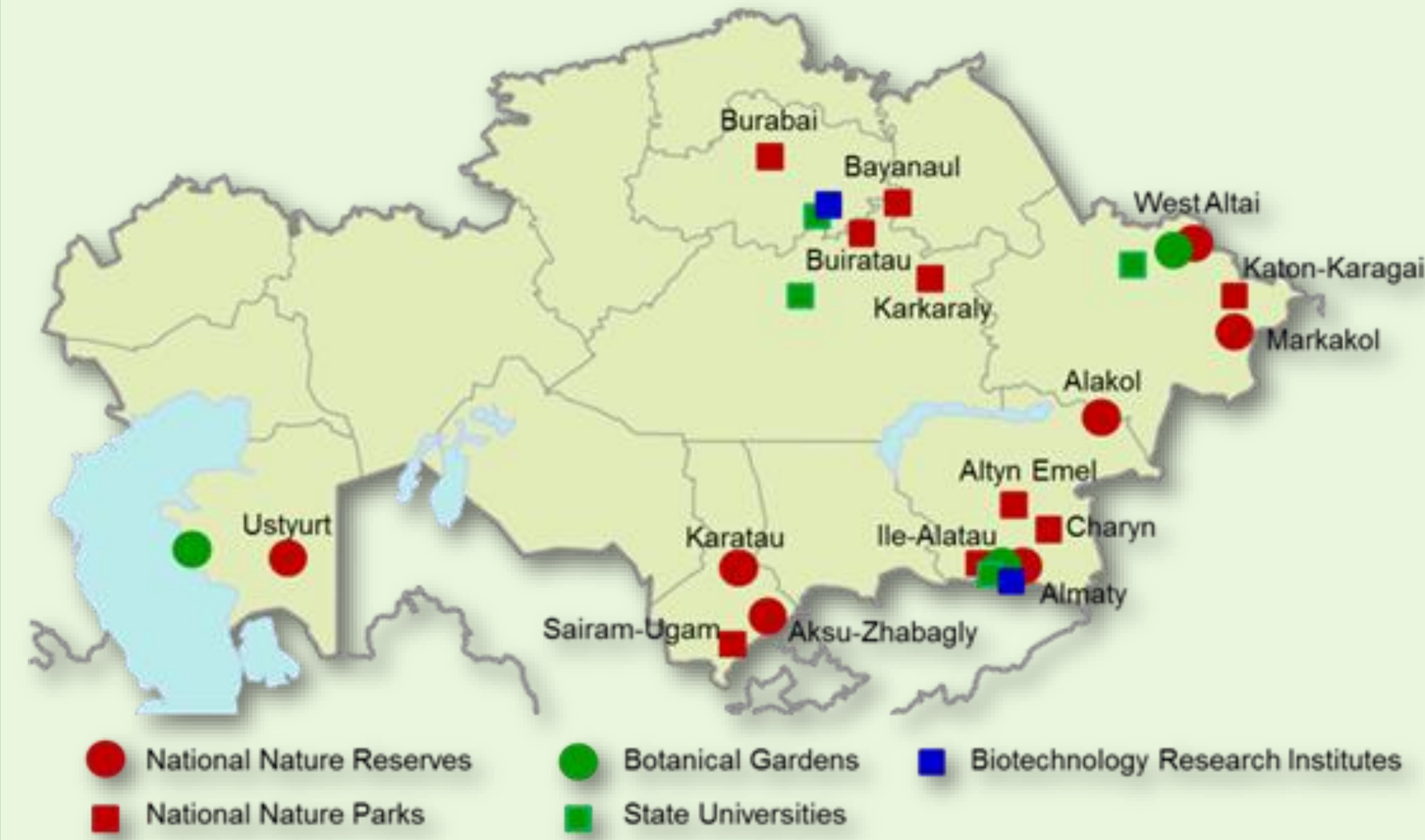


Цель: изучить генетическое разнообразие эндемичных, редких, исчезающих и дикорастущих хозяйственно-ценных видов растений Республики Казахстан на основе использования современных геномных технологий и биоинформатики.



