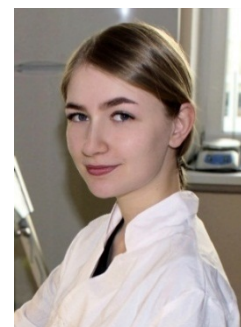


УДК 575.174.015.3:581.93:58.009

Н.В. ГУДНАЯ

научный сотрудник
сектора сохранения и восстановления растительных ресурсов
Центральный ботанический сад НАН Беларуси,
г. Минск, Республика Беларусь



Статья поступила 30 августа 2024 г.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ПОПУЛЯЦИЙ НЕКОТОРЫХ РЕДКИХ ВИДОВ АБОРИГЕННОЙ ФЛОРЫ БЕЛАРУСИ

В статье представлены результаты сравнительной оценки генетического разнообразия некоторых охраняемых аборигенных видов растений Беларуси.

Материалы и методы. Молекулярно-генетический анализ с использованием *iPBS*-маркеров, эффективное и наблюдаемое число аллелей, информационный индекс Шеннона, генетическое разнообразие Нея, поток генов между популяциями, распределение генетического разнообразия внутри и между популяциями, результаты экспедиционных флористических исследований.

Результаты. Анализ средних значений показательней генетического разнообразия 7 популяций *Cephalanthera longifolia* (L.) Fritsch, 8 популяций *Goodyera repens* (L.) R.Br, 4 популяций *Suqripedium calceolus* L., 6 популяций *Liparis loeselii* (L.) Rich. и 4 популяций *Lobelia dortmanna* L. показал, что наибольший уровень генетического разнообразия отмечен у *Liparis loeselii* (L.) Rich., а наименьший – у *Suqripedium calceolus* L. Показатели распределения внутри- и межпопуляционного генетического разнообразия, установленные с помощью анализа *AMOVA*, а также уровень потока генов согласуются с частотой встречаемости изученных видов на территории Беларуси. Для *Lobelia dortmanna* L. и *Cephalanthera longifolia* (L.) Fritsch, сохранившихся в изолированных локалитетах, характерен самый низкий уровень потока генов и больший процент межпопуляционного генетического разнообразия в сравнении с другими видами.

Заключение. Сравнение показателей генетического разнообразия популяций некоторых редких видов аборигенной флоры Беларуси подтверждает их уязвимое положение и может рассматриваться как дополнительный критерий для оценки их охранного статуса и разработки стратегий сохранения.

Ключевые слова: популяционная генетика, *iPBS*-маркеры, структура популяций, охрана флоры.

HUDNAYA N.V., Scientific Employee of the Sector of the Conservation and Restoration of Plant Resources
Central Botanical Garden National Academy of Sciences of Belarus, Minsk

COMPARATIVE ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY OF THE POPULATION OF SOME RARE SPECIES OF ABORIGINAL FLORA OF BELARUS

The article presents the results of a comparative assessment of the genetic diversity of some protected native plant species of Belarus.

Materials and methods. Molecular genetic analysis using *iPBS*-markers, effective and observed number of alleles, Shannon information index, Nei's gene diversity, gene flow between populations, distribution of genetic diversity within and between populations, results of expeditionary floristic studies.

Results. Analysis of average values of genetic diversity indices of 7 populations of *Cephalanthera longifolia* (L.) Fritsch, 8 populations of *Goodyera repens* (L.) R.Br., 4 populations of *Cypripedium calceolus* L., 6 populations of *Liparis loeselii* (L.) Rich. and 4 populations of *Lobelia dortmanna* L. showed that the highest level of genetic diversity was noted in *Liparis loeselii* (L.) Rich., and the lowest in *Cypripedium calceolus* L. The indices of distribution of intra- and interpopulation genetic diversity, established using AMOVA analysis, as well as the level of gene flow, are consistent with the frequency of occurrence of the studied species in Belarus. *Lobelia dortmanna* L. and *Cephalanthera longifolia* (L.) Fritsch, preserved in isolated localities, are characterized by the lowest level of gene flow and a higher percentage of interpopulation genetic diversity in comparison with other species.

Conclusion. Comparison of the indices of genetic diversity of populations of some rare species of the native flora of Belarus confirms their vulnerable position and can be considered as an additional criterion for assessing their conservation status and developing conservation strategies.

Keywords: population genetics, iPBS markers, population structure, flora conservation.

