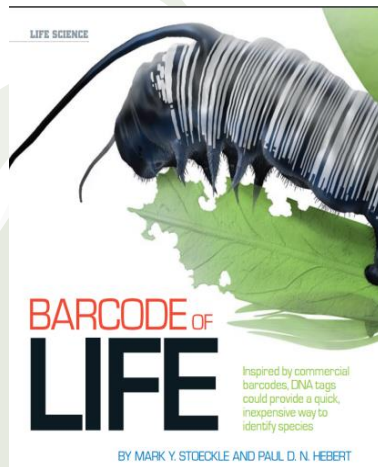
№ п/п	Характеристика биологического материала 2018 г., Брест
8	Неккера перистая,
9	Меч-трава,
10	Многоножка обыкновенная,
11	Медуница мягонькая,
12	Шпажник черепитчатый,
13	Пихта белая,

ДНК-штрихкодирование

international
BARCODE
OF LIFE



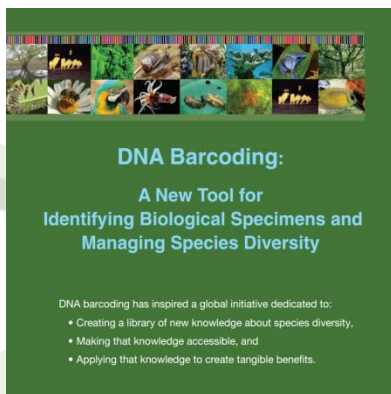
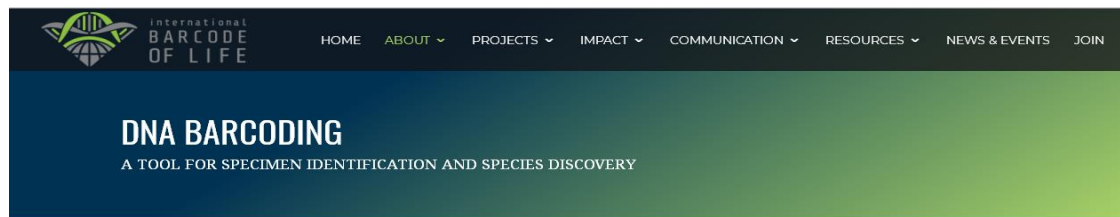
ДНК-штрихкодирование (ДНК-баркодинг) — метод молекулярной идентификации, который позволяет по коротким генетическим маркерам в ДНК определять принадлежность организма к определённому таксону.



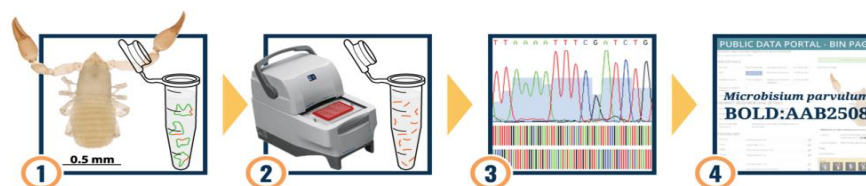
В 2003 году канадский ученый Поль Геберт предложил для идентификации живых организмов использовать небольшой участок генома (600-800 п.н.), который эволюционировал таким образом, что его последовательность будет одинаковой у особей одного вида и разной у разных видов.

ДНК-штрихкодирование

В качестве ДНК-штрихкода используют гены ядерного, митохондриального и хлоропластного генома



THE PROCESS



Step 1: Isolate DNA from the sample

Step 2: Amplify the target DNA barcode region using PCR

Step 3: Sequence the PCR products

Step 4: Compare the resulting sequences against reference databases to find the matching species



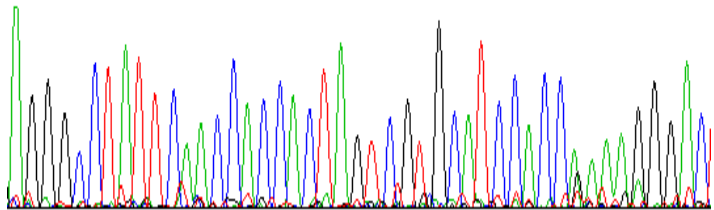
В настоящее время база данных программы «Штрих-код жизни» содержит информацию более чем о 100 000 видах живых существ и объединяет 170 научных центров из 50 стран-участниц

