







Г.Т. Ситпаева<sup>1</sup> , Л.Ш. Шадманова<sup>1\*</sup> , А.А. Кунанбай<sup>1</sup> ,  
Т.С. Кульболдин<sup>1,2</sup> , Д.Д. Болат<sup>1,2</sup> , А.И. Токен<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Институт ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан

<sup>2</sup>Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан

\*e-mail: laura\_shadmanova@mail.ru

## ИЗУЧЕННОСТЬ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ХАРАКТЕРИСТИКИ РЕДКИХ ВИДОВ РАСТЕНИЙ (на примере области Улытау)

Исследования, направленные на оптимизацию использования природных ресурсов и сохранение биоразнообразия на уровне вида и популяций, представляют собой одно из ведущих направлений научных исследований.

В обзорной статье представлен анализ применения молекулярных маркеров для исследования генетической структуры и популяционной вариабельности редких «Краснокнижных» видов растений, встречающихся в Улытауской области. Анализ данных Красной книги Казахстана [1] выявил наличие более 20 видов, находящихся под угрозой исчезновения и являющихся редкими, на исследуемой территории. Анализ литературных источников позволил получить информацию о предыдущих исследованиях и полученных результатах с целью предотвращения дублирования уже выполненных работ. Были выявлены перспективные направления для будущих исследований, а также пробелы в изучении некоторых видов. Отмечено, что молекулярные маркеры имеют значительные преимущества по сравнению с другими инструментами исследования. Немаловажным является выбор молекулярно-генетических методов и маркеров для изучения генетической структуры редких видов растений.

Анализ применения различных молекулярных маркеров для изучения редких видов растений показал информативность и достоверность ISSR и SSR маркеров при изучении генетического разнообразия внутри и между популяций редких и/или исчезающих видов растений, потенциально встречающихся в Улытауской области.

**Ключевые слова:** литературные данные, молекулярные маркеры, обзорный анализ, растения, редкие виды, Улытау.

G.T. Sitpayeva<sup>1</sup>, L.Sh. Shadmanova<sup>1\*</sup>, A.A. Kunanbai<sup>1</sup>,  
T.S. Kulboldin<sup>1,2</sup>, D.D. Bolat<sup>1,2</sup>, A. I. Token<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan

<sup>2</sup>Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

\*e-mail: laura\_shadmanova@mail.ru

### Study of genetic characterization of rare plant species (based on the example of Ulytau region)

Studies aimed at optimizing the use of natural resources and conservation of biodiversity at the species and population level represent one of the leading directions of scientific research.

This review article presents an analysis of the application of molecular markers to study the genetic structure and population variability of rare «Red Book» plant species occurring in the Ulytau region. Analysis of data from the Red Data Book of Kazakhstan [1] revealed the presence of more than 20 endangered and rare species in the study area. Analysis of literary sources provided information on previous studies and results obtained in order to prevent duplication of already performed work. Promising directions for future research were identified, as well as gaps in the study of some species. It was noted that molecular markers have significant advantages over other research tools. The choice of molecular genetic methods and markers to study the genetic structure of rare plant species is not insignificant.

The analysis of application of different molecular markers for studying rare plant species showed the informativeness and reliability of ISSR and SSR markers in studying genetic diversity within and between populations of rare and/or endangered plant species potentially occurring in Ulytau region.

**Key words:** literature data, molecular markers, survey analysis, plants, rare species, Ulytau.

Г.Т. Ситпаева<sup>1</sup>, Л.Ш. Шадманова<sup>1\*</sup>, А.А. Кунанбай<sup>1</sup>,  
Т.С. Кульболдин<sup>1,2</sup>, Д.Д. Болат<sup>1,2</sup>, А.И. Төкен<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ботаника и фитоинтродукция институты, Алматы, Қазақстан

<sup>2</sup> Әл-Фараби атындағы ҚазҰУ, Алматы, Қазақстан

\*e-mail: laura\_shadmanova@mail.ru

### Сирек кездесетін өсімдік түрлерінің генетикалық сипаттамасының зерттеулері (Ұлытау облысының мысалында)

Табиғи ресурстарды пайдалануды оңтайландыруға және биоалуандылықты түрлер мен популяциялар деңгейінде сақтауға бағытталған зерттеулер ғылыми зерттеулердің жетекші бағыттарының бірі болып табылады.

Шолу мақаласында Ұлытау облысында кездесетін сирек кездесетін «Қызыл кітапқа» еңген өсімдік түрлерінің генетикалық құрылымы мен популяциялық өзгергіштігін зерттеу үшін молекулалық маркерлерді қолдану талдауы келтірілген. Қазақстанның Қызыл кітабының [1] деректерін талдау барысында зерттелетін аумақта сирек кездесетін және жойылып кету қаупі бар 20-дан астам түрдің болуы анықталды. Әдеби дереккөздерді талдау бұрын жүргізілген жұмыстардың қайталанбауын, сонымен қатар бұрын жүргізілген зерттеулер мен олардың нәтижелері туралы ақпарат алуға мүмкіндік береді. Болашақ зерттеулердің перспективалық бағыттары, сондай-ақ кейбір түрлерді зерттеудегі жетіспеушіліктер анықталды. Молекулалық маркерлер басқа зерттеу құралдарымен салыстырғанда айтарлықтай артықшылықтарға ие екендігі атап өтілді. Сирек кездесетін өсімдік түрлерінің генетикалық құрылымын зерттеу үшін молекулалық-генетикалық әдістер мен маркерлерді таңдау маңызды.

Сирек кездесетін өсімдік түрлерін зерттеу үшін әртүрлі молекулалық маркерлерді қолдануды талдау Ұлытау облысында кездесуі мүмкін сирек және/немесе жойылып кету қаупі бар өсімдік түрлерінің популяцияларындағы және олардың арасындағы генетикалық әртүрлілікті зерттеу кезінде ISSR және SSR маркерлерінің ақпараттылығы мен сенімділігін көрсетеді.

