

Balzamininių (*Balsaminaceae*) šeimos augalų molekulinis tyrimų apžvalga

Kristė Stravinskaitė, Lina Jocienė, Eugenija Kupčinskienė

Vytauto Didžiojo universitetas

Tyrimo tikslas yra apžvelgti balzamininių šeimos augalų molekulinis tyrimus. Šiuolaikiniais molekulinės genetikos metodais nustatyti filogenetiniai ryšiai tarp *Balsaminaceae*, *Tetrameristaceae* ir *Marcgraviaceae* šeimų, kurios apjungiamos į *Ericales* eilę. Pagal ImpDEF1 ir ImpDEF2 bei chloroplastų atpB-rbcL regionų sekas Europos invazinės rūšys *Impatiens glandulifera* ir *I. parviflora* yra viename klasteryje. Greta sistematinio pobūdžio darbų atliekami *Impatiens* rūšių populiaciniai tyrimai. Daugiausiai dėmesio susilaukė Europos invazinė rūšis – *I. glandulifera*, ypač išsamiai ji analizuota naudojant mikrosatelitų žymenis. Šie tyrimai atskleidė, kad *I. glandulifera* į Europą buvo introdukuota kelis kartus ir plito įvairiais būdais: natūraliai, sąmoningai ir nesąmoningai pernešant žmonių. Vyrauja Vakarų Europos invazinių populiacijų tyrimai. Daugumoje atvejų analizuojama tik viena *Impatiens* rūšis vienos šalies, šalies srities lygmenyje. Kai kuriais metodais – pagal paprastųjų kartotinių sekų, paprastųjų kartotinių sekų intarpų ir atsitiktinai pagausintos polimorfinės DNR žymenis, apžvelgtos Baltijos šalių populiacijos. Pagausintų fragmentų ilgio polimorfizmo metodu trūksta išsamesnių *I. parviflora* populiacijų tyrimų, kad būtų galima palyginti molekulinę įvairovę tarp invazinių ir natūralių arealų.

Balsaminaceae, *Impatiens*, genetinė įvairovė, polimorfizmas, populiacijos, invazija, svetimkraštės rūšys, apžvalga

Balzamininių (*Balsaminaceae*) augalų šeimą sudaro dvi gentys *Hydrocera* ir *Impatiens*, o jai priskiriama apie 1000 rūšių (Fischer, 2004). *Hydrocera* genčiai priskiriama tik viena rūšis – *Hydrocera triflora*, o *Impatiens* gentį sudaro apie 1000 rūšių (Janssens et al., 2006).

Balzamininių šeimai priklauso vieni iš gražiausių ir įvairiausių augalų, naudojamų medicinoje (Wang et al., 2009; Shahwar et al., 2010), bitininkystėje bei dekoratyvinėje sodininkystėje (*Impatiens walleriana*, *I. hawkeri*, *I. balsamina*, *I. auricoma*, *I. namchabarwensis*, *I. niamniamensis*, *I. sodenii*). Šiuo metu vienos invazyviausių Europos augalų rūšių – bitinė (*I. glandulifera*) ir smulkiažiedė (*I. parviflora*) sprigės buvo įvežtos iš Azijos į Europą kaip išvaizdūs dekoratyviniai augalai.

Kaip ir kitų dviskilčių eilių, taip ir *Ericales* eilės sistematika pastaruoju metu analizuojama, molekuliniais metodais. Pagal *Balsaminaceae* šeimos filogenetinius ryšius su kitomis šeimomis įrodyta, kad *Balsaminaceae* šeima priklauso *Ericales* eilei (Morton et al., 1997; Soltis et al., 2000; Albach et al., 2001; Bremer et al., 2002; Geuten et al., 2004), o ne *Geraniales* eilei kaip manyta anksčiau (Cronquist, 1981).

Molekuliniiais metodais klasifikuojant *Ericales* eilės šeimas, į vieną klasterį pateko *Balsaminaceae*, *Tetrameristaceae* ir *Marcgraviaceae* šeimos. *Balsaminaceae* sisteminė padėtis apibūdinama skirtingai. Pagal chloroplastų atpB, ndhF ir rbcL genų sekų (Anderberg, Zhang, 2002) ir branduolio 26s rDNA regiono sekas (Schönenberger et al. 2005) *Tetrameristaceae* bei *Balsaminaceae* sudaro bendrą grupę, o *Marcgraviaceae* šeima atsiskiria į kitą šaką, o pagal Bajeso metodą giminingiausios šiame klasteryje yra *Balsaminaceae* ir *Marcgraviaceae* šeimos (Geuten et al., 2004).