Введение. В настоящее время ввиду глобальных и региональных климатических изменений, а также возрастающего антропогенного воздействия все большее число видов растений попадает в категорию редких и исчезающих, чем определяется необходимость их охраны и более подробного изучения. Редкие виды растений, как правило, характеризуются ограниченным географическим распространением, произрастают в узком диапазоне экологических условий, что обуславливает их низкую численность и редкую встречаемость. Однако, несмотря на незначительную представленность в растительных сообществах, эти виды выполняют важную экосистемную роль, участвуя в круговороте питательных веществ и повышении устойчивости фитоценозов к биологическим инвазиям [1]. В связи с этим, для лучшего понимания современного состояния исчезающих видов, а также разработки стратегии их сохранения в дикой природе, необходимо комплексное изучение популяций, включающее не только оценку их численности, жизнеспособности и возрастной структуры, но и определение генетического разнообразия, от которого напрямую зависит возможность существования вида в долгосрочной перспективе [2]. Согласно одной из теорий, генетическое разнообразие популяций редких видов, ареал которых сокращается, существенно ниже широко распространенных ввиду ослабленного генетического обмена между отдельными островными популяциями и экстремальными экологическими условиями их существования [3, 4]. Таким образом, для оценки степени редкости уязвимых видов и лучшего понимания причин сокращения их численно-

сти, необходим сравнительный анализ генетической гетерогенности и структуры популяций видов различного географического распространения, степени редкости и фитоценотической приуроченности. Это позволит оценить перспективы состояния уязвимых видов во флоре Беларуси и предложить варианты стратегий их сохранения, адаптированных к региональным изменениям климата и тенденциям антропогенных воздействий на растительный покров.

Вышесказанным определяется актуальность и цель данной работы – выполнить сравнительный анализ генетического разнообразия популяций некоторых исчезающих видов аборигенной флоры Беларуси.

Материалы и методы исследования. В качестве объектов исследования выбраны охраняемые виды, имеющие на территории Беларуси различные особенности распространения, частоту встречаемости, численность, состояние популяций и, соответственно, различный охранный статус (таблица 1). В их числе *Cephalanthera longifolia* (L.) Fritsch, *Goodyera repens* (L.) R.Br., *Cypripedium calceolus* L., *Liparis loeselii* (L.) Rich. и *Lobelia dortmanna* L.

При выборе модельных популяций учитывали не только возможность равномерного охвата известных местообитаний вида в пределах территории Беларуси, но и их расположение в различных частях ареала, геоботанических подзонах и других природных районах (рисунок 1). Отбор образцов производили из 7 популяций *C. longifolia*, 8 популяций *G. repens*, 4 популяций *C. calceolus*, 6 популяций *L. loeselii*. и 4 популяций *L. dortmanna*.

Таблица 1. – Характеристика изучаемых видов

| Название вида | Категория охраны [5] | Степень уязвимости вида | Хорологические особенности (граница ареала) |
|--|----------------------|-------------------------|---|
| <i>Cephalanthera longifolia</i> (L.) Fritsch | III | уязвимый | северная |
| <i>Goodyera repens</i> (L.) R.Br. | проф. охрана | близкий к уязвимому | южная |
| <i>Cypripedium calceolus</i> L. | III | уязвимый | в пределах ареала |
| <i>Liparis loeselii</i> (L.) Rich | II | исчезающий | южная |
| <i>Lobelia dortmanna</i> L. | I | на грани исчезновения | изолированные локалитеты за южной границей |

Для проведения генетического анализа методом ПЦР с использованием молекулярных iPBS-маркеров отбирали молодые листья растений и высушивали их в силикагеле. ДНК выделяли с помощью набора реагентов «ДНК-Экстрэн-3» (Синтол). Качество и количество выделенной ДНК проверяли с помощью NanoPhotometer Pearl Implen GmbH (Мюнхен, Германия). В исследовании использовали 30 iPBS-праймеров [6] (таблица 2). Для каждого вида были подобраны подходящие маркеры на основе расчета значения PIC (мера информационного полиморфизма), а также способности маркера давать четко различимые фрагменты ДНК на электрофореze [7-10]. Для оценки генетического разнообразия отбирали маркеры со значением PIC > 0,1. ПЦР проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей 25–50 нг ДНК, 5 мкл готовой смеси для ПЦР ScreenMix (Евроген), 1 мМ праймера для 12–13 п.н. праймеров или 0,6 мМ для 18 п.н. праймеров, и воды.

