

ХҒТАР 34.15

Ғылыми мақала

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-155-2-111-133>

Қазақстанда кездесетін эндемик Кауфман қызғалдағының (*Tulipa kaufmanniana*) хлоропласт геномына құрылымдық талдау

Д.Түсіпқан¹, В.А.Шевцов², М.Б.Рамазанова³, А.Өркен⁴,
А.Б.Шевцов⁵, Ш.А.Манабаева^{*6}

^{1,2,3,4,5,6} Ұлттық биотехнология орталығы, Астана, Қазақстан

⁴Л.Н.Гумилев атындағы Еуразия Ұлттық университеті

E-mail: ¹tdilnur@mail.ru, ²xatabadich@gmail.com, ³malikaramazan.7@gmail.com,
⁴orkena23@gmail.com, ⁵ncbscevtsov@gmail.com, ^{*6}manabayeva@biocenter.kz

Аңдатпа. Кауфман қызғалдағы (*Tulipa kaufmanniana*) Қазақстанға эндемик болып табылатын, сәндік мақсатта кеңінен қолданылатын маңызды өсімдік түрі. Бұл зерттеуде Illumina секвенирлеу технологиясын пайдалана отырып, сирек кездесетін осы түрдің толық хлоропласт геномы алғаш рет сипатталды. Зерттеу нәтижесінде *T. kaufmanniana* толық геномы жоғары деңгейде сақталғаны анықталды. Геном мөлшері 152 374 ж.н., оның құрамына 26 371 ж.н. болатын екі инверттелген қайталану (ИҚ) аймағы, 82 369 ж.н. құрайтын ұзын бір көшірмелі (ҰБС) аймақ және 17 260 ж.н. тұратын қысқа бір көшірмелі (ҚБС) аймақ кірді. Жалпы ГЦ мөлшері 36,58% құрады. Геномда 130 ген аннотацияланды. Олардың 85-і ақуызды кодтайды, 38-і тРНҚ-ны, ал 8-і рРНҚ-ны кодтайды. Қарапайым тізбекті қайталануларды (ҚТҚ) талдау барысында *T. kaufmanniana* геномында 158 ҚТҚ локусы табылды. Олар негізінен ҰБС аймағында (63,3%), ҚБС аймағында (19%) және ИҚ аймағында (17,7%) шоғырланған. ҚТҚ-лардың бес санаты (моно-, ди-, три-, тетра-, гексануклеотид) тіркелді. Ең полиморфты ақуыз-кодтайтын гендер ретінде *uscf1*, *matK*, *proC2*, *rbcl*, *ndhF*, *semA*, *rpl22*, *gps3* және *psbH* анықталды. Олар жоғары тізбектік әртүрлілікке (ТӘ 2,570–6,085) және нуклеотидтік әртүрлілікке ие болды. Салыстырмалы синонимдік кодондарды пайдалану (ССКП) талдауы артық қолданылатын және сирек қолданылатын кодондарды анықтады. Жалпы алғанда, Кауфман қызғалдағының хлоропласт геномын зерттеу Қазақстан эндемигі болып табылатын осы сирек түрдің генетикалық ресурстарын сақтау, сондай-ақ оның эволюциялық және филогенетикалық ерекшеліктерін тереңірек түсіну үшін маңызды. Бұл мәліметтер Қазақстан флорасының биологиялық

Түсті: 6.01.2026. Қабылданды: 23.06.2026. Онлайн қол жетімді: 30.06.2026.

*Хат-хабар авторы

әртүрлілігін қорғауға және молекулалық деңгейде тиімді сақтау стратегияларын жасауға негіз бола алады.

Түйін сөздер: Кауфман қызғалдағы (*Tulipa kaufmanniana*), хлоропласт геномы, қарапайым тізбекті қайталанулар (ҚТҚ), түйісу нүктесі, кодонды пайдалану үлгілері, полиморфты КДТ гендер

Кіріспе

Кауфман қызғалдағы (*Tulipa kaufmanniana*) – лалагүлдер тұқымдасының қызғалдақ туысына жататын көп жылдық пиязшықты өсімдік (сурет 1) [1]. Қазақстанда Қаратаудың, Талас Алатауының, Өгем жотасы мен Қоржынтаудың тастақты жерлерінде, таулы және субальпі белдеулеріндегі тау жылғаларының жағалауларында өседі [2]. Алғаш рет ресейлік ботаник Эдуард Август фон Регель 1877 жылы қазіргі Өзбекстан аумағындағы Шыршық өзені аңғарынан жиналған үлгілер негізінде сипаттаған [3]. Түр атауы Түркістан өлкесінің генерал-губернаторы Константин фон Кауфманның құрметіне берілген [4].

T. kaufmanniana пиязшығы жұмыртқа немесе сопақша пішінді, жуандығы 1,5–4 см, сыртқы қабыршақтары қара немесе алтын-қоңыр түсті, былғары тәрізді, ішкі жағы түкті. Сабақтарының биіктігі 10–50 см, жиі антоцианды реңкке ие [5]. Жапырақтары әдетте 2–3, көгілдір-сұр түсті, ұзынша немесе эллипс тәрізді, ені 2–13 см [6].

Гүлі дара, пішіні кең қоңырау немесе бокал тәрізді, күн сәулесінде толық ашылады. Гүл серігі 6 жапырақшадан тұрады, ұзындығы 2,5–8 см. Ішкі жағы ақ, түбінде сары дағы бар, ал сыртқы беті көбіне қызыл, күлгін немесе қызғылт түсті; сирек сары немесе кілегей реңктері де кездеседі [7]. Аталықтары гүл серігінен қысқа, жіпшелері сары, тозаңдықтары сызықты. Гүлдері жиі хош иісті. Тұқым қорапшасы ұзынша, ұзындығы 3–6 см [8]. Гүлдеу кезеңі наурыздың соңынан шілденің басына дейін созылады (көбіне сәуір–маусым). Негізінен тұқым арқылы көбейеді [9].



Сурет 1. *T. kaufmanniana* Regel (Ақсу-Жабағылы мемлекеттік табиғи қорығында)

Қазақстанда 500–2500 м биіктікте таралған, орманды-дала және субальпі шалғын қауымдастықтарында, Батыс Тянь-Шань мен оған іргелес жоталардың ашық орман шеттерінде кездеседі [10] (сурет 1). Түр бағбандықта жоғары бағаланады: ерте көктемде ірі, сәндік гүлдері ашылып, селекцияда маңызды рөл атқарып, 200-ден астам сорты шығарылған [11].

Табиғатта сирек кездесетін бұл түр Халықаралық табиғат қорғау одағының Қызыл тізімінде «жойылып кету қаупі төніп тұрған» (Near Threatened) санатына енгізілген [12], ал Қазақстанның Қызыл кітабында сирек түр (III санат) ретінде тіркелген [13]. Қазақстан аумағындағы шамамен 18 жабайы қызғалдақ таксондарының бірі [14]. Кейбір қорықтарда (мысалы, Шатқал биосфералық қорығында) таралғанымен, мекен ету ортасының бұзылуы мен шамадан тыс жиналуына байланысты қорғау және тұрақты мониторинг жүргізу қажет.

Tulipa туысы лалагүлдер тұқымдасына (Liliaceae) жатады, ол шамамен 15 туыспен 600-ге жуық түрді қамтиды [15]. Liliaceae тұқымдасы ішінде қызғалдақтар Lilioideae кіші тұқымдасына және Liliaeae трибасына (*Lilium*, *Fritillaria* және т.б.) жатқызылады [15–16]. Қазіргі классификацияларда *Tulipa* туысының төрт кіші туысы (*Clusianae*, *Tulipa*, *Eriostemon* және *Orithyia*) ажыратылады [17], ал жалпы түр саны 75–100 аралығында деп есептеледі [17–18].

Қызғалдақтар қоңыржай Еуразия мен Солтүстік Африкаға тән. *Tulipa* туысының жабайы түрлері далалардан бастап альпілік шалғындарға дейін әртүрлі экожүйелерде таралғанымен, олардың негізгі әртүрлілік орталығы – Орталық Азия. Генетикалық және биогеографиялық зерттеулер жабайы қызғалдақтардың шамамен 20–23 млн жыл бұрын Орталық Азия аумағында (Оңтүстік Қазақстан және оған іргелес өңірлер) қалыптасқанын көрсетеді [19]. Қазіргі кезде жабайы *Tulipa* түрлерінің жартысынан астамы осы өңірде шоғырланған [19–20]. Қазақстан аумағында белгілі 100–120 жабайы қызғалдақ түрінің шамамен 40-қа жуығы өседі [21]. Бірқатар түрлер, соның ішінде *T. greigii*, *T. kaufmanniana* және *T. schrenkii*, осы аймаққа эндемик болып табылады.

Хлоропласттар – өсімдіктер мен балдырларда фотосинтезді жүзеге асыратын қос мембраналы органоидтар [22]. Олар өздерінің хпДНҚ-сын (хпДНҚ) қамтиды, әдетте 115–180 кб өлшемді сақина тәрізді молекула [23]. Геном әдетте төрт бөліктен тұрады: екі инверторлық қайталану (ИК) және ұзын (ҰБС 80–90 кб) және қысқа (ҚБС 15–27 кб) бір сатылы аймақтар [23–24]. Бұл геном шамамен 120–130 генді кодтайды, оның ішінде фотосинтез ақуыздары, рРНҚ және тРНҚ-лар [24]. Ядролық ДНҚ-мен салыстырғанда, хпДНҚ шағын, гаплоидты және жақсы сақталған, әрі әр жасушада көп данамен кездеседі [22]. Шағын көлемі мен көп көшірме санының арқасында хлоропласт геномын жоғары өнімді әдістермен тез әрі арзан секвенирлеуге болады, бұл көптеген түрлер үшін толық пластома жинақтауға мүмкіндік береді.

Көптеген жабайы гүлді өсімдіктерде пластома шамамен 80 ақуыз-кодтайтын ген, ~30 тРНҚ және 4 рРНҚ кодтайды (кейбір гендер ИҚ аймақтарында қайталанады). Хлоропласт геномы гаплоидты және әдетте аналық арқылы беріледі [25]. Төмен мутация жылдамдығы мен тұрақты ұйымдасуы оны филогенетикалық және генетикалық зерттеулер үшін қолайлы етеді. Гаплоидты, рекомбинацияланбайтын және көп даналы сипаттары хпДНҚ-ны ядролық ДНҚ-ға қарағанда тиімді генетикалық маркер етеді.