Vienas iš pirmųjų *Impatiens* genties filogenetinis tyrimas remiantis 25 *Impatiens* rūšių chloroplastų DNR rbcL ir trnLF regionų sekomis parodė, kad *Impatiens* rūšys susiskirsto į du klasterius: vieną iš jų sudaro visos Himalajų *Impatiens* rūšys, o kitą rūšys paplitusios įvairiose pasaulio šalyse (Fujihashi et al., 2002). *Impatiens* filogenetiniai tyrimai buvo tęsiami naudojant branduolio ribosominės DNR ITS (Yuan et al., 2004) ir chloroplastų atpB-rbcL regionų sekas (Janssens et al., 2006). Pagal chloroplastų atpB-rbcL bei branduolio ImpDEF1 ir ImpDEF2 regionų sekas, didžioji dalis šiuo metu

egzistuojančių *Impatiens* rūšių yra kilusios iš Azijos (Janssens et al., 2009). Naudojant molekulinis metodus nustatyta naujų *Impatiens* rūšių, tokių kaip *I. msisimwanensis*, *I. wilksiana*, *I. issembei* bei *I. nzabiana* sisteminė padėtis (Janssens et al., 2011). Pastaruoju metu remiantis trijų regionų (branduolio ribosomų ITS bei plastidžių atpB-rbcL ir trnL-F) sekoskaita ir morfologiniais žiedų, žiedadulkių požymiais, iširta 150 *Impatiens* rūšių iš visų filogenetinio *Balsaminaceae* medžio klasterių (Yu et al., 2015). *Impatiens* gentis padalinta į du pogenčius: *Clavicarpa* ir *Impatiens*, pastarasis toliau padalintas į septynias dalis.

Bajeso metodu analizuotos 59 rūšys pagal branduolio ImpDEF1 ir ImpDEF2 bei chloroplastų atpB-rbcL regionų sekas, susiskirsto į 15 klasterių (Janssens et al., 2007). *I. glandulifera* ir *I. parviflora* pagal giminingumą yra viename klasteryje. *I. parviflora* giminingiausia su *I. balfourii* rūšimi – jos sudaro seserinę grupę. *I. glandulifera* seserinę grupę sudaro su *I. chungtienensis*. ImpDEF1 ir ImpDEF2 regionuose 4 ir 5 intronų ilgis bazių poromis yra variabilūs ir juose aptinkama didesnė įvairovė nei chloroplastų atpB-rbcL regione. Vertinant šių genų regionų sekas kartu, filogenetiniai ryšiai nustatyti tiksliau. Analizuojant 62 *Impatiens* rūšių ImpDEF1 ir ImpDEF2 sekas, taip pat, nustatyta, kad *I. glandulifera* giminingiausia su *I. chungtienensis* (Janssens et al., 2008).

Tiriant 69 *Impatiens* rūšis pagal chloroplastų atpB-rbcL ir branduolio ImpDEF1 ir ImpDEF2 regionų sekų analizę nustatyta, kad *I. glandulifera* ir *I. parviflora* yra viename klasteryje, o *I. noli-tangere* – kitame (Lens et al., 2012). *I. parviflora* sudaro seserinę grupę su dar viena mažiau Europoje išplitusia invazine rūšimi – *I. balfourii*. Pagal intronų skaičių dif1 ir dif2 genuose (Volkmar et al., 2014) *I. glandulifera* ir *I. parviflora* yra giminingiausios. Jungtinė dif1 ir dif2 genų bei chloroplastų atpB-rbcL regiono analizė atskleidė, kad *I. glandulifera* ir *I. rectangular* yra giminingiausios, o *I. parviflora* sudaro atskirą klasterio šaką.

Greta sistematinio pobūdžio molekulinis darbų atliekami įvairių *Impatiens* rūšių populiaciniai tyrimai. Labai didelio dėmesio susilaukė kai kurių *Impatiens* rūšių invazyvumo Europoje, Šiaurės Amerikoje problema.