В ходе выполнения Программы 0237/ПЦФ «Изучение генетического разнообразия и сохранение генетических ресурсов эндемичных, редких и хозяйственно ценных видов растений в Республике Казахстан» осуществлен сбор 841 популяции 502 эндемичных, редких, исчезающих и дикорастущих хозяйственно-ценных видов растений в Восточном, Центральном, Северном, Западном, Юго-восточном, и Южном Казахстане в 6 Государственных природных заповедниках и 9 Государственных национальных природных парках Республики Казахстан.



Для каждого собранного вида составлен референтный гербарий в 2-х экземплярах. Каждая точка сбора описана с помощью прибора глобального географического позиционирования (GPS).

Acknowledgements: The study was funded by the Ministry of Education and Sciences of the Republic of Kazakhstan for national program 0237/PTF and grant AP05131621.

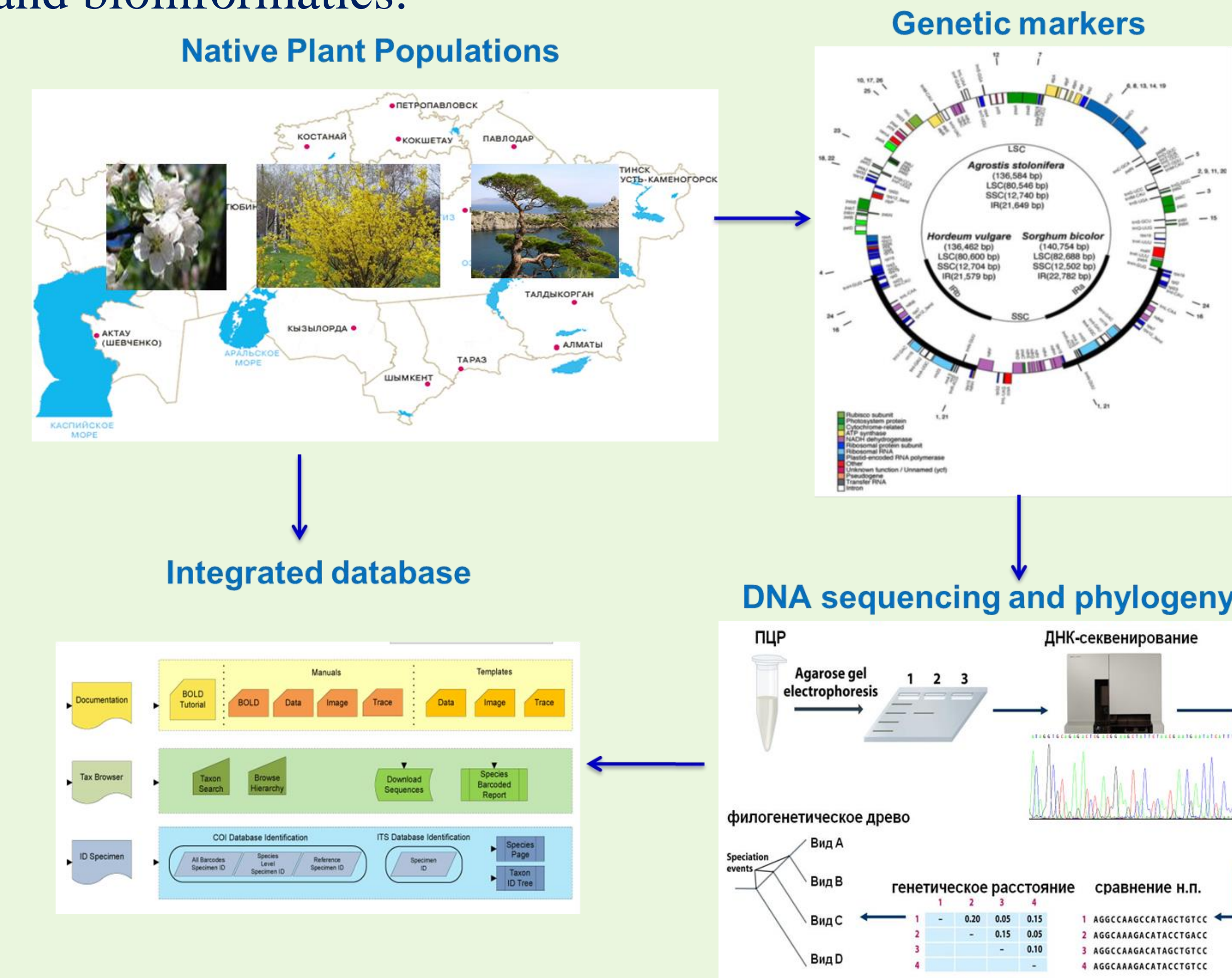
Contact: yerlant@yahoo.com

ДНК-баркодирование флоры Казахстана

DNA barcoding of flora from Kazakhstan

The research was conducted in the framework of the Program 0237/PTF (2015-2017) and grant AP05131621 (2018-2020) supported by the Ministry of Education and Sciences of the Republic of Kazakhstan.

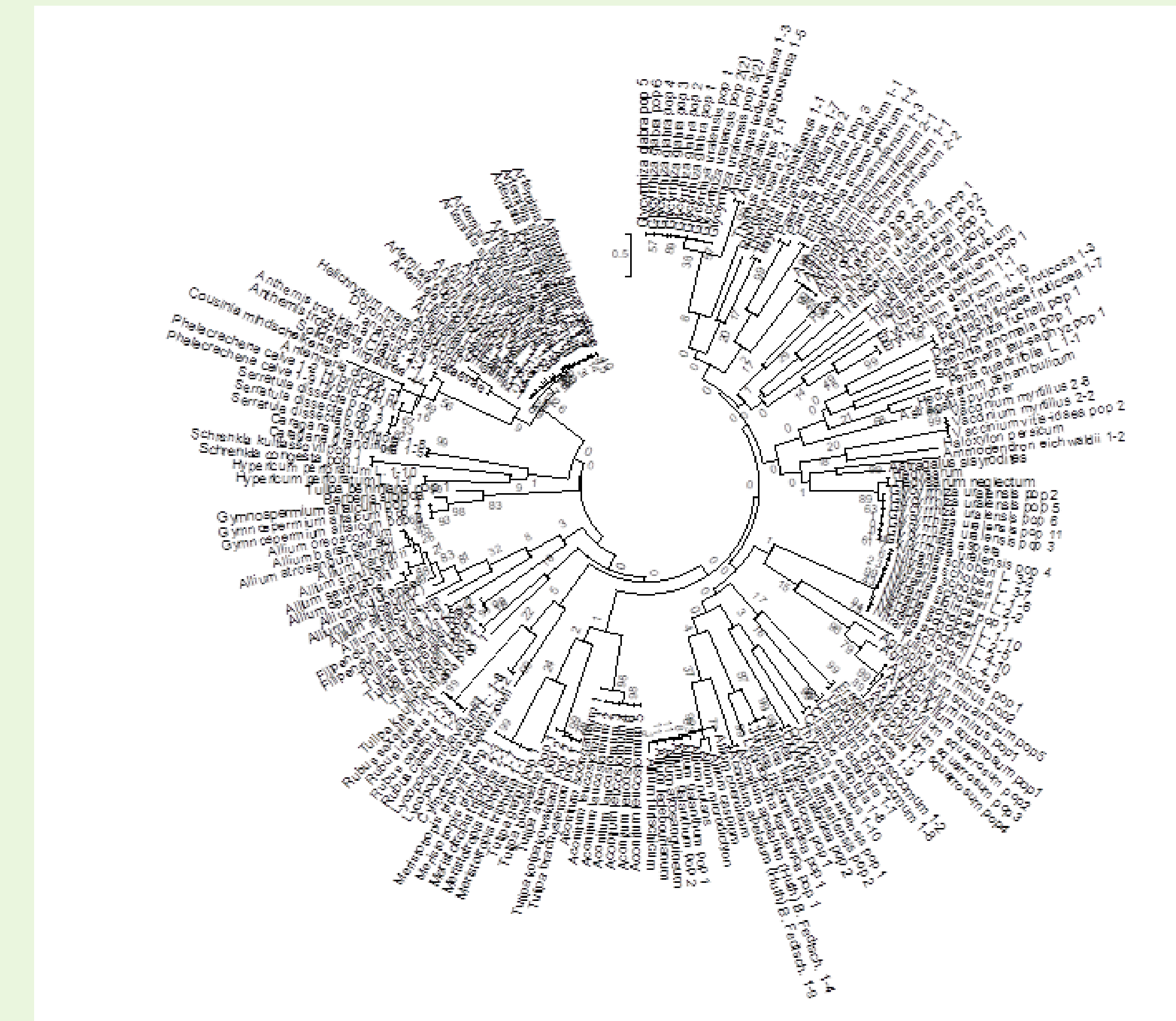
The purpose of the research is to study the genetic diversity of endemic, rare, endangered and wild-growing economically valuable plant species of the Republic of Kazakhstan on the basis of modern genomic technologies and bioinformatics.



