ISSN 1561-8323 (Print)
ISSN 2524-2431 (Online)

## *БИОЛОГИЯ*

## *BIOLOGY*

УДК 575.852’113:575.858
https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-5-383-389

Поступило в редакцию 07.07.2026
Received 07.07.2026

**А. Н. Верчук, академик А. В. Кильчевский**

*Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь*
*ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь*

# СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ЭФФЕКТИВНОСТИ ДНК-МАРКЕРОВ ДЛЯ ВИДОВОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ РАСТЕНИЙ РОДА БЕРЕЗА (*BETULA*)

**Аннотация.** Проведена сравнительная оценка разрешающей способности хлоропластных (*rbcL*, *psbA-trnH*, *matK*) и ядерных (*ITS1*, *ITS2*) молекулярных маркеров для видовой идентификации представителей рода *Betula*. Показано, что хлоропластные последовательности характеризуются низкой вариабельностью, причем наихудший результат получен для *rbcL*. Напротив, маркеры ITS-региона обладают значительно более высокой дифференцирующей способностью. *ITS2* продемонстрировал потенциал для определения десяти видов (от 61,7 до 93,1 %), тогда как наилучшие показатели были выявлены для *ITS1*: наибольшее количество достоверно определяемых видов (5 видов с эффективностью 100 % и 11 – выше 65 %), индекс баркодирования для него достиг максимального среди всех исследованных маркеров значения (6,04), а доля пар с перекрытием внутривидовой и межвидовой изменчивости оказалась наименьшей (26,66 %). Совокупность полученных данных позволяет рассматривать *ITS1* в качестве наиболее надежного молекулярного маркера для идентификации видов рода *Betula*.

**Ключевые слова:** видовая идентификация, род *Betula*, ДНК-штрихкодирование, ядерные маркеры, хлоропластные маркеры, криминалистика

**Для цитирования.** Верчук, А. Н. Сравнительный анализ эффективности ДНК-маркеров для видовой идентификации растений рода Береза (*Betula*) / А. Н. Верчук, А. В. Кильчевский // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2026. – Т. 70, № 5. – С. 383–389. https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-5-383-389

**Aleksey N. Viarchuk, Academician Alexander V. Kilchevsky**

*Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus*
*27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus*

# COMPARATIVE ANALYSIS OF THE EFFICIENCY OF DNA MARKERS FOR SPECIES IDENTIFICATION OF PLANTS OF THE GENUS *BETULA*

**Abstract.** A comparative assessment of the resolving power of chloroplast (*rbcL*, *psbA-trnH*, *matK*) and nuclear (*ITS1*, *ITS2*) molecular markers for species identification of representatives of the genus *Betula* was performed. It was shown that chloroplast sequences are characterized by low variability, with the poorest performance obtained for *rbcL*. In contrast, markers of the ITS region possess significantly higher discriminatory power. *ITS2* demonstrated potential for the identification of ten species (ranging from 61.7 to 93.1 %), whereas the best performance was revealed for *ITS1*: the highest number of reliably identified species (five species with 100 % efficiency and eleven above 65 %), the barcoding index reached its maximum among all markers studied (6.04), and the proportion of overlapping intra- and interspecific variability pairs was the lowest (26.66 %). Taken together, the data support *ITS1* as the most reliable molecular marker for identification of species of the genus *Betula*.

**Keywords:** species identification, genus *Betula*, DNA barcoding, nuclear markers, chloroplast markers, forensics

**For citation.** Viarchuk A. N., Kilchevsky A. V. Comparative analysis of the efficiency of DNA markers for species identification of plants of the genus *Betula*. *Doklady Natsional’noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2026, vol. 70, no. 5, pp. 383–389 (in Russian). https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-5-383-389

© Верчук А. Н., Кильчевский А. В., 2026

**Введение.** Род Береза (*Betula*) широко представлен в пределах северного полушария. Его представители произрастают на территории Европы, Азии, Африки и Северной Америки, формируя один из крупнейших родов лиственных древесных растений, насчитывающий свыше 60 видов [1]. На территории Республики Беларусь род *Betula* занимает ведущие позиции в структуре лесного фонда, составляя порядка 23,5 % лесопокрытой площади [2]. Местная флора включает три аборигенных вида: *B. pendula*, *B. pubescens* и *B. nana*. Необходимо принимать во внимание, что виды *Betula* активно используются в практике озеленения, что может способствовать интродукции значительного числа несвойственных видов березы для территории Республики Беларусь [3].