Программа ПЦР состояла из 1 цикла при 95°C в течение 5 мин и 38 циклов при 95°C в течение 15 с, отжиг 50–65,2°C (в зависимости от праймера) в течение 60 с, элонгация 68°C в течение 90 с. Финальная элонгация проводилась при 72°C в течение 8 мин. Амплификацию проводили в программируемом терморегуляторе C1000 Touch Thermal Cycler (MJ Research Inc., Bio-Rad Laboratories, США). Электрофорез проводили при напряжении в 65V на протяжении 4,5 часов в 1,8% агарозном геле. Для окрашивания геля использовали бромид этидия в течение 30 минут, а визуализировали с использованием

системы UV Imager Gel Doc XR+ (Bio-Rad, США).

Для построения бинарных матриц на основе изображений электрофорезов использовалась программа PyElph 1.4. Все фрагменты ДНК, которые можно точно распознать, рассматривались как единичные доминантные локусы. Наличие или отсутствие фрагментов обозначали как «1» или «0» соответственно. Полученные данные в виде бинарной матрицы обрабатывали с помощью программы PopGene 1.31 для расчета следующих параметров, эффективное (N_e) и наблюдаемое число аллелей (N_a), информационный индекс Шеннона (I) генетическое разнообразие Нея (H_e) и поток генов среди популяций (N_m). Программу GenALEx 6.5 для MS Excel использовали при расчете величины информационного полиморфизма (PIC) и анализа молекулярной вариансы (AMOVA).

Результаты и их обсуждение. На основе данных, полученных с использованием молекулярных iPBS-маркеров, были рассчитаны средние значения следующих показателей, которые были предварительно установлены для каждой популяции изученных видов [9-11]: эффективное (N_e) и наблюдаемое число аллелей (N_a), информационный индекс Шеннона (I), генное разнообразие Нея (H_e).

Результаты выполненных исследований (рисунок 2) показывают, что значения анализируемых показателей (N_a , N_e , I и H_e) не коррелируют с частотой встречаемости, степенью редкости и охранным статусом изучаемых видов согласно Красной книге Республики Беларусь.