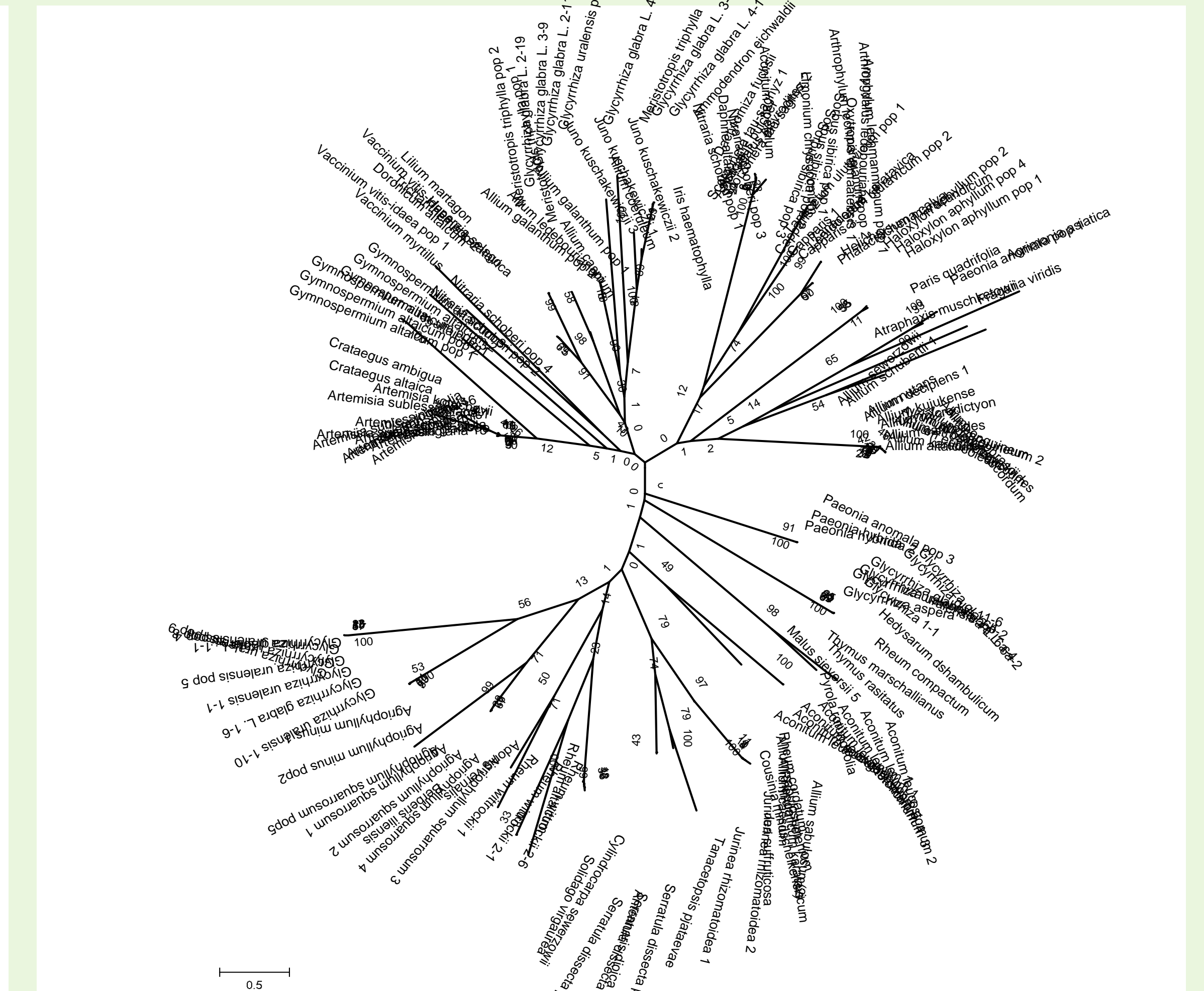
In the framework of the Program 0237/PTF «Genetic diversity and preservation of genetic resources of endemic, rare and industrially important plants in the Republic of Kazakhstan», 841 populations of 502 endemic, rare, endangered and wildy valuable plant species were collected in 6 State National Reserves and 9 State National Nature Parks in the Eastern, Central, Northern, Western, Southeast, and Southern Kazakhstan.

