

## ІНВАЗІЙНИЙ ВИД *IMPATIENS PARVIFLORA* ПРЕДСТАВЛЕНИЙ В МЕЖАХ ВТОРИННОГО АРЕАЛУ ЄДИНИМ ГАПЛОТИПОМ ДІЛЯНКИ ХЛОРОПЛАСТНОГО ГЕНОМУ *rpl32-trnL(UAG)*

Ю.О. ТИНКЕВИЧ, К.Д. ШИШКІНА, В.В. КАРАВАН, Р.А. ВОЛКОВ

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,  
вул. Коцюбинського 2, м. Чернівці, 58012  
e-mail: [y.tynkevich@chnu.edu.ua](mailto:y.tynkevich@chnu.edu.ua)

*Impatiens parviflora* DC. є одним із найуспішніших інвазійних видів рослин у Центральній Європі, який характеризується високою здатністю до поширення в лісових екосистемах, де ефективно конкурує з аборигенним видом *I. noli-tangere*. Інвазія цього виду в Європу розпочалася у 1830-х роках після його інтродукції з гірських районів Центральної Азії до ботанічних садів Женеви та Дрездена. Вважається, що інтродукційний матеріал походив з єдиного джерела. Хоча популяції у вторинному ареалі вирізняються високою морфологічною одноманітністю, їхнє генетичне різноманіття досі не було всебічно оцінене за допомогою методів ДНК-баркодингу.

Метою цієї роботи було ідентифікувати хлоропластні гаплотипи *I. parviflora* з території України та порівняти їх із гаплотипами з інших регіонів Європи та природного ареалу. Для дослідження було обрано міжгенний спейсер хлоропластної ДНК *rpl32-trnL(UAG)*, який характеризується високою мінливістю. Ділянки *rpl32-trnL(UAG)* були секвензовані для п'яти зразків з України та Польщі. До аналізу також використано 22 послідовності з бази даних GenBank, що представляють вторинний ареал (Велика Британія, Росія) та первинний ареал (Киргизстан, Таджикистан, Туркменістан).

Порівняльний аналіз послідовностей *rpl32-trnL(UAG)* показав поширення одного хлоропластного гаплотипу *I. parviflora* по всій території Європи, що свідчить про високу генетичну однорідність інвазійних популяцій. Водночас у природному ареалі було виявлено додатковий гаплотип зі значною відмінністю у послідовності. Отримані результати підтверджують гіпотезу про походження європейських популяцій *I. parviflora* з одного географічного регіону.

Філогенетичний аналіз також засвідчив тісну спорідненість *I. parviflora* з іншим інвазійним видом - *I. glandulifera*, що дозволяє висунути припущення про можливу міжвидову гібридизацію цих видів у вторинному ареалі.

**Ключові слова:** біологічне різноманіття, інвазійні види, генетичний баркодинг, хпДНК

**Вступ.** Рід *Impatiens* L. є одним із найбільших у родині бальзамінових (Balsaminaceae) та налічує понад 1100 видів трав'янистих рослин (POWO, 2025; WFO, 2025). Багато його представників використовуються як декоративні або лікарські рослини (Uchneat, 2006; Pires et al., 2021). Основний ареал роду охоплює тропічні та субтропічні регіони Азії й Африки. Єдиним видом *Impatiens*, природний ареал якого повністю пов'язаний з Європою, є *I. noli-tangere* L. Водночас на Європейському континенті поширені кілька інвазійних видів роду, зокрема *I. balsamina* L., *I. glandulifera* Royle та *I. parviflora* DC. (POWO, 2025). Останній вважається одним із найуспішніших інвазійних видів Центральної Європи (Weiss, 2021), не дивлячись на відносно низьку насінневу продуктивність та темпи росту (Myśliwy et al., 2025).

У межах вторинного ареалу *I. parviflora* зазвичай поводить себе як рудеральний бур'ян, проте, на відміну від більшості інвазійних рослин, здатний ефективно поширюватися у стабільних, багатих видами фітоценозах (Vallé et al., 2025). Особливо успішною є його інвазія в лісові екосистеми (Renčo et al., 2024), де *I. parviflora*, ймовірно, може конкурувати з аборигенним для Європи *I. noli-tangere* (Dostál et al., 2012).