Daugiausiai sprigių genties genitinių tyrimų atlikta būtent su Europoje invazine rūšimi – bitine sprige (*I.*

glandulifera). Šios rūšies genetinės įvairovės analizė Europos mokslininkų įvertinta šiais molekuliniais metodais: paprastųjų kartotinių sekų (PKS; angl. *SSR*; Provan et al., 2007; Walker et al., 2009; Love et al., 2013; Nagy, Korpelainen, 2014; Hagenblad et al., 2015), atsitiktinai pagausintos polimorfinės DNR (APPD; angl. *RAPD*; Zybartaite et al., 2011; Kupcinskiene et al., 2015), paprastųjų kartotinių sekų intarpų (PKSI; angl. *ISSR*) metodais (Kupcinskiene et al., 2015) bei atliekant ITS regiono sekoskaitą (Nagy, Korpelainen, 2014).

Provan ir kt. (2007) sukūrė 8 šiai rūšiai specifinius branduolio PKS žymenys ir ištyrė bitinės sprigės populiacijas iš dviejų Airijos upių baseinų. Visuose PKS lokusuose autoriai nustatė polimorfinius fragmentus, nustatytas alelių skaičius svyravo nuo 2 iki 5. Stebimas heterozigotiškumas (H_O) svyravo nuo 0,0500 iki 0,7500, o tikėtinas heterozigotiškumas (H_E) svyravo 0,1449–0,7692 ribose. Nustatyta genetinė įvairovė buvo nedidelė, tačiau autorių sukurti žymenys pakankamai gerai atskleidžia polimorfizmo lygį ir leidžia nustatyti bitinės sprigės populiacijų genetinę įvairovę.

Anglijoje buvo sukurti trys rūšiai specifiniai žymenys ir taikant juos iširta bitinės sprigės genetinė įvairovė (Walker et al., 2009). Tyrimas atliktas su 13 šios rūšies populiacijų, kurios buvo surinktos trijų upių baseinuose Šiaurės Rytų Anglijoje. Palyginę rodiklių F_{ST} ir Q_{ST} reikšmes tarp populiacijų ir nustatė, kad egzistuoja patikimi genetiniai skirtumai tarp bitinės sprigės populiacijų upių baseinuose. Tyrimo metu nustatytas vidutinis alelių skaičius populiacijų lokusuose buvo 4,7, rodantis didelę pirminę įkūrėjo populiaciją.

Panaudojant 8 APPD žymenis buvo įvertinta 20 bitinės sprigės Lietuvos populiacijų genetinė įvairovė (Zybartaite et al., 2011). Polimorfizmas tarp Lietuvos bitinės sprigės populiacijų buvo 40–56 %. Genetiniai atstumai tarp populiacijų svyravo intervale 0,088–0,259. Reikšmingų korelacijų tarp genotipų atstumų ir geografinės populiacijų padėties nebuvo nustatyta. Atlikta APPD analizė atskleidė, kad bitinė sprigė Lietuvoje plito įvairiais būdais: natūraliai, sąmoningai ir nesąmoningai pernešant žmonių.

PKS metodu buvo iširta Didžiosios Britanijos dviejų upių baseinų 19 bitinės sprigės populiacijų (Love et al., 2013). Tyrimui buvo panaudoti jų pačių (Provan et al., 2007) ir kitų autorių (Walker et al., 2009) sukurti PKS žymenys. Nustatytas vidutinis tikėtinas heterozigotiškumas visuose lokusuose svyravo nuo 0,118 iki 0,408 Western Cleddau upės baseine ir nuo 0,194 iki 0,328 Tempo/Colebrooke upės baseine. Bajeso analizė atskleidė, kad Western Cleddau populiacijas galima suskirstyti į 4 genetines grupes, o Tempo/Colebrooke – į 3.

Natūraliai augančios (Indijos ir Pakistano) bei invazinės (Kanados, Suomijos ir Didžiosios Britanijos) bitinės sprigės populiacijos buvo įvertintos panaudojant 10 PKS žymenų bei ITS regiono sekoskaitą (Nagy, Korpelainen, 2014). Vidutinis alelių skaičius natūraliose populiacijose buvo 8,8, o invazinėse – 8,5. Didesnis vidutinis stebimas heterozigotiškumas buvo natūralių populiacijų (0,738) lyginant su invazinių populiacijų (0,477). Inbrydingo koeficientai buvo aukšti abiejose – natūraliose ir invazinėse populiacijose, svyravo ribose nuo 0,201 iki 0,726. Bitinės sprigės inbrydingo koeficientai buvo aukšti abiejų – natūralių ir invazinių regionų (0,201–

0,726) Bajeso metodu atlikta analizė parodė, kad vietinės populiacijos iš Indijos ir Pakistano sudarė bendrą klasterį, o invazinės Kanados ir Didžiosios Britanijos populiacijos buvo panašios. Viena iš keturių Suomijos populiacijų buvo panaši į Kanados ir Didžiosios Britanijos populiacijas, o kitų populiacijų genetinė įvairovė skyrėsi. ITS regiono sekoskaitos duomenimis Pakistano individų dvi polimorfinės DNR vietos nebuvo aptiktos Indijos individuose, bet rastos kai kuriuose Kanados, Suomijos ir Didžiosios Britanijos individuose.