Образцы растений 841 популяций 502 видов были использованы для выделения и очистки ДНК. Поскольку каждая популяция была представлена минимум 10 растениями, всего было выделено > 1000 образцов ДНК. Выделенные и очищенные образцы пополнили ДНК-банк флоры Казахстана и были использованы для ДНК-генотипирования с применением маркеров ядерного (ITS) и хлоропластного (*matK* и *rbcL*) геномов.

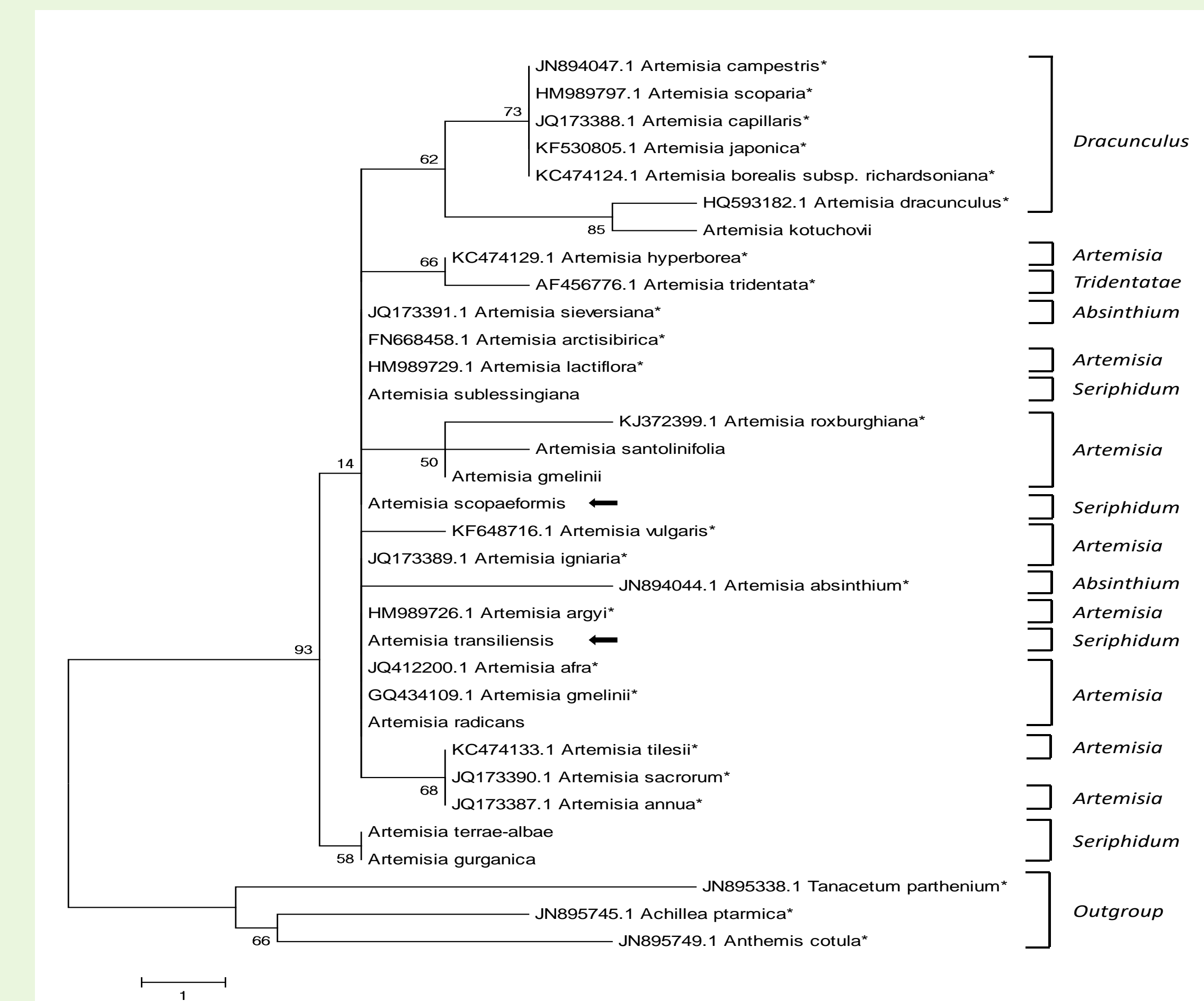
Plant samples of 841 populations of 502 species were used to isolate and purify DNA. Since each population was represented by at least 10 plants, a total more than 1000 DNA samples were isolated. The isolated and purified samples replenished the DNA bank of the flora of Kazakhstan and were used for DNA genotyping using nuclear (ITS) and chloroplast (*matK* and *rbcL*) genomes markers.