Жалпы тұрақтылығына қарамастан, пластомалар өзгерістер көрсетеді. Тізбектік айырмашылықтар көбінесе кодталмайтын аймақтарда (генаралық аралықтар, интрондар) шоғырланады, ал кодтайтын аймақтар анағұрлым тұрақты болады [25]. Мысалы, туыс түрлерді салыстырғанда бірегей көшірме және кодталмайтын аймақтарда нуклеотидтік

әртүрлілік (π) жоғары, көбірек инсерциялар/делециялар байқалады, ал ИҚ немесе код-тайтын аймақтарда айырмашылықтар аз [26].

Эволюциялық уақыт ішінде пластомалар құрылымдық өзгерістерге ұшыраған. Кейбір өсімдік тармақтары бір ИҚ-ын жоғалтқан немесе ИҚ шекарасының кеңеюі/қысқаруын бастан кешкен [26–27]. Сондай-ақ ірі инверсиялар мен гендердің қайта орналасуы, ген/интрондардың жоғалуы және псевдогендердің пайда болуы орын алады [27–28]. Микроқұрылымдық өзгерістер, атап айтқанда қарапайым тізбекті қайталанулар (ҚТҚ), бір нуклеотидті полиморфизмдер (БНП) және indel-дер, пайдалы эволюциялық маркерлер болып табылады.

Хлоропласт геномы тұрақты әрі ақпараттық табиғатының арқасында эволюциялық және филогенетикалық зерттеулерде кеңінен қолданылады [29]. Толық пластома деректері күрделі тармақтардағы филогенетикалық байланыстарды шешуге, түрлерді, популяцияларды немесе культиварларды анықтауға мүмкіндік береді. Жоғары өзгергіш аймақтар (мысалы, *ucf1* немесе *gpl32-trnL*) ДНҚ штрихкодтары ретінде қолданылады.

Хлоропласт геномдары популяциялық генетика мен филогеография үшін бейтарап маркерлер (ҚТҚ, indel) ұсынады [30–33]. Толық пластомалар өсімдіктердің филогениясын, биогеографиялық тарихын қалпына келтіруге, сондай-ақ соттық немесе археологиялық өсімдік сәйкестендіруді жүзеге асыруға мүмкіндік береді.

Систематикадан тыс, хлоропласт геномикасы биотехнологияны қолдайды. Гаплоидты, көп даналы табиғаты оны генетикалық инженерияға (пластидтік трансформацияға) қолайлы етеді, тұрақты белгілерді экспрессиялау үшін. Пластомаға бөгде гендерді енгізу арқылы вакцина өндірісі немесе метаболикалық инженерия жүзеге асырылады [34–37].

Зерттеу материалдары мен әдістері

Ботаниктердің көмегімен *Tulipa kaufmanniana* үлгілері (42°20'51" с.е., 70°28'9" ш.б.) 2022 жылғы мамырда Ақсу-Жабағылы мемлекеттік табиғи қорығының жинау алаңдарынан жиналды. Жинауға Қазақстан Республикасы Экология, геология және табиғи ресурстар министрлігінің Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитетінің рұқсаты берілді (1-кесте).

ДНҚ бөлінгенге дейін жас жапырақтар -80 °C-де сақталды. ДНҚ Shi және әріптестері (2012) әдісі бойынша бөлінді [38]. Біртектілігі, тазалығы және бүтіндігі 1% агарозды гельде 30 минут 120 В кернеуде электрофорез арқылы тексерілді. Концентрациясы Thermo Fisher Scientific NanoDrop™ 2000/2000с спектрофотометрімен анықталды. ДНҚ кітапханасы Illumina® DNA Prep (M) Tagmentation Kit (96 үлгі) көмегімен дайындалып, MiSeq секвенаторында MiSeq Reagent Kit v3 (600-cycle) арқылы секвенирленді. Барлық реагенттер мен әдістер өндіруші нұсқаулығына сәйкес қолданылды.

Бастапқы деректер Geneious Prime 2024.0.4 бағдарламасында өңделді (<https://www.geneious.com>). Геном аннотациясы *T. altaica* (NC_044780.1) хлоропластын эталон ретінде пайдаланып, GeSeq арқылы жүргізілді [39], қателер қолмен түзетілді. Толық хлоропласт геном карталары Chloe бағдарламасында жасалып, InkScape-та өңделді [40]. Соңында *T. kaufmanniana* толық хлоропласт геномы NCBI Nucleotide-қа жіберілді.

Қосымша талдау үшін толық хлоропласт тізбектер BioEdit 7.7 бағдарламасында тураланды [41]. Салыстырмалы синонимді кодон қолданылуы (ССКП) мәндері мен кодон қолдану жиілігі MEGA 11 арқылы есептелді [42–43]. Ген құрылымдарының позициялық байланыстары мен тоғыс аймақтары IRscope веб-қосымшасында визуализацияланды [44]. ҚТҚ Krait V1.5.1 арқылы анықталды [33], мотивтері ұзындығына қарай 10 топқа

бөлінді [45]. Кодтаушы ДНҚ тізбектері мен интрондардағы ҚТҚ-на бай гендер нуклеотидтік әртүрліліктің «ыстық нүктелерін» анықтау үшін зерттелді, Pi индексі DnaSP v5.10 бағдарламасы арқылы есептелді [46].

Кесте 1

T. kaufmanniana түрінің шыққан тегі туралы толық мәліметтері мен геномдық ерекшеліктері

Ақпарат және геном сипаттамасы	<i>T. kaufmanniana</i>
GenBank тіркеу номері	PP329299
Координата	42°20'51" с.е., 70°28'9" ш.б.
Биіктік (м)	2050
Дереккөз	Ақсу-Жабағылы мемлекеттік табиғи қорығы
Жиналған уақыты	14.05.2021
Геном өлшемі (bp)	152,374
ҚБС (bp)	17,260 (1–17,260)
ИҚА (bp)	26,371 (17,261–43,632)
ҰБС (bp)	82,369 (43,633–126,002)
ИҚВ (bp)	26,371 (126,003–152,374)
Жалпы гендер саны	131
Белок кодтайтын гендер	85
тРНҚ	38
рРНҚ	8
А үлесі (%)	32,1
Т үлесі (%)	31,33
Ц үлесі (%)	17,96
Г үлесі (%)	18,62
ГЦ жалпы үлесі (%)	36,58
ҚБС аймағындағы ГЦ үлесі (%)	29,85
ИҚ аймағындағы ГЦ үлесі (%)	42,01
ҰБС аймағындағы ГЦ үлесі (%)	34,49

150 жұп негізден асатын әрбір кодтаушы ДНҚ тізбектері (КДТ) және интергендік аймақтарды талдау үшін NCBI GenBank ядролық BLAST бағдарламасы қолданылды (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Параметрлер: сәйкестік деңгейі 99–100%, сұраныс қамтылуы 99–100%, қажет болған жағдайда *Tulipa* (taxid:13305) таксонына шектелді. Әрбір интергендік аймақ пен КДТ тізбектік әртүрлілігі (ТӘ) DnaSP v5.10.1 арқылы есептелді. Әр тізбек үшін нуклеотидтік әртүрлілік (Pi), сақталған нуклеотидтер саны, мутациялар саны және indel-оқиғалар анықталды [47]. ТӘ келесі формула бойынша есептелді [48]:

$$ТӘ = \frac{(\text{нуклеотидтік мутациялар саны} + \text{indel оқиғалары саны})}{(\text{сақталған аймақтар саны} + \text{нуклеотидтік мутациялар саны} + \text{indel оқиғалары саны})} \times 100\%.$$

Tulipa kaufmanniana толық хлоропласт геном тізбектері және NCBI дерекқорында жарияланған басқа *Tulipa* түрлерінің толық пластомалары филогенетикалық байланыстарды анықтау үшін қолданылды. 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 мен Kimura-ның екі параметрлі моделі бойынша тұрғызылды. Bootstrap сенімділік деңгейін бағалау үшін 500 қайталау жүргізілді. *Smilax china* толық хлоропласт геномы (NM_536959) сыртқы топ (outgroup) ретінде қолданылды.

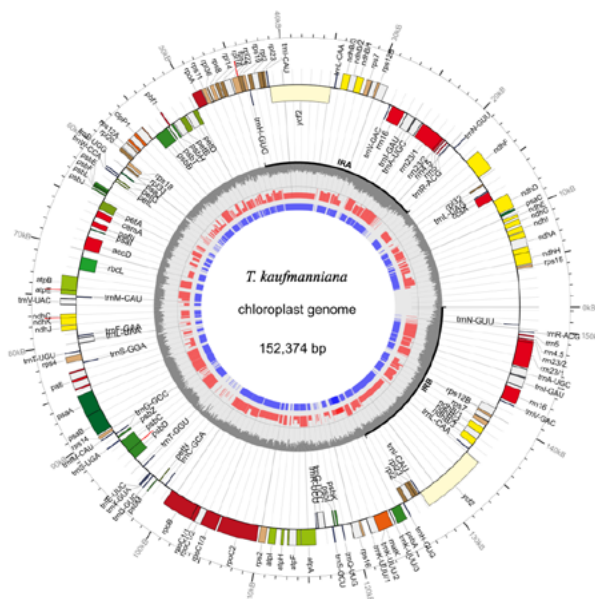
Жұмыс барысында келесі қысқартулар пайдаланылды:

БНП	– бір нуклеотидті полиморфизм	SNP	– single nucleotide polymorphism
ИҚ	– инверттелген 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

Нәтижелер

Кауфман қызғалдағының хлоропласт геномның жалпы ұзындығы 152 374 ж.н. құрады. Оның құрылымы ұзындығы 26 371 ж.н. болатын ИҚ аймақтарынан, 17 260 ж.н. ҚБС аймақтан және 82 369 ж.н. тұратын ҰБС аймақтан құралды (кесте 1) (сурет 2). Жалпы ГЦ мөлшері 36,58%. ҚБС аймақта ГЦ мөлшері 29,85%, ҰБС аймақта 34,49%, ИҚ аймақтарында ең жоғары ГЦ құрамы 42,01%. Геномдық аннотация бойынша 130 функционалды ген анықталды, оның ішінде 84 ақуыз кодтайтын, 38 тРНҚ және 8 рРНҚ гені бар (кесте 1).