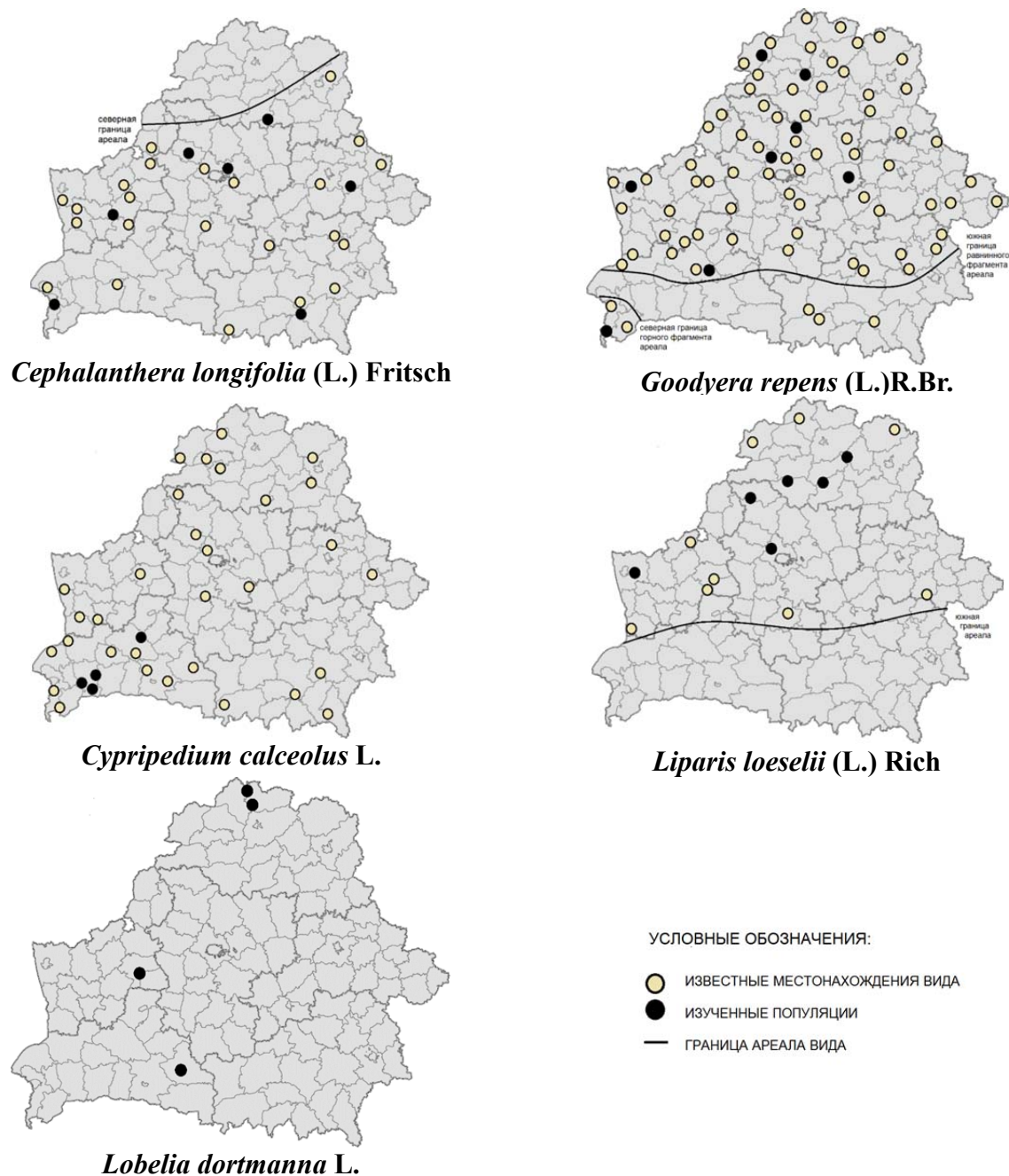


Рисунок 1 – Точки сбора образцов из популяций изученных видов

Самые высокие показатели генетического разнообразия N_a , N_e , I и H_e (1,409, 1,257, 0,221 и 0,148 соответственно) характерны для популяций *L. loeselii* – вида II охранной категории, статус которого определяется как исчезающий. Возможно, высокие показатели генетической гетерогенности изученных популяций данного вида могут быть объяснены его нередкой встречаемостью в пределах пе-

реходных болот северной части Беларуси, где вид находится в оптимальных климатических условиях. Однако необходимо учитывать, что у южной границы ареала (центральная часть Беларуси) *L. loeselii*, вероятно, исчез в виду климатических изменений и сукцессионных процессов, проявляющихся в зарастании открытых переходных болот.

Таблица 2. – iPBS-маркеры, подобранные для исследования генетического разнообразия видов

| Маркер | <i>C. longifolia</i> | <i>G. repens</i> | <i>C. calceolus</i> | <i>L. loeselii</i> | <i>L. dortmanna</i> |
|--------|----------------------|------------------|---------------------|--------------------|---------------------|
| 2074 | | | | | |
| 2389 | + | | | | |
| 2373 | | | | | + |
| 2277 | | | | | |
| 2376 | | | | | |
| 2375 | | + | + | | |
| 2377 | | + | | | |
| 2378 | | | | | |
| 2383 | | + | | | |
| 2374 | | | + | | |
| 2095 | | | | | |
| 2083 | | | | | |
| 2237 | | | | | |
| 2239 | | + | + | | |
| 2272 | + | | | | |
| 2077 | + | | | | |
| 2232 | | + | | | |
| 2390 | | + | + | | |
| 2273 | | + | | | |
| 2394 | + | | | | |
| 2220 | | | | | |
| 2242 | | + | | + | + |
| 2076 | + | + | + | + | + |
| 2271 | | | | + | + |
| 2415 | | | | | + |
| 2078 | | + | | | + |
| 2080 | | | | | + |
| 2081 | | + | | + | + |
| 2270 | + | | + | + | + |
| 2079 | | | | + | + |

Наименьшим уровнем генетического разнообразия, согласно показателям I и N_e (0,157 и 0,104 соответственно), обладает *C. calceolus*. Данный уязвимый вид встречается изредка по всей территории Беларуси и относится к III категории охраны. Полученные результаты объясняются тем, что в рамках исследования генетическое разнообразие определено только для 4 рядом расположенных полесских популяций. Соответственно, изучение большего количества популяций данного вида со всей территории Беларуси может показать более высокий уровень генетической гетерогенности. Низкие показатели генетического разнообразия популяций *C. longifolia* ($N_a = 1,293$, $N_e = 1,193$, $I = 0,162$ и

$N_e = 0,110$) хорошо согласуются с редкой встречаемостью вида и, соответственно, их изолированностью и малочисленностью. Достаточно высоким уровнем генетической гетерогенности выделяются популяции *G. repens* ($N_a = 1,351$, $N_e = 1,224$, $I = 0,192$ и $N_e = 0,129$).