Определение последовательности ДНК

Scorzonera glabra

ITS2

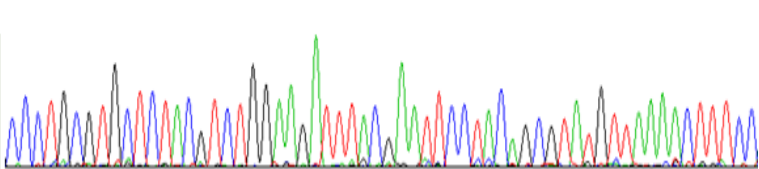
140 150 160 170 180
A G G G C C T A T T C A A C C A C C A C T A G T C G T G C A T C C A C C A A A A G G G A C '



CCGCTATTGATATTGCTTAAACTCAGCGGTAGTCCCGCCTGACCTGGGGTTCGCGGTCCG
AAGCATCATCTGTAGACGATGCATTAGGGGTCTTATACGAGAGGATCCCTTGACGCAAAAC
GACACACAACAGAAGAGAGGGCCTATTCAACCACCACTAGTCGTGCATCCACCAAAAGG
GACTCGTGTGGGCCAACCGCAACAAGATCACGGGAGGCCAATCTCCGCCCAATACTA
TGATCCCAAAGGATACATGGGGGAGCGACGCGATGCGTGACGCCAGGCGAGCGTGGC
CTCAGCCGGATGGCTTTGGGCGCAACTGCGTTCAAAAACCTCGATGTTTACGGGATTCT
GCAATTCACCCAAGTATCGCAAT

RbcL

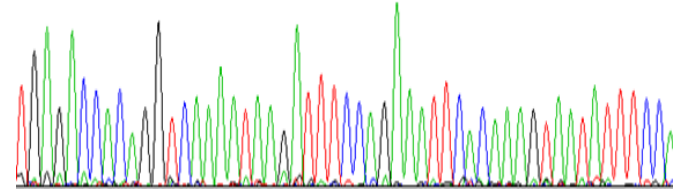
340 350 360 370 380 390
C C C T G C G T G C T C T A C G T C T G G A A G A T T T A C G A A T T C C T A C A C G C G T A T G T T A A A A C T T T C C



TGTTAAGATTATAAAATTGACTTATTATACTCCTGACTATCAAACCAAGGATACTGATAT
CTTGGCAGCATTTCGAGTAACCTCAACCTGGAGTTCGCTTGAAGAAGCAGGGGCCG
AGTAGCTGCCAATCTTACTGTTACATGGACAAGTGTGGACCGATGGACTTACGAG
CCTTGATCGTTACAAAGGGCGATGCTATGGAATCGAGCCTGTTCTGGAGAAGAAAATCA
ATATATGCTTATGTAGCTTACCATTAGACCTTTTGAAGAAGTCTGTTACTAACAT
GTTTACTCCATTGTAGGTAATGATTTGGGTTCAAAGCCTGCGTGTCTACGTCTGGA
AGATTTACGAATTCCTACAGCGTATGTTAAAACCTTCAAGGTCCGCTCACGGCATCCA
AGTTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTATGGTGTCCCTGTTGGGATGACTATTAACCC
TAAATTGGGGTTATCCGCTAAAACCTACGGTAGAGCTGTTATGAATGTCTTCGCGGTGG
ACTTGATTTGACAAAA

Matk

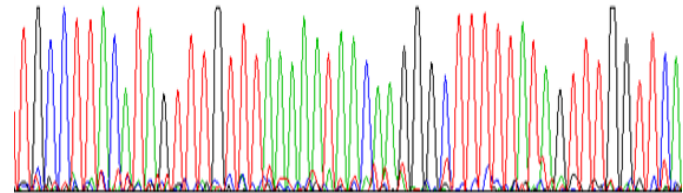
370 380 390 400 410 420
T G A G A C C A C A G G T C A A A A T A A G A T T T C C A G A A A T T C C A A A G T A A T A T T T C C A