**Түйін сөздер:** әдеби деректер, молекулалық маркерлер, өсімдіктер, сирек кездесетін түрлер, шолу талдауы, Ұлытау.

## Введение

Ключевыми направлениями ботанических исследований являются анализ региональных флор и охрана редких видов растений в местах их естественного произрастания.

Значительная широтная и долготная протяженность Казахстана в сочетании с разнообразием рельефа территории республики обуславливает специфичность флоры отдельных регионов, выражающуюся в том числе в определенном наборе редких для нее видов [2]. Так, разнообразие флоры объясняется спецификой региона, что проявляется в экологическом и таксономическом многообразии растительных видов. Гетерогенность природных условий выражается в многообразии ландшафтов территории: на севере страны преобладает зона лесостепи, южнее расположены степи и засушливые степи, а еще южнее — полупустыни и пустыни [3].

Улытауская область была организована путем выделения из западной части Карагандинской области 2022 году и занимает центральную часть Казахского мелкосопочника. Рельеф данной области характеризуется небольшими возвышенностями и понижениями. Разнообразие флоры представлено степными и полупустынными

травами и кустарниками, приспособленными к засушливым условиям центрального Казахстана, лесные насаждения встречаются редко. Также данная область является индустриальным регионом страны [4]. Здесь находятся несколько месторождений полезных ископаемых, которые имеют важную роль в горнодобывающей отрасли. В то же время добыча угля и металлов приводят к формированию отвалов и негативно воздействуют на окружающую среду. В связи с чем, комплексное изучение и мониторинг растительности данной области представляют научный и практический интерес для сохранения и устойчивого использования его биоразнообразия.

Как известно, исчезновение любого вида растения является катастрофической и невозполнимой потерей для природы. Особой опасности подвергаются виды, численность которых ограничена или которые встречаются на специфической географической территории и определяющиеся как «редкий», «исчезающий» и/или «эндемичный» вид.

Эффективное сохранение редких видов невозможно без учета его генетической компоненты. Данные о генетическом разнообразии и структуре природных популяций редких растений являются необходимыми для разработки

стратегии их сохранения, позволяют оценить динамическое поведение в их естественной среде обитания и помогает оценить их устойчивость к экстремальным экологическим явлениям, вспышкам болезней и изменению климата.

Таким образом, понимание генетического разнообразия популяций редких видов позволяет эффективно управлять и сохранять исчезающие дикорастущие растения путем отбора соответствующих популяций [5]. Кроме того, генетическое разнообразие является источником признаков, которые можно использовать в селекционных программах для получения сортов с высокой устойчивостью к биотическим и абиотическим стрессам [6].

Анализ литературных данных может служить основой для планирования молекулярно-генетических исследований редких видов растений Улытауской области, с целью определения, проводились ли ранее аналогичные исследования по этим видам или же данная область остается недостаточно изученной.

## Результаты

Изучив материалы Красной книги Казахстана (2014), мы установили, что на территории Улытауской области могут встречаться более 20 видов растений, находящихся под угрозой исчезновения и относящихся к категории редких: *Tulipa biebersteiniana* Schult. et Schult.fil., *Tulipa borszczowii* Regel., *Tulipa schrenkii* Regel, *Tulipa biflora* Pall., *Tulipa patens* C. Agardh, *Scirpus kazakhstanicus* Dobroch, *Tanacetum ulutavicum* Tzvel., *Alnus glutinosa* (L) Gaerth., 8. *Anabasis turgaica* Iljin et Krasch., *Berberis karkaralensis* Kornilov et Potapov, *Adonis wolgensis* Stev., *Pulsatilla flavescens* (Zucc.) Regel *Pulsatilla patens* (L.) Mill., *Drosera rotundifolia* L., *Oxytropis subverticillaris* C.A.Mey., *Stipa pennata* L., *Ornithogalum fischerianum* Krasch, *Astragalus Sumneviczii* Pavlov, *Hedysarum bectauatavicum* Bajtenov, *Betula kirghisorum* Sawicz, *Nymphoides peltata* (S.G.Gmel.) Kuntze, *Craniospermum echioides* (Schrenk) Bunge, *Crambe tataria* Sebeók, *Berberis karkaralensis* Kornil. & Potopov.

В Казахстане 18 видов рода *Tulipa* находятся под охраной, 5 из которых встречаются в Улытауской области.

Анализ литературных источников показал, что для исследования генетического разнообразия видов тюльпанов активно применяются молекулярные маркеры, включая маркеры EST-SSR (экспрессируемые транскрипционные по-

следовательности — простые нуклеотидные повторы), которые находят широкое применение в изучении генетической вариабельности этих видов [7]. Также исследования осуществляются с использованием маркеров RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat) и SNP (Single Nucleotide Polymorphism) для молекулярной характеристики видов тюльпанов [8-11].

На данный момент многие виды рода *Tulipa* со всего мира были проанализированы с использованием ядерных и хлоропластных маркеров (nrITS, accD-psaI, rps16-trnQ, rpl32-trnL, rps15-ycf1, rps4-trnT, trnE-trnT, matK, psbA-trnH, and rbcL и др) [9-11; 14-16]. Это обусловило рекомендацию маркеров ycf1, matK и nrITS как наилучших для широкого применения в изучении их генетической структуры [13].

