

**ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ІНВАЗІЙНОГО ВИДУ
IMPATIENS PARVIFLORA DC. В УКРАЇНІ**

Ю. О. ТИНКЕВИЧ¹ *orcid* 0000-0002-0222-8098, Т. С. ГРЕК¹ *orcid* 0009-0003-9029-4101,
І. Г. ОЛЬШАНСЬКИЙ² *orcid* 0000-0002-8615-7054, І. І. ПАНЧУК¹ *orcid* 0000-0002-2837-4480,
Р. А. ВОЛКОВ¹ *orcid* 0000-0003-0673-2598

¹Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,
вул. Коцюбинського, 2, м. Чернівці, 58002, Україна
e-mail: r.volkov@chnu.edu.ua

²Інститут ботаніки ім. М. Г. Холодного НАН України,
вул. Терещенківська, 2, 01601 Київ, Україна

Impatiens parviflora DC. є одним із найбільш успішних видів інвазійних рослин у Центральній Європі. Його природний ареал включає Центральну та Північно-Східну Азію. *I. parviflora* демонструє унікальні серед інших інвазійних рослин здатності до поширення у сталих, багатих видами фітоценозах, зокрема, успішно проникає у лісові екосистеми. Генетичне різноманіття популяцій цього виду залишається невивченим на більшій частині інвазійного ареалу. **Мета.** Дослідити генетичний поліморфізм українських популяцій *I. parviflora*. **Методи.** ПЛР-ампліфікація, електрофоретичне розділення ПЛР-продуктів, біоінформатичний та статистичний аналіз. **Результати.** З використанням ISSR-маркерів здійснено генетичний аналіз 15 зразків *I. parviflora*. Встановлено, що поліморфізм цього інвазійного виду на території України є низьким (індекс Шенона $I = 0,260$). За результатами STRUCTURE-аналізу досліджені зразки розділяються на два основні генетичні кластери. **Висновки.** Рівень генетичного поліморфізму *I. parviflora* знаходиться в типових для інвазійних рослин межах. Два основні генетичні варіанти поширені по всій дослідженій частині ареалу. Для окремих генотипів *I. parviflora* виявлене широке географічне розповсюдження, і, водночас, в межах однієї території можуть зустрічатись різні генетичні варіанти.

Ключові слова: біорізноманіття, генетичний поліморфізм, інвазійні види, молекулярні маркери, *Impatiens*.

Вступ. Рід *Impatiens* L. — великий рід родини бальзамінові (Balsaminaceae) — включає більше 1100 видів трав'янистих рослин (POWO, 2024; WFO, 2024), частина з яких культивуються як лікарські чи декоративні (Uchneat, 2006; Singh et al., 2017; Pires et al., 2021). Представники роду переважно розповсюджені у тропічних та субтропічних регіонах Азії та Африки. *I. noli-tangere* L. — єдиний вид, природний ареал якого поширюється на Європу. Крім того, на Європейському континенті зустрічається кілька інвазійних представників роду, зокрема, *I. balsamina* L., *I. glandulifera* Royle та *I. parviflora* DC. (POWO, 2024). Останній вид вважається однією із найбільш успішних інвазійних рослин у Центральній Європі (Weiss, 2021). Його природний ареал включає Центральну та Північно-Східну Азію (POWO, 2024). В межах інвазійної частини ареалу *I. parviflora* поводить себе переважно як рудеральний бур'ян, проте, демонструє і унікальні серед інших інвазійних рослин здатності до поширення у сталих, багатих видами фітоценозах (Chmura and Sierka, 2006; Florianová and Münzbergová, 2018). Особливо успішно *I. parviflora* проникає у лісові екосистеми (Chmura and Sierka, 2006; Renčo et al., 2024), де, як вважається, може конкурувати із аборигенним для Європи *I. noli-tangere* (Godefroid and Koedam, 2010; Dostál et al., 2012).

Інвазія *I. parviflora* почалася завдяки втечі з колекцій ботанічних садів Женеви та Дрездена у 30-х роках XIX сторіччя (Galera and Sudnik-Wójcikowska, 2010; Weiss, 2021). В подальшому у якості стартових точок інвазії виступали ботанічні сади з різних частин Центральної Європи, зокрема Берліну, Праги, Відню, Тарту та інших міст (Coombe 1956; Weiss, 2021).

Ймовірно, що в усіх ботанічних садах, з яких починалась інвазія *I. parviflora*, були інтродуковані рослини з одного місця походження у високогірних районах Центральної Азії (Vervoort et al., 2011). У зв'язку з цим європейські популяції *I. parviflora* є гомогенними за морфологічними ознаками, на противагу значному поліморфізму виду у межах первинного (природного) ареалу (Coombe, 1956; Galera and Sudnik-Wójcikowska, 2010).

Вивчення молекулярно-генетичного поліморфізму інвазійних популяцій *I. parviflora* розпочалося лише у XXI сторіччі. Існуючі дослідження обмежені популяціями з Литви та Польщі та використанням методів генетичного профілювання, таких як RAPD (Kupcinskiene et al., 2015; Ramonienė et al., 2016; Krokaitė et al., 2022), ISSR (Kupcinskiene et al., 2015; Ramonienė et al., 2016; Krokaitė et al., 2022) та AFLP (Komosinska et al., 2006; Jocienė et al., 2022).