GAGAGACAGGATCTTCTATTATTTTACTCGATACAAACTCTTTTTTTTGAAGATCCAC
TATGATAATGAGAAAGATTTCTGTATATACGCCAAAGCGATCAATAATATCAGAACTCG
ACAAATCGGCCAAATCGCCTTACCAATAGGATGCCCAATGCCTTACAAAATTTAGATT
TAGCCAATGATCAATTAGAGGCATAATTGGAACAATAGTCTCAAACCTTCTAATAGCAT
TTTCGATTAGAAATGCATTTTCTAGCATTGACTGCGTACCATTGAAGGCTTGTAGCCGCA
CACTTGAACGATAACCCAGAAAGTCAAGGGAATGATTGGATAAATGGTTTATAAATCG
TTCTGTTGAGACCACAGGTCAAATAAGATTTCCAGAAATTCACAAAGTAAATTTCC
ATTTATTCATCAAAGAAACGTCCTTTTGAAGCAAGATAGATTTTCTTGATACCTAA
CATAATGCATGAAAGGATCTTTGAACAACCATAAAATTTGCTTGAAGCCCTGGCAAAGA
CTTCTACAAGATGCTTATTTTTTCCATAGAAATGGATTCTGTTCAATAAGGGCTCCAGAAG
ATGTTGATCGTAAGTGAGAAGATTGGTTACGGAGAAAGAGGAAGCCAGATTCATATTCAC
ATACATGAGAAGTATATAGGAAGAAGATAGTCTGTGATTTCTTTTGAAGAAAGAAC
CGGCTTTCTTTGAATTTGAAGTAAAGACTATCCAATTATGACACTCATGGAGAAAGC
ATCTTAATAAATGCAAAGAGGAGCATCTTTTATCCAATAGCGRAGAGCCTGAAACCAAG
ATTTCCAGATGGRAMTGGGKT

psbA-trnH

150 160 170 180 190
T G C C T T A C A T A G T T T G T T T A A A A T A A C A A G G G C T T T T T A T A G T T T G T T C A



TCTGKTTAAGTAATTATCGAGTCCATCTACAATGGATAAGACTTTGGTCTGATTGATA
GGAGTTTTTGAACATAAAAAGGAGCAATAACGCTCTCTTGATAAAAACAGAGGGAGCTAT
TGCTCCTTTTTTATTAGTAGTATTTGCCTTACATAGTTTGTAAAAAATAACAAGGGC
TTTTTATAGTTTGGTTCAATTAGCATGTTTTCTCTTTGATTAATTTAGAGGTTTATATA
TCCTTTCCAATCTTTATGAAGTTTGATTTCCAATTTAATTTCAATCTAAAATAGATA
AAAATGAGAATTTGCTTATTTTACTTTGATTTTCAAAAATAAGAAAAAAAATAATA
TG

Идентификация образца

Полученные нуклеотидные последовательности могут быть проанализированы с помощью программ:

- **NCBI BLAST** позволяет сравнивать любые нуклеотидные последовательности
- **BOLD Systems v.4 (The Barcode of Life Data System)** (<http://www.boldsystems.org>) позволяет вести поиск маркерных последовательностей rbcL и matK размером более 500п.н.

BOLDSYSTEMS DATABASES IDENTIFICATION TAXONOMY WO

ANIMAL IDENTIFICATION [COI] FUNGAL IDENTIFICATION [ITS] **PLANT IDENTIFICATION [RBCL & MATK]**

The BOLD Identification System (IDS) for rbcL and matK is the default identification tool for Plant barcodes and accepts sequences from the Ribulose-b returns a species-level identification when possible. Further validation with independent genetic markers will be desirable in some forensic application. The BLAST algorithm is employed in place of the standard BOLD identification engine for rbcL and matK sequences.

There are very few rbcL and matK records on BOLD so most queries will likely not return a successful match.

Search Database:

Plant Sequences
Every rbcL and matK barcode record on BOLD with a minimum sequence length of 500bp (warning: unvalidated database that includes records includes many species represented by only one or two specimens as well as all species with interim taxonomy. This search only returns a list of probability of placement to a taxon.

Enter sequences in fasta format:

```
GAGAGACAGGATCTCTSTATTATTTACTCGATCAAACTCTTTTTTTTGAAGATCCAC
TATGATAATGAGAAAGATTTCTGTATATACGCCAAAGCGATCAATAATATCAGAATCTG
ACAAATCGGCCAAATCGCTTACCAATAGGATGCCCAATCGGTTACAAAATTTAGATT
TAGCCAATGATCCAATTAGAGGCATAATTGGAAACAATAGTCTCAAATCTCTAATAGCAT
TTTCGATTAGAAATGCATTTCTAGCATTGACTGCGTACCATTGAAGGCTTTAGCCGCA
```

BLAST » **blastn suite** » RID-18C4E0EU013 Home

BLAST Results

[Edit and Resubmit](#) [Save Search Strategies](#) [Formatting options](#) [Download](#)

Job title: Nucleotide Sequence (861 letters)

RID	18C4E0EU013 (Expires on 11-22 20:56 pm)	Database Name	nr
Query ID	IdlQuery_39297	Description	Nucleotide collection (nt)
Description	None	Program	BLASTN 2.7.1+ Citation
Molecule type	nucleic acid		
Query Length	861		