Сонымен қатар, ИҚ аймақтарында орналасқан 18 қайталанатын ген тіркелді. Оларға алты ақуыз кодтайтын гендер (*ndhB*, *rpl2*, *rpl23*, *rps7*, *rps12B* және *usc2*), төрт рРНҚ гендері (*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) жатады. Бұл геномда *usc1* және *usc2* гендері сақталған, ал *usc15* және *usc68* псевдогендер ретінде анықталды (кесте 2). Сондай-ақ, 28 геннің интрон ұзындықтары тұрақты түрде сақталғаны байқалды. *matK* гені *trnK* генінің интронында орналасқан (кесте 3). *T. kaufmanniana* геномының толық тізбегі NCBI деректер қорына енгізілген (PP329299).



Сурет 2. *T. kaufmanniana* хлоропласт геномының картасы

Кесте 3

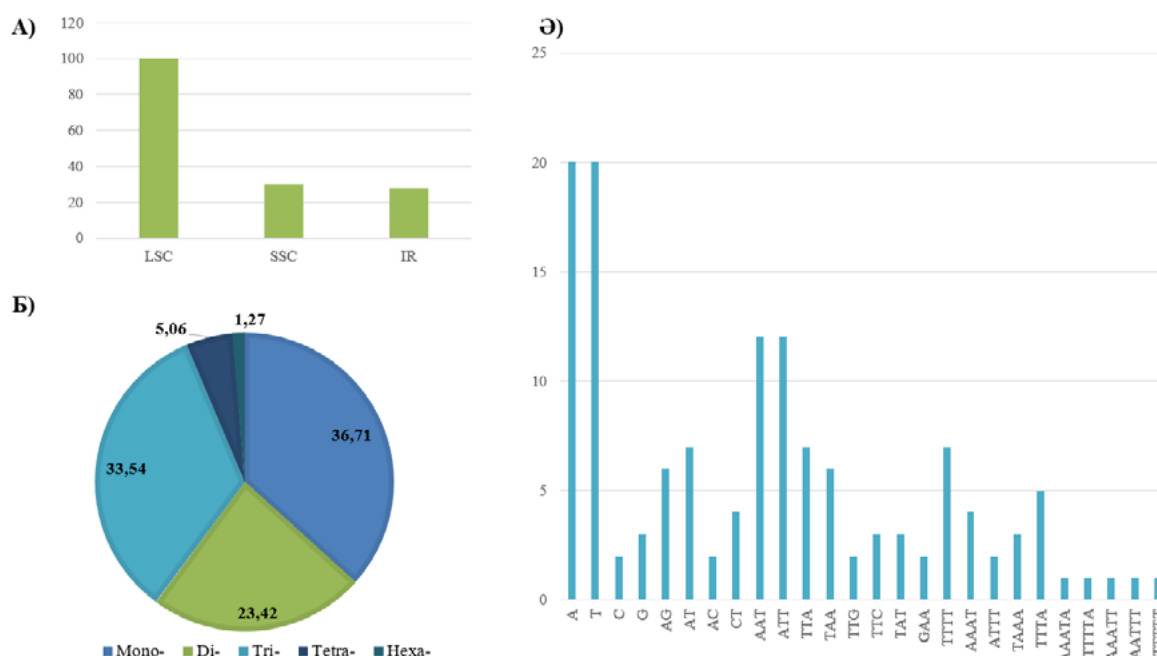
T. kaufmanniana толық хлоропласт геномдарындағы гендердің тізімі

Өзін-өзі көшіру						
Транспорттық РНҚ (тРНҚ)		Рибосомалық РНҚ (рРНҚ)		РНҚ полимераза	Рибосомалық ақуыздың кіші субъединицасы (SSU)	Рибосомалық ақуыздың үлкен суббірлігі (LSU)
<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>		<i>rrn4.5*, rrn5*, rrn16*, rrn23*</i>		<i>rpoA, rpoB, rpoC1, rpoC2</i>	<i>rps2, rps3, rps4, rps7*, rps8, rps11, rps12A, rps12B*, rps14, rps15, rps16, rps18, rps19</i>	<i>rpl2*, rpl14, rpl16, rpl20, rpl22, rpl23*, rpl32, rpl33, rpl36</i>
Фотосинтез гендері						
НАДН-дегидрогеназа суббірліктері	Фотожүйе I суббірліктері	Фотожүйе II суббірліктері	Фотожүйе I жинақтау факторы	Цитохром b/f кешенінің суббірліктері	АТФ-синтаза суббірліктері	Rubisco үлкен суббірліктері
<i>ndhA, ndhB*, ndhC, ndhD, ndhE, ndhF, ndhG, ndhH, ndhI, ndhJ, ndhK</i>	<i>psaA, psaB, psaC, psaI, psaJ</i>	<i>psbA, psbB, psbC, psbD, psbE, psbF, psbH, psbI, psbJ, psbK, psbL, psbM, psbT, psbZ</i>	<i>pafl (бұрынғы ycf3), paflI (бұрынғы ycf4)</i>	<i>petA, petB, petD, petG, petL, petN</i>	<i>atpA, atpB, atpE, atpF, atpH, atpI</i>	<i>rbcl</i>
Басқа гендер						
Протеаза	Матураза	Ацетил-КоА-карбоксилаза суббірлігі		Мембрана қабықшасының ақуызы		С-типті цитохром синтезі гені
<i>clpP1</i>	<i>matK</i>	<i>accD</i>		<i>cemA</i>		<i>ccsA</i>
Белгісіз функциялы гендер мен псевдогендер						
Гипотетикалық хлоропласттық оқу рамалары						
<i>ycf1</i> және <i>ycf2</i> , ал <i>ycf15</i> және <i>ycf68</i> псевдогендер болып шықты.						

**Кауфман қызғалдағының толық хлоропласт геномдарындағы
интрондардың ұзындықтары**

Интрондар	<i>ndhA</i>	<i>trnA-UGC-2</i>	<i>trnI-GAU-2</i>	<i>rps12B</i>	<i>rps12B</i>	<i>ndhB</i>	<i>rpl2</i>	<i>rpl16</i>	<i>petD</i>	<i>petB</i>	<i>clpP1</i>	<i>clpP1</i>
<i>T. kaufmanniana</i>	1011	795	930	864	540	692	651	744	779	806	817	597

Кауфман қызғалдағында жалпы 158 ҚТҚ локусы анықталды. Бұл ҚТҚ-лар геном бойына таралған ДНҚ тізбектерінің тандемді қайталанулары болып табылады және олардың ұзындықтары бірлікке шаққанда 10–20 ж.н. аралығында жиі кездеседі, тағы да 21–30 ж.н. және 31–40 ж.н. ұзындықтағы қайталанулар тіркелді. Салыстырмалы геномдық талдау нәтижесінде ҚТҚ-лардың басым бөлігі ҰБС аймақта 63,3%-да шоғырланғаны, одан кейін ҚБС аймақта 19% және ең аз мөлшері ИҚ аймағында 17,7% орналасқаны анықталды.

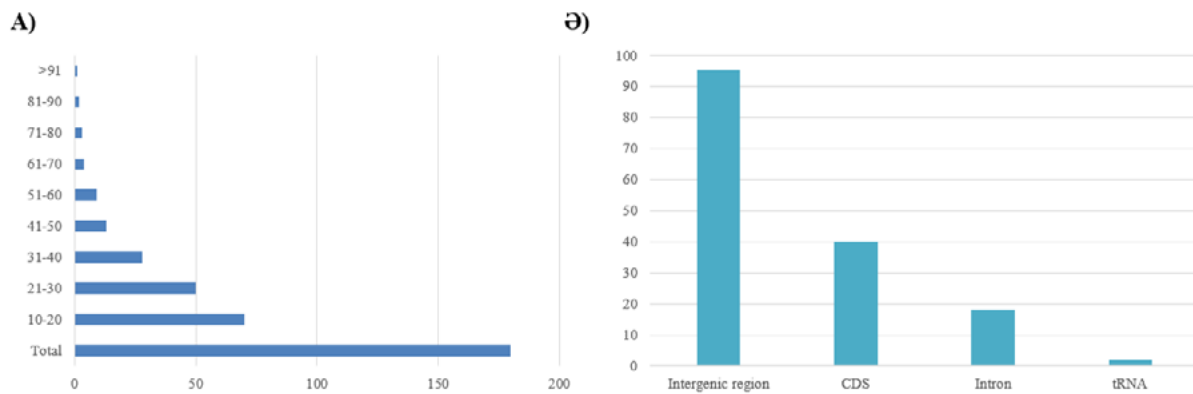


Сурет 3. *T. kaufmanniana* толық хлоропласт геномында анықталған ҚТҚ мотивтерінің (моно-, ди-, три-, тетра-, пента- және гекса-) түрлері мен саны. А) ҚБС, ИҚА, ҰБС және ИҚВ аймақтарында анықталған ҚТҚ мотивтерінің жиілігі; Ә) Анықталған ҚТҚ мотивтерінің түрі мен саны (моно-, ди-, три-, тетра-, пента-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

Барлығы 59 түрлі мотив алты категорияға бөлінді: моно-, ди-, три-, тетра-, және гексануклеотидті қайталанулар (сурет 3). *T. kaufmanniana* хлоропласт геномында олардың таралуы мынадай болды: моноқайталану, диқайталану, триқайталану, тетрақайталану, және гексануклеотидті қайталану. Қайталанулардың салыстырмалы жиілігі келесі диапозонда болды: моноқайталанулар – 36,71%, диқайталанулар – 23,42%, триқайталанулар – 33,54%, тетрақайталанулар – 5,06%, гексақайталанулар – 1,27%.

Кауфман қызғалдағының хлоропласт геномында екі түрлі мономер, алты түрлі динуклеотид және он сегіз түрлі тринуклеотидті қоса алғанда, барлығы жиырма ҚТҚ түрі анықталды. ҚТҚ мотивтерінің ішінде ең жиі кездесетіндері Т және А нуклеотидтері болып, тиісінше барлық қайталанулардың 36,08%-ын құрады. Динуклеотидті ҚТҚ-лардың негізгі түрлері АТ және ТА болса, олардан кейін ТЦ, ЦТ, ГА және АГ типтері орын алды. Тринуклеотидті мотивтердің ішінде ең көп ААТ, ТАА, ТТА, ТАТ, ТТЦ, ГТТ, ГАА, ЦТТ, АТТ, АТА, ТСА, АГА, ААГ, ТГА, ГГТ, АТГ, АЦЦ және ААЦ таралғандары.