Міжвидова гібридизація для *I. parviflora* на вторинній (інвазійній) частині ареалу обмежена з огляду на відсутність близькоспоріднених потенційних партнерів, адже єдиний аборигенний для Європи вид роду *Impatiens*, *I. noli-tangere*, належить до філогенетично-віддаленої внутрішньородової групи (Yu et al., 2016). Проте, аналіз послідовностей ITS 35S рДНК у представників аберантної за морфологічними ознаками популяції *I. parviflora* з кантону Тічино у Швейцарії показав гомопloidну гібридну природу цих рослин. В цьому випадку другим батьківським видом виявився ще один інвазійний представник роду — *I. balfourii* Hook.f., філогенетично близький до *I. parviflora* (Van Valkenburg et al., 2019). Хоча цей вид знаходиться на початковій стадії своєї натуралізації у Європі (Schmitz and Dericks, 2010), очевидно, що гібридизація із ним може стати джерелом підвищення генетичного поліморфізму *I. parviflora* у цьому регіоні.

В Україні *I. parviflora* (укр. назва — розрив-трава дрібноквіткова) є одним із найбільш розповсюджених інвазійних видів (Протопопова та ін., 2010; Koniakin et al., 2024), який подекуди утворює змішані популяції разом з аборигенним *I. noli-tangere* (Голівець, 2014; Давидов, 2023). Також, на території України вже виявлений потенційний партнер по міжвидовій гібридизації — *I. balfourii* (Орлов та ін., 2014). Генетичні дослідження українських популяцій *I. parviflora* досі не проводились, хоча, зважаючи на розповсюдженість цієї рослини та її небезпеку для природних екосистем, актуальність таких досліджень є очевидною. Для ідентифікації близькоспорідне-

них форм, уточнення їх таксономічного статусу та дослідження міжвидової гібридизації успішно використовують високоінформативні ділянки ядерного геному, зокрема, IGS 5S рДНК (Rusak et al., 2016; Ishchenko et al., 2020) та ITS1-2 35S рДНК (Andreev et al., 2010; Kolter and Gemeinholzer, 2021). Проте, оптимальною стартовою точкою для дослідження рослин із недостатньо вивченою генетикою та геномікою є методи генетичного профілювання. В цій роботі ми дослідили генетичний поліморфізм українських зразків розрив-трави дрібноквіткової з використанням ISSR-маркерів. Ці маркери показали свою ефективність у попередніх дослідженнях *I. parviflora* (Kupcinskiene et al., 2015; Ramonienė et al., 2016; Krokaitė et al., 2022), а також успішно використовувалися в нашій лабораторії (Ivanovych et al., 2017), зокрема, і для дослідження українських популяцій інвазійних рослин (Roshka et al., 2024; Tynkevich et al., 2025).

Матеріали та методи

Зразки *I. parviflora* були зібрані в межах шести областей Західної та Центральної України, а також у Польщі (табл. 1). Геному ДНК виділяли з гербарних зразків цетавлоновим методом (Porebski et al., 1997). На стадії лізису зразки ДНК додатково обробляли протеїназою K (Sigma-Aldrich, США) (Tynkevich et al., 2022).

Для ампліфікації ISSR маркерів було використано вісім ISSR-праймерів з набору UBC (University of British Columbia), послідовності яких наведено в табл. 2.

Для різних праймерів використовували різні температури гібридизації, як зазначено раніше (Ivanovych et al., 2017).

Реакційна суміш для ПЛР загальним об'ємом 20 мкл містила такі компоненти: 10 нг ДНК, 10 мкл 2 × полімеразної суміші MyTaq™ HS Red Mix (Meridian Bioscience) та 0,8 мкМ праймера. ПЛР проводилася з використанням ампліфікатора BioRad T100 (BioRad, США) за такою програмою: (1) початкова активація ДНК-полімерази та денатурація ДНК — 95 °C, 3 хв; (2) денатурація ДНК — 95 °C, 20 с; (3) гібридизація праймерів — 50–56 °C, 20 с; (4) синтез ДНК — 72 °C, 1 хв; (5) завершення ампліфікації — 72 °C, 3 хв; припинення реакції — 4 °C; загальна кількість циклів ампліфікації — 35.

Електрофоретичне розділення продуктів ПЛР проводили в 2 % агарозному гелі протягом 4–4,5 год за напруженості електричного поля 5 В/см. Після електрофорезу ДНК забарвлювали розчином етидію броміду.

Таблиця 1. Географічне походження зразків *I. parviflora*

Назва зразку	Походження зразку	GPS координати
ImPar27	м. Чернівці, Чернівецька обл., Україна	48.299418, 25.925950
ImPar31	м. Краків, Малопольське воєводство, Польща	50.035231, 19.935162
ImPar36	с. Поляна, Закарпатська обл., Україна	48.64132, 22.98556
ImPar38	с. Солочин, Закарпатська обл., Україна	48.59751, 22.97779
ImPar39	смт. Берегомет, Чернівецька обл., Україна	48.245862, 25.191894
ImPar40	м. Коростишів, Житомирська обл., Україна	50.1911, 29.0317
ImPar44	м. Київ, Україна	50.351812, 30.516372
ImPar45	с. Немішаєве, Київська обл., Україна	50.57655, 30.11232
ImPar46	с. Мигалки, Київська обл., Україна	50.68210, 29.58070
ImPar47	м. Кам'янець-Подільський, Хмельницька обл., Україна	48.682219, 26.577792
ImPar49	м. Чорнобиль, Київська обл., Україна	51.178298, 30.166673
ImPar50	м. Кременець, Тернопільська обл., Україна	50.098367, 25.724830
ImPar52	с. Мигалки, Київська обл., Україна	50.68210, 29.58070
ImPar53	м. Київ, Україна	50.34649, 30.50861
ImPar56	м. Тернопіль, Тернопільська обл., Україна	49.546291, 25.566823

Таблиця 2. Праймери, використані для ампліфікації ISSR-маркерів

Праймер	Послідовність праймера	Температура гібридизації, °C
UBC 807	AGA GAG AGA GAG AGA GT	50
UBC 809	AGA GAG AGA GAG AGA GG	52
UBC 810	GAG AGA GAG AGA GAG AT	50
UBC 811	GAG AGA GAG AGA GAG AC	52
UBC 827	ACA CAC ACA CAC ACA CG	52
UBC 835	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	56
UBC 836	AGA GAG AGA GAG AGA GYA	54
UBC 857	ACA CAC ACA CAC ACA CYG	56

Для визначення довжин ПЛР-продуктів використовували 100 bp та 1 kbp маркери (Biotium).