Комплексное изучение генетической структуры популяций тюльпанов было проведено для *Tulipa biebersteiniana*, *T. patens*, *T. scytica* и *T. riparia* с использованием AFLP-маркеров [14]. В ходе данного исследования генетический полиморфизм каждого вида тюльпанов был определен с использованием трех различных комбинаций праймеров по 87 локусам. Анализ данных выявил 23% изменчивости среди изученных видов и 56% разнообразия внутри популяции. Исследования позволили оценить взаимное родство различных популяций и их адаптивность с помощью метода секвенирования с использованием маркеров ITS и хлДНК (RbCl, matK). Поскольку *Tulipa patens* демонстрирует высокий уровень генетического разнообразия, необходимость эффективных мер по сохранению и защите этого вида особенно важна для использования в селекции и будущей устойчивости вида в дикой природе. *Tulipa biebersteiniana* была идентифицирована как вид растения с низким уровнем генетического разнообразия. Генетическая однородность этого вида связана с факторами окружающей среды и его естественной системой вегетативного размножения. Естественный вегетативный способ размножения и самонесовместимость повышают однородность этого вида и ограничивают генетическую изменчивость. Результаты исследования показывают, что *T.biebersteiniana* высоко восприимчивы к возбудителю *Puccinia prostii*, что увеличивает риск их исчезновения, что указывает на необходимость принятия мер по увеличению генетического разнообразия для сохранения данного вида.

Pourkhaloe и др. [15] также установили связь между дикими и культивируемыми тюль-

панами, собрав данные, позволяющие глубже понять историю их эволюции и влияние человеческой деятельности на их генетический состав. Эти сведения используются для разработки стратегий охраны и селекционной работы с тюльпанами. Анализ AMOVA выявил межпопуляционную изменчивость на 23% среди изученных видов и внутривидовую дисперсию на 56% внутри популяций. Наибольшая видовая дифференциация (33%) обнаружена у *T. biebersteiniana*, а наименьший уровень дифференциации (13%) отмечен у *T. riparia*. Эти результаты свидетельствуют о неравномерности генетического потока между разными популяциями и их адаптивных особенностей в зависимости от условий окружающей среды.

Виды родов *Ornithogalum* и *Stipa* рассматриваются как ресурсные растения и выполняют ключевую роль в поддержании устойчивости экосистем. *Ornithogalum fischerianum* Krasch (звезда Фишера) имеет пищевое, декоративное и лекарственное значение [1], но информация о его генетическом разнообразии и размере генома ограничена. Для изучения генетической структуры некоторых видов рода *Ornithogalum* количество ядерной ДНК определяли методом проточной цитометрии. Для изучения генетического сходства и различия его популяций использовались молекулярные маркеры, такие как RAPD, ISSR и SRAP [17].

*Stipa pennata* — находится под угрозой исчезновения не только в Казахстане, но и в Центральной Европе из-за сокращения его среды обитания. Для изучения генетического разнообразия и структуры популяции *Stipa pennata* были разработаны десять микросателлитных маркеров с использованием технологии секвенирования Illumina. Среди них семь маркеров показали полиморфизм, что позволило изучить генетическое разнообразие каждого локуса. С помощью микросателлитных маркеров число аллелей каждого локуса варьировало от 7 до 12, а уровень гетерозиготности достигал 0,000–1,000 [18]. Согласно исследованию Dong, P [19] метод RAPD оказался эффективным при изучении генетического разнообразия популяций *Astragalus membranaceus* географически удаленных регионов. Например, в 15 образцах из четырех разных провинций было идентифицировано 85 аллельных вариантов, а доля полиморфных фрагментов составила 78,16%. Оценка генетического расстояния между диким и культивируемым *A. membranaceus* составило 0,7026, что указывает на то, что они довольно далеки друг от друга.

*Nymphoides peltata* — многолетнее водное растение, широко распространенное в Северном полушарии, характеризующееся очищающими воду свойствами. В Японии его популяция в последние годы сокращается, а вид признан «находящимся под угрозой исчезновения» [22]. Основной способ размножения — вегетативное размножение корневищами, что позволяет распространиться на новые территории и сохранить генетическую уникальность.

Исследование японских ученых показало, что уровень генетического разнообразия и клональности *Nymphoides peltata* с использованием маркеров SNP было меньше, чем в предыдущих исследованиях с применением маркеров SSR. Такое снижение можно объяснить сокращением численности особей в последние годы. Результаты генетической экспертизы показали, что между восточными и западными регионами в генетической структуре, изученных популяций имеются существенные генетические различия [23].

В настоящее время имеется ограниченная информация о молекулярно-генетических исследованиях растений, встречающихся в Казахстане, таких как *Astragalus sumnevicii*, *Hedysarum bectauatavicum*, *Craniospermum echiodoides*, *Tanacetum ulutavicum* и *Betula kirghisorum*.

Однако маркеры AFLP, ISSR и SNP используются в исследованиях других видов рода *Hedysarum*, *Tanacetum*, *Craniospermum*, что позволяет оценить их генетическое разнообразие и филогенетическую структуру [24–25].

*Alnus glutinosa* играет решающую роль в борьбе с наводнениями, стабилизации берегов рек и очистке воды [28]. В исследовании, проведенном отечественными учеными изучалась генетическая изменчивость популяций *A. glutinosa* в Казахстане. Анализ семи популяций Баянаульского горно-лесного массива и северных Тургайских районов с использованием 12 SSR-маркеров выявил высокое внутривидовое генетическое разнообразие. Дерево UPGMA, основанное на генетическом расстоянии Нея, выявило три отдельных кластера, что указывает на географически структурированную генетическую изменчивость в популяциях *A. glutinosa*.