Видовая идентификация представителей рода *Betula* нередко сопряжена с трудностями, обусловленными высокой фенотипической пластичностью [4], а недостаточная разрешающая способность традиционных морфологических подходов диктует необходимость разработки новых методов для более точного определения видов растений [5].

В последние годы молекулярные подходы к видовой идентификации получили широкое распространение в прикладных областях, включая криминалистику [6]. Наибольший интерес в данном контексте представляют методы, основанные на анализе ДНК, способные обеспечить надежную дифференциацию видов *Betula*. Одним из таких методов выступает ДНК-штрихкодирование (ДНК-баркодирование, англ. DNA barcoding) [7]. По этой причине нами проведен сравнительный анализ эффективности основных молекулярных маркеров, рекомендованных международной организацией International Barcode of Life [8]. Цель исследования заключалась в определении информативности маркеров ДНК-штрихкодирования для дифференциации различных видов березы.

**Материалы и методы исследования.** Оценка эффективности дифференциации представителей видов рода *Betula* была проведена с помощью биоинформатического и статистического анализа хлоропластных (*rbcL*, *psbA-trnH*, *matK*) и ядерных (*ITS1*, *ITS2*) маркеров ДНК-штрихкодирования.

Для выделения ДНК использовали набор ReliaPrep™ FFPE gDNA Miniprep System (Promega, США) и фенол-хлороформную экстракцию [9]. Амплификацию ДНК-штрихкодов проводили с помощью праймеров, нуклеотидные последовательности которых указаны в табл. 1. Для расширения выборки по исследуемым маркерам были загружены нуклеотидные последовательности из базы данных Национального центра биотехнологической информации (NCBI, National Center for Biotechnology Information). Краткая характеристика сформированных выборок по каждому исследуемому маркеру представлена в табл. 1.

Т а б л и ц а 1. **Характеристика исследуемой выборки и последовательности праймеров, применяемых в исследовании**

T a b l e 1. **Characteristics of the study sample and primer sequences used in the study**

| Маркер<br>Marker | Используемые праймеры 5′ > 3′<br>Primers used 5′ > 3′ | Кол-во собственных последовательностей<br>Number of in-house sequences | Последовательности из NCBI<br>NCBI sequences | Кол-во анализируемых видов *Betula*<br>Number of *Betula* species analyzed |
|---|---|---|---|---|
| *rbcL* | F:ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGC<br>R:GTAAAATCAAGTCCACCGCG | 41 | 147 | 23 |
| *psbA-trnH* | F:GTTATGCATGAACGTAATGCTC<br>R:CGCGCATGGTGGATTCACAATCC | 41 | 457 | 18 |
| *matK* | F:TAATTTACGATCAATTCATTCA<br>R:ACAAGAAAGTCGAAGTAT | 41 | 136 | 21 |
| *ITS1* | | – | 203 | 39 |
| *ITS2* | F:ATGCGATACTTGGTGTGAAT<br>R:GACGCTTCTCCAGACTACAAT | 52 | 131 | 17 |

Статистический анализ был проведен с использованием программы MEGA X v.10.2.4. Для оценки значимости вариабельных сайтов (SNV), а также возможности классификации видов по исследуемым маркерам использовали модель случайного леса (Ramdom Forest) – совокупность деревьев решений для многоклассовой классификации, реализованная в Python v.3.0.

**Результаты и их обсуждение.** Маркер *rbcL* продемонстрировал крайне низкую вариабельность (табл. 2). Внутривидовой полиморфизм отсутствовал у *B. nana* и *B. pubescens* (0,0) и был минимален у *B. pendula* (0,00020). Межвидовые дистанции также оказались очень малы (0,00000–0,00010), что свидетельствует о непригодности *rbcL* для надежной дифференциации исследованных видов березы.