Початок інвазії *I. parviflora* в Європі пов'язують із «втечею» рослин із ботанічних садів Женеви та Дрездена у 30-х роках XIX століття (Galera and Sudnik-Wójcikowska, 2010; Weiss, 2021). Надалі осередками поширення виду ставали ботанічні сади інших міст Центральної Європи, зокрема Берліна, Праги, Відня та Тарту (Coombe, 1956; Weiss, 2021). Припускається, що інтродукційний матеріал мав спільне походження та був завезений з одного регіону — високогірних районів

Центральної Азії (Vervoort et al., 2011). Як наслідок, європейські популяції *I. parviflora* характеризуються високою морфологічною однорідністю порівняно зі значним поліморфізмом виду в межах природного ареалу (Galera and Sudnik-Wójcikowska, 2010).

В Україні *I. parviflora* є одним із найпоширеніших інвазійних видів (Koniakin et al., 2024) і в окремих випадках утворює змішані популяції разом з аборигенним *I. nolitangere* (Давидов, 2023). На території України також зафіксована присутність потенційного партнера по міжвидовій гібридизації — *I. balfourii* Hook. f. (Орлов та ін., 2014). Молекулярно-генетичні дослідження українських популяцій *I. parviflora* дотепер проводилися виключно з використанням ISSR-маркерів (Tynkevich et al., 2024). Попри високу роздільну здатність цього підходу, він не забезпечує можливості однозначного порівняння результатів, отриманих у різних лабораторіях. У зв'язку з цим для реконструкції філогеографічної історії інвазії доцільним є застосування методів генетичного баркодингу, заснованих на сиквенуванні варіабельних ділянок геному.

Хлоропластна ДНК широко використовується для генетичного баркодингу завдяки відносній простоті ампліфікації та сиквенування, а також можливості зіставлення отриманих даних із раніше опублікованими послідовностями, депонованими в базі даних GenBank (Li et al., 2015; Tynkevich et al., 2022). Міжгенний спейсер *rpl32-trnL(UAG)*, який характеризується високим рівнем поліморфної інформативності серед хлоропластних баркодів

покритонасінних рослин (Shaw et al., 2007), уже успішно застосовувався для оцінки генетичного різноманіття інших інвазійних видів, зокрема *I. glandulifera* (Kurose et al., 2020; Tynkevich et al., 2025c) та представників роду *Reynoutria* (Tynkevich et al., 2025b). З огляду на це, метою даного дослідження була ідентифікація хлоропластних гаплотипів інвазійного виду *I. parviflora* з території України та їх порівняння з гаплотипами з інших регіонів Європи й первинного ареалу виду в Центральній Азії.

**Матеріали та методи.** Індивідуальні зразки рослин *I. parviflora* були зібрані авторами статті та ентузіастами-природознавцями на території чотирьох областей України, а також у Польщі протягом 2024 року (табл. 1). Виділення геномної ДНК з гербарних зразків здійснювали цетавлоновим методом (Porebski et al., 1997).

Ділянку *rpl32-trnL(UAG)* хпДНК ампліфікували із застосуванням праймерів (табл. 2), комплементарних до фланкуючих фрагментів кодувальних ділянок відповідних генів (Shaw et al., 2007). Для проведення ПЛР змішували наступні компоненти: 15 нг ДНК, 6 мкл 5× полімеразної суміші FIREPol Master Mix (Solis BioDyne) та 15 пікомоль кожного з двох обраних праймерів в загальному об'ємі 30 мкл. Результати ампліфікації перевіряли за допомогою електрофорезу у 1,5% агарозному гелі. Отримані продукти ПЛР очищали екстракцією хлороформом та сиквенували на фірмі LGC Genomics (Німеччина) із застосуванням праймерів, використаних для ампліфікації.

Таблиця 1.

Географічне походження зразків *Impatiens parviflora*  
Geographical origin of *Impatiens parviflora* plant accessions

Table 1.

