

ӘОЖ: 575.113

Original Article

## ҚАЗАҚСТАН ҚЫЗЫЛ КІТАБЫНА ЕНГІЗІЛГЕН СИРЕК КЕЗДЕСЕТІН АЛЬБЕРТ ҚЫЗҒАЛДАҒЫНЫҢ ХЛОРОПЛАСТ ГЕНОМЫНЫҢ ҚҰРЫЛЫМДЫҚ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ

Түсіпқан Ділнұр<sup>1</sup>, Шевцов Владислав<sup>1</sup>, Рамазанова Малика<sup>1</sup>, Өркен Айсулу<sup>1</sup>, Рахимжанова Айжан<sup>1</sup>, Шевцов Александр<sup>1</sup>, Манабаева Шуга<sup>1,2</sup><sup>1</sup>Ұлттық биотехнология орталығы, 010000, Қазақстан, Астана қ., Қорғалжын т-ж. 13/5<sup>2</sup>Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, 010000, Қазақстан, Астана қ. Қ. Сатпаев к-сі, 2

\*manabayeva@biocenter.kz

## АБСТРАКТ

Альберт қызғалдағы (*Tulipa alberti*) Азия, Еуропа және Солтүстік Африкада сәндік мақсатта қолданылатын маңызды өсімдік түрі. Бұл зерттеуде Қазақстан аймағында жойылып бара жатқан осы түрдің толық хлоропласт геномының ерекшеліктері туралы, Illumina секвенирлеу технологиясын қолдана отырып жасалған жұмыс баяндалды. Зерттеу нәтижесінде *T. alberti* толық геномы жоғары деңгейде сақталғаны анықталды. Геном мөлшері 152 382 ж.н., құрамында 26 371 ж.н. болатын екі инверттерген қайталанулар (ИҚ) аймағы, 82 378 ж.н. құрайтын ұзын бір сатылы (ҰБС) аймақ және 17 259 ж.н. тұратын қысқа бір сатылы (ҚБС) аймақ бар. Жалпы ГЦ мөлшері 36,58%. Геномда 131 ген анықталды: 85-і ақуыз кодтаса, 38-і тРНҚ-ны және 8-і рРНҚ-ны кодтайды. 28 геннің интрон ұзындығы 540–2 620 ж.н. аралығында болды. Нуклеотидтердің әртүрлілігі ( $\pi$ ) 0,003257. Қарапайым тізбекті қайталануларды (ҚТҚ) талдауы бойынша, *T. alberti* геномында 159 ҚТҚ локустары табылды. Олар негізінен ҰБС аймағында (63,19%), ҚБС аймағында (18,39%) және ИҚ аймағында (14,37%) орналасқан. ҚТҚ-лардың алты санаты (моно-, ди-, три-, тетра-, пента-, гексануклеотид) анықталды. Ең полиморфты ақуыз-кодтайтын (КДТ) гендер *rpoC2*, *cemA*, *rbcL*, *rpl36*, *psbH*, *rps3*, *rpl22*, *ndhF*, *ycf1*, *matK* екендігі анықталды, олар жоғары тізбектік әртүрлілікке ( $T\Theta = 2,581 - 6,102$ ) және нуклеотидтердің әртүрлілігіне ( $\pi = 0,004 - 0,010$ ) ие. Салыстырмалы синонимдік кодондарды пайдалану (ССКП) талдауы артық және аз қолданылатын кодондарды анықтады. Альберт қызғалдағының хлоропласт геномын зерттеу сирек кездесетін түрдің генетикалық ресурстарын сақтау және эволюциялық, филогенетикалық ерекшеліктерін түсіну үшін маңызды. Алайда, бүгінгі күнге дейін *Tulipa alberti* хлоропласт геномының толық секвенирленуі және кешенді биоинформатикалық талдауы туралы деректер жеткіліксіз. Бұл зерттеу Қазақстан флорасының биологиялық әртүрлілігін қорғауға және молекулалық деңгейде тиімді сақтау стратегияларын әзірлеуге негіз бола алады.

**Кілт сөздер:** Альберт қызғалдағы (*Tulipa alberti*), хлоропласт геномы, қарапайым тізбекті қайталанулар (ҚТҚ), түйісу нүктесі, кодонды пайдалану үлгілері, полиморфты КДТ гендер

## КІРІСПЕ

Қызғалдақ (*Tulipa L.*) туысына шамамен 150 түр жатады, олар негізінен Азия, Еуропа және Солтүстік Африкада кеңінен таралған, ал Орта Азия бұл өсімдіктің әртүрлілік орталығы ретінде белгілі [1]. Орта Азияда *Tulipa* туысы 63 түрі кездеседі [2], оның 34-і Қазақстанда [3] таралған. Атап айтқанда, осы түрлердің 18-і Қызыл кітапқа енгізілген және мемлекет қорғауында [4]. Солардың ішінде шектеулі таралу аймағы мен қорғау мәртебесіне байланысты Альберт қызғалдағы (*Tulipa alberti* Regel) ерекше қызығушылық тудырады. *T. alberti* Халықаралық табиғат қорғау одағының (ХТҚО) қауіп-қатер төнген түрлердің Қызыл тізімінде «жойылу қаупі бар» түр ретінде тіркелген, бұл осы түрді сақтау шараларының маңыздылығын көрсетеді.

*Tulipa L.* туысы лалагүлділер (*Liliaceae*) тұқымдасына жатады, бұл тұқымдас дүние жүзі бойынша кеңінен таралған және шамамен 250 туыс пен 3500 түрді қамтиды [1]. *Tulipa L.* туысы *Lilioideae* кіші тұқымдасына және *Lilieae* трибасына кіреді, әрі төрт кіші туыстан тұрады: *Chusianae*, *Tulipa*, *Eriostemones* және *Orythia* [5]. Бұл туыстың түрлік әртүрлілігінің басты орталықтары ретінде Памир мен Гиндукуш таулары, сондай-ақ Қазақстан далалары саналады. Қызғалдақ туысының шамамен 150 түрі Азия, Еуропа және Солтүстік Африкада өсіп-өнеді және осы аймақтардың табиғи жағдайларына жақсы бейімделген [6].

Қызғалдақ – көктем мезгілінде, наурыз бен мамыр аралығында гүлдейтін көпжылдық өсімдік. Бұл гүлдердің түстері алуан түрлі - қызыл, қызғылт, сары және ақ, бірақ олардың ішінде жылы түстер басым. *Tulipa* туысына жататын 1257 үлгіге байланысты толық ақпарат Genesys дерекқорының онлайн платформасында, сондай-ақ жетекші генетикалық қор жинақтарында сақтаулы. Genesys базасындағы ең көп үлгілер Польшада тіркелген (636 үлгі), одан кейінгі орындарда Чехия (340), Украина (121), Ұлыбритания (72), Израиль (64), АҚШ (9), Ресей (7) және Армения (2) тұр [7]. Қызғалдақтардың ботаникалық сипаттамаларын жан-жақты зерттеуге мүмкіндік беретін дереккөз ретінде Gardenia және Missouri Botanical Garden сайттары кеңінен қолданылады [8].

Альберт қызғалдағы Қазақстан, Қырғызстан және Өзбекстанда кездеседі, ал Қазақстанда ол бірнеше өңірлерде таралған, атап айтқанда, Сырдария аймағындағы Қаратау тауларында, Шу, Іле аймағында, Бетпақдала шөлінің оңтүстігінде, Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс етегінде (Қазақстанның оңтүстігінде). Бұл гүлдің тарихи маңызы 1877 жылмен байланысты, сол кезде Эдуард Регель *T. alberti* гүлін Қаратау тауында оның ұлы Альберт Э. Регель жинаған үлгілер негізінде сипаттаған. Қаратау таулары негізінен Қазақстанның оңтүстік аймағында орналасқан, ал сол кезде жинақталған үлгілер Санкт-Петербург ботаникалық зерттеу институтының гербарийінде сақтаулы.

Морфологиялық жағынан *T. alberti* диаметрі 3-4 см-ге дейін жететін сопақша пиязшықтармен сипатталады, олар қатты, күңгірт, қызғылт-қоңыр түсті, ұзынша қабықтармен қапталған. Сабақтары берік, әдетте биіктігі 20 см шамасында болады, әр пиязшықтан 3-4 сызықша тәрізді, сұрғылт, толқынды, кең ланцет тәрізді, көгілдір-жасыл түсті, дақсыз жапырақтар шығады [9]. Гүлі түсінін алуан түрлілігімен ерекшеленеді - ашық сары және қызғылт түстерден бастап қанық қызыл және қызғылт-қызыл реңктерге дейін. Өсімдік көктемнің ортасында бір тостаған пішінді гүл шығарады, түсі қызыл реңкті қызғылт сарыдан қызғылт, қызыл, қою бургундқа дейін, кейде таза сары түрлері кездеседі. Сирек сары түрлерінің түбінде қызыл дақ болады. Гүлдері үш ішкі және үш сыртқы күлте жапырақшалардан тұрады; ішкі жапырақшалары әдетте доғал және ішке қарай иілген, ал сыртқылары сүйір және сыртқа қарай қайырылған. Сыртқы жапырақшалары шамамен 8 см ұзын және 6 см енді, түбінде лимон-сарыдан қою қызыл-қоңырға, қою күлгінге немесе қара түске дейінгі таңбалары болуы мүмкін. Жемісі ұзындығы 6 см-ге дейін, ені 2,5 см-ге дейін жетеді, гүлдену сәуір айының басынан мамыр айының бірінші онкүндігіне дейін жалғасады, ал жеміс беру мамыр-маусым айларында болады [3]. Тозаңқаптар шамамен 2,9 см ұзын, жіпшелері (1,4 см) сары түсті, тозаңқаптары ұзындығы жағынан ұқсас, әдетте қою күлгін, бірақ ашық түсті түрлерінде сары болады. Гүл сағағы тік, түкті, ұзындығы 15–20 см. Жатын ашық жасыл, цилиндр пішінді, ұзындығы шамамен 2,2 см және ені 0,7 см. Гүлдегеннен кейін ұзындығы 4,3 см және ені 2,5 см болатын жұмыртқа пішінді тұқым қауашығы түзіледі, ішінде ашық қоңыр, үшбұрышты, шамамен 0,6 × 0,5 см тұқымдар болады [10].

Цитологиялық тұрғыда, Альберт кызғалдағы және басқа да көптеген кызғалдақ түрлері диплоидты, хромосома саны  $2n = 2x = 24$ . Фитохимиялық зерттеулер пиязшықтардың этанолдық экстракттарында табиғи цитокинин-текес заттардың бар екенін анықтаған [11].