Електрофореграми продуктів ампліфікації аналізували за допомогою програмного забезпечення TotalLab TL120. Кожну реакцію проводили тричі, щоб перевірити відтворюваність ампліфікованих смуг.

Наступні статистичні параметри, а саме — відсоток поліморфних смуг (percentage of polymorphic bands, PPB), показник інформативності (polymorphic information content, PIC), кількість різних алелів (N_a), кількість ефективних алелів (N_e), інформаційний індекс Шеннона (I), очікувану гетерозиготність (H_e) та незміщену очікувану гетерозиготність (uH_e) — оцінювали за допомогою програмного забезпечення GenAlEx 6.503 (Peakall & Smouse, 2012). Значення PIC були розраховані в MS Excel на основі частот ді-

апазону GenAlEx (Varshney et al., 2007; Ivanovych et al., 2017).

Матриця необроблених бінарних даних була перетворена в матрицю генетичних відстаней за допомогою коефіцієнта Дайса (Nei & Li, 1979) з використанням програмного забезпечення DARwin 6.0.21 (Perrier et al., 2003). Аналіз методом основних координат (PCoA) проводився для п'яти осей з позитивним власним значенням у програмному забезпеченні DARwin.

Для виявлення основних генетичних кластерів *I. parviflora* використовували програмне забезпечення STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), яке базується на байєсівській кластеризації. Цей метод використовувався для розрахунку відсотка спорідненості певного зразка до кожної з K груп (генетичних пулів), які об'єднують найбільш споріднені зразки. Для розрахунку найкращого значення K було використано метод

Evanno, реалізований у програмному забезпеченні STRUCTURE HARVESTER (Earl & von Holdt, 2012).

Результати та обговорення

Для ПЛР-ампліфікації ISSR-маркерів було використано вісім UBC праймерів (табл. 2). На електрофореграмах на загал для всіх праймерів було виявлено 131 чітку смугу. Довжини ПЛР-продуктів коливались від 110 нп до 1650 нп. Кількість смуг, отриманих із застосуванням різних праймерів, становила від 6 (UBC 810) до 43 (UBC 857).

Кількість поліморфних алелів знаходиться у діапазоні від 0 для праймерів UBC 809 та UBC 810 до 42 для UBC 857. Загальна кількість поліморфних алелів становить 76 (табл. 3). Значення показника інформативності (PIC) для використаних праймерів знаходиться в межах від 0 до 0,353, із середнім 0,118.

Як видно з таблиці 3, два праймери з восьми, UBC 827 і UBC 857, забезпечили 51 % загальної кількості смуг на електрофореграмах та 80 % всіх поліморфних локусів. Послідовності цих праймерів містять повторювані мотиви (AC)_n, на відміну від інших шести праймерів з мотивами (AG)_n та (GA)_n (табл. 2). Подібна картина була описана для сортів кардамону справжньо-

го, *Elettaria cardamomum* (L.) Maton (Anisha et al., 2020). Проте, для інших груп рослин, зокрема, видів *Galinsoga* (Tynkevich et al., 2025), сортів рицини (Kim et al., 2021), черешні (Ivanovych et al., 2017) та пажитниці (Pivoriene and Pasakinskiene, 2008) подібного ефекту при використанні тих самих праймерів не спостерігалось. Ймовірною причиною утворення великої кількості поліморфних ампліфікатів при використанні ISSR-праймерів, послідовності яких містять (AC)_n мотиви, може бути переважання (AC)_n мікросателітів в геномі *I. parviflora*, хоча в геномах більшості вищих рослин, навпаки, переважають (AG)_n та (GA)_n мікросателітні мотиви (Srivastava et al., 2019).

Індекс різноманітності Шеннона (I) — показник, який характеризує генетичне різноманіття — для українських популяцій *I. parviflora* становить 0,260 (табл. 4). Раніше було показано, що для популяцій цього виду з Чеської республіки значення I коливаються в діапазоні від 0,145 до 0,219, а для популяцій з Литви — від 0,047 до 0,098 (Kucinskiene et al., 2015). Таким чином, рівень генетичного поліморфізму *I. parviflora* в Україні є відносно високим і ближчим до такого для центральноєвропейських популяцій. Значення I є близькими до таких для інших інвазійних видів, зокрема, для *Galinsoga parviflora* Cav. (Tynkevich et al., 2025) і *Linaria vulgaris* Mill. (Ward et al., 2008) і дорівнює 0,254 та 0,388, відповідно.

Таблиця 3. Аналіз патернів ISSR-ампліфікатів, отриманих для зразків *I. parviflora*

Праймер	Довжина фрагментів ДНК (нп)	TB	PB	PPB (%)	PIC	DP
UBC 807	190–1400	9	1	11	0,017	0,013
UBC 809	160–1000	10	0	0	0	0
UBC 810	170–1650	6	0	0	0	0
UBC 811	300–1300	11	2	18	0,047	0,051
UBC 827	310–1250	24	19	79	0,253	0,291
UBC 835	140–1350	13	5	38	0,136	0,129
UBC 836	180–1070	15	7	47	0,137	0,138
UBC 857	320–1550	43	42	98	0,353	0,341
Разом / Середнє	140–1650	131	76	58	0,118	0,120

Примітки. TB, total number of bands (загальна кількість ампліфікованих смуг); PB, number of polymorphic bands (кількість поліморфних смуг); PPB, percentage of polymorphic bands (відсоток поліморфних смуг); PIC, polymorphic information content (показник інформативності); DP, discriminating power (дискримінаційна здатність).