Сравнительный анализ популяций *Alnus glutinosa* и *Alnus lusitanica* был проведен в Испании и описывает генетическое разнообразие, внутривидовые взаимоотношения и ареалы распространения популяций. Чтобы проанализировать генетическую структуру этих деревьев, исследователи использовали анализ плоидности, подсчет



хромосом, проточную цитометрию и микросателлитные маркеры (SSR). В результате исследовано 627 деревьев, выявлено 92 диплоидных (*A. glutinosa*) и 535 тетраплоидных (*A. lusitanica*) деревьев. Это указывает на то, что разные уровни пloidности были впервые зарегистрированы в Испании и не было обнаружено никаких доказательств гибридизации, даже если два вида про-

израстали в одном растительном сообществе. С помощью маркеров SSR были обнаружены четкие генетические различия между двумя видами, особенно в популяциях *A. glutinosa* [29]. В таблице 1 представлены данные литературного анализа для редких видов области Улытау, ареал которых был зарегистрирован или может встречаться на данной территории.

**Таблица 1** – Применение молекулярных маркеров для исследования генетической изменчивости редких видов растений, потенциально встречающихся в Улытауской области

Вид растения	Тип ДНК-маркера								Литературный источник
	RAPD	AFLP	ISSR	SSR	SNP	ITS	cpDNA	rDNA	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
<i>Tulipa biebersteiniana</i>	-	+	-	+	-	-	-		[9; 10; 12; 14; 15]
<i>Tulipa biflora</i>	-	+	-	-	-	+	+		[9; 10; 16]
<i>Tulipa patens</i>	-		-	-	+	+	+	+	[12; 14; 15; 16]
<i>Tulipa schrenkii</i>	-	-	+	-	-	-	-		[10; 15]
Виды <i>Ornithogalum</i>	+	-	-	-	-	-	-		[12; 14; 16]
Виды <i>Scirpus</i>	-	+	-	+	-	-	-		[18; 19] Mei Yang
<i>Stipa pennata</i>	+	+	+	+	+	-	-		[20]
Виды <i>Astragalus</i>	+	+	+	+	-	-	+	+	[21]
Виды <i>Hedysarum</i>	-	-	-	+	+	-	+	+	[24; 25]
<i>Nymphoides peltata</i>	-	-	-	+	+	-	-	-	[22; 23]
Виды <i>Tanacetum</i>	-	-	+	+	-	-	-	-	[26; 27]
<i>Alnus glutinosa</i>	-	-	+	-	-	-	-	-	[28; 29; 30]
<i>Adonis wolgensis</i>	-		+						[31]
<i>Pulsatilla flavescens</i>		-	+	+	-	-	-		[28-30]
<i>Pulsatilla patens</i>	-	-	-	-	-	-	-		[32-33]
<i>Crambe tataria</i>	-						+		[34-35]

Данные таблицы подтверждают, что исследование генетической структуры редких растений чаще проводятся на основе методов анонимного полиморфизма амплифицированных фрагментов, таких как AFLP, RAPD, ISSR, SSR. Эти маркеры наиболее информативны для выявления и оценки генетического разнообразия растительных популяций и их использование может существенно способствовать разработке стратегий охраны и рационального управления генетическими ресурсами растений.

Маркеры ядерной, пластидной и митохондриальной ДНК выполняют задачи, связанные с филогенетическими, филогеографическими исследованиями. Таким образом, применение дан-

ных маркеров зависит от специфики конкретных задач, которые ставит перед собой исследователь.

### Заключение

До разработки методов молекулярной биологии ботанические исследования проводились на основе морфологических, фенотипических, биологических особенностей развития растения. Генетическая изменчивость изучалась с применением биохимических, кариологических и цитогенетических методов. Молекулярные маркеры обладают высокой степенью надежности и точности, что делает их полезными инстру-

ментами для планирования и реализации мероприятий по сохранению растительности, о чем свидетельствует проведенный нами анализ литературных источников. В ходе литературного обзора было проанализировано использование различных молекулярных маркеров для исследования генетических характеристик редких растений области Улытау. На основании проведенного анализа было установлено, что параметр генетической изменчивости различается между видами и может варьироваться в зависимости от типа локуса. Немаловажным является выбор молекулярно-генетических методов и маркеров для изучения генетической структуры редких видов растений.

Стоит отметить возросший интерес к изучению генетической структуры популяций видов рода *Tulipa*, возможно связанный с высокой декоративной и селекционной ценностью тюльпанов, что обуславливает необходимость их сохранения и устойчивого использования.

Сравнительный анализ публикаций последних лет с использованием молекулярных маркеров показал информативность и достоверность ISSR и SSR маркеров для изучения генетического разнообразия внутри и между популяций редких видов растений, потенциально встречающихся в Улытауской области.

### Источник финансирования

Статья опубликована в рамках научно-технической программы ПЦФ BR23591088 «Создание Кадастра растений Улытауской области как реализация задач Закона РК «О растительном мире» для устойчивого использования ботанических ресурсов региона» на 2024-2026 гг

### Конфликт интересов

Все авторы прочитали и ознакомились с содержанием статьи и не имеют конфликта интересов.