Полученные данные соответствуют достаточно частой встречаемости этого вида в сосновых и еловых лесах северной и центральной частей Беларуси. Интересные результаты получены для *L. dortmanna*, которая относится к I категории охраны и известна только в 4 изолированных локалитетах.

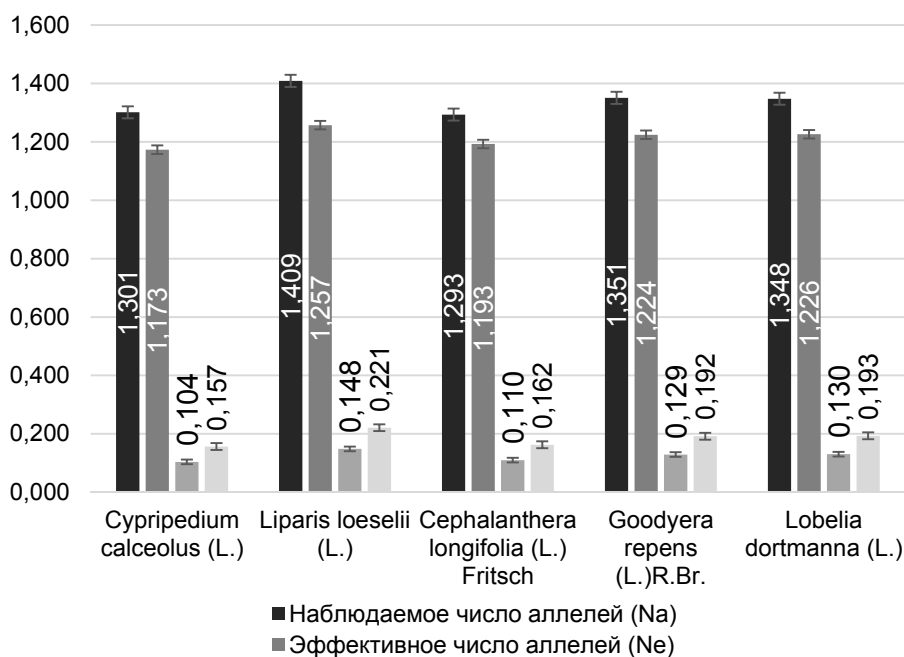


Рисунок 2. – Показатели генетического полиморфизма изученных видов

Изученные популяции вида выделяются довольно высокими показателями генетического разнообразия, а именно $N_a = 1,348$, $N_e = 1,226$, $I = 0,193$ и $H_e = 0,130$. Эти данные противоречат распространенной теории [3, 4], которая утверждает, что редкие виды обладают меньшим уровнем генетического разнообразия, чем широко распространенные.

Высокую информативность имеет сравнительный анализ распределения генетического разнообразия методом AMOVA, показывающий соотношение внутри- и межпопуляционного разнообразия изученных видов. У всех видов, кроме *L. Dortmanna*, большая доля генетического разнообразия обнаруживается внутри популяций (рисунок 3). Например, у *G. repens* самый высокий показатель внутрипопуляционной генетической изменчивости (79%), что согласуется с достаточно частой встречаемостью этого вида и, соответственно, возможностью перекрестного опыления. У *L. dortmanna* аналогичный показатель равен только 46%, что объясняется произрастанием этого вида в изолированных олиго-мезотрофных озерах южной, центральной и северной частей Беларуси, расстояние между которыми составляет 130 и 300 км соответственно. У *C. longifolia*, также выявлен достаточно высокий показатель

межпопуляционного генетического разнообразия (36%), что подтверждается изолированностью изученных популяций.

На генетическую дифференциацию популяций важное влияние оказывает интенсивность потока генов. Обычно считается, что когда $Nm > 1$, то поток генов может предотвратить снижение генетического разнообразия между популяциями, вызванного генетическим дрейфом [12]. Полученные значения потока генов (рисунок 4) сопоставимы с результатами распределения генетической изменчивости изученных видов (рисунок 3). Наименьший уровень потока генов (0,35) обнаружен для *L. dortmanna* – вида с наиболее изолированными популяциями. Самый высокий показатель (0,86) отмечен у *G. repens*. В целом полученные данные подтверждают уязвимость изученных видов, поскольку для каждого из них уровень потока генов существенно меньше единицы.