Зразок Accession	Походження зразку / Accession origin
ImPar29	м. Львів, Львівська обл., Україна / Lviv, Lviv Oblast, Ukraine
ImPar31	м. Краків, Малопольське воєводство, Польща / Kraków, Lesser Poland Voivodeship, Poland
ImPar38	с. Солочин, Закарпатська обл., Україна / Solochyn, Zakarpattia Oblast, Ukraine
ImPar39	с. Берегомет, Чернівецька обл., Україна / Berehomet, Chernivtsi Oblast, Ukraine
ImPar41	с. Київ, Україна / Kyiv, Ukraine

Перевірка якості, анотування та розрахунок рівня подібності послідовностей проводилися з використанням програмного забезпечення Geneious Prime 2026.0. Послідовності *rpl32-trnL(UAG)* вирівнювали в програмі MAFFT методом G-INS-i (Katoh & Standley, 2013). Кількість варіабельних та парсимоній-інформативних сайтів визначали в програмі

MEGA11 (Tamura et al., 2021). Середня попарна подібність між послідовностями була розрахована з використанням програми Geneious Prime 2026.0. Щоб включити інформацію про індели у філогенетичний аналіз, використали метод кодування інделів як дискретних ознак (Simmons and Ochoterena, 2000). Кодування проводили за допомогою

інструменту FastGap 1.2 (Borchsenius, 2009). Філогенетичний аналіз проводили методом

maximum likelihood за допомогою програми iqtree (Minh et al., 2020).

Таблиця 2.

Характеристики праймерів, використаних для ампліфікації ділянки *rpl32-trnL(UAG)*.

Table 2.

Characteristics of primers used for the amplification of *rpl32-trnL(UAG)* region

Назва праймера / Primer name	Орієнтація праймера / Primer orientation	Нуклеотидна послідовність / Nucleotide sequence	Температура гібридизації / Annealing temperature
rpl32-F	Пряма / Forward	5'-cagttccaaaaaacgtactt-3'	57 °C
trnL(UAG)	Зворотна / Reverse	5'-ctgcttctaagagcagcgt-3'	

**Результати та їх обговорення.** Ділянку хлоропластного геному *rpl32-trnL(UAG)* сиквенували для п'яти зразків рослин *I. parviflora*, які представляють Центральну та Західну Україну, а також Східну Польщу. Крім того, для аналізу було залучено наявні в базі даних GenBank послідовності *rpl32-trnL(UAG)* двох зразків з Великої Британії (OZ218225, LC379796), дев'яти зразків з території росії

(OR799660-68), а також 11 зразків з первинного ареалу: Киргизстану (OR799649-53), Таджикистану (OR799654, OR799656-59) і Туркменістану (OR799655).

Загальна довжина вирівнювання всіх послідовностей *rpl32-trnL(UAG)* складає 709 нп (рис. 1), а рівень середньої попарної подібності становить 97,1%.