### Литература

1. Красная книга Казахстана. (2014). Том 2. Часть 1. Растения. Алматы, 452 с. (In Russian)
2. Веселова, П. В., Кудобаева, Г. М., & Ситпаева, Г. Т. (2023). Каталог редких и исчезающих видов флоры Алматинской области. Алматы, 26(7), 180 с. (In Russian)
3. Рябушкина, Н. А., Аbugалиева, С. И., & Турусбеков, Е. К. (2016). Проблема изучения и сохранения биоразнообразия флоры Казахстана. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*, 3, 13-23. (In Russian)
4. Интернет источник. (n.d.). Retrieved from <https://regions.vlast.kz/ulytau>
5. Tabin, Sh., Kamili, N., Ahmad, G., et al. (2016). Genetic diversity and population structure of *Rheum* species in Kashmir Himalaya based on ISSR markers. *Flora*, 223, 121-128. <https://doi.org/10.1016/j.flora.2016.05.001>
6. Шадманова, Л. Ш., Куцев, М. Г., Ситпаева, Г. Т., & Мукан, Г. С. (2023). Биоморфологические особенности природных форм *Malus sieversii* ценопопуляций Джунгарского Алатау (Республика Казахстан). *Ботанический журнал Турецкой Республики*, 26(3), 199–209. (In Russian)
7. Yermagambetova, M., Almerikova, S., Ivashchenko, A., Turuspekoy, Y., & Abugaliev, S. (2024). Genetic diversity of *Tulipa alberti* and *T. greigii* populations from Kazakhstan based on expressed sequence tag simple sequence repeat markers. *Plants*, 13(18), 2667. <https://doi.org/10.3390/plants13182667>
8. Tussipkan, D., Shevtsov, V., Ramazanov, M., Rakhimzhanov, A., Shevtsov, A., & Manabayeva, S. (2024). Kazakhstan tulips: Comparative analysis of complete chloroplast genomes of four local and endangered species of the genus *Tulipa* L. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1433253. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1433253>
9. Kiani, M., Memariani, F., & Zarghami, H. (2012). Molecular analysis of species of *Tulipa* L. from Iran based on ISSR markers. *Plant Systematics and Evolution*, 298, 10.1007/s00606-012-0654-0
10. Asgari, D., Babaei, A., & Naghavi, M. R. (2020). Biodiversity status of *Tulipa* (Liliaceae) in Iran inferred from molecular characterization. *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 61, 559–567. <https://doi.org/10.1007/s13580-019-00158-0>
11. Maxmudov, A. V., Kodirov, U. H., Mavlanov, B. J., Allamurotov, A. L., & Abduraimov, O. S. (2024). Ontogenetic structure of coenopopulations of *Tulipa kaufmanniana* Regel (Liliaceae) in Uzbekistan. *Environment and Ecology Research*, 12(2), 121–130. <https://doi.org/10.13189/eer.2024.120203>
12. Kutlunina, N. A., Polezhaeva, M. A., & Permiakova, M. V. (2013). Morphologic and AFLP analysis of relationships between tulip species *Tulipa biebersteiniana* (Liliaceae). *Genetika*, 49(4), 461-471. <https://doi.org/10.7868/s0016675813040097>
13. Almerikova, S., Yermagambetova, M., Ivashchenko, A., Turuspekoy, Y., & Abugaliev, S. (2024). Comparative analysis of plastome sequences of seven *Tulipa* L. (Liliaceae Juss.) species from section *Kolpakowskianae*. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(14), 7874. <https://doi.org/10.3390/ijms25147874>
14. Pourkhaloe, A., Khosh-Khui, M., Arens, P., et al. (2018). Molecular analysis of genetic diversity, population structure, and phylogeny of wild and cultivated tulips (*Tulipa* L.) by genic microsatellites. *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 59, 10.1007/s13580-018-0055-6
15. Pourkhaloe, A., Khosh-Khui, M., Arens, P., & Salehi, H. (2017). Genetic diversity and population structure of Iranian tulips revealed by EST-SSR and NBS-LRR markers. *International Journal of Horticultural Science & Technology*, 4, 167–182.