Хлоропласт - фотосинтез процесіне жауапты, өсімдіктер мен балдыр жасушаларында негізінен кездесетін қос мембранамен қоршалған маңызды органелла. Толық хлоропласт геномы дөңгелек немесе сызықтық пішінде болуы мүмкін. Оның ұзындығы әдетте 120 000–170 000 жұп негіз аралығында болады және екі инверторлық қайталанулар аймағынан (ИҚА және ИҚВ, әрқайсысы 20–28 kb), ұзын бір сатылы (ҰБС) аймақтан (80–90 kb) және қысқа бір сатылы (ҚБС) аймақтан (16–27 kb) тұрады [13]. Хлоропласт геномы, негізінен фотосинтез, транскрипция және трансляция процестеріне қатысатын 120–130 геннен тұрады [14, 15]. Жоғары өнімділікке ие секвенирлеу технологияларының дамуы хлоропласт геномдарын жылдам әрі үнемді секвенирлеуіне жол ашты. *Nicotiana tabacum* (темекі) [16] және *Marchantia polymorpha* (бауыршөп) [17] хлоропласт геномдарының толық тізбегі алғаш рет 1986 жылы жапондық ғалымдармен анықталған. Содан бері әртүрлі жоғары сатыдағы өсімдіктердің хлоропласт геномдарының құрылысы мен құрамына арналған көптеген зерттеулер мен шолулар жарық көрді [18-25]. Хлоропласт геномдары ядролық геномдарға қарағанда бірнеше артықшылықтарға ие, атап айтқанда, жасушада көп мөлшерде болуы, кіші геномдық өлшемі және гено-

мының гаплоидты табиғаты [21, 26]. Сонымен қатар, хлоропласт геномдары негізінен аналық жолмен тұқым қуалайды [27-29], алайда сирек жағдайларда бұдан ауытқулар байқалады [30, 31]. Мысалы, McCauley және т.б. *Silene vulgaris* түрінде хлоропласт ДНҚ-ның сирек аналық емес жолмен берілетінін анықтады. Бұдан басқа, хлоропласт геномдары геномдық құрылымы мен гендердің орналасу тәртібі жағынан жоғары деңгейде сақталған [21, 23, 26, 32]. Алайда, бұл тұрақтылыққа қарамастан, төрт аймақтың шекараларында айтарлықтай микроструктуралық өзгерістер байқалады. Осындай ерекшеліктер хлоропласт геномдарын ішкі және түр аралық сәйкестендіру, эволюциялық зерттеулер және филогенетикалық қатынастарды анықтауда бейтарап ДНҚ маркерлерінің құнды көзі ретінде пайдалануға мүмкіндік береді [26, 27, 33-36].

Әртүрлі таксон өкілдерінің хлоропласт геномының толық тізбегін талдау хлоропласт құрылымын, гендік ұйымдасуын, әртүрлілікті, генетикалық өзгерістерді, қайталанатын бейімделу эволюциясын және өсімдіктердің әртүрлі топтары арасындағы қатынастарды түсіну үшін аса маңызды [37-39]. Сонымен қатар, бұл зерттеулер пластидтер мен ядро арасындағы сигналдық бұзылыстарға ұшыраған мутанттарды сипаттау [40], пластома трансформациясы [41, 42], адам ауруларына қарсы хлоропласт негізінде әзірленген вакциналарды жасау [43, 44], биогеографиялық тарихты зерделеу [45], филогеографиялық құрылымды анықтау [46] және өсімдіктердің қазба қалдықтарынан ақпарат алу [47] сияқты күрделі мәселелерді шешуге мүмкіндік береді.

## МАТЕРИАЛДАР МЕН ӘДІСТЕР

### Өсімдік материалы

Альберт кызғалдағының өсімдік материалдары 2022 жылдың мамыр айында Қаратау мемлекеттік табиғи қорығында ботаниктердің көмегімен жиналды. Үлгілерді жинауға рұқсат Қазақстан Республикасы Экология, геология және табиғи ресурстар министрлігінің Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті тарапынан берілді (1 кесте).

### ДНҚ бөліп алу және секвенирлеу

*T. alberti* түрінің жас жапырақтары ДНҚ бөліп алынғанға дейін  $-80^{\circ}\text{C}$  температурада сақталды. ДНҚ Shi және т.б. (2012) сипаттаған әдіс бойынша бөлініп алынды [48]. Бөлінген ДНҚ-ның бүтіндігі, біртектілігі және тазалығы 1% агарозды гель электрофорезі арқылы тексерілді; электрофорез 120 В кернеуде 30 минут бойы жүргізілді. ДНҚ концентрациясы мен мөлшерлік талдауы NanoDrop™ 2000/2000c спектрофотометрлерінің (Thermo Fisher Scientific) көмегімен орындалды. ДНҚ кітапханаларын дайындау үшін Illumina® DNA Prep, (M) Tagmentation (96 үлгі) жиынтығы (Illumina, 20018705) қолданылды. Кітапханалар MiSeq секвенаторы арқылы MiSeq Reagent Kit v3 (600-cycle) (MS-102-3003) көмегімен секвенирленді. Барлық реагенттер мен протоколдар өндірушінің нұсқаулығына сәйкес қолданылды.

### Хлоропласт геномын жинақтау және аннотациялау

Өңделмеген деректерді жинақтау Geneious Prime 2024.0.4 бағдарламалық қамтамасыз етуі (<https://www.geneious.com>) арқылы жүргізілді. Геномның анно-

тациясы *T. altaica* түрінің хлоропласттық геномын (NC\_044780.1) сілтеме ретінде пайдалана отырып, MPI-MP CHLOROBOX GeSeq [49] құралымен орындалды, содан кейін қателер қолмен тексеріліп, түзетілді. Сонымен қатар, толық хлоропласт геномдарының шеңберлік сызбалары Chloe бағдарламасының [50] көмегімен бейнеленіп, Inkscare редакторында өңделді. Соңында, *T. alberti* толық хлоропласттық геномы NCBI Nucleotide дерекқорына жүктелді.

#### Хлоропласт геномы сипаттамаларын талдау

Альберт қызғалдағының толық хлоропласт геномының тізбектері BioEdit 7.7 бағдарламасы [51] арқылы тураланып, кейінгі талдаулар үшін пайдаланылды. MEGA 11 бағдарламасы кодондарды пайдалану жиілігі мен салыстырмалы синонимдік кодондарды пайдалану (ССКП) мәндерін есептеу үшін қолданылды. ССКП мәні 1.6-дан жоғары болса — артық ұсынылған кодондар, ал 0.6-дан төмен болса - жеткіліксіз ұсынылған кодондар деп есептелді [52].

Келесі қадамда шекаралық аймақтар IRscore онлайн бағдарламасының [53] көмегімен визуализацияланды. Барлық ген құрылымдары және түйісу нүктелеріне жақын салыстырмалы позициялары анықталды. Сонымен қатар, Krait V1.5.1 [54] бағдарламасы қарапайым тізбекті қайталануларды (ҚТҚ) анықтау және олардың орналасуын белгілеу үшін пайдаланылды. Геномнан анықталған ҚТҚ тізбектері ұзындығына байланысты он топқа бөлінді (әр топ 10 ж.н. интервалмен): 10–20, 21–30, 31–40, 41–50, 51–60, 61–70, 71–80, 81–90, >91 [55]. Кодтаушы ДНҚ тізбегі (КДТ) және интрондар ішіндегі ҚТҚ-ға бай аймақтар

бар гендер таңдалып, *T. alberti* геномындағы әртүрлілік «ыстық нүктелерін» анықтау үшін талданды. Нуклеотидтік әртүрлілік мәні (Pi) DnaSP v5.10 бағдарламасы [56] арқылы есептелді.

#### КДТ гендеріндегі және интергендік аймақтардағы тізбектік әртүрліліктің hotspot нүктелерін сипаттау

Ұзындығы 150 ж.н.-тен асатын әрбір КДТ және интергендік аймақтың тізбектері NCBI GenBank-тің нуклеотидтік BLAST бағдарламасы (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) арқылы талданды. BLAST параметрлері келесідей болды: сәйкестік пайызы = 99–100%, сұраныс қамтылуы = 99–100%, және организм (міндетті емес) ретінде *Tulipa* (taxid:13305) таңдалды. Әрбір КДТ пен интергендік аймақтардағы тізбектік әртүрлілік (ТӘ) DnaSP v5.10.1 бағдарламасы көмегімен талданды. Әр тізбек үшін мутация саны, indel (енгізу және жою) оқиғалары, сақталған нуклеотидтер саны және нуклеотидтік әртүрлілік мәні DnaSP арқылы есептелді. Тізбектік әртүрлілік ТӘ келесі формула бойынша есептелді:  $T\bar{A} = (\text{нуклеотидтік мутациялар саны} + \text{indel оқиғалары саны}) / (\text{сақталған аймақтар саны} + \text{нуклеотидтік мутациялар саны} + \text{indel оқиғалары саны}) \times 100\%$ . ТӘ көрсеткіші геномдағы тізбектік өзгергіштік деңгейін бағалауға мүмкіндік береді және жоғары айнымалы аймақтарды анықтау арқылы филогенетикалық талдау мен молекулалық маркерлерді таңдауда маңызды болып табылады.

#### SNP негізіндегі филогенетикалық талдау

Альберт қызғалдағының толық хлоропласттық геном тізбектері мен бұрын NCBI базасында жарияланған толық хлоропласттық геномдар *Tulipa* туыстары арасындағы

Кесте 1. Альберт қызғалдағының шыққан тегі туралы толық мәліметтері мен геномдық ерекшеліктері

Ақпарат және геном сипаттамасы	<i>T. alberti</i>
GenBank тіркеу номері	OR458821
Координата	43°38'16" N, 68°37'46" E
Биіктік (м)	710
Дереккөз	Қаратау мемлекеттік табиғи қорығы
Жиналған уақыты	16.05.2022
Геном өлшемі (ж.н.)	152,382
ҚБС (ж.н.)	17,259 (1–17,259)
ИҚ А (ж.н.)	26,371 (17,260–43,631)
ҰБС (ж.н.)	82,378 (43,632–126,010)
ИҚ В (ж.н.)	26,371 (126,011–152,382)
Жалпы гендер саны	131
Белок кодтайтын гендер	85
tРНК	38
рРНК	8
А үлесі (%)	32,08
Т үлесі (%)	31,35
Ц үлесі (%)	18,13
Г үлесі (%)	18,45
ГЦ жалпы үлесі (%)	36,58
ҚБС аймағындағы ГЦ үлесі (%)	29,85
ИҚ аймағындағы ГЦ үлесі (%)	42,02
ҰБС аймағындағы ГЦ үлесі (%)	34,5

**Аббревиатуралар және олардың толық атаулары мен аудармасы**

ИҚ	– инвертелген қайталанулар	IR	– inverted repeat
ж.н.	– жұп нуклеотид	bp	– base pair
ҚБС	– қысқа бір сатылы аймақ	SSC	– small single copy region
КДТ	– кодтаушы ДНҚ тізбегі	CDS	– coding DNA sequence
ҚТҚ	– қарапайым тізбекті қайталанулар	SSR	– simple sequence repeat
ССКП	– салыстырмалы синонимдік кодондарды пайдалану	RSCU	– relative synonymous codon usage
ТӘ	– тізбектік әртүрлілік	SV	– structural variation
ҰБС	– ұзын бір сатылы аймақ	LSC	– large single copy region
ХТҚО	– халықаралық табиғат қорғау одағы	IUCN	– international union for conservation of nature