Т а б л и ц а 2. **Значения внутривидовой и межвидовой генетической дистанции для аборигенных видов березы Республики Беларусь**

T a b l e 2. **Intra- and interspecific Kimura 2-parameter (K2P) genetic distances among native birch species of the Republic of Belarus**

| Вид<br>Type | *B. nana* | *B. pubescens* | *B. pendula* |
|---|---|---|---|
| *rbcL* | | | |
| Кол-во образцов | *n* = 18 | *n* = 10 | *n* = 55 |
| *B. nana* | 0 ± 0 | 0,00000* | 0,00006* |
| *B. pubescens* | 0,00000 | 0 ± 0 | 0,00006* |
| *B. pendula* | 0,00010 | 0,00010 | 0,00020 ± 0,00011 |
| *psbA-trnH* | | | |
| Кол-во образцов | *n* = 11 | *n* = 4 | *n* = 48 |
| *B. nana* | 0 ± 0 | 0,00150* | 0,00042* |
| *B. pubescens* | 0,00180 | 0,00365 ± 0,00264 | 0,00156* |
| *B. pendula* | 0,00075 | 0,00255 | 0,00146 ± 0,00081 |
| *matK* | | | |
| Кол-во образцов | *n* = 9 | *n* = 10 | *n* = 61 |
| *B. nana* | 0,00032 ± 0,00032 | 0,00099* | 0,00038* |
| *B. pubescens* | 0,00094 | 0,00068 ± 0,00068 | 0,00095* |
| *B. pendula* | 0,00048 | 0,00102 | 0,00068 ± 0,00044 |
| *ITS2* | | | |
| Кол-во образцов | *n* = 13 | *n* = 20 | *n* = 51 |
| *B. nana* | 0,00165 ± 0,00077 | 0,00040* | 0,00048* |
| *B. pubescens* | 0,00097 | 0 ± 0 | 0,00025* |
| *B. pendula* | 0,00125 | 0,00029 | 0,00054 ± 0,00047 |
| *ITS1* | | | |
| Кол-во образцов | *n* = 5 | *n* = 15 | *n* = 22 |
| *B. nana* | 0 ± 0 | 0,00075* | 0,00084* |
| *B. pubescens* | 0,00075 | 0 ± 0 | 0,00034* |
| *B. pendula* | 0,00144 | 0,00069 | 0,00116 ± 0,00067 |

П р и м е ч а н и е: * – S. E. межвидовой дистанции.
N o t e: * – S. E. of interspecific distance.

Спейсер *psbA-trnH* оказался более вариабельным по сравнению с *rbcL*. Наибольшее внутривидовое разнообразие отмечено у *B. pubescens* (0,00365), наименьшее – у *B. nana* (0,0). Межвидовые генетические дистанции варьировали в диапазоне от 0,00075 до 0,00255, что указывает на несколько лучшую по сравнению с *rbcL*, но все же ограниченную разрешающую способность в отношении близкородственных видов.

Маркер *matK* показал сходный с *psbA-trnH* уровень информативности. Внутривидовые дистанции колебались от 0,00032 до 0,00068. Межвидовые различия были существенными (от 0,00048 до 0,00102), но значения внутривидовых и межвидовых дистанций перекрывались, поэтому надежно разграничить виды по этому маркеру не удалось.

Ядерный маркер *ITS2* продемонстрировал неоднородную картину. Внутривидовой полиморфизм у *B. pubescens* полностью отсутствовал (0,0), в то время как у *B. nana* он был максимальным среди всех проанализированных локусов (0,00165). Межвидовые дистанции в целом были невелики (0,00029–0,00125), что ограничивает дифференцирующий потенциал этого спейсера для данной группы видов.

Ядерный маркер *ITS1* характеризовался неоднородной внутривидовой изменчивостью: у *B. nana* и *B. pubescens* полиморфизм полностью отсутствовал (0,0), тогда как у *B. pendula* был зафикси-

рован показатель внутривидовой дистанции, равный 0,00116. Межвидовые генетические дистанции при этом оказались низкими и сопоставимыми у всех трех пар видов (от 0,00069 до 0,00144).

Для проведения более обширного исследования выборка была значительно расширена путем включения дополнительных последовательностей из NCBI (табл. 1). Это дало возможность охватить все видовое разнообразие рода *Betula*, представленное как собственными ДНК-штрихкодами, так и последовательностями из базы данных NCBI, и сформировать полные выборки, на которых был выполнен дальнейший анализ.

Сравнительный анализ внутривидовой генетической изменчивости трех хлоропластных маркеров продемонстрировал их существенную неоднородность по уровню вариабельности. Наименьший диапазон значений зафиксирован для *rbcL*: внутривидовая дистанция находилась в пределах 0–0,00365 при среднем показателе 0,00052. Наибольшей изменчивостью отличался маркер *psbA-trnH*, для которого диапазон внутривидовых дистанций составил 0–0,01554, а среднее значение достигло 0,00374; при этом более чем у половины видов данный показатель превышал 0,002. Промежуточное положение занял маркер *matK*, продемонстрировавший умеренную вариабельность: внутривидовые дистанции варьировали в границах 0–0,00367, а среднее значение составило 0,00115.