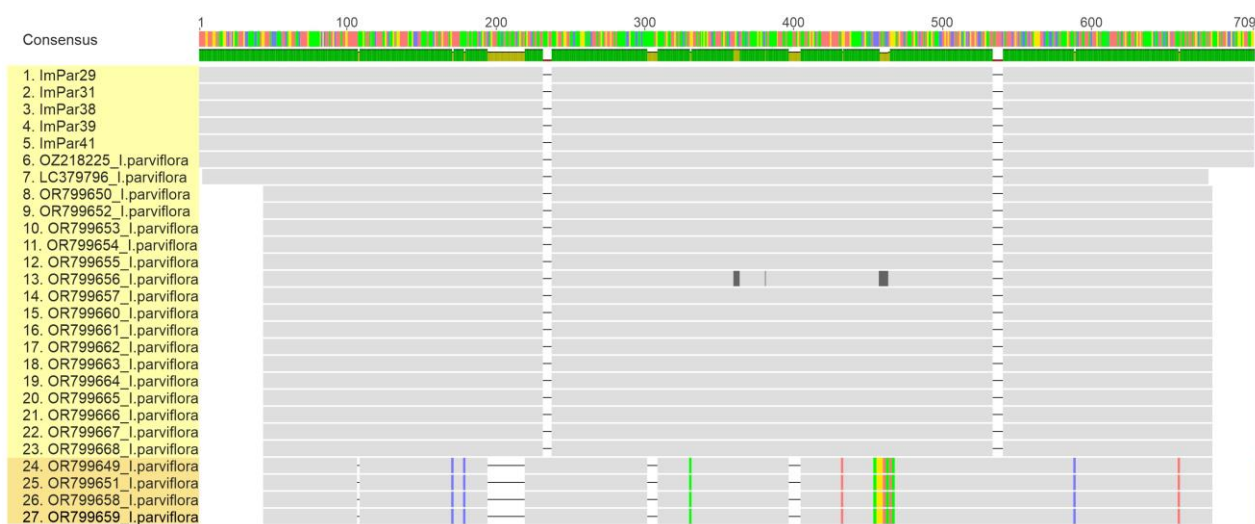


Рис. 1. Вирівнювання нуклеотидних послідовностей ділянки хпДНК *rpl32-trnL(UAG)* зразків *Impatiens parviflora*. Жовтим та помаранчевим кольорами позначено два ідентифіковані гаплотипи

Fig. 1. Sequence alignments of the cpDNA region *rpl32-trnL(UAG)* in *Impatiens parviflora* accessions. Two identified haplotypes are shown in yellow and orange

Вирівнювання послідовностей містить шість інделів, одну семинуклеотидну інверсію та шість нуклеотидних замін, серед яких 2 транзиції і 4 трансверсії. Переважання трансверсій раніше було показано у ділянці *rpl32-trnL(UAG)* іншого виду *Impatiens* – *I. glandulifera* (Tunkevich et al., 2025c), а також рослин роду *Reynoutria* (Tunkevich et al., 2025b).

Всі перераховані вище мутації відрізняють між собою два гаплотипи. Перший гаплотип наявний у всіх зразків *I. parviflora* з вторинної частини ареалу та семи зразків з первинного

ареалу. Другий гаплотип виявлений лише у чотирьох зразків з первинного ареалу, а саме: Киргизстану (OR799649, OR799651) і Таджикистану (OR799658-59). Таким чином, по всій території Європи розповсюджений єдиний гаплотип хпДНК *I. parviflora*, який походить з Центральної Азії. Такий результат узгоджується із раніше отриманими даними про низьке генетичне різноманіття цієї рослини у вторинному ареалі (Tunkevich et al., 2024).

Два виявлені гаплотипи *rpl32-trnL(UAG)* *I. parviflora* відрізняє загалом 13 мутацій, що є

достатньо високим значенням для цієї ділянки хлоропластного геному. Така велика різниця характерна, як правило, для хпДНК різних видів. Так, наприклад, два види роду *Reynoutria*, *R. japonica* і *R. sachalinensis*, відрізняє між собою лише п'ять мутацій в цій ділянці (Тункевич et al., 2025b). Одним з пояснень цього може бути захоплення *I. parviflora* хлоропластного геному, який представлений одним із цих гаплотипів, від близькоспорідненого виду при гібридизації із ним. Для того, щоб перевірити це припущення ми провели філогенетичний аналіз із залученням всіх наявних в базі даних GenBank

послідовностей ділянки *rpl32-trnL(UAG)* видів роду *Impatiens*.

Отримане вирівнювання включає 148 послідовностей і має довжину 957 нп. Середня попарна подібність послідовностей *rpl32-trnL(UAG)* становить 85,8%. Серед ідентифікованих 337 варіабельних позицій 239 є парсимоній-інформативними.

На обрахованому на основі вирівнювання maximum likelihood філогенетичному дереві з високою статистичною підтримкою відокремлюється клада секції *Racemosae*, яка, проте, включає одну послідовність вида з іншої секції – *I. clavigera* (рис. 2).