Lyginant Lietuvos bitinės sprigės populiacijų įvairovę, kuri buvo įvertinta APPD metodu (Zybartaite et al., 2011) su PKS metodu nustatyta įvairovė (Hagenblad et al., 2015), didesnė bitinės sprigės genetinė (Europos ir Indijos populiacijos) įvairovė nustatyta pagal 9 PKS žymenis (Provan et al., 2007; Walker et al., 2009). Invazinių *I. glandulifera* populiacijų genetinė įvairovė buvo mažesnė nei vietinių šios rūšies populiacijų ir sąlyginai maža genetinė įvairovė yra galima, netgi jei augalas buvo introdukuotas kelis kartus. Padaryta išvada, kad fenotipinis plastiškumas gali palengvinti bitinės sprigės plitimą Europoje.

Genetinės įvairovės tyrimų su kita invazine Europoje rūšimi – smulkiažiede sprige (*I. parviflora*) atlikta ženkliai mažiau ir labai nedidelės apimties tiek populiacijų skaičiaus, tiek ir geografiniu požiūriu. Panaudojant 10 APPD žymenų buvo iširta 21 Lietuvos smulkiažiedės sprigės populiacija (Kupcinskiene et al., 2013). Visose *I. parviflora* populiacijose nustatyti polimorfiniai DNR fragmentai sudarė 21–27 %. Nustatyta, kad plintant svetimkraštėms rūšims gali atsirasti genetinės įvairovės pokyčiai.

Smulkiažiedei sprigei nėra sukurtų rūšiai specifinių DNR pradmenų, tačiau ankstesni Balzamininių šeimos sistematikos tyrimai (Yuan et al. 2004; Janssens et al., 2009), atskleidė, kad *I. parviflora* ir *I. glandulifera* yra labai giminingos rūšys. Smulkiažiedės sprigės populiacijų molekulinės įvairovės nustatymui (Kupcinskiene et al., 2013) pasirinkti bitinei sprigei skirti PKS žymenys (Provan et al., 2007). Dvidešimt vienos Lietuvos *I. parviflora* populiacijos genetinė įvairovė pagal 6 PKS žymenis buvo nedidelė: 315 iširtų individų buvo monomorfiniai ir homozigotiniai 4 lokusuose, o heterozigotiniai tik 1 lokuse. Pagal APPD analizę, polimorfinių DNR lokusų kiekis populiacijoje svyravo 7–39 % ribose, genetinė diferenciacija tarp populiacijų buvo 0,790. APPD analizė parodė, kad rūšis į Lietuvą įvežta keletą kartų. Šis smulkiažiedės sprigės tyrimas APPD ir PKS metodais atskleidė, kad invazijos procesas yra susijęs su genetinė struktūra.

Lenkijos dviejų smulkiažiedės sprigės populiacijų genetinė įvairovė buvo labai maža pagal pagausintų fragmentų ilgio polimorfizmo (AFLP) žymenis (Komosinska et al., 2006). Tik šeši procentai visų gautų DNR fragmentų buvo polimorfiniai, o genetinės įvairovės molekulinė analizė (AMOVA) ir principinių koordinacijų analizė (PCoA) neparodė patikimų skirtumų tarp populiacijų.

Trūksta išsamesnių smulkiažiedės sprigės genetinės įvairovės tyrimų AFLP metodu. Kitoms invazinėms rūšims, tokioms kaip *Hypochaeris radicata* (Ortiz et al., 2008), *Senecio inaequidens* (Lachmuth et al., 2010), *Ceratocarpus claviculata* (Voss et al., 2012) tirti šis metodas yra pačiai taikomas. Kaip jau buvo minėta, nėra sukurtų smulkiažiedei sprigei specifinių PKS žymenų.

Tokių žymenų sukūrimas leistų tiksliau įvertinti šios rūšies genetinę įvairovę.