Оценка внутривидового полиморфизма ядерных маркеров выявила следующие закономерности. Для *ITS2* диапазон значений охватывал интервал 0–0,00466 при среднем показателе 0,00134. Маркер *ITS1* характеризовался более широким диапазоном изменчивости – от 0 до 0,00858. Средняя внутривидовая дистанция для *ITS1*, рассчитанная по всей совокупности исследованных видов, составила 0,00142.

Анализ межвидовых генетических дистанций показал принципиальные различия между хлоропластными и ядерными локусами по доле видовых пар, для которых межвидовая дистанция оказалась равной нулю либо не превышала уровень внутривидовой изменчивости. Для хлоропластных маркеров этот процент был значительно выше. Наиболее слабую дифференцирующую способность продемонстрировал *rbcL*: у 92,09 % пар межвидовое расстояние не превышало внутривидовое, причем в 41,50 % случаев оно было нулевым. Для маркеров *psbA-trnH* и *matK* доля видовых пар с перекрытием внутривидовых и межвидовых дистанций составила 54,25 и 57,14 % соответственно, а доля нулевых межвидовых расстояний была существенно ниже (6,54 и 4,76 %), что указывает на лучшую, но все же недостаточно высокую разрешающую способность этих маркеров относительно *rbcL*.

Среди ядерных локусов наименьший процент проблемных пар зафиксирован для *ITS1* (26,66 %), что почти вдвое ниже, чем у *ITS2* (46,32 %). При этом обращает на себя внимание относительно высокая доля нулевых межвидовых дистанций у *ITS1* (10,88 %), что выше, чем у *ITS2* (7,35 %), указывающая на неравномерность его дискриминирующей способности для разных групп видов.

Обобщающим показателем эффективности ДНК-штрихкодирования служит индекс баркодирования, отражающий отношение межвидовой дистанции к внутривидовой. Максимальное значение индекса получено для *ITS1* (6,04), что почти втрое превышает показатели ближайших маркеров – *psbA-trnH* (2,33), *ITS2* (2,14) и *matK* (1,77). Минимальный индекс, ожидаемо, принадлежит *rbcL* (1,21). Таким образом, совокупность представленных данных прямо указывает на недостаточную разрешающую способность всех трех хлоропластных маркеров для надежной видовой идентификации представителей рода *Betula*, в то время как ядерный локус *ITS1* демонстрирует наиболее обнадеживающие, хотя и не идеальные результаты.

Несмотря на ограниченную дифференцирующую способность проанализированных маркеров, в их нуклеотидных последовательностях присутствуют однонуклеотидные варианты (SNV, Single Nucleotide Variant), потенциально пригодные для видовой идентификации представителей рода *Betula*. Анализ таких вариабельных сайтов дает возможность более детально оценить реальную дискриминирующую силу каждого маркера, поскольку учитывает не усредненные дистанции, а конкретные диагностические позиции. Для интегральной оценки информативности полных последовательностей маркеров был применен метод деревьев решений. Эффективность классификации оценивали с использованием стандартного показателя $F_1$-score [10]. Такой подход позволил сопоставить маркеры не только по наличию вариабельных сайтов, но и по их практической способности корректно разделять виды в рамках межвидовой дифференциации.

Анализ вклада вариабельных сайтов в дифференциацию полной выборки видов рода *Betula* показал следующее. Из 18 вариабельных сайтов маркера *rbcL* только 8 вносили вклад в дифференциацию видов рода *Betula*, остальные оказались незначимы. Для маркера *psbA-trnH* основной вклад (66,66 %) обеспечили два вариабельных сайта; из 19 сайтов лишь 2 были незначимы. Для маркера *matK* значимый вклад показал 21 сайт из 29. Ядерные маркеры были более вариабельны: *ITS2* (40 значимых сайтов из 41) и *ITS1* (41 значимый сайт из 46).