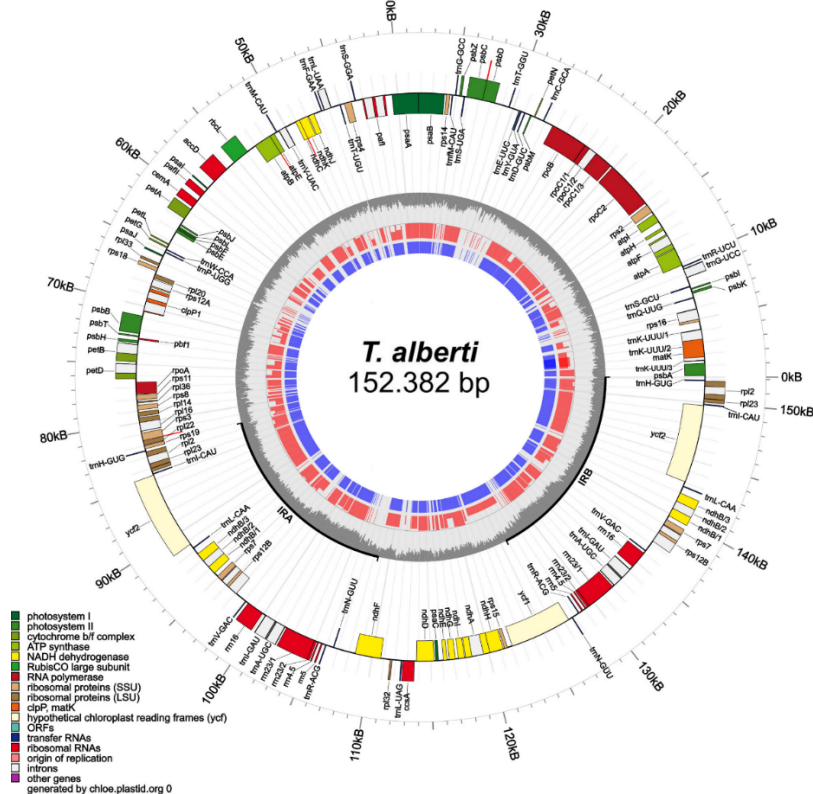
филогенетикалық байланыстарды анықтау үшін пайдаланылды. SNP-тер *T. altaica* (NC\_044780) референстік геномына сәйкестендірілген оқылымдарды салыстыру арқылы BioNumerics бағдарламасында анықталды. Филогенетикалық ағаш MEGA 11 бағдарламасында Максималды ықтималдық (Maximum Likelihood) әдісі және Kimura 2-параметрлік моделі арқылы жасалынды. Bootstrap мәні ретінде 500 қайталау қолданылды. *Smilax China* өсімдігінің толық хлоропласт геномы (қол жеткізу нөмірі: HM\_536959) сыртқы топ (outgroup) ретінде пайдаланылды.

мында ИҚ А және В аймақтар жұбының ұзындығы 26 371 ж.н., ҚБС аймағының ұзындығы 17 259 ж.н. болса, және ҰБС аймағының ұзындығы 82 378 ж.н. болды. Толық геном бойынша ГЦ үлесі 36,58% құрады, ҚБС аймақтарындағы ГЦ үлесі 29,85% және ҰБС аймақтарындағы ГЦ үлесі 34,5% ал ИҚ аймақтарында ГЦ үлесі жоғары болып, 42,02%-ға дейін жетті (Сурет 1; Кесте 1). Жалпы 151 478 нуклеотид жұбы талданды, нәтижесінде хлоропласт геномында 99,64% бірдей жұптар, 0,19% транзициялық жұптар және 0,17% трансверсиялық жұптар анықталды. Tajima бейтараптық тестінің нәтижесі бойынша нуклеотидтердің әртүрлілік мәні ( $\pi$ ) 0,003257 болды. Түсіндірмесі жасалған геном тізбектері *T. alberti* (қол жеткізу нөмірі OR458821.1) үшін NCBI дерекқорында қолжетімді. Геном сипаттамаларына қатысты толық мәліметтер Кесте 1-де берілген.

**НӘТИЖЕЛЕР**

**Альберт қызғалдағының хлоропласт геномының құрылымы мен құрамының сипаттамалары**

Альберт қызғалдағының толық хлоропласт геномы (152 382 ж.н.) талданды. Хлоропласт геномының құрылы-



Сурет 1 – *T. alberti* хлоропласт геномының картасы

Кесте 2. Альберт қызғалдағы толық хлоропласт геномындағы гендердің тізімі

Ген санаты	Ген топтары	Ген атаулары
Өзін-өзі көшіру	тасымалдаушы РНҚ (тРНҚ)	<i>trnA-UGC, trnC-GCA, trnD-GUC, trnE-UUC, trnF-GAA, trnM-CAU, trnG-GCC, trnG-UCC, trnH-GUG*, trnI-CAU*, trnI-GAU*, trnK-UUU, trnL-CAA*, trnL-UAA, trnL-UAG, trnM-CAU, trnN-GUU*, trnP-UGG, trnQ-UUG, trnR-ACG*, trnR-UCU, trnS-GCU, trnS-GGA, trnS-UGA, trnT-GGU, trnT-UGU, trnV-GAC*, trnV-UAC, trnW-CCA, trnY-GUA</i>
	рибосомалық РНҚ (рРНҚ)	<i>rrn4.5*, rrn5*, rrn16*, rrn23*</i>
	РНҚ полимераза	<i>rpoA, rpoB, rpoC1, rpoC2</i>
	рибосомалық ақуыздың кіші суббірлігі (КСБ)	<i>rps2, rps3, rps4, rps7*, rps8, rps11, rps12A, rps12B*, rps14, rps15, rps16, rps18, rps19</i>
	рибосомалық ақуыздың үлкен суббірлігі (ҮСБ)	<i>rpl2*, rpl14, rpl16, rpl20, rpl22, rpl23*, rpl32, rpl33, rpl36</i>
Фотосинтез гендері	НАДН-дегидрогеназа суббірліктері	<i>ndhA, ndhB*, ndhC, ndhD, ndhE, ndhF, ndhG, ndhH, ndhI, ndhJ, ndhK</i>
	фотожүйе I суббірліктері	<i>psaA, psaB, psaC, psaI, psaJ</i>
	фотожүйе II суббірліктері	<i>psbA, psbB, psbC, psbD, psbE, psbF, psbH, psbI, psbJ, psbK, psbL, psbM, psbT, psbZ</i>
	фотожүйе I жинақтау факторы	<i>psfI (бұрынғы ycf3), psfII (бұрынғы ycf4)</i>
	цитохром b/f кешенінің суббірліктері	<i>petA, petB, petD, petG, petL, petN</i>
	АТФ-синтаза суббірліктері	<i>atpA, atpB, atpE, atpF, atpH, atpI</i>
	rubisco үлкен суббірліктері	<i>rbcL</i>
Басқа гендер	протеаза	<i>clpP1</i>
	матураза	<i>matK</i>
	ацетил-КоА-карбоксилаза суббірлігі	<i>accD</i>
	мембрана қабықшасының ақуызы	<i>cemA</i>
	с-типті цитохром синтезі гені	<i>ccsA</i>
Белгісіз функциялы гендер мен псевдогендер	гипотетикалық хлоропластық оқу рамалары	<i>ycf1</i> және <i>ycf2</i> , <i>ycf15</i> және <i>ycf68</i> псевдогендер

Кесте 3. Альберт қызғалдағының толық хлоропласт геномындағы интронды аймақтары бар гендердегі интрондардың ұзындықтары

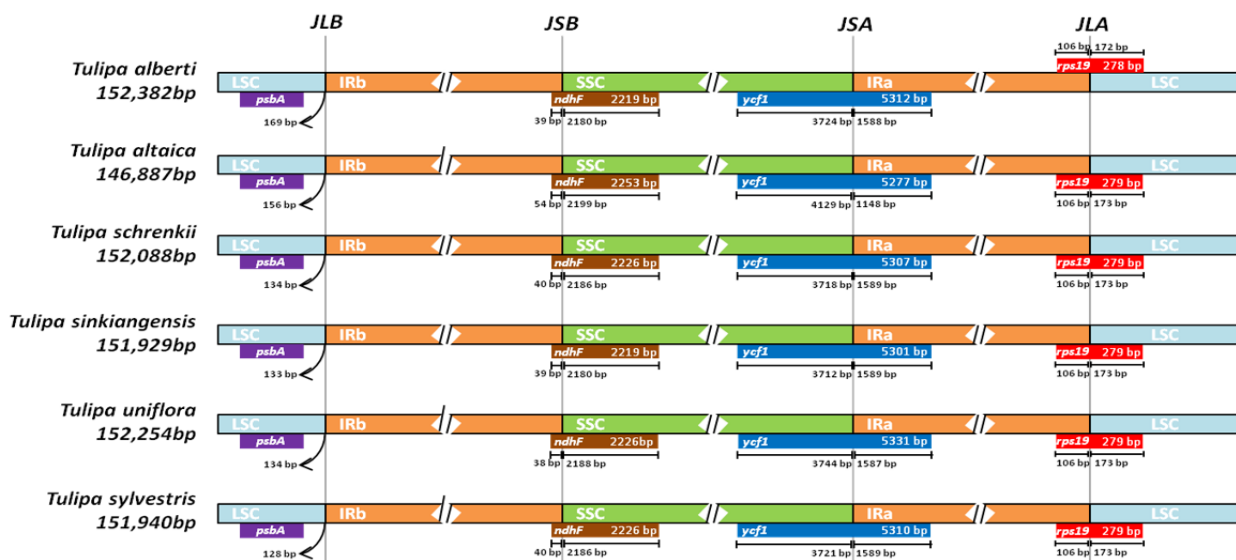
Интрондар	ndhA	trnA-UGC-2	trnI-GAU-2	rps12B	rps12B	ndhB	rpl2	rpl16	petD	petB	clpP1	clpP1
<b>T. alberti</b>	1011	795	930	859	540	692	651	744	779	806	817	597

Альберт қызғалдағында барлығы 131 функционалды ген анықталды, оның ішінде 85 ақуыз кодтайтын ген аннотацияланды (Кесте 1). Хлоропластық геномда 38 тРНҚ және 8 рРНҚ гендері анықталды. Сонымен қатар, ИҚ аймақтарында орналасқан 18 қайталанатын гендер анықталды, олардың ішінде алты кодтайтын гендер (*ndhB, rpl2, rpl23, rps7, rps12B* және *ycf2*), төрт РНҚ гені (*rrn4.5, rrn5, rrn16, rrn23*) және сегіз тРНҚ гендері (*trnA-UGC, trnH-GUG, trnI-CAU, trnI-GAU, trnL-CAA, trnN-GUU, trnR-ACG* және *trnV-GAC*) бар. *ycf1* және *ycf2* гендері табылды, ал *ycf15* және *ycf68* гендері псевдоген болып шықты (Ке-

сте 2). 28 геннің интрон ұзындықтары 540 ж.н.–2620 ж.н. болды (Кесте 3). *matK* гені геномда *trnK* генінің интрон-ында орналасқаны анықталды.

**Альберт қызғалдағының хлоропласт геномының ҰБС, ИҚ, және ҚБС аймақтарының түйісу нүктелерін салыстыру**

Хлоропласт геномы ИК/БС шекара аймақтары бір туысқа жататын жақын түрлермен (*Orithyia* қосалқы туысынан *T. sinkiangensis* пен *T. uniflora*, *Eriostemones* қосалқы туысынан *T. sylvestris*, және *Tulipa* қосалқы туысынан *T. altaica* мен *T. schrenkii*) салыстырылды (3-сурет).