Daugumoje *Impatiens* genties tyrimų analizuojama tik viena rūšis vienos šalies lygmenyje, tačiau yra tyrimų, kuriuose analizuojamos kelios šios genties rūšys įvairiose šalyse (Kupcinskiene et al., 2015) arba vienos rūšies kelių šalių populiacijos (Hatcher et al., 2004; Nagy, Korpelainen, 2014, Hagenblad et al., 2015).

Naudojant dviejų rūšių dominantinius žymenis (8 – APPD, ir 5 – PKSI) įvertinta 3 sprigių rūšių iš dviejų šalių genetinė įvairovė (Kupcinskiene et al., 2015). Buvo iširtos natūraliai augančios – paprastosios sprigės (*I. noli-tangere*) bei dviejų invazinių rūšių – smulkiažiedės sprigės (*I. parviflora*), bitinės sprigės (*I. glandulifera*) populiacijos: kievienos rūšies po 8 populiacijas (po 4 Lietuvos ir po 4 Čekijos), iš viso analizuoti 355 individai. Nepriklausomai nuo šalies ar augimo vietos, rūšies lygmenyje didžiausias polimorfizmas pagal APPD žymenis nustatytas bitinės sprigės populiacijų (35,2 %), pagal PKSI žymenis – paprastosios sprigės populiacijų (48 %). Populiacijų ir individų dendrogramose kievienos rūšies populiacijos sudarė atskirus lietuviškus ir čekiškus klasterius. Didžiausia genetinė įvairovė tarp šalių, pagal PKSI žymenis, buvo *I. parviflora* (49,7 %), šiek tiek mažesnė *I. glandulifera* (45,6 %), o mažiausia *I. noli-tangere* (7,3 %) populiacijose. Abiejų žymenų duomenimis, kiekvienai sprigių rūšiai nustatyta reikšminga koreliacija tarp populiacijų geografinių ir genetinių atstumų. Tyrimas atskleidė, kad PKSI žymenis buvo vertingesnis už APPD žymenis, atskiriant natūraliai augančias ir invazines sprigių rūšis.

Kitų *Impatiens* genties rūšių tyrimų molekuliniais metodais yra daug mažiau nei invazinių rūšių tyrimų. Natūraliai Europoje augančios paprastosios sprigės (*I. noli-tangere*) dviejų Didžiosios Britanijos ir vienos Šveicarijos populiacijų genetinė įvairovė buvo įvertinta naudojant AFLP ir PKSI žymenis (Hatcher et al., 2004). Didžiosios Britanijos populiacijos atsiskyrė pagal pricipinių koordinacių analizę (PCoA) ir dendrogramoje (UPGMA). Nustatytas nedidelis genų srautas tarp populiacijų.

Kinijai būdingai rūšiai *I. lateristachys* buvo sukurta 13 specifinių PKS žymenų. Priešingai nesėkmingam bitinei sprigei specifinių DNR žymenų taikymui smulkiažiedei sprigei, *I. lateristachys* pradmenys buvo sėkmingai pritaikyti keturioms kitoms *Impatiens* rūšims: *I. oxyanthera*, *I. faberi*, *I. imbecilla* ir *I. rostellata* (Li et al., 2008). Nustatytas *I. lateristachys* vidutinis alelių skaičius buvo 3,1, svyravo nuo 2 iki 6. Stebimas heterozigotiškumas (H_0) svyravo nuo 0,15 iki 0,55, o tikėtinas heterozigotiškumas (H_E) svyravo 0,21–0,70 ribose.

Išvados

1. Remiantis molekuline filogenetine klasifikacija *Balsaminaceae*, *Tetrameristaceae* ir *Marcgraviaceae* šeimos sudaro atskirą klasterį, kuris sudaro seserinę grupę likusiomis *Ericales* šeimoms.

2. Pagal ImpDEF1 ir ImpDEF2 bei chloroplastų atpB-rbcL regionų sekas *I. glandulifera* ir *I. parviflora* yra viename klasteryje. *I. parviflora* giminingiausia su *I. balfourii* rūšimi, jos sudaro seserinę grupę. *I. glandulifera* seserinę grupę sudaro su *I. chungtienensis*. Pagal intronų

skaičių dif1 ir dif2 genuose *I. glandulifera* ir *I. parviflora* yra giminingiausios, tačiau pagal bendrą dif1 ir dif2 genų bei chloroplastų atpB-rbcL regiono analizę *I. glandulifera* ir *I. rectangular* yra giminingiausios, o *I. parviflora* sudaro atskirą klasterio šaką.

3. PKSI, APPD metodais nustatyta genetinė įvairovė didesnė buvo invazinių Europos rūšių (*I. glandulifera*, *I. parviflora*) lyginat su natūraliai augančia rūšimi (*I. noli-tangere*).