Сонымен қатар, геномда сирек кездесетін Ц типті мономерлер, ТГЦ типті триплет мотивтер, сондай-ақ ТТАТ және ТТТА тәрізді тетрануклеотидті қайталанулар анықталды. Бұдан бөлек, ТЦТ және ЦАА типті триплет мотивтер де табылды. Тетрануклеотидті ҚТҚ-лардың ішінде ААТА, ААТТ, ЦАТТ, ТЦТА және ТТЦТ тәрізді қайталанулар кездеседі. Геномда барлығы екі түрлі гексануклеотидті қайталану байқалды, олар ТТТГТТ және АААЦАА болып табылады. Геномның генаралық аймақтарында ҚТҚ тығыздығы ең жоғары болды, ол 84-тен 102-ге дейін ауытқыды, одан кейін КДТ (38–64), интрондар (16–22) және тРНҚ (1–3) аймақтары орналасты. *T. kaufmanniana*-де интрондық ҚТҚ ең көп анықталды (сурет 4).



Сурет 4. *T. kaufmanniana* геномының әртүрлі аймақтарындағы ҚТҚ қайталану ұзындығы мен таралуы.

10 КДТ генінде айқын полиморфты ҚТҚ-лар бар екенін анықталды, олардың ТӘ мәндері 2,581- 6,102 аралығында, ал Рі мәндері 0,004 - 0,010 шегінде болды. Бұл гендерге *rpoC2*, *cemA*, *rbcL*, *rpl36*, *psbH*, *rps3*, *rpl22*, *ndhF*, *ycf1* және *matK* жатады (сурет 5).

Сонымен қатар, ұзындығы 150 ж.н.-тен асатын интергендік аймақтар ішінде жоғары деңгейдегі ТӘ мәндері 4,848–11,862 және Рі мәндері 0,01599–0,01839 көрсеткен 21 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*, *psaI_psaI*, *rpl14_rps8*, *ndhG-ndhI*, *trnQ-UUG_rps16*, *cemA_psaI*, *petL_psbE*, *rpl32_trnI-UAG*, және *rpl33_psaJ* кіреді.

Кесте 4

**T. kaufmanniana геномындағы 20 аминқышқылының кодондық
құрамының саны мен ССКП мәні**

АҚ	Аланин				Асапарагин		Аргинин						Лизин	
Кодон	ГЦТ	ГЦЦ	ГЦА	ГЦГ	ААТ	ААЦ	ЦГТ	ЦГЦ	ЦГА	ЦГГ	АГА	АГГ	ААА	ААГ
Саны	612	212	408	129	890	249	339	89	326	106	466	130	864	322
ССКП	1,8	0,62	1,2	0,38	1,56	0,44	1,4	0,37	1,34	0,44	1,92	0,54	1,46	0,54
АҚ	Глицин				Аспарагин қышқылы		Лейцин						Глутамин қышқылы	
Кодон	ГГТ	ГГЦ	ГГА	ГГГ	ГАТ	ГАЦ	ТТА	ТТГ	ЦТТ	ЦТЦ	ЦТА	ЦТГ	ГАА	ГАГ
Саны	547	185	668	298	792	185	832	493	561	159	329	148	917	315
ССКП	1,29	0,44	1,57	0,7	1,62	0,38	1,98	1,17	1,33	0,38	0,78	0,35	1,49	0,51
АҚ	Валин				Фенилаланин		Серин						Цистеин	
Кодон	ГТТ	ГТЦ	ГТА	ГТГ	ТТТ	ТТЦ	ТЦТ	ТЦЦ	ТЦА	ТЦГ	АГТ	АГЦ	ТГТ	ТГЦ
Саны	497	177	495	180	862	501	549	287	402	172	401	93	207	73
ССКП	1,47	0,52	1,47	0,53	1,26	0,74	1,73	0,9	1,27	0,54	1,26	0,29	1,48	0,52
АҚ	Пролин				Тирозин		Изолейцин						Триптофан	
Кодон	ЦЦТ	ЦЦЦ	ЦЦА	ЦЦГ	ТАТ	ТАЦ	АТТ		АТЦ		АТА		ТГГ	
Саны	396	213	293	117	739	165	1025		407		681		418	
ССКП	1,55	0,84	1,15	0,46	1,63	0,37	1,46		0,58		0,97		1	
АҚ	Треонин				Гистидин		Глутамин						Метионин	
Кодон	АЦТ	АЦЦ	АЦА	АЦГ	ЦАТ	ЦАЦ	ЦАА			ЦАГ			АТГ	
Саны	508	205	385	133	471	118	629			214			570	
ССКП	1,65	0,67	1,25	0,43	1,6	0,4	1,49			0,51			1	

Талқылау

Біз анықтаған Кауфман қызғалдағының толық хлоропласт геномы (152 374 ж.н.; ҰБС = 82 369 ж.н.; ҚБС = 17 260 ж.н.; ИҚ = 26 371 ж.н.; 130 ген; жалпы ГЦ = 36,58%) гүлді өсімдіктерге тән төртбөлімді архитектураға ие [43]. *Arabidopsis thaliana* хп-геномы 154 478 ж.н. (ҰБС 84 170 ж.н.; ҚТҚ 17 780 ж.н.; ИҚ 2×26 264 ж.н.; 87 кодталатын ген және 4 рНҚ [44]); *Oryza sativa* – 134 525 ж.н. [45]; *Musa balbisiana* – 169 503 ж.н. (ҰБС 87 828; ҚБС 11 547; ИҚ 2×35 064 ж.н.) [46]; *Ocotea aciphylla* (Lauraceae) – шамамен 152 685 ж.н. (ИҚ ~20 009 ж.н.; ҰБС ~93 859; SSC ~18 818 ж.н.) [47]; *Spinacia oleracea* – 150 725 ж.н. [48]. Ал *Pelargonium × hortorum*-да айтарлықтай ірі және қайта құрылымданған хп-геном анықталған – 217 942 ж.н. (ИҚ 2×75 741 ж.н.) [49], бұл қалыпты көлемнен 1,4 есе артық және бірнеше инверсиялар мен ИҚ кеңеюімен бірге жүреді [49-50]. Керісінше, *T. kaufmanniana*-да ірі инверсиялар немесе қайта құрулар байқалмаған және гендердің орналасуы консервативті, бұл осы туыстағы пластомдардың «тұрақты» эволюциялық сценарийін көрсетеді. Осыған ұқсас жағдай лалгүлділер тұқымдасының басқа өкілдерінде де байқалады. Мысалы, *Lilium longiflorum* хлоропласт геномы 152 793 ж.н. (ҰБС ~82 239 ж.н.; ҚБС ~17 886 ж.н.; ИҚ 2×26 334 ж.н.) [51], ал *L. henryi* шамамен 152 570 ж.н. құрайды [52]. Бұл көрсеткіштер көлемі мен құрылымы жағынан *T. kaufmanniana* пластомымен өте ұқсас. *Fritillaria hupehensis* пен *F.*

unibracteata пластомдары да 151 500–152 000 ж.н. аралығында болып, типтік төртбөлімді архитектураны сақтайды [53]. *Tulipa altaica* геномы (146 887 ж.н.) сәл кіші болғанымен, жалпы құрылымдық ерекшеліктері Кауфман қызғалдағына жақын [54]. Жалпы, Лалгүлділер тұқымдасына жататын түрлердің хлоропласт геномдары бір-біріне ұқсас, Кауфман қызғалдағының пластомымен айырмашылықтары мардымсыз. Ірі инверсиялар немесе қайта құрылымданулар байқалмаған, гендердің орналасуы жоғары деңгейде консервативті. Бұл Кауфман қызғалдағы мен Лалгүлділердің басқа өкілдері эволюциялық тұрғыдан «тұрақты» пластомдық сценарийге ие екенін көрсетеді.

Кауфман қызғалдағының геномында ірі инверсиялар немесе қайта құрылымдар анықталмады, яғни гендердің орналасу реттілігі туыстас түрлермен салыстырғанда сақталған. Бұл тұрақты және қайта құрылымданатын хп-геномдардың екі эволюциялық сценарийін салыстыруға мүмкіндік береді. Мысалы, *Oenothera* туысында ҰБС-да шамамен 56 кб инверсия анықталған (*rbcl* мен *trnQ* гендерінің арасында), ол бүкіл *Oenothera* қосалқы тұқымдасына тән [54], ал бұл *T. kaufmanniana*-ға қарағанда айқын контраст. Ұқсас құбылыс *Asteraceae* тұқымдасында да байқалады, мысалы, *Asteroideae* қосалқы тұқымдасында хпДНҚ-да типтік 22 кб инверсия кездеседі (*rbcl* мен *trnV* арасындағы), ол көптеген астралылар туысның түрлеріне тән [55]. Мұндай қайта құрылымдар филогенетикалық маркерлер ретінде қолданылады. Жалпы, *T. Kaufmanniana*-да тұрақты хп-геномдардың мысалы, ал экстремалды жағдайлар *Pelargonium*, *Oenothera* және *Asteraceae*.

T. kaufmanniana-да ИҚ-аймақтарында ГЦ деңгейі жоғары (шамамен 42%), бұл рРНҚ және рибосомалық ақуыз гендерінің болуымен, сондай-ақ ИҚ-дағы мутациялардың төмен деңгейімен түсіндіріледі [52]. Ұқсас ГЦ-профиль басқа да көптеген хлоропласт геномдарына тән, мысалы, *Laugaseae* (*Ocotea*)-да жалпы ГЦ 39,2%, ал ИҚ аймағында 44,4% құрайды, бұл ҰБС-дағы 37,9–38,0% және ҚБС-дағы 33,9 - 34,0%-дан айтарлықтай жоғары [53]. Мұндай ГЦ молшылығы мен рРНҚ гендерінің қайталануы ИҚ-дың тұрақтандырушы әсерімен байланысты [53]. ИҚ шекараларының өзгеруі геномдық қайта құрылымдарға әкелуі мүмкін: мысалы, *Musa*-да ИҚ-ҚБС шекарасының кеңеюі әдетте бөлек орналасатын гендердің қосылуына әкелген [46], ал *Geraniaceae* тұқымдастарында ИҚ-дың күрделі құрылымдары көптеген қайта құрулар туғызады [49-50]. Ал *T. kaufmanniana*-да ИҚ құрылымы тұрақты болып табылады, бұл хп-геномның салыстырмалы консервативтілігін қамтамасыз етеді.