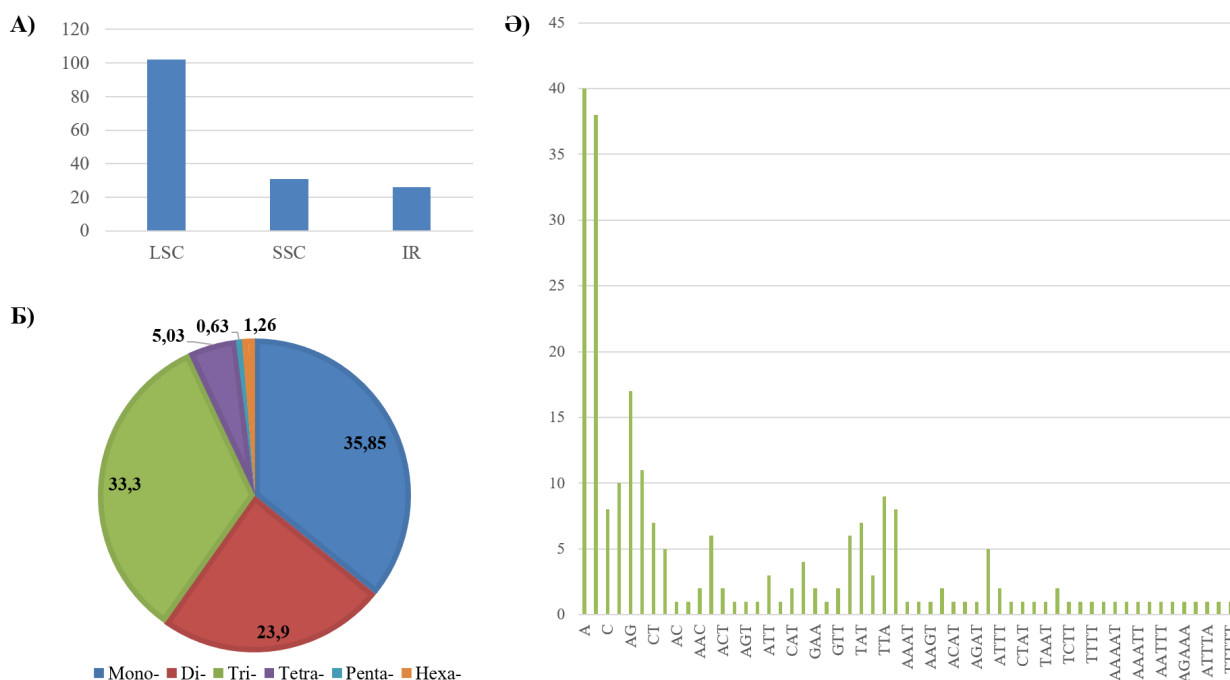


Сурет 2 – Алты *Tulipa* түрлері арасындағы ҚБС, ИҚ және ҰБС түйісу нүктелерін салыстыру. JSA – ҚБС пен ИҚА түйісу нүктесі; JLA – ҰБС пен ИҚА түйісу нүктесі; JLB – ҰБС пен ИҚВ түйісу нүктесі; JSB – ҚБС пен ИҚВ түйісу нүктесі.

Жалпы алғанда, зерттелген алты *Tulipa* түрлерінің пластид геном аймақтарының ұзындықтары, сондай-ақ гендердің саны мен орналасу реті сақталғаны анықталды.

ҚБС аймақтарында *T. alberti*-де басқа түрлермен салыстырғанда бірдей гаплотип байқалды, бұл шамамен бірдей мөлшердегі жұп негіздердің, гендер санының және бағдарлардың сақталуына әкелді. *ycf1* гені осы түрлердің ИҚА және ҚБС аймақтарының шекаралық аймағында орналасқан, ал *ndhF* гені ҚБС және ИҚВ аймақтарының шекаралық аймағында табылды (1, 2 – суреттер)

Альберт қызғалдағының ҰБС аймағында бірдей гаплотип анықталды, шамамен бірдей мөлшердегі жұп негіздер, гендер саны және бағдарлар сақталған. *rps19* гені осы түрдің ҰБС және ИҚА аймақтарының шекаралық аймағында орналасқан, ол геномда 43 398 ж.н.-тен 43 805 ж.н.-ке дейінгі аралықта болды. *psbA* гені ИҚВ және ҰБС аймақтарының шекаралық аймағында орналасқан, ол геномда 124 484 ж.н.-тен 125 842 ж.н.-ке дейінгі аралықта болды (2, 3-суреттер).



Сурет 3 - *T. alberti* толық хлоропласт геномында анықталған ҚТҚ мотивтерінің (моно-, ди-, три-, тетра-, пента- және гекса-) түрлері мен саны. А) ҚБС, ИҚА, ҰБС және ИҚВ аймақтарында анықталған ҚТҚ мотивтерінің жиілігі; Ә) Анықталған ҚТҚ мотивтерінің түрі мен саны (моно-, ди-, три-, тетра-, пента- және құрама). Б) Әр хлоропласт геномындағы моно-, ди-, три-, тетра- және пента-ҚТҚ мотивтерінің пайыздық үлесі.

### Қарапайым тізбекті қайталану үлгісі мен вариациясын талдау

*T. alberti*-де ҚТҚ локустарының жалпы саны 159, ҚТҚ хлоропласт геномында таралған, бір бірлігі 10–20 жұп негізден тұратын тізбекті қайталанулар, одан кейін 21–30 ж.н. және 31–40 ж.н. ұзындықтағы қайталанулар орналасқан. Салыстырмалы геномдық талдау арқылы ҰБС аймағында көп мөлшерде ҚТҚ табылды, олардың үлесі 63,19% одан кейін ҚБС аймағы – 18,39% және ИҚ аймағы 17,72% болды. Зерттелген *T. alberti* хлоропласт геномында ҚТҚ-дің 59 түрі және алты категориясы (моно-, ди-, три-, тетра-, пента-, және гексануклеотидтік қайталанулар) анықталды. Мотив түрлерінің таралуы: 57 моно-, 37 ди-, 51 три-, 7 тетра-, 1 пента- және 3 гекса-ҚТҚ. Кездесу жиілігі моно үшін – 35,85%, ди үшін – 23,9%, три үшін – 33,33%, тетра үшін – 5,03%, пента үшін – 0,63% және гекса үшін – 1,26% болды (3-сурет).

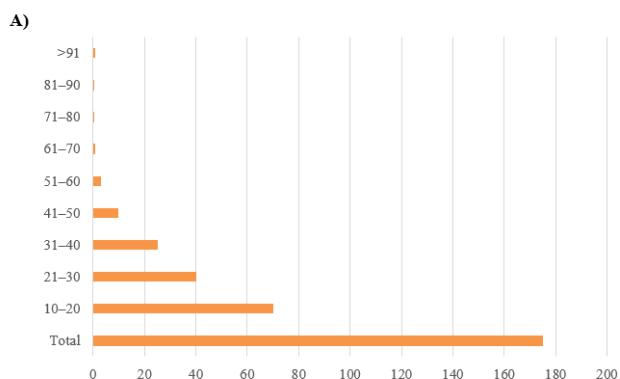
### Альберт қызғалдағы геномындағы ҚТҚ-лардың негізгі түрлері

Екі түрлі мономерлерді, алты түрлі динуклеотидтерді және он сегіз түрлі тринуклеотидтерді қоса алғанда, ҚТҚ-лардың жиырма түрі *T. alberti* хлоропласт геномында табылды. Т және А нуклеотидтері ең көп таралған мотивтер ретінде анықталды, олар сәйкесінше *T. alberti* хлоропласт геномындағы барлық ҚТҚ мотивтерінің 35,22%-ын құрады. Динуклеотидтік ҚТҚ-лардың негізгі түрлері АТ және ТА болып табылады, содан кейін ТЦ, ЦТ, ГА және АГ түрлері келеді. Ең көп таралған триплек мотивтер ААТ, ТАА, ТТА, ТАТ, ТТЦ, ГТТ, ГАА, ЦТТ, АТТ, АТА, ТСА, АГА, ААГ, ТГА, ГГТ, АТГ, АЦЦ және ААЦ болды. Сондай-ақ, *T. alberti* геномында С типті мономерлер, ТГЦ типті триплет мотивтер, ТТАТ және ТТТА типті тетра-нуклеотидтік қайталанулар кездесті.

*T. alberti* геномында ТЦТ типті три-мотив, ЦАА типті три-мотив табылды. Тетрануклеотидтік қайталанулар, оның ішінде ААТА, ААТТ, ЦАТТ, ТЦТА және ТТЦТ, *T. alberti* геномында таралған. Бар болғаны екі типті гексануклеотидтік қайталанулар табылды, олардың ішінде ТТТГТТ және АААЦАА.

### Генералық, ақуыз кодтайтын гендік тізбектерде (КДТ), интрондық және тРНҚ аймақтарындағы ҚТҚ

Геномның генералық аймақтарында ҚТҚ тығыздығы ең жоғары болды, ол 84-тен 102-ге дейін ауытқыды, одан



Сурет 4 - *T. alberti* геномының әртүрлі аймақтарындағы ҚТҚ қайталану ұзындығы мен таралуы. КДТ гендері мен генералық аймақтардағы тізбектің өзгергіштік hotspot нүктелерінің сипаттамасы

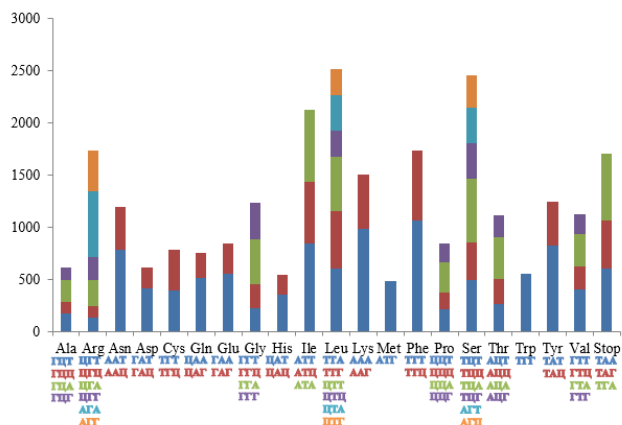
кейін КДТ (38–64), интрондар (16–22) және тРНҚ (1–3) аймақтары орналасты (Сурет 4).

Біз жалпы 10 КДТ генінде айқын полиморфты ҚТҚ бар екенін анықтадық, олардың тізбектік өзгергіштігі (ТӨ) 2,581-ден 6,102-ге дейін, ал осы локустардың нуклеотидтік әртүрлілігі (Pi) 0,004-тен 0,010-ға дейін болды. Оларға *rpoC2*, *cemA*, *rbcl*, *rpl36*, *psbH*, *rps3*, *rpl22*, *ndhF*, *ycf1* және *matK* жатады (5-сурет).