Таблиця 4. Характеристики генетичного різноманіття *I. parviflora*

Вид		N	PB	PPB (%)	Na	Ne	I	He	uHe
<i>I. parviflora</i>	M	15	77	58.78	1,588	1,268	0,260	0,167	0,173
	SE				0,043	0,028	0,023	0,016	0,016

Примітки. N, кількість зразків рослин; PB, number of polymorphic bands (кількість поліморфних смуг); PPB, percentage of polymorphic bands (відсоток поліморфних смуг); Na, кількість різних алелів; Ne, кількість ефективних алелів; I, інформаційний індекс різноманітності Шеннона; He, очікувана гетерозиготність; uHe, незміщена очікувана гетерозиготність; M, середнє значення; SE, стандартна похибка.

Методом байєсівської кластеризації в програмі STRUCTURE була проаналізована генетична структура українських зразків *I. parviflora*. Параметр delta K (ΔK), який було використано для визначення оптимальної кількості кластерів (K), показав найвище значення для $K = 2$ (рис. 1A). Отже, всі зразки було розділено між двома генетичними кластерами (варіантами), 1 та 2 (рис. 1B). Жоден зразок не містив виключно генетичний матеріал власного варіанту. Так, для зразків кластеру 1 домішка варіанту 2 в геномі складає від 1,4 до 15,2 %. В зразках кластеру 2 домішка варіанту 1 коливається від 2,2 до 12,9 %. Загалом, для шести зразків домішка генетичного матеріалу іншого варіанту в геномі складала більше 5 %. В дослідженні литовських популяцій *I. parviflora* за даними ISSR аналізу всі зразки розбивались на три або одинадцять кластерів. При цьому, значна частка домішки інших варіантів спостерігалась для суттєво меншої частини особин (Krokaitė et al., 2022).

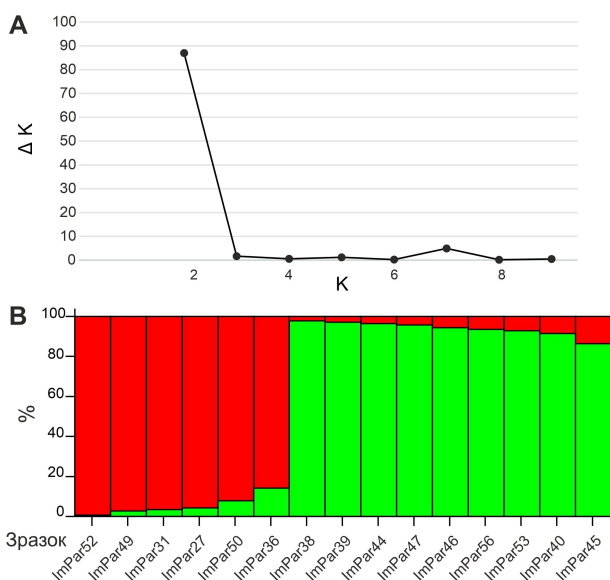


Рис. 1. Аналіз ISSR-поліморфізму за допомогою програми STRUCTURE. **A** — залежність параметру ΔK від кількості кластерів (K). **B** — генетична конституція зразків *I. parviflora*, які представлені як вертикальні стовпчики. Червоним та зеленим показаний вміст генетичного матеріалу двох основних варіантів, 1 та 2, відповідно.

Для визначення подібності між досліджуваними зразками був проведений аналіз методом основних компонент (PCoA) за п'ятьма осями, які пояснюють 29,9 %, 19,8 %, 12,9 %, 10,3 % і 7,9 % варіації, відповідно. Групи зразків, які відповідають генетичним кластерам 1 і 2 демонструють недостатньо чітко розділення на графіках за осями 1/2, 1/3 та 1/4 (рис. 2). При цьому, зразки генетичного варіанту 1 групуються дещо щільніше, особливо за осями 1/4. Положення зразків

обох варіантів, в геномах яких наявна найбільша домішка іншого варіанту (ImPar36, ImPar40, ImPar45, та ImPar53) є менш стабільним. Проте, найбільш відокремленим, як від зразків свого генетичного кластеру, так і загалом, виглядає положення ImPar56. Можливо, в геномі цього зразку наявні домішки ще одного генетичного варіанту, носії якого не були виявлені у цьому дослідженні. Вочевидь, для більш детальної характеристики генетичної мінливості *I. parviflora* в Україні необхідно проаналізувати більшу кількість зразків.