T. kaufmanniana-да 158 ҚТҚ локусы анықталды, олардың көпшілігі ҰБС және генаралық аймақтарда орналасқан. Мұндай жағдай басқа да түрлерге тән. *Musa*-да 59 хпҚТҚ [56], оның ішінде мономерлі А/Т қайталанулар басым (*M. acuminata* және *M. balbisiana*-да бірнуклеотидті қайталанулардың 92%-дан астамы А/Т құрайды) [56]. *Gladiolus*-та 265 хпҚТҚ анықталған, олардың басым бөлігі А/Т мономерлері [57]. Мұндай үлгілер ҚТҚ-дың популяциялық деңгейде жоғары полиморфтылығын көрсетеді және олар кеңінен қолданылатын молекулалық маркерлер [56]. Демек, *T. kaufmanniana*-дағы ҚТҚ жиынтығы жаңа хпҚТҚ маркерлерін жасауға негіз бола алады, алайда олардың тәжірибелік тексерілуі қажет.

T. kaufmanniana хп-геномында дәстүрлі жоғары аймақтар анықталды, олар *usf1*, *ndhF*, *matK*, *proC2*, *rbcl*, *semA* және бірқатар генаралық локустар. Бұл құбылыс басқа зерттеулер нәтижелерімен сәйкес келеді. Мысалы, *usf1* генінің екі бөлігі (*usf1a* және *usf1b*) жерүсті өсімдіктердің ең өзгермелі аймақтары болып табылған [54] және дәстүрлі баркодтар *matK* пен *rbcl*-дан да тиімдірек екені дәлелденген [54]. Басқа да анықталған гендер (*ndhF*, *proC2*) көптеген тұқымдастарда жоғары вариабельділік көрсеткен [54]. Сондықтан бұл локустар *Tulipa* туысындағы баркодтау және популяциялық зерттеулер үшін маңызды нысандар бола алады.

T. kaufmanniana хп-геномында үшінші позициядағы АТ-құрамының басымдығы және лейцин кодондарының көп болуы байқалды. Ұқсас үлгі *Ocotea* (Lauraceae)-да анықталған, мұнда лейцин 11,8% кодондарды құрайды, ал цистеин небәрі 1,8% [58]. Бұл құбылыс лейциннің көп кодондық әртүрлілігімен және трансляция тиімділігінің эволюциялық сұрыпталуымен байланысты.

Рекомбинация, соның ішінде ИҚ аймақтарындағы «flip-flop» изомериялары хп-геномның құрылымдық динамикасына әсер етеді. Мысалы, трансгенді темекі желілерінде ИҚ-рекомбинация нәтижесінде ҰБС/ҚБС-ның ауысқан изоформалары пайда болғаны байқалған [59]. Алайда *T. kaufmanniana*-да мұндай изоформалар табылған жоқ, бұл оның хп-геномының табиғи жағдайда тұрақтылығын көрсетеді.

Алынған *T. kaufmanniana* хп-геномы филогенетикалық және популяциялық зерттеулер үшін маңызды дереккөз болып табылады. Жоғары дивергентті аймақтар (*ycf1*, *ndhF*, *groC2*) жақын түрлерді баркодтауға жарамды, ал ҚТҚ қайталанулар жаңа хпҚТҚ-маркерлер жасауға негіз бола алады. Бұл маркерлердің тиімділігін тәжірибелік тұрғыда тексеру қажет және олар *Tulipa* туысын молекулалық деңгейде зерттеуде жаңа мүмкіндіктер ашады.

Қорытынды

Қорытындылай келе, бұл жұмыста Қазақстанның эндемик өсімдігі Кауфман қызғалдағының толық хлоропласт геномы табысты түрде анықталып, сипатталды. Кауфман қызғалдағының хлоропласт геномын талдау Қазақстан өсімдіктерінің генетикалық әртүрлілігін сақтауда ғана емес, өсімдіктерде жүретін экологиялық және эволюциялық үдерістерді тереңірек түсінуде де үлкен рөл атқарады. Хлоропласт геномдарын жан-жақты талдау өсімдіктердің бейімделу эволюциясына жарық түсіріп, популяциялардың генетикалық тұрақтылығын анықтауға және табиғи экожүйелердің экологиялық өзгерістерге қалай жауап беретінін түсіндіруге мүмкіндік береді. *Tulipa* туысында түрлерді ажыратуға арналған жаңа хлоропласт маркерлерін ұсыну да зерттеудің маңызды мақсаты болды. Біз нуклеотидтік әртүрлілігі жоғары әрі полиморфизмі тиімді он генді (*groC2*, *semA*, *rbcl*, *rpl36*, *psbH*, *gps3*, *rpl22*, *ndhF*, *ycf1*, *matK*) анықтадық, олар қызғалдақ түрлерін ажыратуда құнды генетикалық маркерлер бола алады. Бұл жоғары полиморфты хлоропласт гендері түрлерді ажырату мен популяциялық зерттеулерде маңызды құрал ретінде қолданылып, болашақта *Tulipa* генетикасы мен эволюциясын зерттеуге, сондай-ақ қорғау стратегияларын әзірлеуге өз үлесін қосады. Мұндай зерттеулер генетикалық маркерлерді қалыптастыруда, өсімдіктердің биогеографиялық тарихын зерделеуде және сирек эндемикалық түрлерді сақтау жоспарларын әзірлеуде аса маңызды.

Авторлардың үлесі

Д. Т. – деректерді жинақтау, формальды талдау, әдістеме, бағдарламалық қамтамасыз ету, визуализация, мақала мазмұнын жазу; **В. А. Ш.** – бағдарламалық қамтамасыз ету, мақала мазмұнын жазу; **М. Б. Р.** – бағдарламалық қамтамасыз ету, бастапқы нұсқасын жазу, деректерді жинақтау, формальды талдау, визуализация; **А.Ө.** – мақала мәтінін жазу; **А. Б. Ш.** – әдістеме, деректерді жинақтау, бағдарламалық қамтамасыз ету, жазуды редакциялау және түзету; **Ш. А. М.** деректерді жинақтау, жазуды редакциялау және түзету, тұжырымдама жасау, формальды талдау, зерттеу, ресурстар, жетекшілік.

Қаржыландыру

Бұл зерттеу BR18574125 «Қазақстанның тамырлы өсімдіктерінің түрлік әртүрлілігінің қазіргі жай-күйін ботаниканың, молекулалық генетиканың және биоинформатиканың заманауи әдістерін қолданып зерттеу» жобасы аясында қаржыландырылды.

Мүдделер қақтығысы

Барлық авторлар мақаланың мазмұнын оқып танысқан және мүдделер қақтығысы жоқ.

Этикалық нормаларды сақтау

Авторлар орындаған бұл мақалада адамдарды немесе жануарларды объектілер ретінде пайдаланған зерттеулер жоқ.

Әдебиеттер тізімі

1. Plants of the World Online. *Tulipa kaufmanniana* Regel. Board of Trustees of the Royal Botanic Gardens, Kew; 2017. <https://doi.org/10.1007/s00606-024-01907-0>
2. Wilford R. *The Plant Lover's Guide to Tulips*. Portland (OR): Timber Press; 2015. p. 62. <https://books.google.com/books?id=en55EAAAQBAJ>
3. Plants of the World Online (POWO) [Internet]. Royal Botanic Gardens, Kew; 2024. <https://powo.science.kew.org>
4. Rouhi, H. R., Shakarami, K., & Afshari, R. T. (2010). Seed treatments to overcome dormancy of waterlily tulip ('*Tulipa kaufmanniana*' Regel.). *Australian Journal of Crop Science*, 4(9), 718-721. https://www.cropj.com/tavakol_4_9_2010_718_721.pdf
5. Ivaschenko AA. *Tulips and other bulbous plants of Kazakhstan*. Almaty: Printing House; 2005. 192 p.
6. Bochanseva Z. *Tyulpany. Morfologiya, citologiya i biologiya*. Tashkent: AS Uzbek SSR Publishing; 1962. 408 p.
7. Golovkin BN, Kitaeva LA, Nemchenko EP. *Dekorativnye rasteniya SSSR*. Moscow: Mysl; 1986. p. 49.
8. Vvedenskiy AI. Genus 272. Tulip — *Tulipa* // In: Komarov VL, editor. *Flora SSSR*. Vol. 4. Moscow–Leningrad: AS USSR; 1935. p. 320-464.
9. Vvedenskiy AI, Kovalevskaya SS. Genus *Tulipa* L. // *Opredelitel rasteniy Sredney Azii*. Vol. 2. Tashkent: FAN; 1971. p. 94-109.
10. Shaimoldina, A. K., Osmonali, B. B., Zhou, Y., Wariss, H. M., Ma, S., & Li, W. (2026). Vascular Plant Diversity and Distribution Patterns in Kazakhstan. *Diversity*, 18(4), 213. <https://doi.org/10.3390/d18040213>
11. Yermagambetova M, Abylgazinova S, Rakhimzhanova A, et al. Genetic diversity of *Tulipa alberti* and *T. greigii* populations in Kazakhstan. *Plants*. 2024;13(18):2667. <https://doi.org/10.3390/plants13182667>
12. Wilson B, Fay MF, Maxted N, et al. Central Asian wild tulip conservation requires a regional perspective. *Biodivers Conserv*. 2021;30:2565-2580. <https://doi.org/10.1007/s10531-021-02165-z>