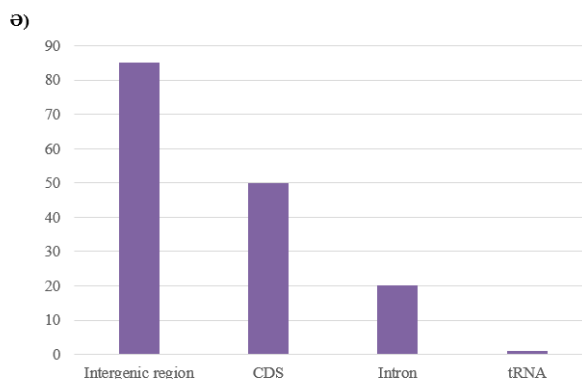
Барлық ұзындығы 150 ж.н.-тан асатын генералық аймақтар үшін жоғары тізбектік әртүрлілік (ТӨ) 4,848-ден 11,862-ге дейін және нуклеотидтік әртүрлілігі (Pi) 0,01599-дан 0,01839-ға дейін болатын жиырма бір аймақ анықталды. Оларға *ndhF\_rpl32*, *trnR-UCU\_trnG-UCC*, *trnY-GUA\_trnD-GUC*, *trnT-GGU\_trnE-UUC*, *rpoA\_petD*, *rps15\_ycf1*, *psbI\_psbK*, *trnF-GAA\_trnL-UAA*, *psbB\_clpP1*, *trnM-CAU\_trnG-GCC*, *ndhE-ndhG*, *psaJ\_trnP-UGG*, *rps8\_rpl36*, *pafII\_psaI*, *rpl14\_rps8*, *ndhG-ndhI*, *trnQ-UUG\_rps16*, *cemA\_pafII*, *petL\_psbE*, *rpl32\_trnI-UAG* және *rpl33\_psaI* жатады.

### Кодонды пайдалану үлгілері

Альберт қызғалдағы геномында үшінші позициядағы ең көп таралған нуклеотидтер Т (36,065%), одан кейін А (31,065%), Г (17,02%) және Ц (15,85%) болды. Жалпы ортақ жиырма бір жоғары жиілікті (HF) кодон (ССКП>1) анықталды (6-сурет). Тек бір ғана кодон (АГА) жоғары



Сурет 5 - *T. alberti* геномының КДТ құрамындағы 20 аминқышқылы мен стоп-кодондардың кодон құрамы. Гистограмма түсі кодондардың түсіне сәйкес келеді.



Кесте 4. Альберт қызғалдағы геномындағы 20 аминқышқылының кодондық құрамының саны мен ССКП мәні

Аминқышқылы	Кодон	Саны	ССКП	Аминқышқылы	Кодон	Саны	ССКП	
Аланин	ГЦТ	176	1,15	Серин	ТЦТ	502	1,22	
	ГЦЦ	113	0,74		ТЦЦ	357	0,87	
	ГЦА	213	1,39		ТЦА	612	1,19	
	ГЦГ	111	0,72		ТЦГ	334	0,81	
Аргинин	ЦГТ	135	0,47		АГТ	349	0,85	
	ЦГЦ	117	0,4		АГЦ	307	0,75	
	ЦГА	242	0,84		Пролин	ЦЦТ	213	1,01
	ЦГГ	227	0,78			ЦЦЦ	163	0,77
	АГА	632	2,18	ЦЦА		296	1,4	
	АГГ	385	1,33	ЦЦГ		175	0,83	
Асапарагин	ААТ	792	1,33	Треонин	АЦТ	264	0,95	
	ААЦ	402	0,67		АЦЦ	246	0,88	
Аспарагин қышқылы	ГАТ	420	1,35		АЦА	401	1,44	
	ГАЦ	202	0,65		АЦГ	206	0,74	
Фенилаланин	ТТТ	1067	1,23	Тирозин	ТАТ	828	1,32	
	ТТЦ	675	0,77		ТАЦ	422	0,68	
Лейцин	ТТА	610	1,45	Гистидин	ЦАТ	360	1,31	
	ТТГ	551	1,31		ЦАЦ	191	0,69	
	ЦТТ	520	1,24	Глутамин	ЦАА	514	1,35	
	ЦТЦ	249	0,59		ЦАГ	247	0,65	
	ЦТА	342	0,81	Лизин	ААА	988	1,31	
	ЦТГ	247	0,59		ААГ	525	0,69	
Изолейцин	АТТ	850	1,2	Глутамин қышқылы	ГАА	553	1,31	
	АТЦ	584	0,82		ГАГ	290	0,69	
	АТА	694	0,98	Цистеин	ТГТ	394	1,21	
Метионин	АТГ	485	1		ТГЦ	391	1	
Валин	ГТТ	408	1,45	Триптофан	ТГГ	559	1	
	ГТЦ	222	0,79	Глицин	ГГТ	226	0,73	
	ГТА	304	1,08		ГГЦ	227	0,73	
	ГТГ	191	0,68		ГГА	434	1,4	
			ГГГ		355	1,14		

артық ұсынылған кодон (ССКП>1,6) ретінде кездесті. Бес төмен ұсынылған кодон (ССКП<0,6) – АГЦ, ЦГЦ, ЦГТ, ЦТЦ және ЦТГ анықталды. Кодонды пайдалану талдауына сәйкес, аминқышқылдар деңгейінде лейцин ең көп таралған аминқышқыл болды, орташа көрсеткіші - 11,51%. Метионин ең сирек кездесті. Жалпы ССКП мәндерінің нәтижелері кесте 4-те көрсетілген.

## ТАЛҚЫЛАУ

### Альберт қызғалдағы хлоропласт геномының құрылымдық және мазмұндық сипаттамалары

Осы зерттеуде ұсынылған нәтижелер Альберт қызғалдағының хлоропласт геномын жан-жақты талдауды қамтамасыз етеді. Бұл геном жұп ИҚ, ҚБС және ҰБС аймақтарын қамтитын типтік құрылымдық ерекшеліктерге ие болып, ұзындығы 152 382 ж.н. құрады. *Liliaceae* тұқымдасының барлық түрлерінде хлоропласт геномы-

ның өлшемдерінің біркелкілігі бұрынғы зерттеулерде де байқалған [57-59]. Хлоропласт геномының ГЦ мөлшері *T. alberti* үшін 36,58% болады. Айта кетерлігі, ИҚ аймақтарындағы ГЦ мөлшері ҚБС және ҰБС аймақтарымен салыстырғанда жоғары болды. Бұл құбылыс басқа өсімдік түрлерінде де байқалған [60-62] және ИҚ аймақтарының функционалдық маңыздылығы мен құрылымдық шектеулеріне байланысты деп есептеледі. Нуклеотид жұптарының жиілігін талдау бірдей, транзиция және трансверсия жұптарының таралуын көрсетті. Осы анықталған құрылымдық ерекшеліктер *T. alberti* түрінің басқа *Tulipa* өкілдерімен геномдық деңгейдегі ұқсастықтары мен айырмашылықтарын бағалауға мүмкіндік береді. Атап айтқанда, ИҚ аймақтарының шекараларындағы өзгерістер мен гендердің орналасу ерекшеліктері түрлер арасындағы эволюциялық дивергенцияны көрсететін маңызды белгілер болып табылады. Сонымен қатар, бұл сипаттама-

лар *Tulipa* туысының филогенетикалық байланыстарын нақтылауға және таксономиялық жіктелуін жетілдіруге мүмкіндік береді. Осы зерттеуде гендердің салыстырмалы реті мен бағытталуына негізделі отырып, ҚБС және ҰБС аймақтарында бірдей гаплотиптер анықталды. *T. alberti* аймақтарында инверсиялық құбылыстар тіркелмеді. Алайда, ҚБС аймақтарындағы инверсиялық оқиғалар алғаш рет *Gossypium barbadense* [63], *Phoenix dactylifera* [64], *Artemisia frigida* [65], *Lasthenia burkei* [66] және әртүрлі *Asteraceae* түрлерінің [67] хлоропласт геномдарында тіркелген. Бірқатар зерттеулерде бұл құбылыстар ескерусіз қалғанына қарамастан, Walker және басқалары 2015 жылы *American Journal of Botany*-де жарияланған еңбегінде хлоропласт геномдарының ҚБС аймағындағы инверсиялық өзгерістердің көздерін талқылады [68]. Гүлді өсімдіктердің, гимноспермдердің және птеридофиттердің 19 қатарына жататын 61 құрлық өсімдік түрінде үш құрылымдық гаплотип тіркелді. ҚБС аймағының бағытталуындағы табиғи алуан түрлілік *Malvaceae* тұқымдасында анықталған [69]. Гендердің салыстырмалы ретін пайдалана отырып, Liang және басқалары (2022) жабайы күріштің хлоропласт геномында ҚБС аймағының ауысуын анықтады [70]. ҰБС аймақтарындағы инверсиялық оқиғалар көптеген өсімдік зерттеулерінде де тіркелген. Сонымен қатар, қысқа инвертелген қайталану реттіліктерінде flip-фlop рекомбинациясының болуы дәлелденген, бұл темекінің ҰБС аймағындағы 70 kb сегменттің бағытымен ерекшеленетін трансформирленген пластид геномының әртүрлі изоформаларын тудырады [71]. Жабайы күріштің ҰБС аймағында құрылымдық инверсия орын алып, 36 геннің бағытының керісінше орналасуына әкелді [70]. *accD* және *rps16* гендері арасындағы ҰБС аймағында 54 kb инверсия орналасқан, бұл *Oenothera elata* хлоропласт геномындағы ең айқын айырмашылық болып табылады [72]. Үш инверсия (Inversion I, *rps4*; Inversion II, *trnH-GUG/rps16*; және Inversion III, *trnS-GCU/trnS-GGA*) *Anemoclema*, *Anemone* және *Pulsatilla* түрлерінде анықталды [73]. Жалпы ұзындығы 44.8 kb болатын 35 гендік инверсия, оның ішінде 21 ақуыз-кодтайтын ген және *trnT-UGU* мен *rps16* гендері арасындағы 14 тРНҚ, *Adonis mongolica* хлоропласт геномында тіркелген [74].

Ibrahim және т.б. (2006) ҚБС және ҰБС аймақтарының ИҚ аймақтарына қарағанда жылдамдық әртүрленуін олардың интрондары мен интергендік аймақтарындағы айырмашылықтармен түсіндіруге болады деп ұсынды. Алайда Liang және т.б. (2022) бұл құбылысты ашытқы геномындағы жұптасу типі (МАТ) аймағымен салыстырып түсіндіріп, ҚБС ауысуы, МАТ ауысуы немесе тіпті транспозон-тәрізді элементтер ортақ механизмдерді бөлісуі мүмкін екенін айтты. Барлық зерттеулер бұл құбылысты түсіндіруге тырысып, оны көбінесе молекулаішілік рекомбинация оқиғасының нәтижесімен байланыстырды [63, 65, 68].

**КДТ гендер және интергендік аймақтар Альберт қызғалдағын анықтау үшін жаңа хлоропласт маркерлері ретінде қолданылуы мүмкін**

Алдыңғы зерттеулердің нәтижелері көрсеткендей, бір тұқымдасқа жататын түрлердің хлоропласт геномдық тізбектерін салыстырмалы талдау ТӘ-гін және нуклеотид өзгергіштігін анықтауға, кейіннен генетикалық немесе

филогенетикалық зерттеулерде қолданылатын жоғары өзгергіш гендер мен интергендік аймақтарды генетикалық маркерлер ретінде белгілеуге мүмкіндік береді [57, 69, 75-76]. Осы зерттеуде *T. alberti* NCBI деректер базасындағы түрлер бойынша жүргізілген салыстырмалы талдау нәтижесінде *Liliaceae* тұқымдасында болашақ филогенетикалық талдау мен түрлерді анықтау зерттеулерінде молекулалық маркерлер ретінде пайдалануға болатын нуклеотидтердің жоғары өзгергіштігі және тізбек әртүрлілігін бар он ген және жиырма бір интергендік аймақ анықталды.