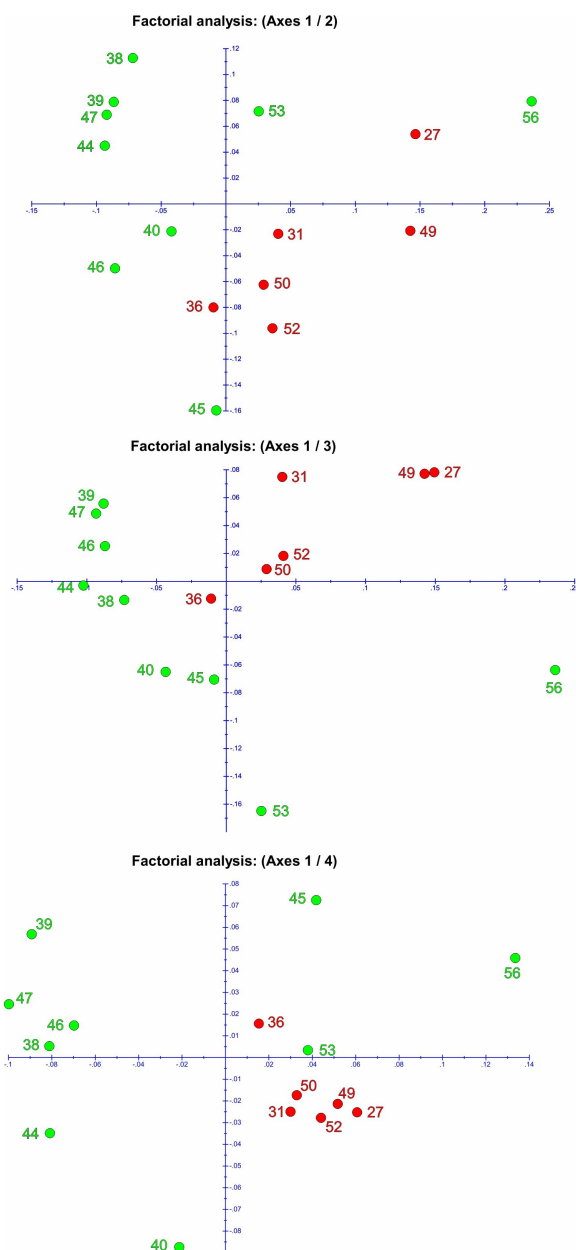


Рис. 2. Результати аналізу генетичної подібності зразків *I. parviflora* методом основних координат. Червоні та зелені позначки відповідають зразкам, які належать до генетичних кластерів 1 та 2, відповідно.

Генетичний поліморфізм інвазійного виду *Impatiens parviflora* DC. в Україні

Проведений аналіз не виявив очевидної залежності між географічною віддаленістю досліджених зразків та генетичною дистанцією між ними (рис. 3). Так, зразки з різних регіонів України, наприклад, ImPar38, ImPar39, ImPar44 та ImPar47, виявились найбільш подібними між собою (рис. 2 та 3). Натомість, зразки, які належать до двох різних генетичних варіантів, ImPar46 та ImPar52, були зібрані в межах однієї популяції в селі Мигалки Київської області.

Широке географічне розповсюдження певних генотипів та, водночас, наявність різних генотипів на спільній території, є характерним для інвазійних видів, внаслідок їх розповсюдження в результаті діяльності людини (Smith et al., 2020; Тункевич et al., 2025). Проте, можливо, залучення для аналізу більшої кількості зразків дозволить розпізнати патерни розповсюдження *I. parviflora* в Україні та на території сусідніх країн.

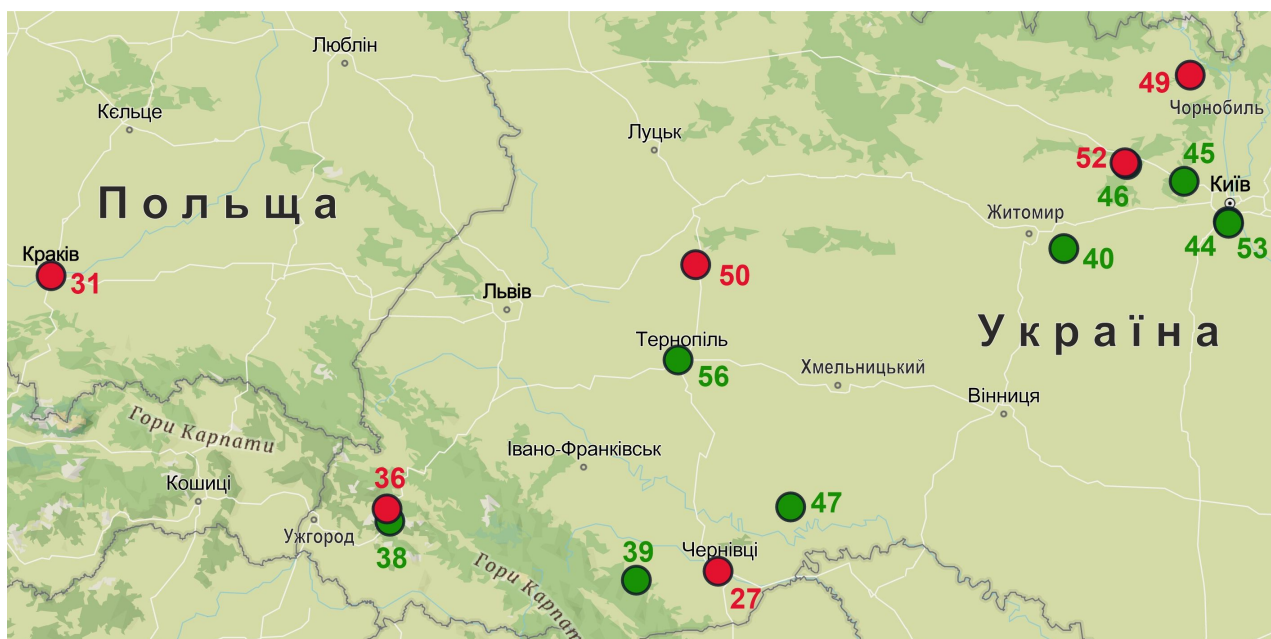


Рис. 3. Географічне розташування локалітетів, з яких були відібрані зразки рослин *I. parviflora*. Червоні та зелені позначки відповідають зразкам, які належать до генетичних кластерів 1 та 2, відповідно.