13. Wild tulips fight to survive in their ancestral home. Current Conservation [Internet]. 2023;17(1). Available from: <https://www.currentconservation.org/wild-tulips-fight-to-survive-in-their-ancestral-home/>
14. Abugalieva S, Ivaschenko A, Turuspekov Y, et al. Comparative analysis of plastome sequences of seven *Tulipa* species. *Int J Mol Sci*. 2024;25(14):7874. <https://doi.org/10.3390/ijms25147874>
15. Dahlgren RMT, Clifford HT, Yeo PF. The Families of the Monocotyledons. Berlin; Heidelberg: Springer-Verlag; 1985.
16. Zonneveld BJM. The systematic value of nuclear genome size for all species of *Tulipa*. *Plant Syst Evol*. 2009;281:217-245. <https://doi.org/10.1007/s00606-009-0196-7>
17. Christenhusz MJM, Govaerts R, David JC, Hall T, Borland K, Roberts PS, et al. Tiptoe through the tulips: cultural history, molecular phylogenetics and classification of *Tulipa*. *Bot J Linn Soc*. 2013;172(3):280-328. <https://doi.org/10.1111/boj.12061>
18. Prozorovskiy AS. Genus *Tulipa* L. in the flora of Kazakhstan. *Botanicheskiy Zhurnal*. 1949;34(3):230-245.
19. Lazarenko AS. Rare and endangered tulip species of Kazakhstan. *Izv AN KazSSR Ser Biol*. 1971;(2):56-63.
20. Wilson CA, Peruzzi L. Taxonomic and conservation perspectives on wild tulips (*Tulipa* L.). *Biodivers Conserv*. 2020;29:3565-3585. <https://doi.org/10.1007/s10531-020-02028-8>
21. Kamelin RV. *Tulipa* L. in Central Asia: taxonomy and distribution. *Turczaninowia*. 1998;1(2):5-22.
22. Lee SR, Kim K, Kim YD, Jang CS. Characterization of the complete chloroplast genome of *Maesa japonica*. *Korean J Plant Taxon*. 2021;51(2):123-132. <https://doi.org/10.11110/kjpt.2021.51.2.123>
23. Sheng W, Zhao B, Liu C, Wang J, Li Y. Complete chloroplast genome analysis of *Galega orientalis*. *BMC Genomics*. 2023;24:56. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09165-3>
24. Liu S, Hu J, Zhang R, Pan J, Li Y, Wang X. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in cucumber. *Sci Rep*. 2021;11:2453. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82004-x>
25. Jansen RK, Cai Z, Raubeson LA, Daniell H, Depamphilis CW, Leebens-Mack J, et al. Analysis of plastid genomes resolves angiosperm relationships. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2007;104(49):19369-19374. <https://doi.org/10.1073/pnas.0709121104>
26. Wicke S, Schneeweiss GM, dePamphilis CW, Müller KF, Quandt D. Evolution of the plastid chromosome in land plants. *Plant Mol Biol*. 2011;76:273-297. <https://doi.org/10.1007/s11103-011-9769-4>
27. Ravi V, Khurana JP, Tyagi AK, Khurana P. An update on chloroplast genomes. *Plant Syst Evol*. 2008;271:101-122. <https://doi.org/10.1007/s00606-007-0608-0>
28. Zhang Y, Ma J, Yang B, Li R, Zhu W, Sun L. Comparative chloroplast genome analysis of *Gossypium* species. *Front Plant Sci*. 2019;10:376. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00376>
29. Dong W, Xu C, Li C, Sun J, Zuo Y, Shi S, et al. *ycf1*, the most promising plastid DNA barcode. *Sci Rep*. 2015;5:8348. <https://doi.org/10.1038/srep08348>
30. 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/10.3390/biology13060365>
31. Kali B, Bekkuzhina S, Tussipkan D, Manabayeva S. A first approach for the in vitro cultivation, storage, and DNA barcoding of the endangered endemic species *Euonymus koopmannii*. *Plants*. 2024;13(16):2174. <https://doi.org/10.3390/plants13162174>

32. Ramazanova M, Tussipkan D, Manabayeva S. DNA barcoding and phylogenetic analysis of Brassicaceae species. *Global Bioethics Journal (GBJ)*. 2025;3(2):214–222.
33. Akhmetollayeva, A. S., Zhumabek, A. T., Sutula, M. Y., Tussipkan, D., & Manabayeva, S. A. (2024). DNA BARCODING ANALYSIS OF THE ASTERACEAE SPECIES FROM KAZAKHSTAN. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*, (3S). <https://doi.org/10.11134/symposium.11>
34. Rozov, S. M., Zagorskaya, A. A., Konstantinov, Y. M., & Deineko, E. V. (2022). Three parts of the plant genome: on the way to success in the production of recombinant proteins. *Plants*, 12(1), 38. <https://doi.org/10.3390/plants12010038>
35. Scotti, N., Rigano, M. M., & Cardi, T. (2012). Production of foreign proteins using plastid transformation. *Biotechnology Advances*, 30(2), 387–397. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2011.07.019>
36. Bock R. Genetic engineering of the chloroplast: novel tools and applications. *Trends Plant Sci*. 2014;19(5):283–292. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2013.12.001>
37. Yang, S., Deng, Y., & Li, S. (2022). Advances in plastid transformation for metabolic engineering in higher plants. *Abiotech*, 3(3), 224–232. <https://doi.org/10.1007/s42994-022-00083-4>
38. Shi C, et al. An improved chloroplast DNA extraction procedure for whole plastid genome sequencing. *PLoS One*. 2012;7(2):e31468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0031468>
39. Tillich M, et al. GeSeq: versatile and accurate annotation of organelle genomes. *Nucleic Acids Res*. 2017;45(W1):W6–W11. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx391>
40. Zhong, X. (2020). Assembly, annotation and analysis of chloroplast genomes. <https://doi.org/10.26182/5f333d9ac2bee>
41. Hall, T., Biosciences, I., & Carlsbad, C. J. G. B. B. (2011). BioEdit: an important software for molecular biology. *GERF bull biosci*, 2(1), 60–61. https://www.researchgate.net/publication/258565830_BioEdit_An_important_software_for_molecular_biology
42. Noor F, et al. Identification and characterization of codon usage pattern and influencing factors in HFRS-causing hantaviruses. *Front Immunol*. 2023;14:1131647. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1131647>
43. A comparative analysis of complete chloroplast genomes of seven Ocotea species (Lauraceae) confirms low sequence divergence within the Ocotea complex. *Sci Rep*. 2021;11:4635. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-84064-5>
44. Sato, S., Nakamura, Y., Kaneko, T., Asamizu, E., & Tabata, S. (1999). Complete structure of the chloroplast genome of *Arabidopsis thaliana*. *DNA research*, 6(5), 283–290. <https://doi.org/10.1093/dnares/6.5.283>
45. The complete sequence of the rice (*Oryza sativa*) chloroplast genome: intermolecular recombination between distinct tRNA genes accounts for a major plastid DNA inversion during the evolution of the cereals. *Mol Gen Genet*. 1989;217(2–3):185–194. <https://doi.org/10.1007/BF02464880>
46. Complete chloroplast genome sequence of *Musa balbisiana* corroborates structural heterogeneity of inverted repeats in wild progenitors of cultivated bananas and plantains. *PLoS One*. 2016;11(6):e0158569. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0158569>
47. Trofimov, D., Cadar, D., Schmidt-Chanasit, J., Rodrigues de Moraes, P. L., & Rohwer, J. G. (2022). A comparative analysis of complete chloroplast genomes of seven Ocotea species (Lauraceae) confirms low sequence divergence within the Ocotea complex. *Scientific Reports*, 12(1), 1120. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-04635-4>
48. The plastid chromosome of spinach (*Spinacia oleracea*): complete nucleotide sequence and gene organization. *Plant Cell*. 2001;13(2):373–383. <https://doi.org/10.1105/tpc.13.2.373>

49. Chumley, T. W., Palmer, J. D., Mower, J. P., Fourcade, H. M., Calie, P. J., Boore, J. L., & Jansen, R. K. (2006). The complete chloroplast genome sequence of *Pelargonium× hortorum*: organization and evolution of the largest and most highly rearranged chloroplast genome of land plants. *Molecular biology and evolution*, 23(11), 2175-2190. <https://doi.org/10.1093/molbev/msl089>
50. Daniell, H., Lin, C. S., Yu, M., & Chang, W. J. (2016). Chloroplast genomes: diversity, evolution, and applications in genetic engineering. *Genome biology*, 17(1), 134. <https://doi.org/10.1186/s13059-016-1004-2>
51. Zhu, A., Guo, W., Gupta, S., Fan, W., & Mower, J. P. (2016). Evolutionary dynamics of the plastid inverted repeat: the effects of expansion, contraction, and loss on substitution rates. *New Phytologist*, 209(4), 1747-1756. <https://doi.org/10.1111/nph.13743>
52. Trofimov, D., Cadar, D., Schmidt-Chanasit, J., Rodrigues de Moraes, P. L., & Rohwer, J. G. (2022). A comparative analysis of complete chloroplast genomes of seven *Ocotea* species (Lauraceae) confirms low sequence divergence within the *Ocotea* complex. *Scientific Reports*, 12(1), 1120. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-04635-4>
53. Li, L., Liu, B., Song, Y., Meng, H. H., Ci, X. Q., Conran, J. G., ... & Li, J. (2025). Global advances in phylogeny, taxonomy and biogeography of Lauraceae. *Plant Diversity*, 47(3), 341-364. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2024.12.004>
54. Dong, W., Xu, C., Li, C., Sun, J., Zuo, Y., Shi, S., ... & Zhou, S. (2015). *ycf1*, the most promising plastid DNA barcode of land plants. *Scientific reports*, 5(1), 8348. <https://doi.org/10.1038/srep08348>
55. A chloroplast DNA inversion marks an ancient evolutionary split in the sunflower family (Asteraceae). *Proc Natl Acad Sci USA*. 1991;88(14):5938-5942. <https://doi.org/10.1073/pnas.88.14.5938>
56. Complete chloroplast genome sequence of *Musa balbisiana* corroborates structural heterogeneity of inverted repeats in wild progenitors of cultivated bananas and plantains. *PLoS One*. 2016;11(6):e0158569. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0158569>
57. Complete chloroplast genome of *Gladiolus gandavensis* (*Gladiolus*) and genetic evolutionary analysis. *Genes*. 2022;13(9):1622. <https://doi.org/10.3390/genes13091622>
58. Khodja, Y. K., Bachir-Bey, M., Belmouhoub, M., Ladjouzi, R., Dahmoune, F., & Khettal, B. (2023). The botanical study, phytochemical composition, and biological activities of *Laurus nobilis* L. leaves: A review. *International Journal of Secondary Metabolite*, 10(2), 269-296. <https://doi.org/10.21448/ijsm.1249843>
59. Zhu, S., Liu, Q., Qiu, S., Dai, J., & Gao, X. (2022). DNA barcoding: an efficient technology to authenticate plant species of traditional Chinese medicine and recent advances. *Chinese medicine*, 17(1), 112. <https://doi.org/10.1186/s13020-022-00666-3>

**Структурный анализ хлоропластного генома эндемичного
для Казахстана тюльпана Кауфмана (*Tulipa kaufmanniana*)**

**Д.Түсіпқан¹, В.А.Шевцов², М.Б.Рамазанова³, А.Өркен⁴,
А.Б.Шевцов⁵, Ш.А.Манабаева^{*6}**

^{1,2,3,4,5,6} Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан

⁴ Евразийский Национальный университет им. Л.Н.Гумилева

Аннотация. Тюльпан Кауфмана (*Tulipa kaufmanniana*) является эндемиком Казахстана и представляет собой важный вид растений, широко используемый в декоративных целях. В данном исследовании впервые был охарактеризован полный хлоропластный геном этого редкого вида с использованием технологии секвенирования Illumina. В результате установлено, что полный геном *T. kaufmanniana* имеет высокую степень сохранности. Размер генома составил 152 374 п.н., включая две инвертированные повторные области (IR) по 26 371 п.н., одну длинную уникальную область (LSC) в 82 369 п.н. и одну короткую уникальную область (SSC) в 17 260 п.н. Общий уровень GC составил 36,58%. В геноме аннотировано 130 генов, из которых 85 кодируют белки, 38 – тРНК и 8 – рРНК. При анализе простых последовательных повторов (SSR) было выявлено 158 SSR-локусов. Они были сосредоточены преимущественно в LSC-области (63,3%), SSC-области (19%) и IR-области (17,7%). Были зарегистрированы пять категорий SSR (моно-, ди-, три-, тетра- и гексаметные). Наиболее полиморфными белок-кодирующими генами оказались *ycf1*, *matK*, *rpoC2*, *rbcl*, *ndhF*, *cemA*, *rpl22*, *rps3* и *psbH*. Эти гены обладали высоким уровнем варибельности последовательностей ($P_i = 2,570\text{--}6,085$) и нуклеотидного разнообразия. Анализ относительного использования синонимичных кодонов (RSCU) выявил как избыточно, так и редко используемые кодоны. В целом, исследование хлоропластного генома тюльпана Кауфмана имеет важное значение для сохранения генетических ресурсов этого редкого эндемичного вида Казахстана, а также для более глубокого понимания его эволюционных и филогенетических особенностей. Полученные данные могут послужить основой для разработки эффективных стратегий охраны биологического разнообразия флоры Казахстана на молекулярном уровне.