Бұл гендер, соның ішінде *rpoC2*, *rbcl*, *psbH*, *rpl22*, *ndhF*, *ycf1* және *matK*, *Tulipa* [69, 77-78], *Poaceae* [79], *Meconopsis* [80], *Orchidaceae* [81], *Siraitia Merrill* [81], *Paris* [82] түрлерін анықтау, ажырату және жіктеу үшін жоғары дивергенциялы және жаңа хлоропласт маркерлері ретінде ұсынылған. *cemA*, *rpl36* және *rps3* гендерінің маркерлер ретінде қолданылғаны туралы мәлімет жоқ.

Келесі өзгермелі локустар: *ndhF\_rpl32*, *trnR-UCU\_trnG-UCC*, *rpoA\_petD*, *rps15\_ycf1*, *ndhG-ndhI*, *trnY-GUA\_trnD-GUC*, *ndhE-ndhG*, *psaJ\_trnP-UGG*, *trnT-GGU\_trnE-UUC*, *trnQ-UUG\_rps16*, *rpl14\_rps8*, *cemA\_pafII*, *rpl33-psaJ* және *petL\_psbE* *Apiaceae* тұқымдасында, *Adenophora racemosa*, *Iridaceae*, *Glycyrrhiza eurycarpa*, *Camellia 'Xiari Qixin'*, *Primula sinensis* (*Primulaceae*), *Hibiscus sinosyriacus*, *Atropa* vs. *Nicotiana*, *Lotus* vs. *Medicago*, *Saccharum* vs. *Oryza*, *Medicago sativa* түрлерінде анықталған [83-93]

*psbI-psbK* [94], *trnL (UAA)-trnF (GAA)* [95-97], *rps8\_rpl36* [98], *rpl14-rps8* [99] гендердегі тізбектік өзгерістерді, молекулалық эволюцияны және филогенетикалық талдауды зерттеуде сенімді маркерлер ретінде қолданылған (*Pisum sativum* L., *Palisota* (*Commelinaceae*), *Ficus carica* L., *Quercus suber* L., *Crocus* L., *Scorpiris*).

## ҚОРЫТЫНДЫ

Қорытындылай келе, бұл зерттеу Қазақстаннан алынған Альберт қызғалдағының толық хлоропласт геномдық ретін анықтап, сипаттау арқылы өз мақсаттарына жетті. Біздің зерттеуіміздің тағы бір мақсаты *Tulipa* туысы аясында түрлерді анықтауға арналған жаңа хлоропласт маркерлерін ұсыну болды. Біз жоғары нуклеотидтік әртүрлілікке және тиімді полиморфты КТҚ-лерге ие он генді (*rpoC2*, *cemA*, *rbcl*, *rpl36*, *psbH*, *rps3*, *rpl22*, *ndhF*, *ycf1*, *matK*) анықтадық, олар қызғалдақ түрлерін анықтауда құнды молекулалық маркерлер ретінде қызмет етеді. Жаңа анықталған, КТҚ деңгейі жоғары хлоропласт гендері түрлерді анықтау мен популяциялық зерттеулерде құнды құрал бола алады, бұл өз кезегінде қорғау шараларын, сондай-ақ болашақта *Tulipa* генетикасы мен эволюциясы бойынша зерттеулерді қолдауға мүмкіндік береді. Хлоропласт геномын жан-жақты зерделеу өсімдіктердің бейімделу эволюциясын түсінуге, популяциялардың генетикалық тұрақтылығын бағалауға, табиғи ортадағы экологиялық өзгерістерге жауап беру қабілетін анықтауға жол ашады. Мұндай зерттеулер сирек кездесетін эндемикалық түрлерді сақтап қалу стратегияларын әзірлеуде, сонымен бірге молекулалық маркерлерді құруда және өсімдіктердің биогеографиялық тарихын зерделеуде кеңінен қолданылады. Түйіндей келе, *T. alberti* хлоропласт геномын зерт-

теу тек Қазақстан флорасының генетикалық әртүрлілігін қорғау үшін ғана емес, сонымен қатар өсімдіктердің эволюциялық және экологиялық ерекшеліктерін түсіну үшін де аса маңызды.

### ҚАРЖЫЛАНДЫРУ

Авторлар осы зерттеуді жүргізу, мақала жазу және жариялау үшін қаржылық қолдау алғанын мәлімдейді. Бұл зерттеу BR18574125 бағдарлама аясында қаржыландырылды.

### АВТОРЛАРДЫҢ ҮЛЕСІ

ТД: Деректерді жинақтау, формальды талдау, әдіснама, бағдарламалық қамтамасыз ету, визуализация, мақаланың бастапқы нұсқасын жазу. ШВ: Бағдарламалық қамтамасыз ету, мақаланың бастапқы нұсқасын жазу. РМ: Бағдарламалық қамтамасыз ету, мақаланың бастапқы нұсқасын жазу, деректерді жинақтау, формальды талдау, визуализация. ӨА: Мақаланың бастапқы нұсқасын жазу. РА: Мақаланың бастапқы нұсқасын жазу, әдіснама. ША: Әдіснама, деректерді жинақтау, бағдарламалық қамтамасыз ету, мақаланы қарау және өңдеу. МШ: Деректерді жинақтау, мақаланы қарау және өңдеу, тұжырымдама (концептуализация), формальды талдау, зерттеу жүргізу, ресурстар, ғылыми жетекшілік.

### ПАЙДАЛАНЫЛҒАН ӘДЕБИЕТТЕР ТІЗІМІ

- Ju X. et al. Characterization and phylogenetic analysis of the complete chloroplast genome of *Tulipa patens* (Liliaceae) // *Mitochondrial DNA Part B*. – 2021. – Т. 6. – №. 9. – С. 2750-2751.
- Vvedensky A. I., Kovalevskaja S. S. *Tulipa* // *Conspectus Florae Asiae Mediae*. – 1971. – Т. 2. – С. 94-109.
- Ivaschenko, A. A. (2005). *Tulips and other bulbs plants of Kazakhstan* (Almaty: Printing house), 192.
- <https://astana.citypass.kz/en/2021/03/10/v-kazakhstan-35-vidov-dikih-tyulpanov/>
- Christenhusz M. J. M. et al. Tiptoe through the tulips—cultural history, molecular phylogenetics and classification of *Tulipa* (Liliaceae) // *Botanical journal of the Linnean Society*. – 2013. – Т. 172. – №. 3. – С. 280-328.
- Marasek-Ciolakowska A. et al. Breeding of lilies and tulips—Interspecific hybridization and genetic background— // *Breeding science*. – 2018. – Т. 68. – №. 1. – С. 35-52.
- <https://www.genesys-pgr.org/>
- <https://www.gardenia.net>, <https://www.missouribotanicalgarden.org/>
- Zonneveld B. J. M. The systematic value of nuclear genome size for “all” species of *Tulipa* L. (Liliaceae) // *Plant Systematics and Evolution*. – 2009. – Т. 281. – №. 1. – С. 217-245.
- Z. P. Botschantzeva *Tulips: Taxonomy, Morphology, Cytology, Phytogeography and Physiology* / Z. P. Botschantzeva; translated and edited by H. Q. Varekamp. — Rotterdam : Balkema (CRC Press), 1982. — 230 с.
- Zonneveld B. J. M. The systematic value of nuclear genome size for “all” species of *Tulipa* L. (Liliaceae) // *Plant*

*Systematics and Evolution*. — 2009. — Vol. 281, № 1–4. — P. 217–245. DOI: 10.1007/s00606-008-0102-4.

- Li B., Zheng Y. Dynamic evolution and phylogenomic analysis of the chloroplast genome in Schisandraceae // *Scientific Reports*. – 2018. – Т. 8. – №. 1. – С. 9285.
- Turudić A. et al. Variation in chloroplast genome size: Biological phenomena and technological artifacts // *Plants*. – 2023. – Т. 12. – №. 2. – С. 254.
- Wicke S. et al. The evolution of the plastid chromosome in land plants: gene content, gene order, gene function // *Plant molecular biology*. – 2011. – Т. 76. – №. 3. – С. 273-297.
- Shinozaki K. et al. The complete nucleotide sequence of the tobacco chloroplast genome: its gene organization and expression // *The EMBO journal*. – 1986. – Т. 5. – №. 9. – С. 2043-2049.
- Ohyama K. et al. Chloroplast gene organization deduced from complete sequence of liverwort *Marchantia polymorpha* chloroplast DNA // *Nature*. – 1986. – Т. 322. – №. 6079. – С. 572-574.
- Wicke S. et al. The evolution of the plastid chromosome in land plants: gene content, gene order, gene function // *Plant molecular biology*. – 2011. – Т. 76. – №. 3. – С. 273-297.
- Higgs D. C. *The chloroplast genome* // *The Chlamydomonas sourcebook*. – Academic Press, 2009. – С. 871-891.
- She R. et al. Complete chloroplast genomes of Liliaceae (sl) species: comparative genomic and phylogenetic analyses // *Nordic Journal of Botan*
- Lu R. S., Li P., Qiu Y. X. The complete chloroplast genomes of three *Cardiocrinum* (Liliaceae) species: comparative genomic and phylogenetic analyses // *Frontiers in Plant Science*. – 2017. – Т. 7. – С. 2054.
- Daniell H. et al. Chloroplast genomes: diversity, evolution, and applications in genetic engineering // *Genome biology*. – 2016. – Т. 17. – №. 1. – С. 134.
- Ruang-Areerate P. et al. Complete chloroplast genome sequences of five *Bruguiera* species (Rhizophoraceae): comparative analysis and phylogenetic relationships // *PeerJ*. – 2021. – Т. 9. – С. e12268.
- Dobrogojski J., Adamiec M., Luciński R. The chloroplast genome: a review // *Acta Physiologiae Plantarum*. – 2020. – Т. 42. – №. 6. – С. 98.
- Tonti-Filippini J. et al. What can we do with 1000 plastid genomes? *PI J* 90: 808–818.
- Song Y. et al. Chloroplast genomic resource of *Paris* for species discrimination // *Scientific Reports*. – 2017. – Т. 7. – №. 1. – С. 3427.
- Park H. S. et al. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in cucumber revealed by four reciprocal F1 hybrid combinations // *Scientific reports*. – 2021. – Т. 11. – №. 1. – С. 2506.
- Raspé O. Inheritance of the chloroplast genome in *Sorbus aucuparia* L. (Rosaceae) // *Journal of Heredity*. – 2001. – Т. 92. – №. 6. – С. 507-509.