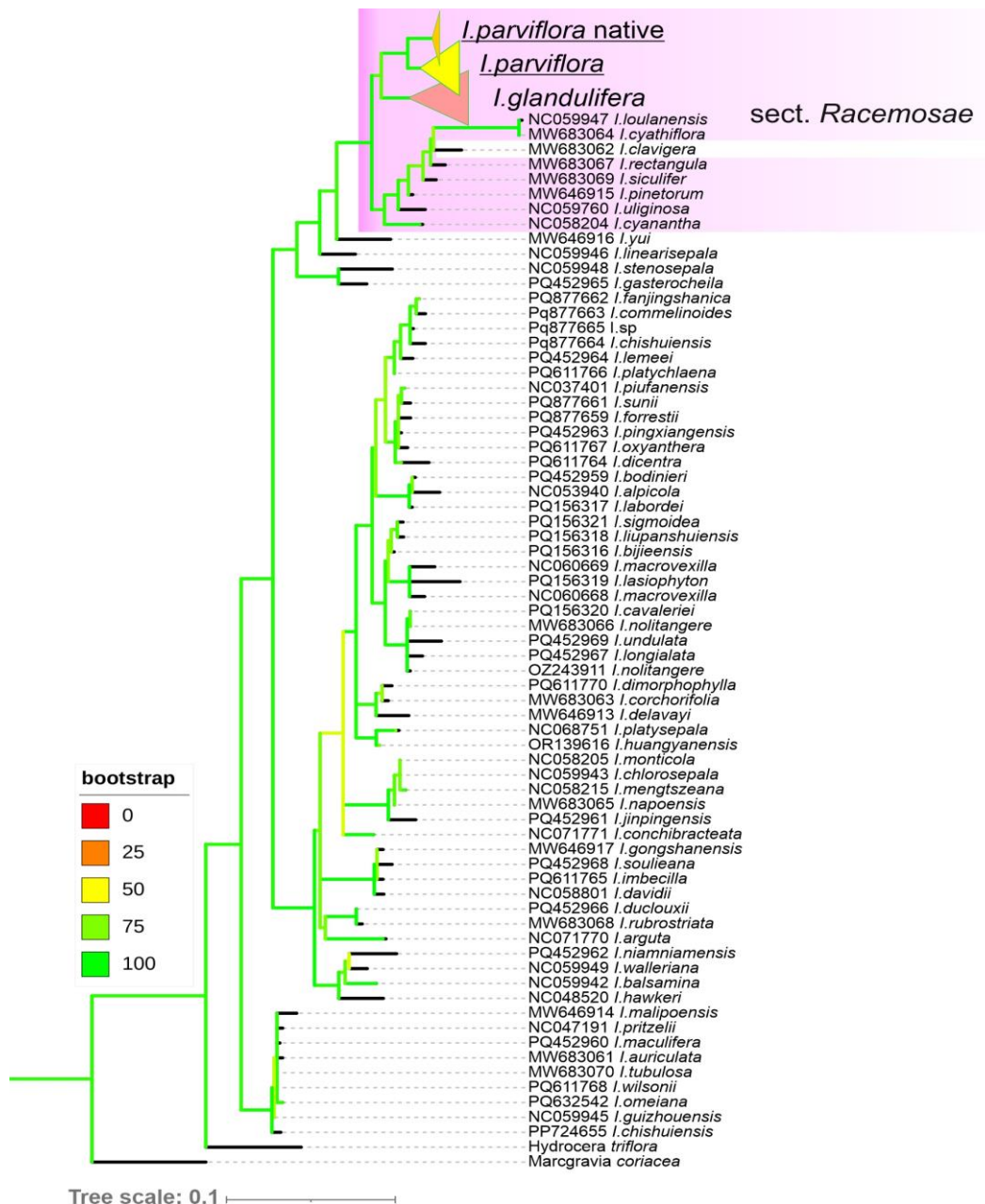


Рис. 2. Maximum Likelihood філогенетична дендрограма, побудована на основі послідовностей *rpl32-trnL(UAG)* роду *Impatiens*. Представники секції *Racemosae* виділені рожевим кольором.

Fig. 2. Maximum Likelihood phylogenetic dendrogram based on the *rpl32-trnL(UAG)* sequences of the genus *Impatiens*. Section *Racemosae* members are highlighted in pink.