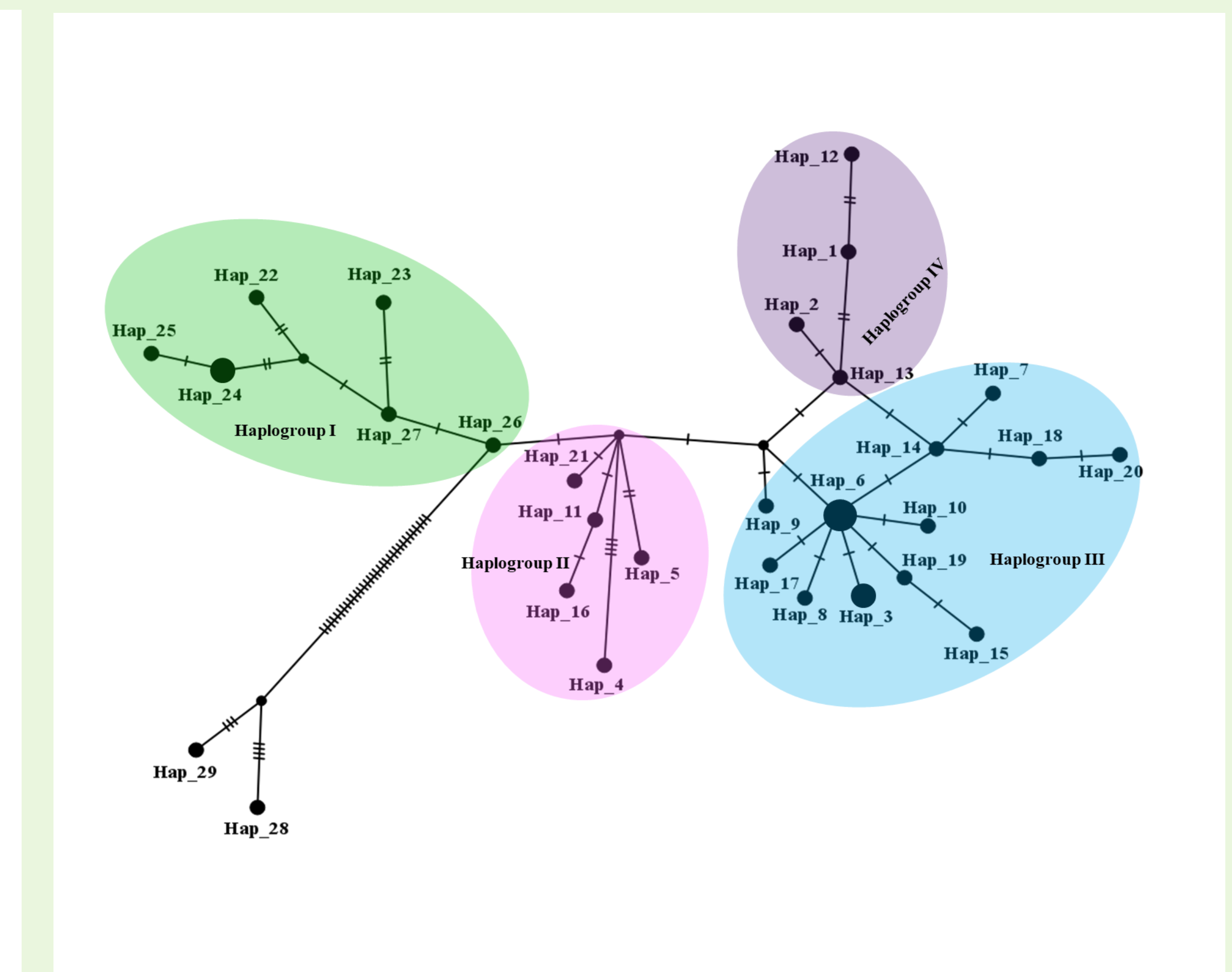
Филогенетическое дерево изученных видов флоры Казахстана, построенное на основе использования маркера ITS (ядерный геном) и метода Neighbor Joining