16. Sutula, M., Kakanay, A., Tussipkan, D., Dzhumanov, S., & Manabayeva, S. (2024). Phylogenetic analysis of rare and endangered *Tulipa* species (Liliaceae) of Kazakhstan based on universal barcoding markers. *Biology*, 13(6), 365. <https://doi.org/10.1016/j.biology.2024.101606>
17. Karaguzel, O., Mutlu, N., Göktürk, R., Tuna, M., & Boyacı, F. (2024). Genome size and genetic diversity of some *Ornithogalum* species. *Journal of Plant Research*, 29, 107-113.
18. Yang, M., Zhou, Y., Zhu, Q., Lu, F., Wang, Y., Chen, J., Wu, Q., & Zhang, W. (2009). AFLP markers in the detection of *Scirpus × mariqueter* (Cyperaceae) hybrid in China. *Aquatic Botany*, 91(4), 298-302. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2009.08.005>
19. Li, X., Zhou, Y., Wang, Y., et al. (2014). Isolation and characterization of twelve novel microsatellite markers for the sea-bulrush (*Scirpus mariqueter* Tang et Wang, Cyperaceae). *Conservation Genetics Resources*, 6, 677–678. <https://doi.org/10.1007/s12686-014-0188-6>
20. Klichowska, E., Ślipiko, M., Nobis, M., & Szczecińska, M. (2018). Development and characterization of microsatellite markers for endangered species *Stipa pennata* (Poaceae) and their usefulness in intraspecific delimitation. *Molecular Biology Reports*, 45(4), 639-643. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4192-x>
21. Dong, P., Wang, L., Chen, Y., Wang, L., Liang, W., Wang, H., Cheng, J., Chen, Y., & Guo, F. (2024). Germplasm resources and genetic breeding of *Huang-Qi* (*Astragali Radix*): A systematic review. *Biology*, 13(8), 625. <https://doi.org/10.3390/biology13080625>
22. Asakawa, A., Murakami, S., Horie, S., Matsuo, A., Suyama, Y., Fujii, S., & Maki, M. (2024). Genome-wide SNPs reveal clonality and population genetic structure of *Nymphoides peltata* in Japan (Menyanthaceae). *Aquatic Botany*, 190, 103720.
23. Daniel, L. (2006). Reproduction strategies in introduced *Nymphoides peltata* populations revealed by genetic markers. *Aquatic Botany*, 86(4), 402-406. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2006.11.009>
24. Yurkevich, O. Y., Samatadze, T. E., Zoshchuk, S. A., Amosova, A. V., & Muravenko, O. V. (2024). Species of the sections *Hedysarum* and *Multicaulia* of the genus *Hedysarum* (Fabaceae): Taxonomy, distribution, chromosomes, genomes, and phylogeny. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(15), 8489.
25. Juramurodov, I., Makhmudjanov, D., Yusupov, Z., & Tojibaev, K. (2023). First comparative analysis of complete chloroplast genomes among six *Hedysarum* (Fabaceae) species. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1211247.
26. Mojarad Ashenaabad, M., Hosseini Sarghein, S., Sonboli, A., & Heidari, R. (2018). Genetic variability of *Tanacetum polyccephalum* populations in West Azarbaijan using ISSR molecular markers. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 26(2), 268-278. <https://doi.org/10.22092/ijrfpbgr.2018.117965>
27. Varga, F., Liber, Z., Jakše, J., Turudić, A., Šatović, Z., Radosavljević, I., Jeran, N., & Grdiša, M. (2022). Development of microsatellite markers for *Tanacetum cinerariifolium* (Trevis.) Sch. Bip., a plant with a large and highly repetitive genome. *Plants (Basel)*, 11(13), 1778. <https://doi.org/10.3390/plants11131778>
28. Nurtaza, A., Dyussembekova, D., Shevtsov, A., Islamova, S., Samatova, I., Koblanova, S., Borodulina, O., & Kakimzhanova, A. (2024). Assessing genetic variability and population structure of *Alnus glutinosa* (Black Alder) in Kazakhstan using SSR markers. *Plants (Basel)*, 13(21), 3032. <https://doi.org/10.3390/plants13213032>
29. Martín, M. A., Moreno, R., Die, J. V., Cabrera, A., Castro, P., Pérez, M. D., & Solla, A. (2024). Distribution, diversity and genetic structure of alders (*Alnus lusitanica* and *A. glutinosa*) in Spain. *Forest Ecology and Management*, 562, 121922. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2024.121922>
30. King, R. A., & Ferris, C. (2000). Chloroplast DNA and nuclear DNA variation in the sympatric alder species, *Alnus cordata* (Lois.) Duby and *A. glutinosa* (L.) Gaertn. *Biological Journal of the Linnean Society*, 70(1), 147-160.
31. Beyshova, I. S., Sultangazina, G., Ulyanov, V. A., Beyshov, R. S., Beltyukova, N. N., & Kutinskaja, A. M. (2019). Genetic diversity of the coenopopulations of *Adonis wolgensis* Stev. growing in the northern regions of Kazakhstan. *Bulletin of the Karaganda University: Biology, Medicine, Geography Series*, 94(2), 17-25.
32. Szczecińska, M., Sramko, G., Wołosz, K., & Sawicki, J. (2016). Genetic diversity and population structure of the rare and endangered plant species *Pulsatilla patens* (L.) Mill in East Central Europe. *PLoS One*, 11(3), e0151730. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0151730>
33. Beishov, R. S., et al. (2021). Genetic state of *Pulsatilla patens* (L.) Mill. coenopopulations based on DNA labeling. *OnLine Journal of Biological Sciences*, 21(1), 161-171.
34. Chokheli, V. A., Shmaraeva, A. N., Kornienko, I. V., Stepanenko, V. V., Rajput, V. D., Singh, A., & Varduni, T. V. (2022). Assessment of genetic diversity and DNA fingerprinting of rare species of the genus *Crambe* (Brassicaceae). *Crop and Pasture Science*.
35. Hacıoğlu, B. T., & Özgüşi, K. (2023). Haplotype diversity and molecular phylogeny of wild *Crambe* L. (Brassicaceae) taxa of Turkey. *Turkish Journal of Botany*, 47(4), 278-290.

## References

1. Krasnaya kniga Kazahstana. (2014). *Tom 2. Chast I. Rasteniya* [Red Book of Kazakhstan. Vol. 2, Part 1. Plants]. Almaty. (In Russian).
2. Veselova, P. V., Kudabaeva, G. M., Sitpaeva, G. T., & others. (2023). *Katalog redkih i ischezayushih vidov flory Almatinskoy oblasti* [Catalog of rare and endangered species of the flora of the Almaty region]. Almaty, Tom 26 (7), 180. (In Russian).
3. Ryabushkina, N. A., Abugalieva, S. I., & Turusbekov, E. K. (2016). Problema izucheniya i sohraneniya bioraznoobraziya flory Kazahstana [The problem of studying and preserving the biodiversity of Kazakhstan's flora]. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*, 3, 13-23. (In Russian).
4. Internet istochnik. (n.d.). <https://regions.vlast.kz/ulytau>. (In Russian).