Анализ информативности полных нуклеотидных последовательностей (табл. 3) подтвердил крайне низкую дифференцирующую способность хлоропластного маркера *rbcL*: исключение составила лишь *B. pendula* ($F_1$ = 0,468), тогда как для всех прочих видов показатель упал до нуля. Несколько лучшие, но все же ограниченные результаты продемонстрировал *psbA-trnH*: безошибочная идентификация ($F_1$ = 1) оказалась возможной лишь для двух видов – *B. ermanii* и *B. luminifera*, еще пять видов распознавались с умеренной эффективностью, а *B. nana* и *B. pubescens* не идентифицировались вовсе. Маркер *matK* сработал только для 7 видов, причем максимальное значение $F_1$, зафиксированное у *B. pendula*, не превысило 0,588.

Т а б л и ц а 3. **Разрешающая способность маркеров в дифференциации видов березы и рекомендуемые комбинации для идентификации**

T a b l e 3. **Resolving power of markers for discrimination of birch species and recommended marker combinations for identification**

| Вид<br>Type | Маркеры<br>Markers | | | | | Рекомендации применения маркеров (вероятность идентификации в %)<br>Recommendations for marker use (identification probability in %) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | *ITS1* (%) | *ITS2* (%) | *rbcL* (%) | *matK* (%) | *psbA-trnH* (%) | |
| *B. pendula* | 89,8 | 93,1 | 46,8 | 58,8 | 48,1 | *ITS1* + *ITS2* (99,3) |
| *B. pubescens* | 91,8 | 88,6 | ** | 2,2 | ** | *ITS1* + *ITS2* (99,1) |
| *B. nana* | 30,0 | 64,2 | ** | 26,7 | ** | *ITS1* + *ITS2* (74,9) |
| *B. nigra* | 100 | * | * | 50,0 | * | *ITS1* (100) |
| *B. lenta* | 90,0 | ** | ** | 30,0 | 81,6 | *ITS1* + *psbA* (98,2) |
| *B. alleghaniensis* | 83,3 | 66,7 | ** | 23,4 | 60,8 | *ITS1* + *ITS2* (94,4) |
| *B. papyrifera* | 55,0 | * | ** | 12,7 | 2,0 | *ITS1* + *matK (*60,7) |
| *B. ermanii* | 44,7 | 61,7 | ** | ** | 100 | *ITS1* + *ITS2* (78,8)<br>*psbA* (100) |
| *B. luminifera* | 53,3 | 62,7 | ** | ** | 100 | *ITS1* + *ITS2* (82,6)<br>*psbA* (100) |
| *B. alnoides* | 88,4 | 81,0 | ** | ** | 60,0 | *ITS1* + *ITS2* (97,8) |
| *B. utilis* | ** | 63,7 | ** | ** | 50,0 | *ITS2* + *psbA* (81,9) |
| *B. schmidtii* | 100 | * | * | * | * | *ITS1* (100) |
| *B. chichibuensis* | 100 | * | * | * | * | *ITS1* (100) |
| *B. delavayi* | 100 | * | * | * | * | *ITS1* (100) |
| *B. grossa* | 100 | ** | * | * | * | *ITS1* (100) |
| *B. medwediewii* | 90,0 | * | ** | ** | * | *ITS1* (90,0) |
| *B. maximowicziana* | 86,7 | ** | ** | ** | ** | *ITS1* (86,7) |
| *B. globispica* | 86,7 | 73,3 | * | * | * | *ITS1* + *ITS2* (96,5) |
| *B. occidentalis* | 71,7 | * | ** | ** | * | *ITS1* (71,7) |
| *B. costata* | 68,3 | 13,0 | ** | ** | ** | *ITS1* + *ITS2* (72,4) |
| *B. davurica* | 65,0 | 66,7 | ** | ** | ** | *ITS1* + *ITS2* (88,4) |
| *B. apoiensis* | 47,0 | * | * | * | * | *ITS1* (47,0) |
| *B. pumila* | * | * | ** | ** | * | Маркеры не информативны |
| *B. occidentalis* | * | * | ** | ** | * | Маркеры не информативны |
| *B. fruticosa* | * | * | * | ** | * | Маркеры не информативны |
| *B. cordifolia* | * | * | ** | * | ** | Маркеры не информативны |
| *B. ashburneri* | 2,4 | * | * | * | * | Маркеры не информативны |
| *B. chinensis* | ** | * | * | * | * | Маркеры не информативны |
| *B. tianschanica* | * | ** | * | * | * | Маркеры не информативны |

П р и м е ч а н и я: * – недостаточно данных для анализа с помощью модели Ramdom Forest; ** – маркер не информативен для видовой идентификации.