Филогенетическое дерево изученных видов флоры Казахстана, построенное на основе использования маркера *matK* (хлоропластный геном) и метода Neighbor Joining



Филогенетическое дерево видов *Artemisia* построенное на основе использования маркера *matK* и метода Maximum Parsimony

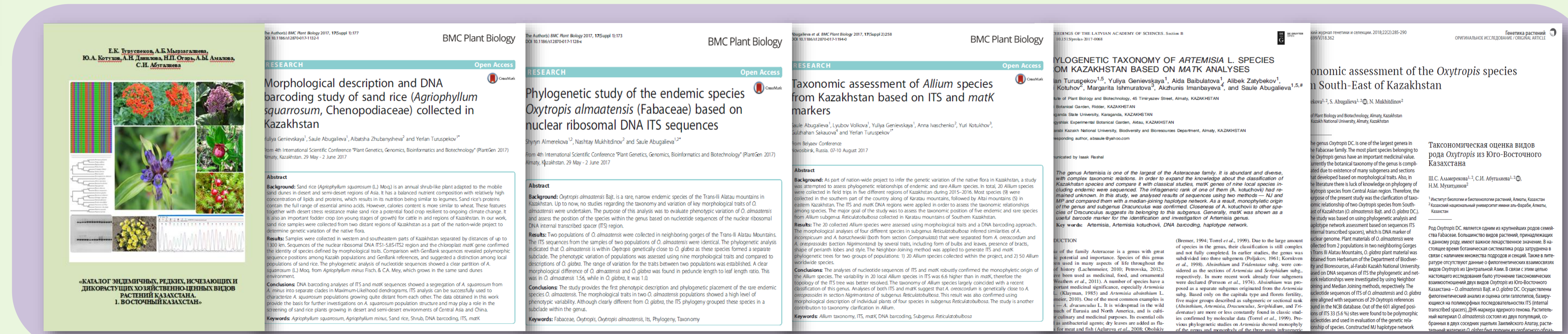


Median-joining сеть гаплотипов видов *Oxytropis* и смежной группы на основе ITS

- Собрано 841 популяций 502 видов растений (214 родов, 75 семейств) в 2015-2017 гг.
- Для каждого собранного вида составлен референтный гербарий в 2-х экземплярах.
- Образцы растений 841 популяций 502 видов были использованы для выделения и очистки ДНК.
- В результате исследований были выделены наиболее информативные ДНК-маркеры – ITS, *matK* и *rbcL*.
- Нуклеотидные последовательности депонированы в международную базу данных NCBI.
- Маркеры ДНК-баркодирования могут быть успешно использованы (1) в таксономии видов растений и (2) правильной идентификации лекарственных растений.

- Samples from 818 populations of 502 species (214 genus, 75 family) were collected in 2015-2017 .
- For each collected species, a reference herbarium was compiled in duplicate.
- Plant samples of 841 populations of 502 species were used to isolate and purify DNA.
- Three DNA markers of nuclear and chloroplast genomes were selected for DNA barcoding of flora species - ITS, *matK* and *rbcL*.
- The nucleotide sequences were deposited into the NCBI database.
- DNA barcoding markers can be successfully used (1) in taxonomy of plant species and (2) correct identification of medicinal plants.

Публикации Программы / Publications of the Program (2017-2018):



For each collected species, a reference herbarium was compiled in duplicate. Each collection point is described using a global geographical positioning device (GPS).