Таким образом, результаты популяционно-генетической оценки изученных видов по вышеописанным критериям согласуются с необходимостью их охраны на законодательном уровне.

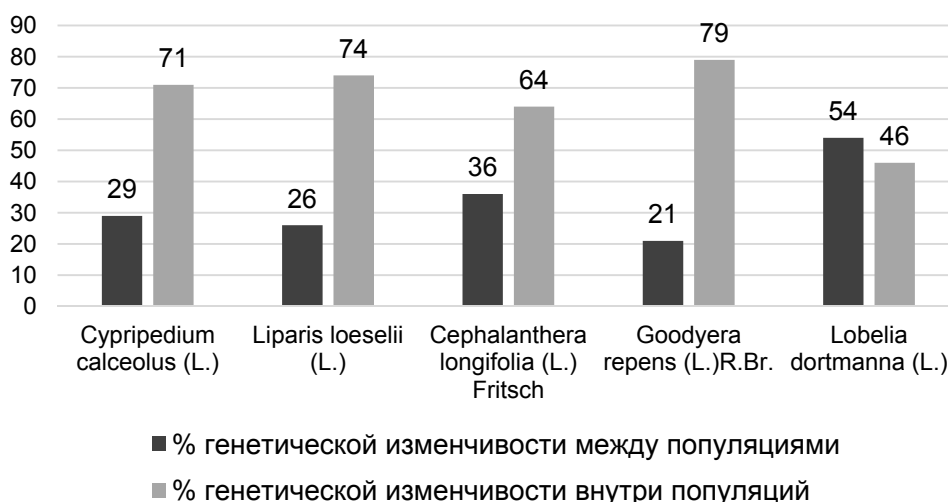


Рисунок 3. – Распределение генетического разнообразия изученных видов (%)

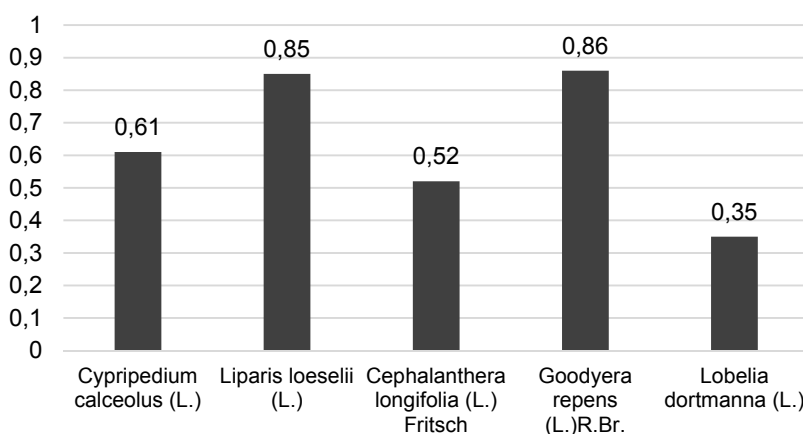


Рисунок 4. – Поток генов (Nm) между популяциями изученных видов

С учетом того, что для *G. repens* (вид, включенный в список профилактической охраны Красной книги Республики Беларусь) также выявлены невысокие показатели генетического разнообразия в сравнении с более редкими видами, необходима его более строгая охрана – присвоение охранной категории Красной книги.

Заключение. В результате проведенных исследований выявлены показатели генетического разнообразия белорусских популяций *C. longifolia*, *G. repens*, *C. calceolus*, *L. loeselii* и *L. dortmanna*.

В целом, полученные данные согласуются с частотой встречаемости, численностью и состоянием местообитаний изученных видов. В отдельных случаях для редких видов (*L. loeselii*) показатели генетического разнообра-

зия оказались выше, чем для видов с более частой встречаемостью (*C. calceolus*).

Данные анализа AMOVA, демонстрирующие распределение генетического разнообразия внутри и между популяциями, соответствует особенностям распространения видов на территории Беларуси, с чем связана географическая изоляция их местообитаний. Для всех изученных видов уровень потока генов оказался меньше единицы, что указывает на доминирующее влияние генетического дрейфа на генетическую структуру популяций.