Висновки

ISSR-аналіз *I. parviflora* показує низький рівень генетичного поліморфізму зразків цього інвазійного виду з території України. Всі досліджені зразки розділяються на два основні генетичні кластери. Для окремих генотипів *I. parviflora* виявлене широке географічне розповсюдження, і, водночас існування різних генетичних варіантів в межах однієї території.

Дотримання етичних стандартів. Ця стаття не містить будь-яких досліджень за участю людей і хребетних тварин в якості об'єктів дослідження.

Конфлікт інтересів. Автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

Фінансування. Дослідження проводились за фінансової підтримки Міністерства освіти і науки України (грант № 0124U000591).

Подяки. Автори виражають подяку Олені Козак, Галині Микитинець, Ліані Онук, Анні та Олені Тинкевич та Дмитру Якушенку за наданий рослинний матеріал.

Перелік літератури

1. Andreev, I. O., Spiridonova, E. V., Kyryachenko, S. S., Parnikoza, I. Y., Maidanyuk, D. N., Volkov, R. A., Kozeretska I. A., Kunakh, V. A. Population-genetic analysis of *Deschampsia antarctica* from two regions of maritime Antarctica. *Moscow Univ. Biol. Sci. Bull.* 2010. Vol. 65. P. 208–210. doi: 10.3103/S0096392510040243
2. Anisha C. S., Mathew M. K., Sasidharan S., Jose S., Varghese R. C., Ranjanan R., Remashree A. B. Diversity analysis of released varieties of Indian cardamom using ISSR markers reveal narrowing genetic base. *Agronomy*. 2020. P. 311–322.
3. Chmura D., & Sierka E. Relation between invasive plant and species richness of forest floor vegetation: a study of *Impatiens parviflora* DC. *Polish Journal of Ecology*. 2006. Vol. 54(3). P. 417.
4. Coombe D. E. *Impatiens parviflora* DC. *J. Ecol.* 1956. Vol. 44(2). P. 701–713. doi: 10.2307/2256857.
5. Davydov D. A. *Impatiens noli-tangere-parviflorae* ass. Nova — a new syntaxon of the ruderal vegetation from the Left-Bank Forest-Steppe zone of Ukraine. *Naturalist*