5. Tabin, Sh., Kamili, N. A., Ganie, A. Sh., et al. (2016). Genetic diversity and population structure of *Rheum* species in Kashmir Himalaya based on ISSR markers. *Flora*, 223, 121-128. <https://doi.org/10.1016/j.flora.2016.05.001>
6. Shadmanova, L. Sh., Kucev, M. G., Sitpaeva, G. T., & Mukan, G. S. (2023). Biomorfologicheskie osobennosti prirodnih form *Malus sieversii* cenopopulyacij Dzhungarskogo Alatau (Respublika Kazakhstan) [Biomorphological features of natural forms of *Malus sieversii* coenopopulations in Dzhungarian Alatau (Republic of Kazakhstan)]. *Botanicheskij zhurnal Turczaninowia*, 26(3), 199–209. (In Russian).
7. Yermagambetova, M., Almerikova, S., Ivashchenko, A., Turuspekoy, Y., & Abugaliev, S. (2024). Genetic diversity of *Tulipa alberti* and *T. greigii* populations from Kazakhstan based on application of expressed sequence tag simple sequence repeat markers. *Plants*, 13(18), 2667. <https://doi.org/10.3390/plants13182667>
8. Tussipkan, D., Shevtsov, V., Ramazanova, M., Rakhimzhanova, A., Shevtsov, A., & Manabayeva, S. (2024). Kazakhstan tulips: Comparative analysis of complete chloroplast genomes of four local and endangered species of the genus *Tulipa* L. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1433253. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1433253>
9. Kiani, M., Memariani, F., & Zarghami, H. (2012). Molecular analysis of species of *Tulipa* L. from Iran based on ISSR markers. *Plant Systematics and Evolution*, 298, 10.1007/s00606-012-0654-0
10. Asgari, D., Babaei, A., & Naghavi, M. R. (2020). Biodiversity status of *Tulipa* (Liliaceae) in Iran inferred from molecular characterization. *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 61, 559–567. <https://doi.org/10.1007/s13580-019-00158-0>
11. Maxmudov, A. V., Kodirov, U. H., Mavlanov, B. J., Allamurotov, A. L., & Abduraimov, O. S. (2024). Ontogenetic structure of coenopopulations of *Tulipa kaufmanniana* Regel (Liliaceae) in Uzbekistan. *Environment and Ecology Research*, 12(2), 121–130. <https://doi.org/10.13189/eer.2024.120203>
12. Kutlunina, N. A., Polezhaeva, M. A., & Permiakova, M. V. (2013). Morphologic and AFLP analysis of relationships between tulip species *Tulipa biebersteiniana* (Liliaceae). *Genetika*, 49(4), 461-471. <https://doi.org/10.7868/s0016675813040097> (In Russian).
13. Almerikova, S., Yermagambetova, M., Ivashchenko, A., Turuspekoy, Y., & Abugaliev, S. (2024). Comparative analysis of plastome sequences of seven *Tulipa* L. (Liliaceae Juss.) species from section *Kolpakowskianae* Raamsd. ex Zonn and Veldk. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(14), 7874. <https://doi.org/10.3390/ijms25147874>
14. Pourkhaloe, A., Khosh-Khui, M., Arens, P., Salehi, H., Razi, H., Niazi, A., Afsharifar, A., & Tuyl, J. (2018). Molecular analysis of genetic diversity, population structure, and phylogeny of wild and cultivated tulips (*Tulipa* L.) by genic microsatellites. *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 59, 10.1007/s13580-018-0055-6
15. Pourkhaloe, A., Khosh-Khui, M., Arens, P., & Salehi, H. (2017). Genetic diversity and population structure of Iranian tulips revealed by EST-SSR and NBS-LRR markers. *International Journal of Horticultural Science and Technology*, 4, 167–182.
16. Sutula, M., Kakanay, A., Tussipkan, D., Dzhumanov, S., & Manabayeva, S. (2024). Phylogenetic analysis of rare and endangered *Tulipa* species (Liliaceae) of Kazakhstan based on universal barcoding markers. *Biology*, 13(6), 365. <https://doi.org/10.1007/s13580-018-0055-6>
17. Karaguzel, O., Mutlu, N., Göktürk, R., Tuna, M., & Boyacı, F. (2024). Genome size and genetic diversity of some *Ornithogalum* species. *Journal of Plant Research*, 29, 107-113.
18. Yang, M., Zhou, Y., Zhu, Q., Lu, F., Wang, Y., Chen, J., Wu, Q., & Zhang, W. (2009). AFLP markers in the detection of *Scirpus × mariqueter* (Cyperaceae) hybrid in China. *Aquatic Botany*, 91(4), 298-302. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2009.08.005>
19. Li, X., Zhou, Y., Wang, Y., et al. (2014). Isolation and characterization of twelve novel microsatellite markers for the sea-bulrush (*Scirpus mariqueter* Tang et Wang, Cyperaceae). *Conservation Genetics Resources*, 6, 677–678. <https://doi.org/10.1007/s12686-014-0188-6>
20. Klichowska, E., Ślipiko, M., Nobis, M., & Szczecińska, M. (2018). Development and characterization of microsatellite markers for endangered species *Stipa pennata* (Poaceae) and their usefulness in intraspecific delimitation. *Molecular Biology Reports*, 45(4), 639-643. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4192-x>
21. Dong, P., Wang, L., Chen, Y., Wang, L., Liang, W., Wang, H., Cheng, J., Chen, Y., & Guo, F. (2024). Germplasm resources and genetic breeding of *Huang-Qi* (*Astragali Radix*): A systematic review. *Biology*, 13(8), 625. <https://doi.org/10.3390/biology13080625>
22. Asakawa, A., Murakami, S., Horie, S., Matsuo, A., Suyama, Y., Fujii, S., & Maki, M. (2024). Genome-wide SNPs reveal clonality and population genetic structure of *Nymphoides peltata* in Japan (Menyanthaceae). *Aquatic Botany*, 190, 103720.
23. Daniel, L. (2006). Reproduction strategies in introduced *Nymphoides peltata* populations revealed by genetic markers. *Aquatic Botany*, 86(4), 402-406. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2006.11.009>
24. Yurkevich, O. Y., Samatadze, T. E., Zoshchuk, S. A., Amosova, A. V., & Muravenko, O. V. (2024). Species of the sections *Hedysarum* and *Multicaulia* of the genus *Hedysarum* (Fabaceae): Taxonomy, distribution, chromosomes, genomes, and phylogeny. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(15), 8489.
25. Juramurodov, I., Makhmudjanov, D., Yusupov, Z., & Tojibaev, K. (2023). First comparative analysis of complete chloroplast genomes among six *Hedysarum* (Fabaceae) species. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1211247.
26. Mojarrad Ashenaabad, M., Hosseini Sarghein, S., Sonboli, A., & Heidari, R. (2018). Genetic variability of *Tanacetum polycephalum* populations in West Azarbaijan using ISSR molecular markers. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 26(2), 268-278. <https://doi.org/10.22092/ijrfpbgr.2018.117965>
27. Varga, F., Liber, Z., Jakše, J., Turudić, A., Šatović, Z., Radosavljević, I., Jeran, N., & Grdiša, M. (2022). Development of microsatellite markers for *Tanacetum cinerariifolium* (Trevis.) Sch. Bip., a plant with a large and highly repetitive genome. *Plants (Basel)*, 11(13), 1778. <https://doi.org/10.3390/plants11131778>