Сравнительный анализ генетического разнообразия популяций некоторых редких видов аборигенной флоры Беларуси подтверждает их уязвимое положение и может рассматриваться как дополнительный критерий для оценки их охранного статуса и разработ-

ки стратегий сохранения в долгосрочной перспективе.

Список литературы

1. Eco-evolutionary causes and consequences of rarity in plants: a meta-analysis / J.N. Boyd [et al.] // *New Phytol.* – 2022. – № 235. – P. 1272–1286.
2. Reed, D. H. Correlation between fitness and genetic diversity / D.H. Reed, R. Frankham // *Conservation Biology.* – 2003. – Vol. 17, № 1. – P. 230–237.
3. Genetic Diversity and Population Structure of the Rare and Endangered Plant Species *Pulsatilla patens* (L.) Mill in East Central Europe / M. Szczecinska [et al.] // *PLoS ONE.* – 2016. – Vol. 11., № 3.
4. How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? / R. Leimu-Brown [et al.] // *Journal of Ecology.* – 2006. – Vol. 94 – P. 942–952
5. Красная книга Республики Беларусь. Растения: редкие и находящиеся под угрозой исчезновения виды дикорастущих растений / М-во природ. ресурс. и охран. окруж. среды Респ. Беларусь, Нац. акад. наук Беларуси ; гл. редкол.: Л. И. Хоружик (предс.) [и др.]. – 4-е изд. – Минск : Беларус. энцыкл. імя П. Броўкі, 2015. – 445 с.
6. IPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation / R. Kalendar [et al.] // *TAG Theor. Appl. Genet. Theor. Angew. Genet.* – 2010. – Vol. 121, № 8. – P. 1419–1430.
7. Самохвалова, Н. В. Подбор молекулярных маркеров iPBS для исследования генетического разнообразия популяций гудайеры голзучей (*Goodyera Repens* (L.) R.Br.) в Беларуси / Н. В. Самохвалова, Т. Г. Шлапакова, А. Н. Мялик // Мониторинг и охрана окружающей среды: сб. материалов Республик. науч.-практ. конф. студентов, магистрантов, аспирантов. (22 марта 2023, Брест, Беларусь) / Брест. гос. ун-т им. А. С. Пушкина ; редкол.: В. И. Бойко, Н. В. Шкуратова, М. В. Левковская. – Брест : БрГУ, 2023. – С. 160–162.
8. Самохвалова, Н. В. Подбор молекулярных iPBS маркеров для оценки генетического разнообразия популяций *Cephalanthera longifolia* (L.) Fritsch. в Беларуси / Н. В. Самохвалова, Т. Г. Шлапакова, А. Н. Мялик // Настоящее и будущее биотехнологии растений: материалы Междунар. науч. конф., посвященной 65-летию деятельности отдела биохимии и биотехнологии растений государственного научного учреждения «Центральный ботанический сад НАН Беларуси» (24 мая – 26 мая 2023, Минск, Беларусь). / Нац. акад. Наук Беларуси [и др.]. – Минск, 2023. – С. 91.
9. Samokhvalova, N. V. Genetic diversity of populations of the rare species *Cypripedium calceolus* L. in Belarus / N. V. Samokhvalova // *Innovative and Applied Research in Biology: collection of theses of the 79 Intern. scientific-practical conf.* / University of Latvia. – Latvia, 2021. – P. 42–49.
10. Оценка генетической изменчивости белорусских популяций Офрис насекомоносной (*Ophrys insectifera* L.) с использованием молекулярных iPBS-маркеров / Н. В. Самохвалова [и др.] // *Весті Нац. акад. навук Беларусі. Сер. біял. навук.* – 2021. – Т. 66., № 2. – С. 223–231.
11. Оценка генетической изменчивости популяций гудайеры ползучей (*Goodyera repens* (L.) R.Br.) в Беларуси с использованием молекулярных iPBS маркеров / Н. В. Самохвалова [и др.] // *Ботаника (исследования).* – 2023. – Вып. 52. – С. 28–37.
12. Analysis of genetic population structure and diversity in *Mallotus oblongifolius* using ISSR and SRAP markers / W. Yan [et al.] // *PeerJ.* – 2019. – Vol. 7 – P. e7173

References

1. Eco-evolutionary causes and consequences of rarity in plants: a meta-analysis. J.N. Boyd [et al.]. *New Phytol*, 2022, no 235, pp. 1272-1286.
2. Reed, D.H., R. Frankham. Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology*, 2003, vol. 17, no 1, pp 230-237.
3. Genetic Diversity and Population Structure of the Rare and Endangered Plant Species *Pulsatilla patens* (L.) Mill in East Central Europe. M. Szczecinska [et al.]. *PloS one*, 2016, vol. 11, no 3.
4. How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? R. Leimu-Brown [et al.].