- Almanac (Biological Sciences)*. 2023. Vol. 34. P. 5–13. [In Ukrainian] / Давидов Д. А. *Impatiens noli-tangere* parvifloraе ass. nova — новий синтаксон рудеральної рослинності з лівобережного лісостепу України. 2023. Природничий альманах (біологічні науки), (34), С. 5–13. doi: 10.32999/ksu2524-0838/2023-34-1
6. Dostál P., Weiser M., & Koubek T. Native jewelweed, but not other native species, displays post-invasion trait divergence. *Oikos*. 2012. Vol. 121(11). P. 1849–1859. doi: 10.1111/j.1600-0706.2011.20333.x
 7. Earl D. A., von Holdt B. M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.* 2012. Vol. 4. P. 359–361. doi: 10.1007/s12686-011-9548-7.
 8. Florianová A. & Münzbergová Z. Drivers of natural spread of invasive *Impatiens parviflora* differ between life-cycle stages. *Biol. Invas.* 2018. Vol. 20(8). P. 2121–2140. doi: 10.1007/s10530-018-1691-6.
 9. Galera H. & Sudnik-Wójcikowska B. Central European botanic gardens as centres of dispersal of alien plants. *Acta Soc. Bot. Polon.* 2010. Vol. 79(2). P. 147–156. doi: 10.5586/asbp.2010.020.
 10. Godefroid S. & Koedam N. Comparative ecology and coexistence of introduced and native congeneric forest herbs: *Impatiens parviflora* and *I. noli-tangere*. *Plant Ecology and Evolution*. 2010. Vol. 143(2). P. 119–127. doi: 10.5091/plecevo.2010.397
 11. Holivets M. O. Adaptive strategy of *Impatiens parviflora* (Balsaminaceae) in the secondary range. *Ukr. Botan. Journ.* 2014. Vol. 71(2). P. 131–140. [In Ukrainian] / Голівець М. О. Адаптивна стратегія *Impatiens parviflora* (Balsaminaceae) у вторинному ареалі. *Український ботанічний журнал*. 2014. Т. 71(2). С. 131–140.
 12. Ishchenko O. O., Mel'nyk V. M., Parnikoza I. Y., Budzhak V. V., Panchuk I. I., Kunakh V. A., Volkov R. A. Molecular organization of 5S ribosomal DNA and taxonomic status of *Avenella flexuosa* (L.) Drejer (Poaceae). *Cytol. Genet.* 2020. Vol. 54, P. 505–513. doi: 10.3103/S0095452720060055.
 13. Ivanovych Y. I., Udovychenko K. M., Bublyk M. O., Volkov R. A. ISSR-PCR fingerprinting of Ukrainian sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars. *Cytol. Genet.* 2017. Vol. 51(1). P. 40–47. doi: 10.3103/S0095452717010066.
 14. Jocienė L., Stravinskaitė K., Krokaitė E., Janulionienė R., Rekašius T., Paulauskas A., ... & Kupčinskienė E. AFLP-based genetic structure of Lithuanian populations of small balsam (*Impatiens parviflora* DC.) in relation to habitat characteristics. *Forests*. 2022. Vol. 13(8). Article 1228. doi: 10.3390/f13081228.
 15. Kim H., Lei P., Wang A., Liu S., Zhao Y., Huang F., Meng F. Genetic diversity of castor bean (*Ricinus communis* L.) revealed by ISSR and RAPD markers. *Agronomy*. 2021. Vol. 11(3). P. 457. doi: 10.3390/agronomy11030457
 16. Kolter A., Gemeinholzer B. Internal transcribed spacer primer evaluation for vascular plant metabarcoding. *Metabarcoding Metagenomics*. 2021. Vol. 5. e68155. doi: 10.3897/mbmg.5.68155.
 17. Komosinska E., Wúdkiewicz M., Jarzyna I. & Wyszomirski T. Some attempts to detect genetic differences between populations of small balsam (*Impatiens parviflora* DC). *Biodivers. Res. Conserv.* 2006. Vol. 3. P. 245–247.
 18. Koniakin S. M., Burda R. I. & Budzhak V. V. Spatial ratios of native and alien species of vascular plants in forests in the southwest of Kyiv and the adjacent areas. *Ukrainian Botanical Journal*. 2024. Vol. 81(5). P. 322–334. doi: 10.15407/ukrbotj81.05.322.
 19. Krokaitė E., Janulionienė R., Jocienė L., Rekašius T., Rajackaitė G., Paulauskas A., ... & Kupčinskienė E. Relating invasibility and invasiveness: Case study of *Impatiens parviflora*. *Frontiers in Ecology and Evolution*. 2022. Vol. 10. Article 845947. doi: 10.3389/fevo.2022.845947.
 20. Kupcinskiene E., Zybartaite L., & Paulauskas A. Comparison of genetic diversity of three *Impatiens* species from Central Europe and Baltic region. *Zemdirbyste-Agriculture*. 2015. Vol. 102(1). P. 87–94. doi: 10.13080/z-a.2015.102.011.
 21. Nei M., Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 1979. Vol. 76(10). P. 5269–5273. doi: 10.1016/WS-07-157.1.
 22. Orlov O. O., Shevera M. V., Bronskov O. I. *Impatiens balfourii* (Balsaminaceae), a new alien species of the Ukrainian flora. *Ukr. Botan. Journ.* 2014. Vol. 71(3). P. 287–296 [In Ukrainian] / Орлов О. О., Шевера М. В., Бронсков О. І. *Impatiens balfourii* (Balsaminaceae) — новий адвентивний вид флори України. *Український ботанічний журнал*. 2014. Т. 71(3). С. 287–296.
 23. Perrier X., Flori A., Bonnot F. Data analysis methods. In: P. Hamon, M. Seguin, X. Perrier, J. C. Glaszmann (Eds.), *Genetic diversity of cultivated tropical plants*. Enfield: Science Publishers. 2003. P. 43–76.
 24. Pires Jr E. O., Caleja C., Garcia C. C., Ferreira I. C. & Barros L. Current status of genus *Impatiens*: Bioactive compounds and natural pigments with health benefits. *Trends in Food Science & Technology*. 2021. Vol. 117. P. 106–124. doi: 10.1016/j.tifs.2021.01.074
 25. Pivorieni O., Pasakinskiene I. Genetic diversity assessment in perennial ryegrass and *Festulolium* by ISSR fingerprinting. *Zemdirbyste*. 2008. Vol. 95. P. 125–133.
 26. Porebski S., Bailey L. G., Baum B. R. Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Mol. Biol. Rep.* 1997. Vol. 15(1). P. 8–15. doi: 10.1007/BF02727108.
 27. POWO. «Plants of the World Online. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew. Published on the Internet; <http://www.plantsoftheworldonline.org/> Retrieved 25 November 2024.
 28. Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 2000. Vol. 155(2). P. 945–959. doi: 10.1614/WS-07-157.1.
 29. Protopopova V. V., Shevera M. V., Chornei I. I., Tokariuk A. I., Budzhak V. V., Korzhan K. V. The transformer species in the flora of the Bukovyna Cis-Carpathian area. 2010. *Ukrainian Botanical Journal*. Vol. 67(6). P. 852–864. [In Ukrainian] / Протопопова В. В., Шевера М. В., Чорней І. І., Токарюк А. І., Буджак В. В., & Коржан К. В. Види-трансформери у флорі Буковинського Передкарпаття. *Український ботанічний журнал*. 2010. Т. 67(6).
 30. Ramonienė E., Jocienė L., Paulauskas A. & Kupčinskienė E. European *Impatiens* species differences at RAPD and ISSR loci. *Biologija*. 2016. Vol. 62(1). P. 25–34. doi: 10.6001/biologija.v62i1.3287.
 31. Renčo M., Jurová J. & Čerevková A. Invasiveness of *Impatiens parviflora* in Carpathian beech forests: Insights from soil nematode communities. *Diversity*. 2024. Vol. 16(7). P. 393. doi: 10.3390/d16070393
 32. Roshka N. M., Tynkevich Y. O., Volkov R. A. ISSR-analysis of genetic polymorphism of Ukrainian species of genus *Heracleum*. *Biological systems*. 2024. Vol. 16(2). P. 266–273 [In Ukrainian] / Рошка Н. М., Тинкевич Ю. О., Волков Р. А. ISSR-аналіз генетичного поліморфізму українських видів роду *Heracleum*. *Біологічні системи*. 2024. Т. 16(2). С. 266–273. doi: 10.31861/biosystems2024.03.266.
 33. Rusak O. O., Petrashchuk V. I., Panchuk I. I., Volkov R. A. Molecular organization of 5S rDNA in two Ukrainian populations of Sycamore (*Acer pseudoplatanus*). *Bull. Vavilov Soc. Genet. Breed. Ukr.* 2016. Vol. 14(2) P. 216–220 [In Ukrainian] / Русак, О. О., Петрашчук В. І., Панчук І. І., Волков Р. А. Молекулярна організація 5S рДНК двох українських популяцій явора (*Acer pseudoplatanus*). *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів*. 2016. Т. 14(2). С. 216–220.
 34. Schmitz U., & Dericks G. Spread of alien invasive *Impatiens balfourii* in Europe and its temperature, light, and soil moisture demands. *Flora-Morphology, Distribution,*