Ключевые слова: тюльпан Кауфмана (*Tulipa kaufmanniana*), хлоропластный геном, простые последовательные повторы (SSR), области соединения, использование кодонов, полиморфные белок-кодирующие гены

Structural analysis of the chloroplast genome of the Kazakhstan endemic Kaufmann's tulip (*Tulipa kaufmanniana*)

D. Tussipkan¹, V.A. Shevtsov², M.B. Ramazanova³, A. Orken⁴,
A.B. Shevtsov⁵, Sh.A. Manabayeva^{*6}

^{1,2,3,4,5,6} National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan

⁴ L.N. Gumilyov Eurasian National University

Abstract. Kaufmann's tulip (*Tulipa kaufmanniana*) is an endemic species of Kazakhstan and an important ornamental plant. In this study, the complete chloroplast genome of this rare species was described for the first time using Illumina sequencing technology. The results revealed that the complete genome of *T. kaufmanniana* is highly conserved. The genome size was 152,374 bp, comprising a pair of inverted repeat (IR) regions of 26,371 bp each, a large single-copy (LSC) region of 82,369 bp, and a small single-copy (SSC) region of 17,260 bp. The overall GC content was 36.58%. A total of 130 genes were annotated, including 85 protein-coding genes, 38 tRNA genes, and 8 rRNA genes. Analysis of simple sequence repeats (SSRs) identified 158 loci, predominantly distributed in the LSC region (63.3%), SSC region (19%), and IR regions (17.7%). Five categories of SSRs (mono-, di-, tri-, tetra-, and hexanucleotide) were detected. The most polymorphic protein-coding genes were *ycf1*, *matK*, *rpoC2*, *rbcl*, *ndhF*, *cemA*, *rpl22*, *rps3*, and *psbH*, showing high

sequence variability ($P_i = 2.570-6.085$) and nucleotide diversity. Relative synonymous codon usage (RSCU) analysis revealed both overrepresented and underrepresented codons. Overall, the characterization of the chloroplast genome of *T. kaufmanniana* is essential for the conservation of genetic resources of this rare endemic species, as well as for gaining deeper insights into its evolutionary and phylogenetic features. These findings provide a foundation for developing effective molecular-level strategies for preserving the biological diversity of Kazakhstan's flora.

Keywords: Kaufmann's tulip (*Tulipa kaufmanniana*), chloroplast genome, simple sequence repeats (SSRs), junction regions, codon usage patterns, polymorphic protein-coding genes

References

1. Plants of the World Online. *Tulipa kaufmanniana* Regel. Board of Trustees of the Royal Botanic Gardens, Kew; 2017. <https://doi.org/10.1007/s00606-024-01907-0>
2. Wilford R. *The Plant Lover's Guide to Tulips*. Portland (OR): Timber Press; 2015. p. 62. <https://books.google.com/books?id=en55EAAAQBAJ>
3. Plants of the World Online (POWO) [Internet]. Royal Botanic Gardens, Kew; 2024. <https://powo.science.kew.org>
4. Rouhi, H. R., Shakarami, K., & Afshari, R. T. (2010). Seed treatments to overcome dormancy of waterlily tulip (*Tulipa kaufmanniana* Regel.). *Australian Journal of Crop Science*, 4(9), 718-721. https://www.cropj.com/tavakol_4_9_2010_718_721.pdf
5. Ivaschenko AA. *Tulips and other bulbous plants of Kazakhstan*. Almaty: Printing House; 2005. 192 p.
6. Bochancheva Z. *Tyulpany. Morfologiya, citologiya i biologiya*. Tashkent: AS Uzbek SSR Publishing; 1962. 408 p.
7. Golovkin BN, Kitaeva LA, Nemchenko EP. *Dekorativnye rasteniya SSSR*. Moscow: Mysl; 1986. p. 49.
8. Vvedenskiy AI. Genus 272. Tulip — *Tulipa* // In: Komarov VL, editor. *Flora SSSR*. Vol. 4. Moscow–Leningrad: AS USSR; 1935. p. 320-464.
9. Vvedenskiy AI, Kovalevskaya SS. Genus *Tulipa* L. // *Opredelitel rasteniy Sredney Azii*. Vol. 2. Tashkent: FAN; 1971. p. 94-109.
10. Shaimoldina, A. K., Osmonali, B. B., Zhou, Y., Wariss, H. M., Ma, S., & Li, W. (2026). Vascular Plant Diversity and Distribution Patterns in Kazakhstan. *Diversity*, 18(4), 213. <https://doi.org/10.3390/d18040213>
11. Yermagambetova M, Abylgazinova S, Rakhimzhanova A, et al. Genetic diversity of *Tulipa alberti* and *T. greigii* populations in Kazakhstan. *Plants*. 2024;13(18):2667. <https://doi.org/10.3390/plants13182667>
12. Wilson B, Fay MF, Maxted N, et al. Central Asian wild tulip conservation requires a regional perspective. *Biodivers Conserv*. 2021;30:2565-2580. <https://doi.org/10.1007/s10531-021-02165-z>
13. Wild tulips fight to survive in their ancestral home. *Current Conservation* [Internet]. 2023;17(1). Available from: <https://www.currentconservation.org/wild-tulips-fight-to-survive-in-their-ancestral-home/>
14. Abugalieva S, Ivaschenko A, Turuspekov Y, et al. Comparative analysis of plastome sequences of seven *Tulipa* species. *Int J Mol Sci*. 2024;25(14):7874. <https://doi.org/10.3390/ijms25147874>
15. Dahlgren RMT, Clifford HT, Yeo PF. *The Families of the Monocotyledons*. Berlin; Heidelberg: Springer-Verlag; 1985.

16. Zonneveld BJM. The systematic value of nuclear genome size for all species of Tulipa. *Plant Syst Evol.* 2009;281:217-245. <https://doi.org/10.1007/s00606-009-0196-7>
17. Christenhusz MJM, Govaerts R, David JC, Hall T, Borland K, Roberts PS, et al. Tiptoe through the tulips: cultural history, molecular phylogenetics and classification of Tulipa. *Bot J Linn Soc.* 2013;172(3):280-328. <https://doi.org/10.1111/boj.12061>
18. Prozorovskiy AS. Genus Tulipa L. in the flora of Kazakhstan. *Botanicheskiy Zhurnal.* 1949;34(3):230-245.
19. Lazarenko AS. Rare and endangered tulip species of Kazakhstan. *Izv AN KazSSR Ser Biol.* 1971;(2):56-63.
20. Wilson CA, Peruzzi L. Taxonomic and conservation perspectives on wild tulips (Tulipa L.). *Biodivers Conserv.* 2020;29:3565-3585. <https://doi.org/10.1007/s10531-020-02028-8>
21. Kamelin RV. Tulipa L. in Central Asia: taxonomy and distribution. *Turczaninowia.* 1998;1(2):5-22.
22. Lee SR, Kim K, Kim YD, Jang CS. Characterization of the complete chloroplast genome of Maesa japonica. *Korean J Plant Taxon.* 2021;51(2):123-132. <https://doi.org/10.11110/kjpt.2021.51.2.123>
23. Sheng W, Zhao B, Liu C, Wang J, Li Y. Complete chloroplast genome analysis of Galega orientalis. *BMC Genomics.* 2023;24:56. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09165-3>
24. Liu S, Hu J, Zhang R, Pan J, Li Y, Wang X. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in cucumber. *Sci Rep.* 2021;11:2453. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82004-x>
25. Jansen RK, Cai Z, Raubeson LA, Daniell H, Depamphilis CW, Leebens-Mack J, et al. Analysis of plastid genomes resolves angiosperm relationships. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2007;104(49):19369-19374. <https://doi.org/10.1073/pnas.0709121104>
26. Wicke S, Schneeweiss GM, dePamphilis CW, Müller KF, Quandt D. Evolution of the plastid chromosome in land plants. *Plant Mol Biol.* 2011;76:273-297. <https://doi.org/10.1007/s11103-011-9769-4>
27. Ravi V, Khurana JP, Tyagi AK, Khurana P. An update on chloroplast genomes. *Plant Syst Evol.* 2008;271:101-122. <https://doi.org/10.1007/s00606-007-0608-0>
28. Zhang Y, Ma J, Yang B, Li R, Zhu W, Sun L. Comparative chloroplast genome analysis of Gossypium species. *Front Plant Sci.* 2019;10:376. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00376>
29. Dong W, Xu C, Li C, Sun J, Zuo Y, Shi S, et al. ycf1, the most promising plastid DNA barcode. *Sci Rep.* 2015;5:8348. <https://doi.org/10.1038/srep08348>
30. 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/10.3390/biology13060365>
31. Kali B, Bekkuzhina S, Tussipkan D, Manabayeva S. A first approach for the in vitro cultivation, storage, and DNA barcoding of the endangered endemic species Euonymus koopmannii. *Plants.* 2024;13(16):2174. <https://doi.org/10.3390/plants13162174>
32. Ramazanov M, Tussipkan D, Manabayeva S. DNA barcoding and phylogenetic analysis of Brassicaceae species. *Global Bioethics Journal (GBJ).* 2025;3(2):214-222.
33. Akhmetollayeva, A. S., Zhumabek, A. T., Sutula, M. Y., Tussipkan, D., & Manabayeva, S. A. (2024). DNA BARCODING ANALYSIS OF THE ASTERACEAE SPECIES FROM KAZAKHSTAN. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*, (3S). <https://doi.org/10.11134/symposium.11>
34. Rozov, S. M., Zagorskaya, A. A., Konstantinov, Y. M., & Deineko, E. V. (2022). Three parts of the plant genome: on the way to success in the production of recombinant proteins. *Plants*, 12(1), 38. <https://doi.org/10.3390/plants12010038>