N o t e s: * – insufficient data for analysis using the Random Forest model; ** – marker not informative for species identification.

На этом фоне выгодно выделялись ядерные локусы. *ITS2* продемонстрировал потенциал к дифференциации для 10 видов в диапазоне $F_1$ от 0,617 (*B. ermanii*) до 0,931 (*B. pendula*), включая *B. pubescens* (0,886) и *B. nana* (0,642). Наивысшую же результативность обеспечил *ITS1*, показавший максимальные значения показателей среди всех протестированных маркеров. Пять видов (*B. schmidtii*, *B. chichibuensis*, *B. nigra*, *B. delavayi* и *B. grossa*) идентифицировались безошибочно; еще 11 таксонов, в том числе *B. pendula* (0,898) и *B. pubescens* (0,918), распознавались с эффективностью выше 0,65. Даже для трудно дифференцируемой *B. nana* показатель составил 0,30 – выше, чем у любого из хлоропластных маркеров. Таким образом, *ITS1* проявил себя как наиболее надежный инструмент видовой идентификации представителей рода *Betula*, сохраняющий достоверность результата даже в условиях максимально широкой видовой выборки.

Полученные результаты демонстрируют более перспективное применение системы из двух ядерных маркеров (*ITS1* и *ITS2*), на которую приходится основной совокупный потенциал дифференциации представителей рода *Betula*. Применение хлоропластных маркеров может рассматриваться в отдельных случаях с учетом их информативности для конкретного таксона.

**Заключение.** В результате проведенного исследования была оценена эффективность пяти молекулярных маркеров (*rbcL*, *psbA-trnH*, *matK*, *ITS2* и *ITS1*) для видовой идентификации представителей рода *Betula*, имеющих значение для криминалистики на территории Республики Беларусь.

Проведенный сравнительный анализ показал, что хлоропластные маркеры (*rbcL*, *psbA-trnH*, *matK*) обладают низкой разрешающей способностью для дифференциации видов березы. Высокая консервативность этих участков ДНК, подтвержденная анализом рассчитанных внутри- и межвидовых генетических дистанций, а также оценкой информативности вариабельных сайтов с помощью модели случайного леса (Ramdom Forest), не позволяет достоверно разграничить даже три аборигенных вида (*B. pendula*, *B. pubescens* и *B. nana*).

Значительно более высокую эффективность продемонстрировали ядерные маркеры *ITS*-региона. Маркер *ITS2* показал хорошие результаты для идентификации *B. pubescens*, однако наличие общего гаплотипа у *B. nana* и части образцов *B. pendula* снижает его универсальность. Наиболее информативным и перспективным маркером для целей видовой идентификации рода *Betula* стал *ITS1*. Данный маркер характеризуется самым высоким индексом баркодирования, максимальным количеством вариабельных сайтов и обеспечивает надежную дифференциацию не только трех белорусских видов, но и большинства исследованных интродуцированных видов рода.

**Благодарности.** Работа выполнена при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (грант № Б22М-068).

**Acknowledgments.** This work was supported by the Belarusian Republican Foundation for Fundamental Research (grant no. Б22М-068).

## Список использованных источников

1. World Flora Online (2024): *Betula* L. – URL: https://www.worldfloraonline.org/taxon/wfo-4000004547 (date of access: 11.02.2026).

2. Восстановление лесов идет по всей Беларуси. Присоединиться может каждый! // Министерство лесного хозяйства Республики Беларусь. – URL: https://mlh.gov.by./news/13977/ (дата обращения: 11.02.2026).

3. Информационно-поисковая система Центрального ботанического сада НАН Беларуси. – URL: https://web.archive.org/web/20241113022706/http://hbc.bas-net.by/plantae/default.php?otdel=eNortjI0slI68vTD00f_3774-On3UyVrXDB2NQzB&type=ras (дата обращения: 23.06.2026).

4. Tarieiev, A. S. ITS secondary structure reconstruction to resolve taxonomy and phylogeny of the *Betula* L. genus / A. S. Tarieiev, O. Gailing, K. V. Krutovsky // PeerJ. – 2021. – Vol. 9. – Art. e10889. https://doi.org/10.7717/peerj.10889

5. Pollen DNA barcoding: current applications and future prospects / K. L. Bell, N. de Vere, A. Keller [et al.] // Genome. – 2016. – Vol. 59, N 9. – P. 629–640. https://doi.org/10.1139/gen-2015-0200

6. Верчук, А. Н. Направления современной палинологии и перспективы использования баркодирования ДНК для дифференциации растений по пыльце / А. Н. Верчук, С. В. Кубрак, А. В. Кильчевский // Молекулярная и прикладная генетика. – 2021. – Т. 31. – С. 134–146.