4. Dažniausiai analizuojamos tik vienos rūšies populiacijos vienos šalies lygmenyje, pasigendama invazinių Europoje *Impatiens* rūšių natūralaus arealo platesnės populiacijų analizės. Metodų ir tyrimo geografijos atžvilgiu tarp *Impatiens* genties rūšių plačiausiai išnagrinėta *I. glandulifera*. Trūksta išsamesnių invazinių *I. parviflora* rūšies tyrimų.

5. AFLP metodu trūksta išsamesnių populiacijų tyrimų, kad būtų galima palyginti molekulinę įvairovę invaziniuose ir gamtiniuose arealuose.

6. Pagal genetinę įvairovę Europos invazinės *Impatiens* rūšys į šį žemyną buvo introdukuotos kelis kartus ir plito įvairiais būdais: natūraliai, sąmoningai ir nesąmoningai pernešant žmonių.

7. Lyginant invazinių Europos rūšių *Heracleum*, *Senecio* ir *Impatiens* populiacijų tyrimus, *Impatiens* svetimkraštės rūšys yra mažiau iširtos.

Padėka

Darbas atliktas vykdant LMT finansuojamus projektus VP1-3.1-ŠMM-01-V-02-003; LEK-07/2012; SIT-02/2015.

Literatūra

- ALBACH D. C., SOLTIS P. S., SOLTIS D. E. et al. Phylogenetic analysis of asterids based on sequences of four genes. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 2001, 88: 163–212.
- ANDERBERG A. A., ZHANG X.-P. Phylogenetic relationships of Cyrillaceae and Clethraceae (Ericales) with special emphasis on the genus *Purdiaea* Planch. *Organisms Diversity & Evolution*, 2002, 2: 127–137.
- BREMER B., BREMER K., HEIDARI N. et al. Phylogenetics of asterids based on 3 coding and 3 non-coding chloroplast DNA markers and the utility of non-coding DNA at higher taxonomic levels. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2002, 24: 274–301.
- CRONQUIST A. 1981. *An Integrated System of Classification of Flowering Plants*. Columbia University Press, New York.
- FISCHER, E. Balsaminaceae. In Kubitzki K. [ed.], *The families and genera of vascular plants*, vol. 6, Flowering plants: Dicotyledons. Celastrales, Oxalidales, Rosales, Cornales, Ericales, Springer, 2004, Berlin, Germany, 20–25.
- FUJIHASHI, H., S. AKIYAMA, and H. OHBA. Origin and relationships of the Sino-Himalayan *Impatiens* (Balsaminaceae) based on molecular phylogenetic analysis, chromosome numbers and gross morphology. *Journal of Japanese Botany*, 2002, 77: 284–295.
- GEUTEN K., SMETS E., SCHOLS P. et al. Conflicting phylogenies of balsaminoid families and the polytomy in Ericales: combining data in a Bayesian framework. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2004, 31: 711–729.
- HAGENBLAD J., HÜLSKÖTTER J., ACARYAL K. P. et al. Low genetic diversity despite multiple introductions of the invasive plant species *Impatiens glandulifera* in Europe. *BMC Genetics*, 2015, 16:103.
- HATCHER P.E., WILKINSON M.J., ALBANI M.C. et al. Conserving marginal populations of the food plant (*Impatiens noli-tangere*) of an endangered moth (*Eustroma reticulatum*) in a changing climate. *Biological Conservation*, 2004, 116, 305–317.
- YU S.-X., JANSSENS S. B., ZHU X.-Y. et al. Phylogeny of *Impatiens* (Balsaminaceae): integrating molecular and morphological evidence into a new classification. *Cladistics*, 2015, 1–19.