28. Nurtaza, A., Dyussembekova, D., Shevtsov, A., Islamova, S., Samatova, I., Koblanova, S., Borodulina, O., & Kakimzhanova, A. (2024). Assessing genetic variability and population structure of *Alnus glutinosa* (Black Alder) in Kazakhstan using SSR markers. *Plants (Basel)*, 13(21), 3032. <https://doi.org/10.3390/plants13213032>
29. Martín, M. A., Moreno, R., Die, J. V., Cabrera, A., Castro, P., Pérez, M. D., & Solla, A. (2024). Distribution, diversity and genetic structure of alders (*Alnus lusitanica* and *A. glutinosa*) in Spain. *Forest Ecology and Management*, 562, 121922. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2024.121922>
30. King, R. A., & Ferris, C. (2000). Chloroplast DNA and nuclear DNA variation in the sympatric alder species, *Alnus cordata* (Lois.) Duby and *A. glutinosa* (L.) Gaertn. *Biological Journal of the Linnean Society*, 70(1), 147-160.
31. Beyshova, I. S., Sultangazina, G., Ulyanov, V. A., Beyshov, R. S., Beltyukova, N. N., & Kutinskaia, A. M. (2019). Genetic diversity of the coenopopulations of *Adonis wolgensis* Stev. growing in the northern regions of Kazakhstan. *Bulletin of the Karaganda University: Biology, Medicine, Geography Series*, 94(2), 17-25.
32. Szczecińska, M., Sramko, G., Wołosz, K., & Sawicki, J. (2016). Genetic diversity and population structure of the rare and endangered plant species *Pulsatilla patens* (L.) Mill in East Central Europe. *PLoS One*, 11(3), e0151730. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0151730>
33. Beishov, R. S., et al. (2021). Genetic state of *Pulsatilla patens* (L.) Mill. coenopopulations based on DNA labeling. *OnLine Journal of Biological Sciences*, 21(1), 161-171.
34. Chokheli, V. A., Shmaraeva, A. N., Kornienko, I. V., Stepanenko, V. V., Rajput, V. D., Singh, A., & Varduni, T. V. (2022). Assessment of genetic diversity and DNA fingerprinting of rare species of the genus *Crambe* (Brassicaceae). *Crop and Pasture Science*.
35. Hacıoğlu, B. T., & Özgişi, K. (2023). Haplotype diversity and molecular phylogeny of wild *Crambe* L. (Brassicaceae) taxa of Turkey. *Turkish Journal of Botany*, 47(4), 278-290.

#### Авторлар туралы мәлімет:

Ситпаева Гульнара Токбергеновна – б.ғ.д., Ботаника және фитоинтродукция институтының жетекші ғылыми қызметкері, (Алматы, Қазақстан, [sitpaeva@mail.ru](mailto:sitpaeva@mail.ru)).

Шадманова Лаура Шарбатовна (корреспонденттік автор) – PhD, Ботаника және фитоинтродукция институтының аға ғылыми қызметкері, (Алматы, Қазақстан, [laura\\_shadmanova@mail.ru](mailto:laura_shadmanova@mail.ru)).

Кунанбай Алуа Абайқызы – әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің «Биотехнология» мамандығының 4 курс студенті (Алматы, Қазақстан, [kunanbayeva\\_a@mail.ru](mailto:kunanbayeva_a@mail.ru)).

Кульболдин Темирлан Сакенович – әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің «Генетика» мамандығының 2 курс магистранты (Алматы, Қазақстан, [k.temoha@gmail.com](mailto:k.temoha@gmail.com)).

Болат Дарын Даниярұлы – әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің «Генетика» мамандығының 2 курс магистранты (Алматы, Қазақстан, [daryn.bolat2020@mail.ru](mailto:daryn.bolat2020@mail.ru)).

Төкен Азиза Ильясжанқызы – Ботаника және фитоинтродукция институтының кіші ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, [t.aziza\\_93@mail.ru](mailto:t.aziza_93@mail.ru)).

#### Information about authors:

Sitpayeva Gulnara Tokbergenovna – Doctor of biological science, leading researcher, Institute of Botany and phytointroduction, (Almaty, Kazakhstan, [sitpaeva@mail.ru](mailto:sitpaeva@mail.ru))

Shadmanova Laura (correspondent author) – PhD, senior researcher, Institute of botany of phytointroduction, (Almaty, Kazakhstan, [laura\\_shadmanova@mail.ru](mailto:laura_shadmanova@mail.ru))

Kunanbai Alua – 4th year bachelor student of the specialty “Biotechnology” of the Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, [kunanbayeva\\_a@mail.ru](mailto:kunanbayeva_a@mail.ru))

Kulboldin Temirlan – 2nd year Master’s student of the specialty “Genetics” of the Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, [k.temoha@gmail.com](mailto:k.temoha@gmail.com))

Bolat Daryn – 2nd year Master’s student of the specialty “Genetics” of the Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, [daryn.bolat2020@mail.ru](mailto:daryn.bolat2020@mail.ru))

Token Aziza – junior researcher, Institute of botany of phytointroduction (Almaty, Kazakhstan, [t.aziza\\_93@mail.ru](mailto:t.aziza_93@mail.ru))

Поступила 02 декабря 2024 года

Принята 10 марта 2025 года