- Functional Ecology of Plants*. 2010. Vol. 205(11). P. 772–776. doi: 10.1016/j.flora.2009.12.037.
35. Singh P., Singh R., Sati N., Ahluwalia V. & Sati O. P. Phytochemical and pharmacological significance of genus: *Impatiens*. *Int. J. Life. Sci. Scientl. Res.* 2017. Vol. 3(1). P. 868–881. doi: 10.21276/ijlssr.2017.3.1.20.
 36. Srivastava S., Avvaru A. K., Sowpati D. T., Mishra R. K. Patterns of microsatellite distribution across eukaryotic genomes. *BMC Genomics*. 2019. Vol. 20. P. 1–14. doi: 10.1186/s12864-019-5516-5.
 37. Tynkevich Y. O., Ivanovych Y. I., Roshka N. M., Tokaryuk A. I., Blyzniuk K. G., Shelyfist A. Y., Volkov R. A. Genetic diversity of Ukrainian populations of invasive species of the genus *Galinsoga* assessed by ISSR-markers. *Cytol. Genet.* 2025. Vol. 59(1). P. 536–546.
 38. Tynkevich Y. O., Shelyfist A. Y., Kozub L. V., Hemleben V., Panchuk I. I., Volkov R. A. 5S ribosomal DNA of genus *Solanum*: molecular organization, evolution, and taxonomy. *Front. Plant Sci.* 2022b. Vol. 13. P. 852406. doi: 10.3389/fpls.2022.852406
 39. Uchneat M. *Impatiens*. *Flower Breeding and Genetics*. 2006. P. 277–299. doi: 10.1007/978-1-4020-4428-1_10
 40. Van Valkenburg J. L. C. H., Schoenenberger N., van de Vossenbergh B. T. L. H., Man in't Veld W. A., Westenberg M. & Boer E. A natural hybrid of *Impatiens*, in the introduced range, demonstrated by sequence analysis of the nuclear ribosomal DNA-gene repeat. *Botany Letters*. 2019. Vol. 166(2). P. 144–152. doi: 10.1080/23818107.2019.1584863.
 41. Varshney R. K., Chabane K., Hendre P. S., Aggarwal R. K., Graner A. Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. *Plant Sci.* 2007. Vol. 173(6). P. 638–649. doi: 10.1016/j.plantsci.2007.08.010
 42. Vervoort A., Cawoy V. & Jacquemart A. L. Comparative reproductive biology in co-occurring invasive and native *Impatiens* species. *International Journal of Plant Sciences*. 2011. Vol. 172(3). P. 366–377. doi: 10.1086/658152
 43. Ward S. M., Reid S. D., Harrington J., Sutton J., Beck K. G. Genetic variation in invasive populations of yellow toadflax (*Linaria vulgaris*) in the western United States. *Weed Sci.* 2008. Vol. 56(3). P. 394–399. doi: 10.1614/WS-07-157.1
 44. Weiss V. The triumphant advance of the small-flowered touch-me-not *Impatiens parviflora* in Central Europe 1830–2021. *Preprint*. 2021. P. 1–7.
 45. WFO World Flora Online, 2024, Available from: <http://www.worldfloraonline.org/> (accessed 25 November 2024)
 46. Yu S. X., Janssens S. B., Zhu X. Y., Lidén M., Gao T. G., & Wang W. Phylogeny of *Impatiens* (Balsaminaceae): Integrating molecular and morphological evidence into a new classification. *Cladistics*. 2016. Vol. 32(2). P. 179–197. doi: 10.1111/cla.12119.

GENETIC POLYMORPHISM OF THE INVASIVE SPECIES *IMPATIENS PARVIFLORA* DC. IN UKRAINE

Y. O. Tynkevich¹, T. S. Hrek¹, I. G. Olshanskyi², I. I. Panchuk¹, R. A. Volkov¹

¹Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University
Kotsyubynsky str. 2, 58002 Chernivtsi, Ukraine
e-mail: r.volkov@chnu.edu.ua

²M. G. Kholodny Institute of Botany NAS of Ukraine
Tereshchenkivska str. 2, 01601 Kyiv, Ukraine

Impatiens parviflora DC. is one of the most successful invasive plant species in Central Europe. Its natural distribution range includes Central and Northeast Asia. *I. parviflora* demonstrates a unique ability among other invasive plants to spread in stable, species-rich phytocenoses, in particular, it successfully penetrates forest ecosystems. The genetic diversity of populations of this species remains unexplored in most invasive distribution areas. **Aim.** To investigate the genetic polymorphism of Ukrainian populations of *I. parviflora*. **Methods.** PCR amplification, electrophoretic separation of PCR products, bioinformatic and statistical analysis. **Results.** Using ISSR markers, genetic analysis of 15 samples of *I. parviflora* was carried out. It was found that the polymorphism of this invasive species in Ukraine is low (Shannon index $H' = 0.260$). According to the results of STRUCTURE analysis, the studied samples are divided into two main genetic clusters. **Conclusions.** The level of genetic polymorphism of *I. parviflora* is within the limits typical for invasive plants. Two main genetic variants are widespread throughout the study area. For individual genotypes of *I. parviflora*, a wide geographical distribution has been revealed, and, at the same time, different genetic variants can be found within the same territory.

Keywords: biodiversity, genetic polymorphism, invasive species, *Impatiens* molecular markers.