7. Biological identifications through DNA barcodes / P. D. N. Hebert, A. Cywinska, S. L. Ball, K. R. deWaard // Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences. – 2003. – Vol. 270, N 1512. – P. 313–321. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218

8. A DNA Barcode for land plants / CBOL Plant Working Group, P. M. Hollingsworth, L. L. Forrest [et al.] // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 2009. – Vol. 106, N 31. – P. 12794–12797. https://doi.org/10.1073/pnas.0905845106

9. Верчук, А. Н. Тестирование коммерческих наборов и методов выделения ДНК для молекулярно-генетических исследований пыльцы растений / А. Н. Верчук, А. В. Кильчевский // Молекулярная и прикладная генетика. – 2024. – Т. 36. – С. 71–81.

10. Chinchor, N. MUC-4 evaluation metrics / N. Chinchor // Proceedings of the Fourth Conference on Message Understanding. – McLean, Virginia, 1992. – P. 22–29. https://doi.org/10.3115/1072064.1072067

## References

1. World Flora Online: *Betula* L. 2024. Available at: https://www.worldfloraonline.org/ taxon/wfo-4000004547 (accessed 11 February 2026).

2. Forest restoration is underway across Belarus. Everyone can join in! *Ministry of Forestry of the Republic of Belarus*. Available at: https://mlh.gov.by./news/13977/ (accessed 11 February 2026).

3. *Information Retrieval System of the Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus*. Available at: https://web.archive.org/web/20241113022706/http://hbc.bas-net.by/plantae/default.php?otdel=eNortjI0slI68vTD00f_3774-On3UyVrXDB2NQzB&type=ras (accessed 23 June 2026).

4. Tarieiev A. S., Gailing O., Krutovsky K. V. ITS secondary structure reconstruction to resolve taxonomy and phylogeny of the *Betula* L. genus. *PeerJ*, 2021, vol. 9, art. e10889. https://doi.org/10.7717/peerj.10889

5. Bell K. L., de Vere N., Keller A., Richardson R. T., Gous A., Burgess K. S., Brosi B. J. Pollen DNA barcoding: current applications and future prospects. *Genome*, 2016, vol. 59, no. 9, pp. 629–640. https://doi.org/10.1139/gen-2015-0200

6. Viarchuk A. N., Kubrak S. V., Kilchevskiy A. V. Trends in modern palynology and prospects of using DNA barcoding for the differentiation of plant by pollen. *Molekulyarnaya i prikladnaya genetika = Molecular and Applied Genetics*, 2021, vol. 31, pp. 134–146 (in Russian).

7. Hebert P. D., Cywinska A., Ball S. L., deWaard J. R. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 2003, vol. 270, no. 1512, pp. 313–321. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218

8. CBOL Plant Working Group, Hollingsworth P. M., Forrest L. L., Spouge J. L., Hajibabaei M., Ratnasingham S., van der Bank M. [et al.]. A DNA barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, vol. 106, no. 31, pp. 12794–12797. https://doi.org/10.1073/pnas.0905845106

9. Viarchuk A. N., Kilchevskiy A. V. Testing of commercial kits and DNA isolation methods for molecular genetic studies of plant pollen. *Molekulyarnaya i prikladnaya genetika = Molecular and Applied Genetics*, 2024, vol. 36, pp. 71–81 (in Russian).

10. Chinchor N. MUC-4 evaluation metrics. *Proceedings of the Fourth Conference on Message Understanding.* McLean, Virginia, 1992, pp. 22–29. https://doi.org/10.3115/1072064.1072067

## Информация об авторах

*Верчук Алексей Николаевич* – науч. сотрудник. E-mail: a.n.verchuk@igc.by.

*Кильчевский Александр Владимирович* – академик, д-р биол. наук, профессор, руководитель лаборатории. E-mail: a.kilchevsky@igc.by.

## Information about the authors

*Viarchuk Aleksey N.* – Researcher. E-mail: a.n.verchuk@igc.by.

*Kilchevsky Alexander V.* – Academician, D. Sc. (Biology), Professor, Head of the Laboratory. E-mail: a.kilchevsky@igc.by.