28. Villanueva-Corrales S. et al. The complete chloroplast genome of *Plukenetia volubilis* provides insights into the organelle inheritance // *Frontiers in Plant Science*. – 2021. – T. 12. – C. 667060.
29. McCauley D. E. et al. Inheritance of chloroplast DNA is not strictly maternal in *Silene vulgaris* (Caryophyllaceae): evidence from experimental crosses and natural populations // *American Journal of Botany*. – 2007. – T. 94. – №. 8. – C. 1333-1337.
30. Korpelainen H. The evolutionary processes of mitochondrial and chloroplast genomes differ from those of nuclear genomes // *Naturwissenschaften*. – 2004. – T. 91. – №. 11. – C. 505-518.
31. Chang H. et al. The conservation of chloroplast genome structure and improved resolution of infrafamilial relationships of Crassulaceae // *Frontiers in Plant Science*. – 2021. – T. 12. – C. 631884.
32. Park I. et al. Sequencing and comparative analysis of the chloroplast genome of *Angelica polymorpha* and the development of a novel indel marker for species identification // *Molecules*. – 2019. – T. 24. – №. 6. – C. 1038.
33. Park J. et al. The complete chloroplast genome of tulip tree, *Liriodendron tulifipera* L. (Magnoliaceae): investigation of intra-species chloroplast variations // *Mitochondrial DNA Part B*. – 2019. – T. 4. – №. 2. – C. 2523-2524.
34. Li C. et al. Variation and evolution of the whole chloroplast genomes of *Fragaria* spp. (Rosaceae) // *Frontiers in Plant Science*. – 2021. – T. 12. – C. 754209.
35. Li D. et al. Inheritance of *Solanum* chloroplast genomic DNA in interspecific hybrids // *Mitochondrial Dna Part B*. – 2021. – T. 6. – №. 2. – C. 351-357.
36. Ju X. et al. Characterization of the complete chloroplast genome of *Tulipa iliensis* (Liliaceae) // *Mitochondrial DNA Part B*. – 2020. – T. 5. – №. 3. – C. 2362-2363.
37. Fan W. B. et al. Comparative chloroplast genomics of Dipsacales species: insights into sequence variation, adaptive evolution, and phylogenetic relationships // *Frontiers in Plant Science*. – 2018. – T. 9. – C. 689.
38. Cui L. et al. Adaptive evolution of chloroplast genome structure inferred using a parametric bootstrap approach // *BMC evolutionary biology*. – 2006. – T. 6. – №. 1. – C. 13.
39. Leister D. Chloroplast research in the genomic age // *TRENDS in Genetics*. – 2003. – T. 19. – №. 1. – C. 47-56.
40. Olejniczak S. A. et al. Chloroplasts: state of research and practical applications of plastome sequencing // *Planta*. – 2016. – T. 244. – №. 3. – C. 517-527.
41. Daniell H. et al. Chloroplast genomes: diversity, evolution, and applications in genetic engineering // *Genome biology*. – 2016. – T. 17. – №. 1. – C. 134.
42. Lössl A. G., Waheed M. T. Chloroplast-derived vaccines against human diseases: achievements, challenges and scopes // *Plant biotechnology journal*. – 2011. – T. 9. – №. 5. – C. 527-539.
43. Daniell H., Chan H. T., Pasorek E. K. Vaccination via chloroplast genetics: affordable protein drugs for the prevention and treatment of inherited or infectious human diseases // *Annual review of genetics*. – 2016. – T. 50. – №. 1. – C. 595-618.
44. Zhai Y. et al. Phylogenomics, phylogeography and germplasm authentication of the *Rheum palmatum* complex based on complete chloroplast genomes // *Journal of Plant Research*. – 2023. – T. 136. – №. 3. – C. 291-304.
45. Zhou W. et al. Phylogeographic insights on the evolutionary breakdown of heterostyly // *New Phytologist*. – 2017. – T. 214. – №. 3. – C. 1368-1380.
46. Middleton C. P. et al. Sequencing of chloroplast genomes from wheat, barley, rye and their relatives provides a detailed insight into the evolution of the Triticeae tribe // *PloS one*. – 2014. – T. 9. – №. 3. – C. e85761.
47. Shi C. et al. An improved chloroplast DNA extraction procedure for whole plastid genome sequencing // *Plos one*. – 2012. – T. 7. – №. 2. – C. e31468.
48. Tillich M. et al. GeSeq—versatile and accurate annotation of organelle genomes // *Nucleic acids research*. – 2017. – T. 45. – №. W1. – C. W6-W11.
49. Zhong X. Assembly, annotation and analysis of chloroplast genomes. – 2020.
50. Hall T. et al. BioEdit: an important software for molecular biology // *GERF bull biosci*. – 2011. – T. 2. – №. 1. – C. 60-61.
51. Noor F. et al. Identification and characterization of codon usage pattern and influencing factors in HFRS-causing hantaviruses // *Frontiers in Immunology*. – 2023. – T. 14. – C. 1131647.
52. Amiryousefi A., Hyvönen J., Poczai P. IRscope: an online program to visualize the junction sites of chloroplast genomes // *Bioinformatics*. – 2018. – T. 34. – №. 17. – C. 3030-3031.
53. Du L. et al. Krait: an ultrafast tool for genome-wide survey of microsatellites and primer design // *Bioinformatics*. – 2018. – T. 34. – №. 4. – C. 681-683.
54. Du L. et al. Krait: an ultrafast tool for genome-wide survey of microsatellites and primer design // *Bioinformatics*. – 2018. – T. 34. – №. 4. – C. 681-683.
55. Librado P., Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data // *Bioinformatics*. – 2009. – T. 25. – №. 11. – C. 1451-1452.
56. Li J. et al. Phylogeny and comparative analysis for the plastid genomes of five *Tulipa* (Liliaceae) // *BioMed Research International*. – 2021. – T. 2021. – №. 1. – C. 6648429.
57. Lu R. S., Li P., Qiu Y. X. The complete chloroplast genomes of three *Cardiocrinum* (Liliaceae) species: comparative genomic and phylogenetic analyses // *Frontiers in Plant Science*. – 2017. – T. 7. – C. 2054.
58. Do H. D. K. et al. Implications of plastome evolution in the true lilies (monocot order Liliales) // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. – 2020. – T. 148. – C. 106818.
59. Li Y. et al. Comparative analyses of *Euonymus* chloroplast genomes: genetic structure, screening for loci with suitable polymorphism, positive selection genes, and

phylogenetic relationships within Celastrineae //Frontiers in Plant Science. – 2021. – T. 11. – C. 593984.

60. Jiang D. et al. Complete chloroplast genomes provide insights into evolution and phylogeny of Zingiber (Zingiberaceae) //BMC genomics. – 2023. – T. 24. – №. 1. – C. 30.

61. Li L. et al. Comparative chloroplast genomics and phylogenetic analysis of Thuniopsis and closely related genera within Coelogyneae (Orchidaceae) //Frontiers in Genetics. – 2022. – T. 13. – C. 850201.

62. Ibrahim R. I. H., Azuma J. I., Sakamoto M. Complete nucleotide sequence of the cotton (*Gossypium barbadense* L.) chloroplast genome with a comparative analysis of sequences among 9 dicot plants //Genes & genetic systems. – 2006. – T. 81. – №. 5. – C. 311-321.

63. Yang M. et al. The complete chloroplast genome sequence of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) //PloS one. – 2010. – T. 5. – №. 9. – C. e12762.

64. Liu Y. et al. Complete chloroplast genome sequences of Mongolia medicine *Artemisia frigida* and phylogenetic relationships with other plants //PloS one. – 2013. – T. 8. – №. 2. – C. e57533.

65. Walker J. F., Zanis M. J., Emery N. C. Comparative analysis of complete chloroplast genome sequence and inversion variation in *Lasthenia burkei* (Madieae, Asteraceae) //American journal of botany. – 2014. – T. 101. – №. 4. – C. 722-729.

66. Zhang Y. et al. Complete chloroplast genome sequences of *Praxelis* (*Eupatorium catarium* Veldkamp), an important invasive species //Gene. – 2014. – T. 549. – №. 1. – C. 58-69.

67. Walker J. F. et al. Sources of inversion variation in the small single copy (SSC) region of chloroplast genomes. – 2015.

68. Cheng Y. et al. Complete chloroplast genome sequence of *Hibiscus cannabinus* and comparative analysis of the Malvaceae family //Frontiers in genetics. – 2020. – T. 11. – C. 227.

69. Liang J. et al. Full-length chloroplast genome of Dongxiang wild rice reveals small single-copy region switching //Frontiers in Plant Science. – 2022. – T. 13. – C. 929352.

70. Rogalski M., Ruf S., Bock R. Tobacco plastid ribosomal protein S18 is essential for cell survival //Nucleic acids research. – 2006. – T. 34. – №. 16. – C. 4537-4545.

71. Hupfer H. et al. Complete nucleotide sequence of the *Oenothera elata* plastid chromosome, representing plastome I of the five distinguishable *Euoenothera* plastomes //Molecular and General Genetics MGG. – 2000. – T. 263. – №. 4. – C. 581-585.

72. Choi K. S. et al. Two Korean endemic *Clematis* chloroplast genomes: Inversion, reposition, expansion of the inverted repeat region, phylogenetic analysis, and nucleotide substitution rates //Plants. – 2021. – T. 10. – №. 2. – C. 397.

73. Nyamgerel N. et al. Insight into chloroplast genome structural variation of the Mongolian endemic species *Adonis mongolica* (Ranunculaceae) in the Adonideae tribe //Scientific Reports. – 2023. – T. 13. – №. 1. – C. 22014.

74. Hong Z. et al. Comparative analyses of five complete chloroplast genomes from the genus *Pterocarpus* (Fabaceae) //International Journal of Molecular Sciences. – 2020. – T. 21. – №. 11. – C. 3758.

75. Fan Z. F., Ma C. L. Comparative chloroplast genome and phylogenetic analyses of Chinese *Polyspora* //Scientific Reports. – 2022. – T. 12. – №. 1. – C. 15984.

76. Almerikova S. et al. 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. – 2024. – T. 25. – №. 14. – C. 7874.

77. Sutula M. et al. Phylogenetic analysis of rare and endangered *Tulipa* Species (Liliaceae) of Kazakhstan based on universal barcoding markers //Biology. – 2024. – T. 13. – №. 6. – C. 365.

78. Moon J. C., Kim J. H., Jang C. S. Development of multiplex PCR for species-specific identification of the Poaceae family based on chloroplast gene, *rpoC2* // Applied Biological Chemistry. – 2016. – Vol. 59, № 2. – P. 213–220. – DOI: 10.1007/s13765-016-0157-0.

79. Li X., Tan W., Sun J., Du J., Zheng C., Tian X., Zheng M., et al. Comparison of four complete chloroplast genomes of medicinal and ornamental *Meconopsis* species: genome organization and species discrimination // Scientific Reports. – 2019. – Vol. 9. – Art. № 7700. – DOI: 10.1038/s41598-019-44161-1.

80. Vu T. H. T., Le T. L., Nguyen T. K., Tran D. D. Review on molecular markers for identification of orchids // Vietnam Journal of Science and Technology. – 2017. – Vol. 55, № 6. – P. 641–652. – DOI: 10.15625/2525-2518/55/6/11122.

81. Song Y., Wang S., Ding Y., Xu J., Li M. F., Zhu S., et al. Chloroplast genomic resource of *Paris* for species discrimination // Scientific Reports. – 2017. – Vol. 7. – Art. № 3427. – DOI: 10.1038/s41598-017-03795-y.

82. Kim K.-A., Cheon K.-S. Complete chloroplast genome sequence of *Adenophora racemosa* (Campanulaceae): Comparative analysis with congeneric species // PLoS One. – 2021. – Vol. 16. – e0248788. – DOI: 10.1371/journal.pone.0248788.

83. Xiao F., Zhao Y., Wang X., Jian X. Characterization of the chloroplast genome of *Gleditsia* species and comparative analysis // Scientific Reports. – 2024. – Vol. 14. – Art. № 4262. – DOI: 10.1038/s41598-024-54608-6.

84. Oyuntsetseg D., Nyamgerel N., Baasanmunkh S., Oyuntsetseg B., Urgamal M., Yoon J. W., et al. The complete chloroplast genome and phylogenetic results support the species position of *Swertia banzragezii* and *Swertia marginata* (Gentianaceae) in Mongolia // Botanical Studies. – 2024. – Vol. 65. – Art. № 11. – DOI: 10.1186/s40529-024-00417-z.