В межах класу *Racemosae* найбільш близьким видом до *I. parviflora* виявився *I. glandulifera*. Дистанція між цими видами виявилась більшою, ніж дистанція між двома ідентифікованими нами гаплотипами *rpl32-trnL(UAG)* *I. parviflora*. Такий результат не підтверджує висунуту нами раніше гіпотезу захоплення хлоропластного геному при гібридизації. Проте, в GenBank не виявилось послідовностей *rpl32-trnL(UAG)* найбільш споріднених до *I. parviflora* видів, таких як *I. bicolor*, *I. scullyi* і *I. brachycentra* (Хуе et al., 2025), які можуть бути потенційними донорами дивергованого хлоропластного геному.

Показана нами висока спорідненість між двома найбільш розповсюдженими інвазійними видами роду *Impatiens*, *I. parviflora* і *I. glandulifera*, ставить питання про можливість гібридизації між ними в межах вторинного ареалу. Для виявлення таких потенційних гібридних форм в подальшому перспективним є проведення баркодингу з використанням високомінливих ділянок ядерного геному.

#### Список літератури / References:

1. Borchsenius, F., FastGap 1.2, (2009). Department of Biosciences, Aarhus University, Denmark, Published online at [http://www.aubot.dk/FastGap\\_home.htm](http://www.aubot.dk/FastGap_home.htm).
2. Coombe, D. E. (1956). *Impatiens parviflora* DC. *Journal of Ecology*, 44(2), 701-713. <https://doi.org/10.2307/2256857>
3. Davydov D. A. (2023). *Impatiens noli-tangere-parviflorae* ass. Nova - a new syntaxon of the ruderal vegetation from the Left-Bank Forest-Steppe zone of Ukraine. *Naturalist Almanac (Biological Sciences)*, (34), 5-13. <https://doi.org/10.32999/ksu2524-0838/2023-34-1>
4. Dostál, P., Weiser, M., & Koubek, T. (2012). Native jewelweed, but not other native species, displays post-invasion trait divergence. *Oikos*, 121(11), 1849-1859. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2011.20333.x>
5. Galera, H., & Sudnik-Wojcikowska, B. (2010). Central European botanic gardens as centres of dispersal of alien plants. *Acta Societatis Botanicorum Poloniae*, 79(2), 147-156. <https://doi.org/10.5586/asbp.2010.020>
6. Katoh, K., & Standley, D. M. (2013). MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular biology and evolution*, 30(4), 772-780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
7. Koniakin, S. M., Burda, R. I., & Budzhak, V. V. (2024). Spatial ratios of native and alien species of vascular plants in forests in the southwest of Kyiv and the adjacent areas. *Ukrainian Botanical Journal*, 81(5), 322-334. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj81.05.322>

**Висновки.** Аналіз ділянки *rpl32-trnL(UAG)* хпДНК показує поширення в Європі єдиного гаплотипу хпДНК *I. parviflora*. У первинному ареалі в Центральній Азії виявлені два гаплотипи із значною відмінністю у послідовності *rpl32-trnL(UAG)*. Два найбільш розповсюджених інвазійних види роду *Impatiens*, *I. parviflora* та *I. glandulifera*, виявили високу спорідненість за результатами філогенетичного аналізу ділянки *rpl32-trnL(UAG)*.

**Конфлікт інтересів:** Автори заявляють, що дослідження проводилося за відсутності будь-яких комерційних або фінансових відносин, які можна було б витлумачити як потенційний конфлікт інтересів.