11. YUAN Y. M., SONG Y., GEUTEN K. Phylogeny and biogeography of Balsaminaceae inferred from ITS sequences, *TAXON*, 2004, 53 (2): 391–403.
12. JANSSENS S. B., DESSEIN S., SMETS E. Portrayal of *Impatiens nzabiana*: a Morphological, Molecular and Biogeographic study of a new Gabonese species, *Systematic Botany*, 2011, 36: 440–448.
13. JANSSENS S. B., DESSEIN S., SMETS E. Portrayal of *Impatiens nzabiana*: a Morphological, Molecular and Biogeographic study of a new Gabonese species. *Systematic Botany*, 2011, 36: 440–448.
14. JANSSENS S. B., KNOX E. B., HUYSMANS S. et al. Rapid radiation of *Impatiens* (Balsaminaceae) during Pliocene and Pleistocene: Result of a global climate change, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2009, 52: 806–824.
15. JANSSENS S. B., VIAENE T., HUYSMANS S. et al. Selection on Length Mutations After Frameshift Can Explain the Origin and Retention of the AP3/DEF-Like Paralogues in *Impatiens*, *Journal of Molecular Evolution*, 2008, 66:424–435.
16. JANSSENS S., GEUTEN K., VIAENE T. et al. Phylogenetic utility of the AP3/DEF K-domain and its molecular evolution in *Impatiens* (Balsaminaceae), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2007, 43, 225–239.
17. KOMOSINSKA E., WODKIEWICZ M., JARZYNA I. et al. Some attempts to detect genetic differences between population of small balsam (*Impatiens parviflora* DC.), *The Biodiversity: Research and Conservation*, 2006, 3–4, 245–247.
18. KUPCINSKIENE E., ZYBARTAITE L., JANULIONIENE R. et al. Molecular diversity of small balsam populations in relation to site characteristics, *Central European Journal of Biology*, 2013, (10), 1048–1061.
19. LACHMUTH S., DURKA W., SCHURR F.M. The making of a rapid plant invader: genetic diversity and differentiation in the native and invaded range of *Senecio inaequidens*, *Molecular Ecology*, 2010, 19, 3952–3967.
20. LENS F., ECKHOUT S., ZWARTJES R. et al. The multiple fuzzy origins of woodiness within Balsaminaceae using an integrated approach. Where do we draw the line? *Annals of Botany*, 2012, 109: 783–799.
21. LI L.F., CHEN G.Q., YUAN Y.M. et al. Development of thirteen microsatellite loci for *Impatiens lateristachys* (Balsaminaceae), *Conservation Genetics*, 2008, 9, 439–441.
22. LOVE H. M., MAGGS C. A., MURRAY T. E. et al. Genetic evidence for predominantly hydrochoric gene flow in the invasive riparian plant *Impatiens glandulifera* (Himalayan balsam), *Annals of Botany*, 2013, 112: 1743–1750.
23. MORTON C. M., MORI S. A., PRANCE G. T. et al. Phylogenetic relationships of Lecythidaceae: a cladistic analysis using *rbcL* sequence and morphological data. *American Journal of Botany*, 1997, 84: 530–540.
24. NAGY A. M., KORPELAINEN H. Population genetics of Himalayan balsam (*Impatiens glandulifera*): comparison of native and introduced populations, *Plant Ecology and Diversity*, 2014, 1–5.
25. ORTIZ M. A., TREMETSBERGER K., TERRAB A. et al. Phylogeography of the invasive weed *Hypochaeris radicata* (Asteraceae): from Moroccan origin to worldwide introduced Populations, *Molecular Ecology*, 2008, 17, 3654–3667.
26. PROVAN, J., LOVE, HM., MAGGS, CA. Development of microsatellites for the invasive riparian plant *Impatiens glandulifera* (Himalayan balsam) using intersimple sequence repeat cloning. *Molecular Ecology Notes*, 2007, 7, 451–453.
27. RAGHUVIWER M., NARAYANA L. L., DUTT B. S. M. Dehiscent fruit of *Hydrocera triflora* (Linn). Wt. and Arn. (Balsaminaceae): its anatomy and dispersal. *Rheedea*, 1993, 3: 12–14.
28. SCHÖNENBERGER J., ANDERBERG A. A., SYTSMA K. J. Molecular phylogenetics and patterns of floral evolution in the Ericales, *International Journal of Plant Sciences*, 2005, 166: 265–288.
29. SHAHWAR D., REHMAN S., AHMAD. N. et al. Antioxidant activities of the selected plants from the family Euphorbiaceae, Lauraceae, Malvaceae and Balsaminaceae, *African Journal of Biotechnology*, 2010, 9(7), 1086–1096.
30. SOLTIS D. E., SOLTIS P. S., CHASE M. W. et al. Angiosperm phylogeny inferred from 18S rDNA, *rbcL*, and *atpB* sequences, *Botanical Journal of the Linnean Society*, 2000, 133: 381–461.
31. VOLKMAR U., SMETS E. F., LENZ H. et al. Intron evolution in a phylogenetic perspective: Divergent trends in the two copies of the duplicated *def* gene in *Impatiens* L. (Balsaminaceae), *Journal of Systematics and Evolution*, 2014, 52 (2): 134–148.
32. VOSS N., ECKSTEIN R. L., DURKA W. Range expansion of a selfing polyploid plant despite widespread genetic uniformity, *Annals of Botany*, 2012, 1–9.
33. WALKER N. F., HULME P. E., HOELZEL A. R. Population genetics of an invasive riparian species *Impatiens glandulifera*. *Plant Ecology*, 2009, 203: 243–252.
34. WANG Y.C., WU D.C., LIAO J.J. et al. In vitro activity of *Impatiens balsamina* L. against multiple antibiotic-resistant *Helicobacter pylori*, *The American Journal of Chinese Medicine*, 2009, 37 (4): 713–722.
35. ZYBARTAITE, L., ŽUKAUSKIENĖ, J., JODINSKIENĖ, M. et al. RAPD analysis of genetic diversity among Lithuanian populations of *Impatiens glandulifera*, *ŽEMDIRBYSTĖ=AGRICULTURE*, 2011, 98, 4, 391–398.