Other reports: [Search Summary](#) [Taxonomy reports](#) [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#)

Graphic Summary

Distribution of the top 100 Blast Hits on 100 subject sequences

Mouse over to see the title, click to show alignments

Color key for alignment scores

■ <40	■ 40-50	■ 50-80	■ 80-200	■ >=200
-------	---------	---------	----------	---------

Query

Идентификация образца

Маркер ITS2 совпадение 97%

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Scorzonera austriaca voucher PS0700MT01 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, complete sequence	595	595	95%	3e-167	96%	GU724301.1
<input type="checkbox"/> Arnebia euchroma voucher 652827-120621-468 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and internal transcribed spacer 1, partial sequence	592	592	94%	4e-166	96%	KF454480.1
<input type="checkbox"/> Scorzonera pseudodivariata voucher 20120622164 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and internal transcribed spacer 1, partial sequence	556	556	89%	2e-155	96%	KF454418.1
<input type="checkbox"/> Scorzonera austriaca internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, complete sequence	555	555	86%	6e-155	97%	AY508216.1
<input type="checkbox"/> Scorzonera austriaca ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2	547	547	85%	1e-152	97%	AM117047.1
<input type="checkbox"/> Scorzonera mongolica voucher b302 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2, complete sequence; and internal transcribed spacer 1, partial sequence	540	540	89%	2e-150	95%	KF454420.1

Маркер Matk совпадение 99%

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tragopogon dubius voucher Steele 1291 plastid sequence	1445	1445	96%	0.0	98%	KP126896.1
<input type="checkbox"/> Tragopogon dubius voucher AP067 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast	1439	1439	96%	0.0	98%	HQ593471.1
<input type="checkbox"/> Scorzonera austriaca voucher PS0700MT01 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast	1430	1430	90%	0.0	99%	GQ434119.1
<input type="checkbox"/> Famatinanthus decussatus maturase K (matK) gene, complete cds; chloroplast	1417	1417	96%	0.0	97%	KM192114.1
<input type="checkbox"/> Warionia saharae maturase K (matK) gene, complete cds; chloroplast	1417	1417	96%	0.0	97%	EU385407.1
<input type="checkbox"/> Brachylaena ramiflora isolate Bra_ ramiflora_499 trnK gene, partial sequence; and maturase K (matK) gene, complete cds; chloroplast	1411	1411	96%	0.0	97%	KF989910.1

Маркер psbA-trnH 96%

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tragopogon longirostris PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	538	538	93%	5e-150	95%	EU391973.1
<input type="checkbox"/> Tragopogon porrifolius voucher M. Ownbey, #2427 (WS) PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	538	538	93%	5e-150	95%	EF374279.1
<input type="checkbox"/> Tragopogon armeniacus voucher A. Chechurov s.n. (LE) PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	538	538	93%	5e-150	95%	EF374253.1
<input type="checkbox"/> Tragopogon australis PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	534	534	91%	6e-149	96%	EU391966.1
<input type="checkbox"/> Tragopogon cupani voucher M. Ownbey 1953, #274133 (WS) PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	534	534	91%	6e-149	96%	EF374259.1
<input type="checkbox"/> Tragopogon angustifolius voucher G. Blanca et al. 1990, field collection s.n. PsbA (psbA) gene, partial cds; and psbA-trnH intergenic spacer, partial sequence; chloroplast	534	534	91%	6e-149	96%	EF374252.1

Идентификация образца

Маркер *RbcL* совпадение 99%

Идентификация в NCBI BLAST

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Scorzonera austriaca voucher PS0700MT01 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloro	994	994	99%	0.0	99%	GQ436482.1
<input type="checkbox"/> Tarchonanthus camphoratus ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast	977	977	99%	0.0	98%	KC589903.1
<input type="checkbox"/> Brachylaena discolor ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast	977	977	99%	0.0	98%	KC589801.1
<input type="checkbox"/> Brachylaena ilicifolia voucher A. Kqopa 7 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloropla	977	977	99%	0.0	98%	JQ014159.1
<input type="checkbox"/> Tarchonanthus camphoratus ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, complete cds; chloroplast	977	977	99%	0.0	98%	EU385023.1
<input type="checkbox"/> Tarchonanthus camphoratus chloroplast partial rbcL gene for ribulose bisphosphate carboxylase large subunit, specimen voucher Logie C.	977	977	99%	0.0	98%	AM234916.1