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

**Подяки:** автори виражають подяку Олені Козак і Олені та Анні Тинкевич за наданий рослинний матеріал.

8. Kurose, D., Pollard, K. M., & Ellison, C. A. (2020). Chloroplast DNA analysis of the invasive weed, Himalayan balsam (*Impatiens glandulifera*), in the British Isles. *Scientific Reports*, 10(1), 10966. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67871-0>
9. Li, X., Yang, Y., Henry, R. J., Rossetto, M., Wang, Y., & Chen, S. (2015). Plant DNA barcoding: from gene to genome. *Biological Reviews*, 90(1), 157-166. <https://doi.org/10.1111/brv.12104>
10. Minh, B. Q., Schmidt, H. A., Chernomor, O., Schrempf, D., Woodhams, M. D., Von Haeseler, A., & Lanfear, R. (2020). IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular biology and evolution*, 37(5), 1530-1534. <https://doi.org/10.1101/849372>
11. Myśliwy, M., Bosiacka, B., Bosiacki, M., Kupnicka, P., Chlubek, D., & Rewicz, A. (2025). Could alien *Impatiens capensis* invade habitats of native *I. noli-tangere* in Europe?—Contrasting effects of microhabitat conditions on species growth and reproduction. *NeoBiota*, 99, 171-200. <https://doi.org/10.3897/neobiota.99.142196>
12. Orlov, O. O., Shevera, M. V., & Bronskov, O. I. (2014). *Impatiens balfourii* (Balsaminaceae), a new alien species of the Ukrainian flora. *Ukrainian Botanical Journal*, 71(1), 45-49. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj71.01.045>
13. Pires Jr, E. O., Caleja, C., Garcia, C. C., Ferreira, I. C., & Barros, L. (2021). Current status of genus *Impatiens*: Bioactive compounds and natural pigments with health benefits. *Trends in Food Science & Technology*, 117, 106-124. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2021.01.074>
14. Porebski, S., Bailey, L. G., & Baum, B. R. (1997). Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and

- polyphenol components. *Plant molecular biology reporter*, 15, 8-15. <https://doi.org/10.1007/BF02772108>
15. POWO. "Plants of the World Online. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew. Published on the Internet; [http://www.plantsoftheworldonline.org/Retrieved 25 November 2025](http://www.plantsoftheworldonline.org/Retrieved25November2025).
  16. Renčo, M., Jurová, J., & Čerevková, A. (2024). Invasiveness of *Impatiens parviflora* in Carpathian beech forests: Insights from soil nematode communities. *Diversity*, 16(7), 393. <https://doi.org/10.3390/d16070393>
  17. Shaw, J., Lickey, E. B., Schilling, E. E., & Small, R. L. (2007). 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*, 94(3), 275-288. <https://doi.org/10.3732/ajb.94.3.275>
  18. Simmons, M. P., & Ochoterena, H. (2000). Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Systematic biology*, 49(2), 369-381. <https://doi.org/10.1093/sysbio/49.2.369>
  19. Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
  20. Tynkevich, Y. O., Cherkazianova, A. S., Chorney, I. I., Panchuk, I. I., & Volkov, R. A. (2025b). Genetic polymorphism of invasive species of Knotweed (*Reynoutria*) assessed by the *matK* and *rpl32-trnL* (UAG) regions of chloroplast DNA. *Cytology and Genetics*, 59(3), 259-269. <https://doi.org/10.3103/S0095452725030089>
  21. Tynkevich, Y. O., Derevenko, T. O., & Chorney, I. I. (2022). Phylogenetic relationships of Ukrainian accessions of *Lathyrus venetus* (Mill.) Wohlf. and *L. vernus* (L.) Bernh. based on the analysis of the *psbA-trnH* region of the chloroplast genome. *Scientific Herald of Chernivtsi University. Biology (Biological Systems)*, 14(1), 135-140. <https://doi.org/10.31861/biosystems2022.01.039>
  22. Tynkevich, Y. O., Hrek, T. S., Olshanskyi, I. G., Panchuk, I. I., & Volkov, R. A. (2024). Genetic polymorphism of the invasive species *Impatiens parviflora* DC. in Ukraine. *Visnik ukrains'kogo tovaristva genetikiv i selekcioneriv*, 22(1-2), 10-17. <https://doi.org/10.7124/visnyk.utgis.22.1-2.1684>
  23. Tynkevich, Y. O., Roshka, N. M., Panchuk, I. I., & Volkov, R. A. (2025c). Distribution of two chloroplast haplotypes of the invasive weed himalayan balsam (*Impatiens glandulifera*) in Ukraine and other European countries. *Cytology and Genetics*, 59(5), 465-475. <https://doi.org/10.3103/S009545272505010X>
  24. Uchneat, M. (2006). *Impatiens*. *Flower breeding and genetics*, 277-299. [https://doi.org/10.1007/978-1-4020-4428-1\\_10](https://doi.org/10.1007/978-1-4020-4428-1_10)
  25. Vallé, C., Zellweger, F., Chan, A. H., Li, W., Mapelli, J., & Coomes, D. A. (2025). Heterogeneous effects of drought, land-use history and local site factors on woodland herb-layer diversity. *Journal of Vegetation Science*, 36(6), e70079. <https://doi.org/10.1111/jvs.70079>
  26. Vervoort, A., Cawoy, V., & Jacquemart, A. L. (2011). Comparative reproductive biology in co-occurring invasive and native *Impatiens* species. *International Journal of Plant Sciences*, 172(3), 366-377. <https://doi.org/10.1086/658152>
  27. Weiss, V. (2021). The triumphant advance of the small-flowered touch-me-not *Impatiens parviflora* in Central Europe 1830–2021. *Preprint*, 1-7.
  28. WFO World Flora Online, 2024, Available from: <http://www.worldfloraonline.org/> (accessed 25 November 2025)
  29. Xue, T., Yu, J., Gadagkar, S. R., Qin, F., Zhang, X., An, M., & Yu, S. (2025). Phylogeny and biogeography of *Impatiens* sect. *Racemosae* (Balsaminaceae) based on nrDNA and plastome sequences, emphasizing diversification in the Himalaya and the Hengduan Mountains. *Taxon*. <https://doi.org/10.1002/tax.13352>