- Journal of Ecology, 2006, vol. 94, pp. 942-952
5. *Krasnaya kniga Respubliki Belarus'. Rasteniya: redkiye i nakhodyashchiyesya pod ugrozoy ischeznoveniya vidy dikorastushchikh rasteniy* [Red Book of the Republic of Belarus. Plants: rare and endangered species of wild plants]. sub. general ed. L.I. Khoruzhik. Minsk, Belaruskaja encyclapedya, 2015, 445 p. (In Russian)
 6. iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation. R. Kalendar [et al.]. TAG Theor. Appl. Genet. Theor. Angew. Genet, 2010, vol. 121, no 8. pp. 1419–1430.
 7. Samokhvalova N.V., Shlapakova T.G., Myalik A.N. *Podbor molekulyarnykh markerov iPBS dlya issledovaniya geneticheskogo raznoobraziya populyacij gudajery polzuchej (Goodyera Repens (L.) R.Br.) v Belarusi* [Selection of iPBS molecular markers for the study of genetic diversity of *Goodyera Repens (L.) R.Br.* populations in Belarus]. *Monitoring i ohrana okruzhayushchej sredy: sbornik materialov Respublikanskoj nauchno-prakticheskoy konferencii studentov, magistrantov i aspirantov* [Monitoring and protection of the environment: collection of materials of the Republican scientific and practical conference of students, masters, and postgraduates]. Brest, 2023, pp. 160–162. (In Russian).
 8. Samokhvalova N.V., Shlapakova T.G., Myalik A.N. *Podbor molekulyarnykh iPBS markerov dlya ocenki geneticheskogo raznoobraziya populyacij Cephalanthera longifolia (L.) Fritsch. v Belarusi* [Selection of iPBS molecular markers for assessing the genetic diversity of *Cephalanthera longifolia (L.) Fritsch.* populations in Belarus]. *Nastoyashchee i budushchee biotekhnologii rastenij: materialy Mezhdunar. nauch. konf., posvyashchennoj 65-letiyu deyatel'nosti otdela biohimii i biotekhnologii rastenij gosudarstvennogo nauchnogo uchrezhdeniya «Central'nyj botanicheskij sad NAN Belarusi»* [The present and future of plant biotechnology: Proceedings of the International scientific conference dedicated to the 65th anniversary of the Department of Plant Biochemistry and Biotechnology of the State Scientific Institution "Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus"]. Minsk, 2023. pp. 91. (In Russian).
 9. Samokhvalova, N.V. Genetic diversity of populations of the rare species *Cypripedium calceolus L.* in Belarus. *Innovative and Applied Research in Biology: collection of theses of the 79 Intern. Scientific-practical conf. Latvia, 2022*, pp. 42-49.
 10. Samokhvalova N.V., Kruchonok A.V., Anoshenko B.Y., Titok V.V. *Ocenka geneticheskoy izmenchivosti belorusskikh populyacij Ofris nasekomonosnoj (Ophrys insectifera L.) s ispol'zovaniem molekulyarnykh iPBS-markerov* [Evaluation of genetic variability of Belarusian populations of *Ophrys insectifera L.* using molecular iPBS markers]. *Vesci Nacyyanal'naj akademii navuk Belarusi. Seryya biyalagicheskikh navuk* [News of the National Academy of Sciences of Belarus. Series of biological sciences.], 2021, vol. 66, no 2, pp. 223–231. (In Russian)
 11. Samokhvalova N.V. *Ocenka geneticheskoy izmenchivosti populyacij gudajery polzuchej (Goodyera repens (L.) R.Br.) v Belarusi s ispol'zovaniem molekulyarnykh iPBS markerov* [Evaluation of genetic variability of *Goodyera Repens (L.) R.Br.* populations in Belarus using molecular iPBS markers]. *Botanika (issledovaniya)* [Botany (research)], 2023, no. 52, pp. 28–37. (In Russian)
 12. Analysis of genetic population structure and diversity in *Mallotus oblongifolius* using ISSR and SRAP markers. W. Yan et al. *PeerJ*, 2019, vol. 7, pp. e7173

Received 30 August 2024