85. Nie X., Zhao X., Wang S., Zhang T., Li C., Liu H., et al. Complete chloroplast genome sequence of broomcorn millet (*Panicum miliaceum* L.) and comparative analysis with other *Panicoideae* species // Agronomy. – 2018. – Vol. 8. – Art. № 159. – DOI: 10.3390/agronomy8090159.

86. Zhang J., Lu J. H., Wang Q. Q., Liu M. N., Xu K. Characteristics of the chloroplast genome of *Glycyrrhiza eurycarpa* P.C.Li from Xinjiang with comparison and

phylogenetic analysis of the chloroplast genomes of the medicinal plants of *Glycyrrhiza* // Yaoxue Xuebao. – 2022. – Vol. 57. – P. 1516–1525. – DOI: 10.16438/j.0513-4870.2021-1661.

87. Elyor O., Kurbonalieva M., Aliyeva K., Khudoyberdieva S., Asatulloev T., Yusupov Z., et al. Plastid genomes of four species of iris from subgenus *Scorpiris* // Plant Diversity Central Asia. – 2023. – Vol. 2. – P. 102–123. – DOI: 10.54981/PDCA/vol2\_iss2/a4.

88. Xu Y., Liu Y., Yu Z., Jia X. Complete chloroplast genome sequence of the long blooming cultivar camellia ‘Xiari qixin’: genome features, comparative and phylogenetic analysis // Genes (Basel). – 2023. – Vol. 14. – Art. № 460. – DOI: 10.3390/genes14020460.

89. Gou W., Jia S.-B., Price M., Guo X.-L., Zhou S.-D., He X.-J. Complete plastid genome sequencing of eight species from *Hansenia*, *Haplospira* and *Sinodielsia* (Apiaceae): comparative analyses and phylogenetic implications // Plants. – 2020. – Vol. 9. – Art. № 1523. – DOI: 10.3390/plants9111523.

90. Kwon S.-H., Kwon H.-Y., Choi Y.-I., Shin H. Comprehensive analysis of chloroplast genome of *Hibiscus sinosyrriacus*: evolutionary studies in related species and genera // Forests. – 2023. – Vol. 14. – Art. № 2221. – DOI: 10.3390/f14112221.

91. Shaw J., Lickey E. B., Schilling E. E., Small R. L. Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: the tortoise and the hare III // American Journal of Botany. – 2007. – Vol. 94. – P. 275–288. – DOI: 10.3732/ajb.94.3.275.

92. Song Y.-F., Yang Q.-H., Yi X.-G., Zhu Z.-Q., Wang X.-R., Li M. Comparative analysis of codon usage patterns in chloroplast genomes of cherries // Forests. – 2022. – Vol. 13. – Art. № 1891. – DOI: 10.3390/f13111891.

93. Baraket G., Ben Abdelkrim A., Mars M., Salhi-Hannachi A. Cyto-nuclear discordance in the genetic relationships among Tunisian fig cultivars (*Ficus carica* L.): Evidence from non coding *trnL-trnF* and ITS regions of chloroplast and ribosomal DNAs // Scientia Horticulturae. – 2011. – Vol. 130. – P. 203–210. – DOI: 10.1016/j.scienta.2011.06.038.

94. Sen F., Uncu A. O., Uncu A. T., Erdeger S. N. The *trnL* (UAA)-*trnF* (GAA) intergenic spacer is a robust marker of green pea (*Pisum sativum* L.) adulteration in economically valuable pistachio nuts (*Pistacia vera* L.) // Journal of the Science of Food and Agriculture. – 2020. – Vol. 100. – P. 3056–3061. – DOI: 10.1002/jsfa.v100.7.

95. Abdessamad A., Baraket G., Sakka H., Ammari Y., Ksontini M., Hannachi A. S. Chloroplast DNA analysis of Tunisian cork oak populations (*Quercus suber* L.): sequence variations and molecular evolution of the *trnL* (UAA)-*trnF* (GAA) region // Genetics and Molecular Research. – 2016. – Vol. 15. – P. 1–19. – DOI: 10.4238/gmr15048749.

96. Baraket G., Saddoud O., Chatti K., Mars M., Mohamed M., Mokhtar T., et al. Chloroplast DNA analysis in Tunisian fig cultivars (*Ficus carica* L.): Sequence variations of the *trnL-trnF* intergenic spacer // Biochemical Systematics and Ecology. – 2008. – Vol. 36. – P. 828–835. – DOI: 10.1016/j.bse.2008.09.005.

97. Seberg O., Petersen G. How many loci does it take to DNA barcode a crocus? // PLoS One. – 2009. – Vol. 4. – e4598. – DOI: 10.1371/journal.pone.0004598.

98. İkinci N., Hall T., Lledó M. D., Clarkson J. J., Tillie N., Seisums A., et al. Molecular phylogenetics of the juno irises, *Iris* subgenus *Scorpiris* (Iridaceae), based on six plastid markers // Botanical Journal of the Linnean Society. – 2011. – Vol. 167. – P. 281–300. – DOI: 10.1111/j.1095-8339.2011.01176.x.

UDC: 575.113

STRUCTURAL FEATURES OF THE CHLOROPLAST GENOME OF THE RARE TULIP SPECIES  
*TULIPA ALBERTI*, INCLUDED IN THE RED BOOK OF KAZAKHSTANTussipkan Dilnur<sup>1</sup>, Shevtsov Vladislav<sup>1</sup>, Ramazanova Malika<sup>1</sup>, Orken Aisulu<sup>1</sup>, Rakhimzhanova Aizhan<sup>1</sup>, Shevtsov Alexander<sup>1</sup>, Manabayeva Shuga<sup>1,2</sup><sup>1</sup>National Center for Biotechnology, 010000, Astana, Kazakhstan, Korgalzhyn highway 13/5<sup>2</sup>L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan, K. Satpayev st. 2

\*manabayeva@biocenter.kz

## ABSTRACT

*Tulipa alberti* is an important plant species used for ornamental purposes in Asia, Europe, and North Africa. This study reports the complete chloroplast genome features of this endangered species collected from Kazakhstan using Illumina sequencing technology. The results revealed that the *T. alberti* chloroplast genome is highly conserved. The genome size is 152,006 bp, comprising a pair of inverted repeats (IR) of 26,330 bp, a large single-copy (LSC) region of 82,169 bp, and a small single-copy (SSC) region of 17,172 bp. The overall GC content is 36.58%. A total of 131 genes were identified, including 85 protein-coding genes, 38 tRNA genes, and 8 rRNA genes. Twenty-eight genes contained introns with lengths ranging from 540 to 2,620 bp. The nucleotide diversity ( $\pi$ ) was 0.003257. Analysis of simple sequence repeats (SSR) identified 159 SSR loci in the *T. alberti* genome, mainly distributed in the LSC region (63.19%), SSC region (18.39%), and IR region (14.37%). Six types of SSR motifs (mono-, di-, tri-, tetra-, penta-, and hexanucleotides) were detected. The most polymorphic protein-coding (CDS) genes were *rpoC2*, *cemA*, *rbcL*, *rpl36*, *psbH*, *rps3*, *rpl22*, *ndhF*, *yef1*, and *matK*, which exhibited high sequence variability ( $SV = 2.581-6.102$ ) and nucleotide diversity ( $\pi = 0.004-0.010$ ). Relative synonymous codon usage (RSCU) analysis revealed both preferred and less frequently used codons. The characterization of the *T. alberti* chloroplast genome provides valuable insights into the conservation of genetic resources, evolutionary and phylogenetic relationships of this rare species. However, to date, data on the complete sequencing and comprehensive bioinformatics analysis of the chloroplast genome of *T. alberti* remain limited. This study contributes to biodiversity preservation in Kazakhstan and offers a basis for developing effective conservation strategies at the molecular level.

**Keywords:** *Tulipa alberti*, chloroplast genome, simple sequence repeats (SSR), junction regions, codon usage patterns, polymorphic CDS genes

УДК: 575.113

СТРУКТУРНЫЕ ОСОБЕННОСТИ ХЛОРОПЛАСТНОГО ГЕНОМА РЕДКОГО ВИДА ТЮЛЬПАНА  
*TULIPA ALBERTI*, ВНЕСЁННОГО В КРАСНУЮ КНИГУ КАЗАХСТАНАТүсіпқан Ділнұр<sup>1</sup>, Шевцов Владислав<sup>1</sup>, Рамазанова Малика<sup>1</sup>, Өркен Айсулу<sup>1</sup>, Рахимжанова Айжан<sup>1</sup>, Шевцов Александр<sup>1</sup>, Манабаева Шуга<sup>1,2</sup><sup>1</sup>Национальный центр биотехнологии, 010000, Казахстан, г. Астана, Коргалжынский шоссе, 13/5<sup>2</sup>Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, 010000, Казахстан, г. Астана, ул. К. Сатпаева, 2

\*manabayeva@biocenter.kz

## АБСТРАКТ

*Tulipa alberti* — важный вид растений, используемый в декоративных целях в Азии, Европе и Северной Африке. В данном исследовании представлены структурные особенности полного хлоропластного генома этого редкого и находящегося под угрозой исчезновения вида, собранного в Казахстане, с применением технологии секвенирования Illumina. Результаты показали, что хлоропластный геном *T. alberti* имеет высокую степень сохранности. Размер генома составил 152 006 п.н., включая пару инвертированных повторов (IR) по 26 330 п.н., большую одно-копийную (LSC) область длиной 82 169 п.н. и малую одно-копийную (SSC) область длиной 17 172 п.н. Общая GC-составляющая равна 36,58%. Определено 131 ген, включая 85 кодирующих белок, 38 тРНК и 8 рРНК. У 28 генов обнаружены интроны длиной от 540 до 2620 п.н. Нуклеотидное разнообразие ( $\pi$ ) составило 0,003257. Анализ простых последовательностных повторов (SSR) выявил 159 SSR-локусов, в основном расположенных в LSC-области (63,19%), SSC-области (18,39%) и IR-области (14,37%). Определено шесть типов SSR-мотивов (моно-, ди-, три-, тетра-, пента- и гексануклеотиды). Наиболее полиморфными белок-кодирующими (CDS) генами оказались *rpoC2*, *cemA*, *rbcL*, *rpl36*, *psbH*, *rps3*, *rpl22*, *ndhF*, *yef1* и *matK*, характеризующиеся высокой вариабельностью последовательностей ( $SV = 2,581-6,102$ ) и нуклеотидным разнообразием ( $\pi = 0,004-0,010$ ). Анализ относительного использования синонимичных кодонов (RSCU) показал как избыточно, так и редко используемые кодоны. Исследование хлоропластного генома *T. alberti* имеет важное значение для сохранения генетических ресурсов редкого вида, а также для понимания его эволюционных и филогенетических особенностей. Однако на сегодняшний день данные о полном секвенировании и комплексном биоинформатическом анализе хлоропластного генома *T. alberti* остаются ограниченными. Данное исследование

способствует сохранению биоразнообразия флоры Казахстана и служит основой для разработки эффективных стратегий охраны на молекулярном уровне.

**Ключевые слова:** *Tulipa alberti*, хлоропластный геном, простые повторяющиеся последовательности (SSR), стыковые области, использование кодонов, полиморфные гены CDS