Kristė Stravinskaitė, Lina Jocienė, Eugenija Kupčinskienė

Overview of molecular studies of *Balsaminaceae* family

Summary

The objective of this study was to overview the molecular studies of *Balsaminaceae* family. The newest molecular genetic methods were used to determine phylogenetic relationships between *Balsaminaceae*, *Tetrameristaceae* and *Marcgraviaceae* families belonging to *Ericales*. According to ImpDEF1, ImpDEF2 and chloroplast *atpB-rbcL* region sequences, species, invasive in Europe, *I. glandulifera* and *I. parviflora* were allocated in the same clade. In addition to the systematic research, population studies of various *Impatiens* species were performed. Most molecular research of *Impatiens* genus was concentrated on invasive species *I. glandulifera*, using microsatellites. These studies revealed that *I. glandulifera* was introduced to Europe several times and spread in different ways: naturally, by unintentional and intentional activities of human. In many cases only one *Impatiens* species was analysed inside one country or its region and majority of selected populations belonged to West Europe, some methods were applied to populations of the Baltic States. Using inter-simple sequence repeat and random amplified polymorphic DNA markers, higher genetic diversity was found in invasive species compared to native species. There are only initial studies concerning diversity of populations of *I. parviflora* analyzed by amplified fragment length polymorphism markers.

Balsaminaceae, Impatiens, genetic diversity, polymorphism, populations, invasion, alien species, overview

Gauta 2016 m. kovo mėn., atiduota spaudai 2016 m. balandžio mėn

Kristė STRAVINSKAITE. Vytauto Didžiojo Universitetas, Gamtos mokslų fakultetas, Biologijos katedra, doktorantė. Adresas: Lietuva, LT-44404, Kaunas, Vileikos 8; tel.: (+370) 662 28312 e-paštas: kriste.stravinskaite@gmail.com

Kristė STRAVINSKAITE. Vytautas Magnus University, Faculty of Nature Sciences, Department of Biology, doctoral student. Address: Lithuania, LT-44404, Kaunas, Vileikos 8; phone (+370) 662 28312 e-mail: kriste.stravinskaite@gmail.com

Lina JOCIENE. Vytauto Didžiojo Universitetas, Gamtos mokslų fakultetas, Biologijos katedra, biomedicinos mokslų daktarė. Adresas: Lietuva, LT-44404, Kaunas, Vileikos 8; tel.: (+370) 615 90789 e-paštas: lina.zybartaitė@gmail.com

Lina JOCIENE. Vytautas Magnus University, Faculty of Nature Sciences, Department of Biology, Doctor in Biomedical Sciences. Address: Lithuania, LT-44404, Kaunas, Vileikos 8; phone (+370) 615 90789 e-mail: lina.zybartaitė@gmail.com

Eugenija KUPČINSKIENE. Vytauto Didžiojo Universitetas, Gamtos mokslų fakultetas, Biologijos katedra, habilituota biomedicinos mokslų daktarė, profesorė. Adresas: Lietuva, LT-44404, Kaunas, Vileikos 8; tel.: (+370) 612 23391 e-paštas: e.kupcinskiene@gmail.com

Eugenija KUPCINSKIENE. Vytautas Magnus University, Faculty of Nature Sciences, Department of Biology, Habitual Doctor in Biomedical Sciences professor. Address: Lithuania, LT-44404, Kaunas, Vileikos 8; phone (+370) 612 23391 e-mail: e.kupcinskiene@gmail.com