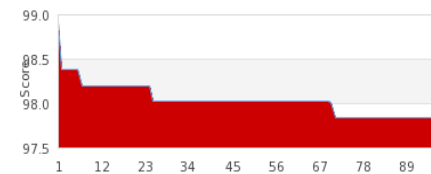
Идентификация в BOLD Systems v.4

Rank	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Subspecies	Score	Similarity
1	Magnoliophyta	Magnoliopsida	Asterales	Asteraceae	<i>Scorzonera</i>	<i>austriaca</i>		544	98.92
2	Magnoliophyta	Magnoliopsida	Asterales	Asteraceae	<i>Tarchonanthus</i>	<i>camphoratus</i>		538	98.38
3	Magnoliophyta	Magnoliopsida	Asterales	Asteraceae	<i>Brachylaena</i>	<i>discolor</i>		538	98.38
4	Magnoliophyta	Magnoliopsida	Asterales	Asteraceae	<i>Tarchonanthus</i>	<i>camphoratus</i>		538	98.38

Query: unlabeled_sequence

Top Hit: Asterales - *Scorzonera austriaca*

Score Summary



Scores indicate the degree of similarity between the query sequence and hits. Higher is better.

Таким образом, 3-х локусная комбинация *rbcL*+*ITS2*+*Matk* является оптимальным выбором для идентификации данного вида ***Scorzonera glabra***.

№	Вид	Био материал	Образцы ДНК	ДНК-штрихкоды	№	Вид	Био материал	Образцы ДНК	ДНК-штрихкоды
1	Береза карликовая	+	+	+	33	Волчник боровой	+	+	+
2	Горечавка крестообразная	+	+	+	34	Гладыш лесной	+	+	+
3	Ветреница лесная	+	+	+	35	Шпажник черепитчатый	+	+	+
4	Наперстянка крупноцветковая	+	+	+	36	Горечавка легочная	+	+	+
5	Касатик сибирский	+	+	+	37	Касатик безлистный	+	+	+
6	Змееголовник Руйша	+	+	+	38	Прострел обыкновенный	+	+	+
7	Шалфей луговой	+	+	+	39	Солонечник русский	+	+	+
8	Тюльпан лесной	+	+	+	40	Грудница обыкновенная	+	+	+
9	Слива колючая	+	+	+	41	Тайник яйцевидный	+	+	+
10	Пихта белая	+	+	+	42	Осока войлочная	+	+	+
11	Козелец голый	+	+	+	43	Омела австрийская	+	+	+
12	Медуница мягонькая	+	+	+	44	Любка зеленоцветковая	+	+	+
13	Ветреница дубравная	+	+	+	45	Венерин башмачок	+	+	+
14	Кубышка малая	+	+	+	46	Дремлик морозниковый	+	+	+
15	Ятрышник-дремлик	+	+	+	47	Пальчатокоренник майский	+	+	+
16	Чистоуст величавый	+	+	+	48	Меч-трава	+	+	+
17	Прострел раскрытый	+	+	+	49	Неккера перистая	+	+	+
18	Пыльцеголовник длиннолист.	+	+	+	50	Дремлик темно-красный	+	+	+
19	Пыльцеголовник красный	+	+	+	51	Зверобой мохнатый	+	+	+
20	Кадило сарматское	+	+	+	52	Лук медвежий	+	+	+
21	Чина болотная	+	+	+	53	Чемерица Лобеля	+	+	+
22	Арника горная	+	+	+	54	Шелковник Кауфмана	+	+	+
23	Гроздовник многораздельный	+	+	+	55	Хаммарбия болотная	+	+	+
24	Гроздовник ромашколистный	+	+	+	56	Прибрежница одноцветковая	+	+	+
25	Дуб скальный	+	+	+	57	Многоножка обыкновенная	+	+	+
26	Купальница европейская	+	+	+	58	Костенец черный	+	+	+
27	Лапчатка белая	+	+	+	59	Жирянка обыкновенная	+	+	+
28	Зубянка клубненосная	+	+	+	60	Альдрованда пузырчатая	+	+	+
29	Лилия кудреватая	+	+	+	61	Ломонос прямой	+	+	+
30	Чина гладкая	+	+	+	62	Лобелия Дортмана	+	+	+
31	Ленец бесприцветничковый	+	+	+	63	Прострел луговой	+	+	+
32	Плющ обыкновенный	+	+	+	64	Мякотница однолистная	+	+	+
					65	Гроздовник простой	+	+	+



СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ



**Государственное научное
учреждение
Институт генетики и цитологии
НАН Беларуси**