## THE INVASIVE SPECIES IMPATIENS PARVIFLORA IS REPRESENTED BY A SINGLE HAPLOTYPE OF THE CHLOROPLAST GENOME REGION RPL32-TRNL(UAG) WITHIN THE SECONDARY RANGE

**Tynkevich Y.O., Shyshkina K.D., Karavan V.V., Volkov R.A.**

Yuri Fedkovych Chernivtsi National University,  
2 Kotsyubynskoho Street, Chernivtsi, 58012  
e-mail: [r.volkov@chnu.edu.ua](mailto:r.volkov@chnu.edu.ua)

*Impatiens parviflora* DC. is among the most successful invasive plant species in Central Europe, demonstrating a high capacity for spread in forest ecosystems, where it effectively competes with the native *I. noli-tangere*. The invasion of this species into Europe began in the 1830s, following its introduction from the highlands of Central Asia into the botanical gardens of Geneva and Dresden. The introduced material is believed to have originated from a single source population. Although populations within the secondary range exhibit pronounced , their genetic diversity has not yet been comprehensively assessed using DNA barcoding approaches.

The aim of this study was to identify chloroplast haplotypes of *I. parviflora* from Ukraine and to compare them with haplotypes from other parts of Europe and from the native range. For this purpose, the chloroplast intergenic spacer *rpl32–trnL(UAG)*, known for its high level of polymorphism, was selected as a molecular marker. The *rpl32–trnL(UAG)* region was sequenced for five accessions from Ukraine and Poland, and an additional 22 sequences retrieved from GenBank were included, representing accessions from the secondary range (Great Britain, russia) and the primary range (Kyrgyzstan, Tajikistan, Turkmenistan).

Comparative analysis of the *rpl32–trnL(UAG)* sequences revealed the widespread occurrence of a single chloroplast DNA haplotype of *I. parviflora* across Europe, indicating a pronounced genetic uniformity within the secondary range. In contrast, an additional haplotype exhibiting substantial sequence divergence was detected exclusively within the native range. These results support the hypothesis that European populations of *I. parviflora* originated from a single geographical source.

Furthermore, phylogenetic analysis demonstrated a close genetic relationship between *I. parviflora* and another invasive species, *I. glandulifera*. This finding raises the possibility of interspecific hybridization between these species within the secondary range.

*Key words: biodiversity, invasive species, genetic barcoding, cpDNA.*

*Отримано редколегією 19.11.2025 р.*

#### **ORCID ID**

Юрій Тинкевич: <https://orcid.org/0000-0002-0222-8098>

Катерина Шишкіна: <https://orcid.org/0009-0002-2576-1757>

Володимир Караван: <https://orcid.org/0000-0002-5982-7024>

Роман Волков: <https://orcid.org/0000-0003-0673-2598>