35. Scotti, N., Rigano, M. M., & Cardì, T. (2012). Production of foreign proteins using plastid transformation. *Biotechnology Advances*, 30(2), 387-397. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2011.07.019>
36. Bock R. Genetic engineering of the chloroplast: novel tools and applications. *Trends Plant Sci.* 2014;19(5):283–292. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2013.12.001>
37. Yang, S., Deng, Y., & Li, S. (2022). Advances in plastid transformation for metabolic engineering in higher plants. *Abiotech*, 3(3), 224-232. <https://doi.org/10.1007/s42994-022-00083-4>
38. Shi C, et al. An improved chloroplast DNA extraction procedure for whole plastid genome sequencing. *PLoS One*. 2012;7(2):e31468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0031468>
39. Tillich M, et al. GeSeq: versatile and accurate annotation of organelle genomes. *Nucleic Acids Res.* 2017;45(W1):W6–W11. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx391>
40. Zhong, X. (2020). Assembly, annotation and analysis of chloroplast genomes. <https://doi.org/10.26182/5f333d9ac2bee>
41. Hall, T., Biosciences, I., & Carlsbad, C. J. G. B. B. (2011). BioEdit: an important software for molecular biology. *GERF bull biosci*, 2(1), 60-61. https://www.researchgate.net/publication/258565830_BioEdit_An_important_software_for_molecular_biology
42. Noor F, et al. Identification and characterization of codon usage pattern and influencing factors in HFRS-causing hantaviruses. *Front Immunol.* 2023;14:1131647. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1131647>
43. A comparative analysis of complete chloroplast genomes of seven *Ocotea* species (Lauraceae) confirms low sequence divergence within the *Ocotea* complex. *Sci Rep.* 2021;11:4635. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-84064-5>
44. Sato, S., Nakamura, Y., Kaneko, T., Asamizu, E., & Tabata, S. (1999). Complete structure of the chloroplast genome of *Arabidopsis thaliana*. *DNA research*, 6(5), 283-290. <https://doi.org/10.1093/dnares/6.5.283>
45. The complete sequence of the rice (*Oryza sativa*) chloroplast genome: intermolecular recombination between distinct tRNA genes accounts for a major plastid DNA inversion during the evolution of the cereals. *Mol Gen Genet.* 1989;217(2–3):185–194. <https://doi.org/10.1007/BF02464880>
46. Complete chloroplast genome sequence of *Musa balbisiana* corroborates structural heterogeneity of inverted repeats in wild progenitors of cultivated bananas and plantains. *PLoS One*. 2016;11(6):e0158569. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0158569>
47. Trofimov, D., Cadar, D., Schmidt-Chanasit, J., Rodrigues de Moraes, P. L., & Rohwer, J. G. (2022). A comparative analysis of complete chloroplast genomes of seven *Ocotea* species (Lauraceae) confirms low sequence divergence within the *Ocotea* complex. *Scientific Reports*, 12(1), 1120. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-04635-4>
48. The plastid chromosome of spinach (*Spinacia oleracea*): complete nucleotide sequence and gene organization. *Plant Cell.* 2001;13(2):373–383. <https://doi.org/10.1105/tpc.13.2.373>
49. Chumley, T. W., Palmer, J. D., Mower, J. P., Fourcade, H. M., Calie, P. J., Boore, J. L., & Jansen, R. K. (2006). The complete chloroplast genome sequence of *Pelargonium × hortorum*: organization and evolution of the largest and most highly rearranged chloroplast genome of land plants. *Molecular biology and evolution*, 23(11), 2175-2190. <https://doi.org/10.1093/molbev/msl089>
50. Daniell, H., Lin, C. S., Yu, M., & Chang, W. J. (2016). Chloroplast genomes: diversity, evolution, and applications in genetic engineering. *Genome biology*, 17(1), 134. <https://doi.org/10.1186/s13059-016-1004-2>

51. Zhu, A., Guo, W., Gupta, S., Fan, W., & Mower, J. P. (2016). Evolutionary dynamics of the plastid inverted repeat: the effects of expansion, contraction, and loss on substitution rates. *New Phytologist*, 209(4), 1747-1756. <https://doi.org/10.1111/nph.13743>
52. Trofimov, D., Cadar, D., Schmidt-Chanasit, J., Rodrigues de Moraes, P. L., & Rohwer, J. G. (2022). A comparative analysis of complete chloroplast genomes of seven *Ocotea* species (Lauraceae) confirms low sequence divergence within the *Ocotea* complex. *Scientific Reports*, 12(1), 1120. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-04635-4>
53. Li, L., Liu, B., Song, Y., Meng, H. H., Ci, X. Q., Conran, J. G., ... & Li, J. (2025). Global advances in phylogeny, taxonomy and biogeography of Lauraceae. *Plant Diversity*, 47(3), 341-364. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2024.12.004>
54. Dong, W., Xu, C., Li, C., Sun, J., Zuo, Y., Shi, S., ... & Zhou, S. (2015). *ycf1*, the most promising plastid DNA barcode of land plants. *Scientific reports*, 5(1), 8348. <https://doi.org/10.1038/srep08348>
55. A chloroplast DNA inversion marks an ancient evolutionary split in the sunflower family (Asteraceae). *Proc Natl Acad Sci USA*. 1991;88(14):5938-5942. <https://doi.org/10.1073/pnas.88.14.5938>
56. Complete chloroplast genome sequence of *Musa balbisiana* corroborates structural heterogeneity of inverted repeats in wild progenitors of cultivated bananas and plantains. *PLoS One*. 2016;11(6):e0158569. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0158569>
57. Complete chloroplast genome of *Gladiolus gandavensis* (*Gladiolus*) and genetic evolutionary analysis. *Genes*. 2022;13(9):1622. <https://doi.org/10.3390/genes13091622>
58. Khodja, Y. K., Bachir-Bey, M., Belmouhoub, M., Ladjouzi, R., Dahmoune, F., & Khettal, B. (2023). The botanical study, phytochemical composition, and biological activities of *Laurus nobilis* L. leaves: A review. *International Journal of Secondary Metabolite*, 10(2), 269-296. <https://doi.org/10.21448/ijsm.1249843>
59. Zhu, S., Liu, Q., Qiu, S., Dai, J., & Gao, X. (2022). DNA barcoding: an efficient technology to authenticate plant species of traditional Chinese medicine and recent advances. *Chinese medicine*, 17(1), 112. <https://doi.org/10.1186/s13020-022-00666-3>

Авторлар туралы мәліметтер:

Д. Түсіпқан – ауыл шаруашылығы дақылдарының генетикасы мен селекциясы бойынша PhD, қауымдастырылған профессор, «Өсімдіктердің генетикалық инженериясы» зертханасының жетекші ғылыми қызметкері, Ұлттық биотехнология орталығы, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана, Қазақстан

В. А. Шевцов – магистр, «Өсімдіктер геномикасы мен биоақпараттандыру» зертханасының ғылыми қызметкері, Ұлттық биотехнология орталығы, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана, Қазақстан

М. Б. Рамазанова – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, «Өсімдіктердің генетикалық инженериясы» зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Ұлттық биотехнология орталығы, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана, Қазақстан

А. Өркен – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, Л. Н. Гумилев атындағы Еуразия Ұлттық университетінің докторанты, «Өсімдіктердің генетикалық инженериясы» зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Ұлттық биотехнология орталығы, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана, Қазақстан

А. Б. Шевцов – биология ғылымдарының кандидаты, «Қолданбалы генетика» зертханасының меңгерушісі, Ұлттық биотехнология орталығы, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана, Қазақстан

Ш. А. Манабаева – хат-хабар авторы, профессор, «Өсімдіктердің генетикалық инженериясы» зертханасының меңгерушісі, Ұлттық биотехнология орталығы, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана, Қазақстан

Сведения об авторах:

Д. Түсіпқан – PhD по генетике и селекции сельскохозяйственных культур, ассоциированный профессор, ведущий научный сотрудник лаборатории «Генетической инженерии растений», Национальный центр биотехнологии, шоссе Коргалжын, 13/5, 010000, Астана, Казахстан

В. А. Шевцов – магистр, научный сотрудник лаборатории «Геномики растений и биоинформатики», Национальный центр биотехнологии, шоссе Коргалжын, 13/5, 010000, Астана, Казахстан

М. Б. Рамазанова – магистр естественных наук, младший научный сотрудник лаборатории «Генетической инженерии растений», Национальный центр биотехнологии, шоссе Коргалжын, 13/5, 010000, Астана, Казахстан

А. Өркен – магистр естественных наук, докторант Евразийского национального университета им. Л.Н.Гумилева, младший научный сотрудник лаборатории «Генетической инженерии растений», Национальный центр биотехнологии, шоссе Коргалжын, 13/5, 010000, Астана, Казахстан

А. Б. Шевцов – кандидат биологических наук, заведующий лабораторией «Прикладной генетики», Национальный центр биотехнологии, шоссе Коргалжын, 13/5, 010000, Астана, Казахстан

Ш. А. Манабаева – автор для корреспонденции, профессор, заведующая лабораторией «Генетической инженерии растений», Национальный центр биотехнологии, шоссе Коргалжын, 13/5, 010000, Астана, Казахстан

Authors' information:

D. Tussipkan – PhD in genetics and breeding of agricultural crops, associate professor, leading researcher, “Plants genetic engineering” laboratory, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan

V. A. Shevtsov – MSc, researcher, “Plant genomics and bioinformatics” laboratory, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan

M. B. Ramazanova – MSc in natural sciences, junior researcher, “Plants genetic engineering” laboratory, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan

A. Orken – MSc in natural sciences, PhD student of L.N. Gumilyov Eurasian National University, junior researcher, “Plants genetic engineering” laboratory, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan

A. B. Shevtsov – Candidate of biological sciences, head of the “Applied genetics” laboratory, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan

Sh. A. Manabayeva – Corresponding author, professor, head of the “Plants genetic engineering” laboratory, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan