



UKRAINIAN BOTANICAL JOURNAL

A JOURNAL
FOR BOTANY & MYCOLOGY



UKRAINIAN BOTANICAL JOURNAL is a scientific journal publishing articles and contributions on all aspects of botany and mycology, including general issues, taxonomy, floristics, vegetation science, ecology, evolutionary biology, geography, history of flora and vegetation as well as morphology, anatomy, physiology, biochemistry, cell and molecular biology of plants and fungi.

Publication languages: English and Ukrainian

EDITORIAL BOARD

Editor-in-Chief

Sergei L. MOSYAKIN

Associate Editors

Ganna V. BOIKO

Vera P. HAYOVA

Dirk C. ALBACH (Oldenburg, Germany)
Illya I. CHORNEY (Chernivtsi, Ukraine)
Peter J. de LANGE (Auckland, New Zealand)
Yakiv P. DIDUKH (Kyiv, Ukraine)
Mykola M. FEDORONCHUK (Kyiv, Ukraine)
Zigmantas GUDŽINSKAS (Vilnius, Lithuania)
Vasyl P. HELUTA (Kyiv, Ukraine)
Bogdan JACKOWIAK (Poznan, Poland)
Jürgen KELLERMANN (Adelaide, Australia)
Olexander E. KHODOSOVTSYEV (Kherson, Ukraine)
Sergey Y. KONDRATYUK (Kyiv, Ukraine)
Iryna V. KOSAKIVSKA (Kyiv, Ukraine)
Karol MARHOLD (Bratislava, Slovakia)
Eviatar NEVO (Haifa, Israel)
Peter RAVEN (St. Louis, USA)
Myroslav V. SHEVERA (Kyiv, Ukraine)
Natalia M. SHYIAN (Kyiv, Ukraine)
Maryna M. SUKHOMLYN (Kyiv, Ukraine)
Susumu TAKAMATSU (Tsu, Japan)
Filip VERLOOVE (Meise, Belgium)
Oxana M. VYNOGRADOVA (Kyiv, Ukraine)
Solomon P. WASSER (Haifa, Israel)
Olena K. ZOLOTAREVA (Kyiv, Ukraine)

Editorial Assistant

Mariya D. ALEINIKOVA

Front cover: *Allium karataviense* Regel, rubble stone scree, Kurama pass, Uzbekistan, 31 May 2021 (see the article by Ergashov et al. on pages 3–19 in this issue).

Photo by © Rustamjon Gulomov

УКРАЇНСЬКИЙ БОТАНІЧНИЙ ЖУРНАЛ публікує статті з усіх напрямів ботаніки та мікології, в тому числі із загальних питань, систематики, флористики, геоботаніки, екології, еволюційної біології, географії, історії флори та рослинності, а також морфології, анатомії, фізіології, біохімії, клітинної та молекулярної біології рослин і грибів.

Статті друкуються англійською та українською мовами

РЕДАКЦІЙНА КОЛЕГІЯ

Головний редактор

Сергій Л. МОСЯКІН

Заступники головного редактора

Ганна В. БОЙКО

Віра П. ГАЙОВА

Дірк К. АЛЬБАХ (Ольденбург, Німеччина)
Ілля І. ЧОРНЕЙ (Чернівці, Україна)
Пітер Дж. де ЛАНГЕ (Окленд, Нова Зеландія)
Яків П. ДІДУХ (Київ, Україна)
Микола М. ФЕДОРОНЧУК (Київ, Україна)
Зігмонтас ГУДЖІНСКАС (Вільнюс, Литва)
Василь П. ГЕЛЮТА (Київ, Україна)
Богдан ЯЦКОВЯК (Познань, Польща)
Юрген КЕЛЛЕРМАНН (Аделаїда, Австралія)
Олександр Є. ХОДОСОВЦЕВ (Херсон, Україна)
Сергій Я. КОНДРАТЮК (Київ, Україна)
Ірина В. КОСАКІВСЬКА (Київ, Україна)
Кароль МАРГОЛЬД (Братислава, Словаччина)
Евіатар НЕВО (Хайфа, Ізраїль)
Пітер РЕЙВЕН (Сент-Луїс, США)
Мирослав В. ШЕВЕРА (Київ, Україна)
Наталія М. ШИЯН (Київ, Україна)
Марина М. СУХОМЛИН (Київ, Україна)
Сусуму ТАКАМАЦУ (Цу, Японія)
Філіп ВЕРЛООВ (Мейсе, Бельгія)
Оксана М. ВІНОГРАДОВА (Київ, Україна)
Соломон П. ВАССЕР (Хайфа, Ізраїль)
Олена К. ЗОЛОТАРЬОВА (Київ, Україна)

Відповідальний секретар

Марія Д. АЛЕЙНІКОВА

На обкладинці: *Allium karataviense* Regel, кам'янистий осип, Кураміньський перевал, Узбекистан, 31 травня 2021 р. (див. статтю Єргашова та ін. на стор. 3–19 у цьому номері).

Фото © Рустамжон Гуломов



CONTENTS

Plant Taxonomy, Geography and Floristics

- ERGASHOV I., O'RINBOYEV I., SHOKIROVA G.,
YULDASHOVA M., KURBONOVA M., AKBARO-
VA M., TOGAEV A., YUSUPOV Z. The complete
chloroplast genomes of five species of *Allium* subg.
Melanocrommyum (Amaryllidaceae) 3
- IAMONICO D. Nomenclatural notes on two names
of elms published by P. Miller and R.A. Salisbury:
Ulmus sativa and *U. procera* (Ulmaceae) 20
- TSYMBALYUK Z., NITSENKO L., BEZUSKO L.
Pollen morphology of representatives of the genus
Petrosimonia (Chenopodiaceae s. str. / Amaranthaceae
s. l.) of the flora of Ukraine 27

Red Data Book of Ukraine

- MELNYK V.I., SOLONENCZENKO Ju.V., DIDEN-
KO S.Ja., GNATIUK A.M. *Colchicum triphyllum* s. l.
(Colchicaceae) in Ukraine: the geographic distribu-
tion and current state of populations 40
- TKACHENKO F.P., PRYDIUK M.P. New finds of the
rare fungus *Battarrea phalloides* (Agaricales, Basidio-
mycota) in Ukraine 54

Biotechnology, Physiology and Biochemistry

- KOLOIANIDI N.O., RURYK V.V., RYBALKA O.I.,
SCHWARTAU V.V. Expansion of *Aegilops cylindrica*
(Poaceae) in agrocenoses of cereals: threats to food
security 60

ЗМІСТ

Систематика, флористика, географія рослин

- ЕРГАШОВ І., ОРІНБОЄВ І., ШОКІРОВА
Г., ЮЛДАШОВА М., КУРБОНОВА М.,
АКБАРОВА М., ТОГАЄВ А., ЮСУПОВ З. Повні
хлоропластні геноми п'яти видів підроду *Melano-
crommyum* роду *Allium* (Amaryllidaceae) 3
- ІАМОНІКО Д. Номенклатурні нотатки щодо
двох назв в'язів, опублікованих Ф. Міллером і
Р. Солсбері: *Ulmus sativa* та *U. procera* (Ulmaceae) .. 20
- ЦИМБАЛЮК З.М., НИЦЕНКО Л.М., БЕЗУСЬКО
Л.Г. Морфологія пилоквих зерен представників
роду *Petrosimonia* (Chenopodiaceae s. str. / Amapan-
thaceae s. l.) флори України 27

Червона книга України

- МЕЛЬНИК В.І., СОЛОНЕНЧЕНКО Ю.В.,
ДІДЕНКО С.Я., ГНАТЮК А.М. *Colchicum tri-
phyllum* s. l. (Colchicaceae) в Україні: географічне
поширення та сучасний стан популяцій 40
- ТКАЧЕНКО Ф.П., ПРИДІЮК М.П. Нові знахідки
рідкісного гриба *Battarrea phalloides* (Agaricales,
Basidiomycota) в Україні 54

Біотехнологія, фізіологія, біохімія

- КОЛОЯНІДІ Н.О., РУРИК В.В., РИБАЛКА О.І.,
ШВАРТАУ В.В. Експансія *Aegilops cylindrica* (Po-
aceae) в агроценозах зернових культур: загрози
для продовольчої безпеки 60

Approved by the Academic Council of the M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine
(Resolution No. 3 of 26 February 2026)

Editorial office address: M.G. Kholodny Institute of Botany, National Academy of Sciences of Ukraine
2 Tereshchenkivska Str., Kyiv 01601, Ukraine

Tel.: +380 44 235 4182

E-mail: secretary_ubzh@ukr.net

Web: <https://ukrbotj.co.ua>

Media ID (ідентифікатор медіа): R30-03012. Decision of the National Council of
Television and Radio Broadcasting of Ukraine of 21.03.2024 No. 890

Technical editor O.Ye. Bondarenko

Layout N.S. Reshetnykova

Submitted for printing on 02.03.2026. Format 84 × 108/16. Typeface. Minion Pro
Conventional printed sheets 7,35. Physical printed sheets 8,75. Circulation 90 copies. Order no. 7781

Publisher PH "Akademperiodyka" of the NAS of Ukraine
4 Tereshchenkivska Str., Kyiv 01024, Ukraine

Certificate of entry to the State Register of Publishing Agents
series ДК No. 544 of 27.07.2001



<https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.003>

RESEARCH ARTICLE

The complete chloroplast genomes of five species of *Allium* subg. *Melanocrommyum* (Amaryllidaceae)

Ibrokhimjon ERGASHOV ¹ , Ilxomjon O'RINBOYEV ² , Gavkharoy SHOKIROVA ² ,
Muattarxon YULDASHOVA ² , Marguba KURBONOVA ³ , Mukhayyo AKBAROVA ² ,
Azizbek TOGAEV ⁴ , Ziyoviddin YUSUPOV ^{1*} 

¹ Institute of Botany, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan,
32 Durmon yuli Str., Tashkent 100125, Republic of Uzbekistan

² Fergana State University, 19 Murabbiylar Str., Fergana 150100, Republic of Uzbekistan

³ Turan International University,
10D Mamarasulov Str., Namangan 160000, Namangan Region, Republic of Uzbekistan

⁴ Termez University of Economics and Service,
41B Farovon Str., Termez 190100, Surkhandarya Region, Republic of Uzbekistan

* Author for correspondence: yusupov@mail.kib.ac.cn

Abstract. Subgenus *Melanocrommyum* of the genus *Allium* (Amaryllidaceae) comprises morphologically diverse and taxonomically complex species, many of which are endemic to Central Asia. In this study, we sequenced and analyzed the complete chloroplast genomes of five species, *A. alaicum*, *A. altissimum*, *A. giganteum*, *A. isakulii*, and *A. karataviense*, representing five distinct taxonomic sections. All plastomes exhibited a typical quadripartite structure with conserved gene content. Genome sizes ranged from 151,960 to 152,725 bp. Codon usage showed bias toward AGA (Arg) and UUG (Leu), and a total of 79–90 SSRs and 423 long repeats were identified. Divergence hotspot regions included *accD*, *ndhD*, and *rps4*, while *ycf2* was highly conserved but showed a high ω value, suggesting its possible adaptive evolution. Phylogenetic analysis based on protein-coding genes consistently resolved two major clades for the studied species, supporting the monophyly of the group and existing sectional classifications. This study provides valuable genomic data for *Allium*, highlights plastome evolution in *Melanocrommyum*, and identifies markers for future phylogenetic and evolutionary studies.

Keywords: *Allium*, chloroplast genome, codon usage, nucleotide diversity, phylogenetic analysis, repeat sequences, SSRs, subgenus *Melanocrommyum*

Introduction

The genus *Allium* L. is among the most diverse and taxonomically challenging genera of

monocotyledonous plants, comprising about 1000 formally recognized species, which are taxonomically subdivided into 15 subgenera and 85 sections (Friesen et al., 2006; Yusupov et al., 2022;

ARTICLE HISTORY. Submitted 29 April 2025. Revised 14 January 2026. Published 26 February 2026

CITATION. Ergashov I., O'rinboyev I., Shokirova G., Yuldashova M., Kurbonova M., Akbarova M., Togaev A., Yusupov Z. 2026. The complete chloroplast genomes of five species of *Allium* subg. *Melanocrommyum* (Amaryllidaceae). *Ukrainian Botanical Journal*, 83(1): 3–19. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.003>

© M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine, 2026

© Publisher PH "Akademperiodyka" of the NAS of Ukraine, 2026

This is an open access article under the CC BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

Khassanov et al., 2023; Ergashov et al., 2025a). Being native predominantly to the temperate zones of the Northern Hemisphere, the genus extends from arid subtropical landscapes to boreal regions, showcasing remarkable ecological amplitudes (Wheeler et al., 2013; Rakhmatalliev et al., 2025; Kurbaniyazova et al., 2026). Members of *Allium* exhibit a combination of key morphological traits, such as free or nearly free tepals, tunicated bulbs enclosed in membranous or occasionally fibrous sheaths, and distinctive inflorescence structures (Friesen et al., 2006; Ergashov et al., 2025b).

The genus is not only taxonomically rich but also economically significant. Several *Allium* species are cultivated globally as staple vegetables and spices, including onion (*A. cepa* L.), garlic (*A. sativum* L.), shallot (*A. cepa* var. *aggregatum* L.), leek (*A. ampeloprasum* L.), and chives (*A. schoenoprasum* L.), in addition to their traditional roles in herbal medicine and horticulture (Keusgen et al., 2006; Yusupov et al., 2021). As exploration continues, new species are frequently described, expanding the breadth of the genus and introducing new complexities to its classification (Khassanov et al., 2023; Eker et al., 2025).

Despite advances in molecular systematics, the precise phylogenetic relationships within *Allium*, especially at subgeneric and sectional levels, remain unresolved. Early efforts using nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) sequences provided an initial framework for genus-wide phylogenetic hypotheses (Friesen et al., 2006; Li et al., 2010). Subsequent analyses incorporating chloroplast DNA regions — such as *matK*, *rps16*, and *trnL-trnF* — offered additional resolution but left several clades poorly supported or unresolved (Li et al., 2010). These limitations underscore the need for complete chloroplast genome sequencing to enhance resolution and confidence in phylogenetic inference.

Among the subgenera of *Allium*, the subgenus *Melanocrommyum* (Webb & Berthel.) Rouy is of particular interest due to its considerable species richness and distinctive morphological features. With over 180 accepted species and subspecies, it is recognized as the second largest subgenus within *Allium* (Fritsch, 2016; Ergashov et al., 2025b). Given the unresolved phylogenetic framework within this subgenus, there is a compelling need for comprehensive genomic data. Chloroplast genome sequences, with their conserved structure and high

resolution for phylogenetic studies, provide a powerful tool for resolving evolutionary relationships and identifying regions of variability useful for future taxonomic and evolutionary research (Alieva et al., 2025; Dekhkonov et al., 2025; Nikitina et al., 2025; Tojiboeva et al., 2025; Ergashov et al., 2026).

In this study, we sequenced and analyzed the complete chloroplast genomes of five representative species from five distinct sections of *Allium* subg. *Melanocrommyum*: *Allium alaicum* Vved., *A. altissimum* Regel, *A. giganteum* Regel, *A. isakulii* R.M. Fritsch & F.O. Khass., and *A. karataviense* Regel. The primary objectives were to: (1) explore and compare the structural organization and gene content of their chloroplast genomes; (2) elucidate phylogenetic relationships among the selected taxa and their relatives using complete plastome sequences; (3) identify hypervariable regions in the plastomes that can serve as molecular markers for future phylogenetic and population-level studies in *Allium* subg. *Melanocrommyum*.

By integrating complete plastome data with existing phylogenetic frameworks, this study aims to provide refined insights into the evolutionary dynamics of *Allium* subg. *Melanocrommyum* and contribute to resolving long-standing taxonomic ambiguities in the genus *Allium*.

Materials and Methods

Taxon sampling and DNA extraction

Plant material for this study was collected from the native habitats of each taxon. The five *Allium* species newly sequenced in this work, *Allium alaicum*, *A. altissimum*, *A. giganteum*, *A. isakulii*, and *A. karataviense*, were collected from various locations across Uzbekistan, Tajikistan, and Kyrgyzstan between 2019 and 2023. Species identification was carried out by Professor F. Khassanov at the Institute of Botany, Uzbekistan. Detailed field collection data, including locality information and collection codes, are provided in Table 1. Voucher specimens for all taxa have been deposited in the herbaria of the Kunming Institute of Botany (KUN) and the Institute of Botany in Tashkent (TASH). Fresh leaf tissues were dried using silica gel in the field to preserve DNA integrity. Total genomic DNA was extracted from the dried leaf material using a modified cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) protocol as described by Doyle (1991), with modifications optimized for high-quality chloroplast DNA extraction.

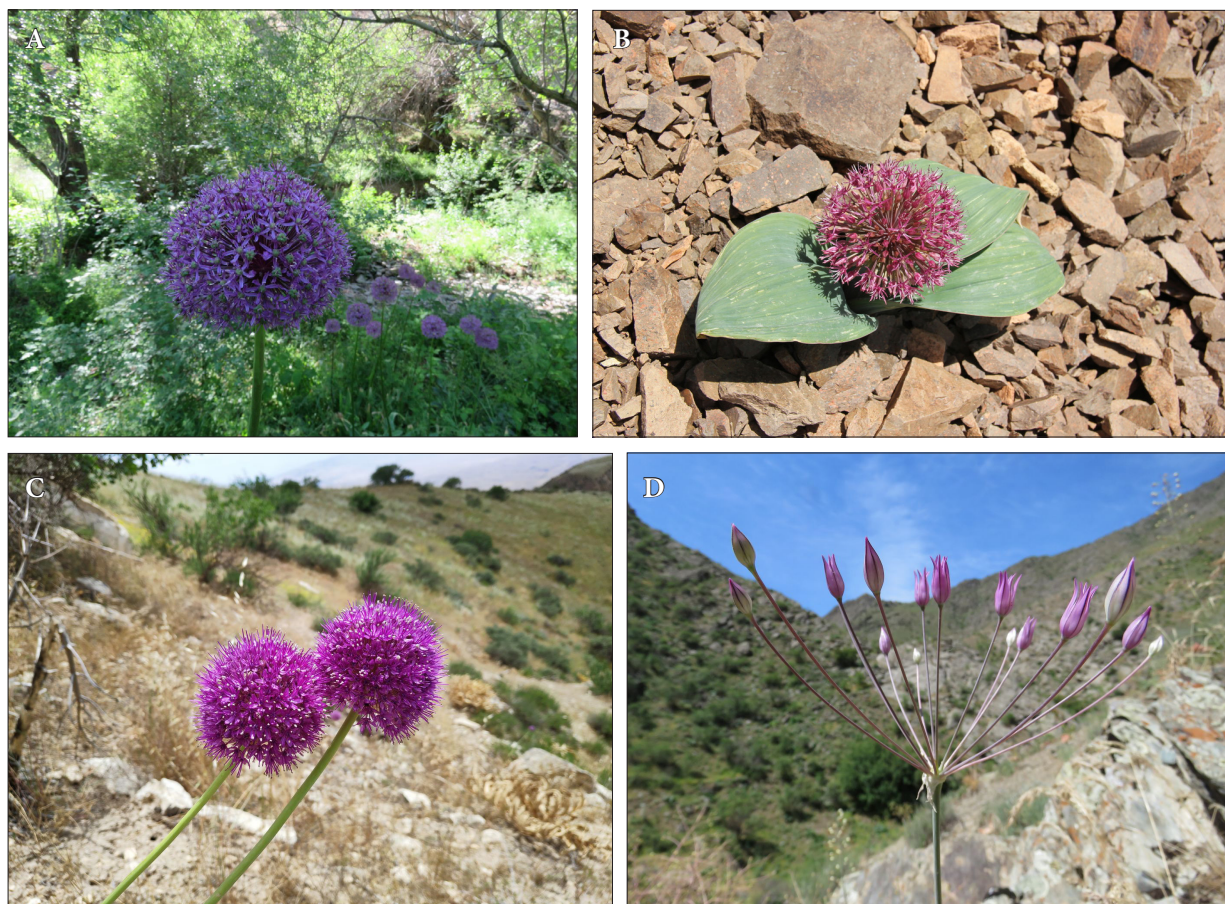


Fig. 1. Species of *Allium* subg. *Melanocrommyum* in their natural habitats. A: *Allium altissimum*, Madzherumsay tract, Nurata Reserve, Nuratau Ridge, Uzbekistan, 20 May 2017; B: *A. karataviense*, rubble-stony scree, Kurama pass, Uzbekistan, 31 May 2021; C: *A. giganteum*, Tal dybulak tract, Besharcha, Babatag Ridge, Uzbekistan, 25 May 2019; D: *A. isakulii*, Madzherumsay tract, Nurata Reserve, Nuratau Ridge, Uzbekistan, 20 May 2017 (photos by N. Beshko)

Chloroplast genome sequencing, assembling, and annotation

Following quality assessment of the extracted genomic DNA, approximately 1.5 µg of high-quality DNA per sample was used for library preparation. Paired-end libraries with an average insert size of ~350 bp were constructed, and sequencing was performed using the Illumina HiSeq 4000 platform (150 bp paired-end reads) at Beijing Novogene Bioinformatics Technology Co., Ltd., Beijing, China.

Raw sequencing data were processed using the Next Generation Sequencing (NGS) QC Toolkit with default parameters to remove low-quality reads and adapter contamination (Patel, Jain, 2012). Clean reads were subsequently assembled into complete chloroplast genomes using the GetOrganelle pipeline (Jin

et al., 2020), with optimized parameters set to: -F plant_cp -w 0.6 -o -R 20 -t 8 -k 75,95,115,127.

The resulting complete plastomes were aligned using Mauve v.2.3.1 within Geneious v.10.0.2 (Darling et al., 2010) to evaluate genome collinearity. Gene annotation was also performed in Geneious, using the annotated chloroplast genome of *Allium fetisowii* Regel (NC_049100) as a reference. Start and stop codons, along with intron/exon junctions, were manually verified against previously published chloroplast genomes of *Allium* to ensure annotation accuracy (Kearse et al., 2012). Gene names and functional categories followed the standardized nomenclature of the Chloroplast Genome Database (Cui et al., 2006; <http://chloroplast.cbio.psu.edu>).

All annotated chloroplast genome sequences generated in this study were submitted to the

National Center for Biotechnology Information (NCBI). The physical maps illustrating the structure of the plastomes, including major components such as the large single-copy (LSC), small single-copy (SSC), and inverted repeat (IR) regions, were generated using OrganellarGenomeDRAW (OGDraw) v.1.3.1 (Lohse et al., 2013).

Identification of repeat sequences and simple sequence repeats

Repetitive sequences and simple sequence repeats (SSRs) within the chloroplast genomes were analyzed to better understand their structural variation and potential utility in molecular marker development. The identification of long repetitive sequences was carried out using the program REPuter (Kurtz et al., 2001), which detects four types of repeats: forward, reverse, palindromic, and complementary matches. The search parameters were set with a Hamming distance of 3, a minimum repeat length of 30 base pairs, and a sequence identity threshold of at least 90%. To further investigate microsatellite variation, SSRs were identified using the MIcroSatellite (MISA) web tool (Beier et al., 2017). The SSR search was configured to detect perfect mono-, di-, tri-, tetra-, penta-, and hexa-nucleotide motifs, with minimum repeat thresholds of 10, 5, 4, 3, 3, and 3, respectively. These analyses enabled the comprehensive characterization of both large dispersed repeats and small tandem repeats across the five *Allium* chloroplast genomes, offering insights into genome evolution and providing a foundation for future studies in phylogenetics, species identification, and population genetics.

Genome comparison, polymorphism analysis, and codon usage analysis

To assess structural variation and sequence divergence, the complete chloroplast genome sequences generated in this study were compared with one another and with previously published genomes of other *Allium* species belonging to the subgenus *Melanocrommyum* available in GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/GenBank>, accessed 25 May 2025). The comparative analysis included examination of GC content and codon usage, both of which were calculated using MEGA version 11. To evaluate nucleotide diversity (Pi) and sequence polymorphism across the entire chloroplast genome and specifically within protein-coding regions, a sliding window analysis was performed using DnaSP v.6.12.03

(Rozas et al., 2017), with a window length of 800 bp and a step size of 200 bp. For detailed visualization of genome-wide variation, the program mVISTA (Frazer et al., 2004) was employed in Shuffle-LAGAN alignment mode (<http://genome.lbl.gov/vista/mvista/submit.shtml>, accessed 30 May 2025), using the chloroplast genome of *Allium fetisowii* as the reference. In addition, the Relative Synonymous Codon Usage (RSCU) values were computed using MEGA 11, to examine codon usage bias among the selected taxa. This comprehensive comparative analysis provided insights into conserved and variable regions, aiding the identification of evolutionary hotspots and species-specific genomic signatures within *Allium* subg. *Melanocrommyum*.

Gene selective pressure analysis

To evaluate the selective pressures acting on protein-coding genes within the chloroplast genomes, rates of synonymous (dS) and non-synonymous (dN) substitutions, along with their ratio ($\omega = dN/dS$), were calculated using DnaSP v.6.12.03. These analyses were performed on protein-coding genes that are commonly shared across the five newly sequenced chloroplast genomes. The dN/dS ratio serves as an indicator of the type and strength of natural selection acting on each gene, where $\omega < 1$ suggests purifying selection, $\omega = 1$ indicates neutral evolution, and $\omega > 1$ implies positive selection. This approach allowed for the detection of functional constraints or adaptive signals in chloroplast genes, contributing to a deeper understanding of the evolutionary dynamics shaping plastid genome evolution within *Allium* subg. *Melanocrommyum*.

Phylogenetic analysis

Phylogenetic relationships were inferred based on complete chloroplast genome sequences from five newly sequenced *Allium* species: *A. alaicum*, *A. altissimum*, *A. giganteum*, *A. isakulii*, and *A. karataviense*, along with 69 additional *Allium* species obtained from the NCBI GenBank database (see Supplementary Table S1 for accession details). To root the phylogenetic tree, four species from closely related genera were used as outgroups: *Gilliesia graminea* Lindl., *Milla biflora* Cav., *Pancratium maritimum* L., and *Tulbaghia violacea* Harv.

Multiple sequence alignment of all 78 complete chloroplast genome sequences was performed using MAFFT (Katoh, Standley, 2013) with default settings to ensure accurate alignment of conserved

and variable regions. Phylogenetic trees were re-constructed using three different approaches: Maximum Parsimony (MP), Maximum Likelihood (ML), and Bayesian Inference (BI), to provide robust evolutionary insights.

MP analysis was conducted using PAUP version 4.10* (Swofford, 2003). All characters were treated with equal weight, gaps were considered as missing data, and character states were treated as unordered. A heuristic search strategy was employed, incorporating tree-bisection-reconnection (TBR) branch swapping with the Multrees option enabled, and random addition of taxa with 1000 replications.

For the likelihood-based methods, the most appropriate nucleotide substitution model was selected using jModelTest2 on XSEDE (www.phylo.org), based on the Akaike Information Criterion (AIC). The Maximum Likelihood (ML) analysis was then performed using RAxML v.8.0 (Stamatakis, 2014) under the GTR + G model, with 1000 bootstrap replicates to assess node support.

For Bayesian Inference (BI), the analysis was conducted using MrBayes v.3.2 (Ronquist et al., 2011). Two independent runs were performed, each with four Markov Chain Monte Carlo (MCMC) chains,

for 1,000,000 generations. Trees were sampled every 100 generations, and the first 25% of sampled trees were discarded as burn-in. Posterior probabilities were calculated from the remaining trees to estimate clade credibility.

The combined use of parsimony and likelihood-based approaches provided a comprehensive and well-supported phylogenetic framework for assessing relationships within the subgenus *Melanocrommyum* and across the broader genus *Allium*.

Results

Chloroplast genome features of *Allium* species

The complete chloroplast genome sequences of the five newly sequenced *Allium* species have been deposited in the NCBI GenBank database (Table 1). All five plastomes exhibit identical structural organization, gene content, and gene arrangement (Fig. 2). Each genome displays the typical quadripartite structure characteristic of angiosperm chloroplasts, consisting of a large single-copy (LSC) region, a small single-copy (SSC) region, and two inverted repeat regions (IRa and IRb) that separate the LSC and SSC.

Table 1. Comparison of chloroplast genome features of five sequenced *Allium* species

Species name	<i>A. alaicum</i>	<i>A. altissimum</i>	<i>A. giganteum</i>	<i>A. isakulii</i>	<i>A. karataviense</i>
Region	Imom-ota, Andijon Region, Uzbekistan	Nuratau Mountains, Uzbekistan	Bobotog Mountains, Surkhandarya Region, Uzbekistan	Mogultog Mountains, Khujand Region, Tajikistan	Jalalabad Region, Kyrgyzstan
Accession number	PQ306043	PQ306040	PQ306042	PQ306035	PQ306048
Entire plastome size (bp)	152460	152464	152535	152725	151960
IR size (bp)	26815	26247	26185	26316	26366
LSC region size (bp)	81964	82752	82879	82895	81168
SSC region size (bp)	16865	17218	17283	17198	17260
Number of coding regions	267	267	267	267	267
Number of genes	134	134	134	134	134
Number of protein-coding genes	87	87	87	87	87
Number of genes duplicated in the IR	22	21	20	21	21
Number of tRNA genes	38	38	38	38	38
Number of rRNA genes	8	8	8	8	8
Number of genes with intron(s)	25	25	25	25	25
GC content of whole genome (%)	36.9	36.9	36.9	36.9	37
GC content (%) LSC/IR/SSC	34.7/42.4/30.1	34.7/42.7/30.1	34.7/42.7/30	34.7/42.7/30.1	34.7/42.6/30.2

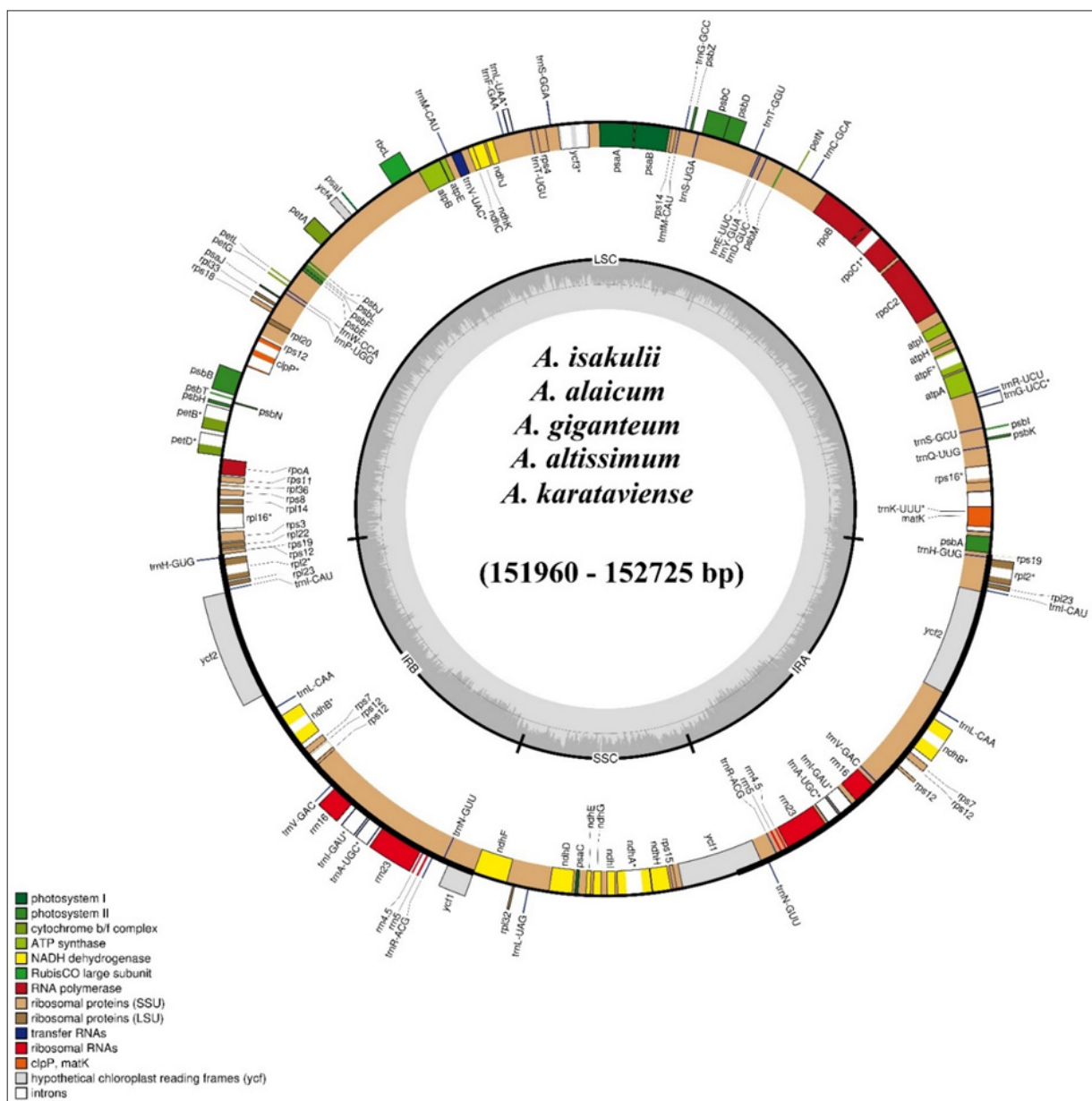


Fig. 2. Map of the newly sequenced chloroplast genome of the five species of *Allium* subg. *Melanocrommyum*. Genes inside the circle are transcribed clockwise, gene outside are transcribed counterclockwise. The dark grey inner circle indicates the GC content and the light represents AT content

Genome sizes range from 151,960 bp in *A. karataviense* to 152,725 bp in *A. isakulii*. The LSC regions vary in length from 81,168 bp (*A. karataviense*) to 82,895 bp (*A. isakulii*), while SSC regions range from 16,865 bp (*A. alaicum*) to 17,283 bp (*A. giganteum*). The length of the IR regions spans from 26,185 bp in *A. giganteum* to 26,815 bp in *A. alaicum*.

GC content varied across genome regions, with the IR regions exhibiting the highest GC content (42.4% to 42.7%), followed by the LSC regions (34.7%), and the SSC regions showing the lowest GC content (30.1% to 30.2%) (Table 1). A total of 134 genes were identified in each genome, including 87 protein-coding genes (PCGs), 38 transfer RNA (tRNA) genes, and 8 ribosomal RNA (rRNA)



Fig. 3. Comparative analysis of the LSC, IR and SSC boundary regions in the seven chloroplast genomes of *Allium* subg. *Melanocrommyum*. The JLB represents the junction of LSC and IRb, JSB indicates the junction of SSC and IRb, JSA denotes the junction of SSC and IRa, and JLA signifies the junction of LSC and IRa (Accession numbers for *Allium macleeanii* and *A. fetisowii* are given in Supplementary Table S1)

genes. Notably, one copy of the *rps19* gene was absent in all five species.

Among the identified genes, 20 were duplicated within the IR regions. These included 8 PCGs (*rpl2*, *rpl23*, *ycf2*, *ycf15*, *ndhB*, *rps7*, *rps12*, *ycf1*), 8 tRNA genes (*trnH-GUG*, *trnI-CAU*, *trnL-CAA*, *trnV-GAC*, *trnI-GAU*, *trnA-UGC*, *trnR-ACG*, *trnN-GUU*), and 2 rRNA genes (*rrn4.5*, *rrn5*). The functional genes identified in the chloroplast genomes were categorized into three major groups: genes involved in self-replication, genes associated with photosynthesis, and genes with other functions (see Supplementary Table S2 for gene classifications).

Boundaries of IR regions and codon usage

Comparative analysis of the inverted repeat (IR) boundary regions across seven *Allium* species belonging to the subgenus *Melanocrommyum* revealed

minor structural variations, despite the overall conservation in gene number and order (Fig. 3). The *rps19* gene was generally positioned at the LSC–IRa junction in most genomes analyzed. However, in two species (*A. giganteum* and *A. macleeanii* Baker), *rps19* was fully contained within the IRa region. In *A. fetisowii*, both *rps19* and *psbA* were found near the LSC–IRb junction. In contrast, in several other species, the second duplicate of *rps19* was absent, indicating independent loss events.

The *ycf1* gene, which spans the SSC–IRb junction, showed considerable variation in length among species. The longer *ycf1* copy (located primarily in the IRb region) ranged from 5,241 bp to 5,277 bp, while the shorter copy ranged from 1,083 bp to 1,692 bp. The portion of *ycf1* present in the SSC region varied from 3,568 bp to 4,243 bp, and its overlap with the IRb region ranged from 1,037 bp

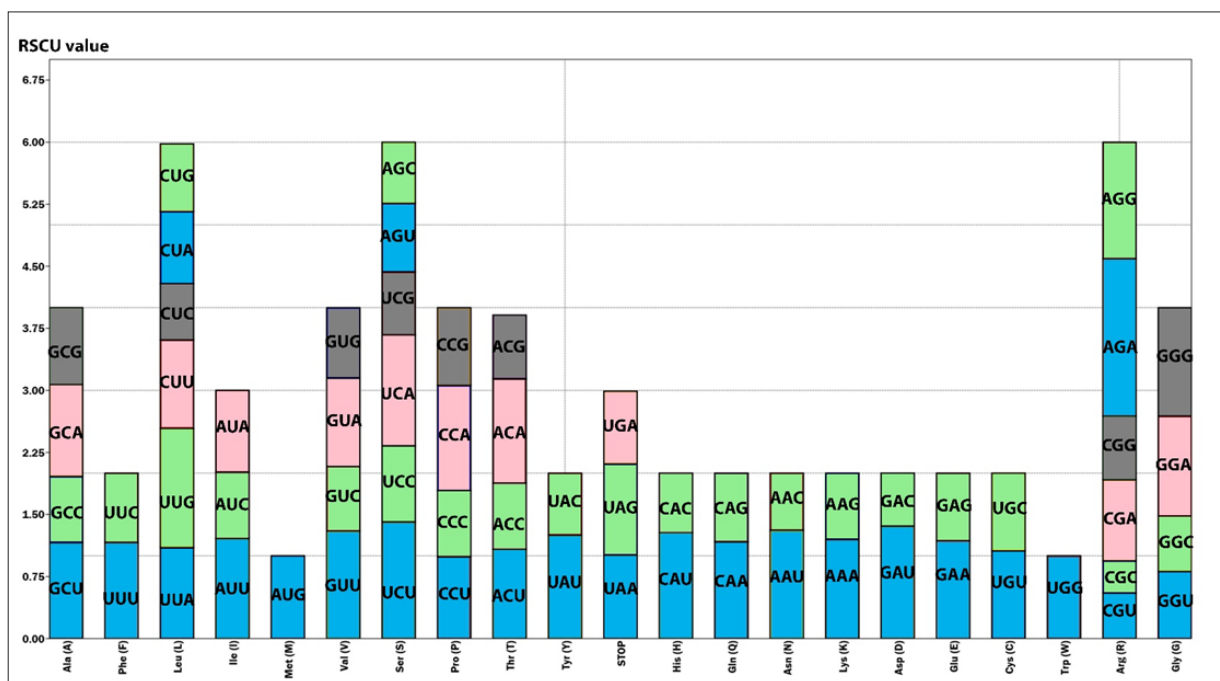


Fig. 4. Relative synonymous codon usage (RSCU) value and codon content of protein-coding genes in the chloroplast genomes of the five species of *Allium* subg. *Melanocrommyum*

to 1,690 bp. In *A. alaicum*, the *ndhF* gene was found directly at the SSC–IRa boundary, whereas in the other species, *ndhF* was located at distances ranging from 0 to 744 bp away from the junction.

These structural differences at IR junctions are important markers for understanding the evolutionary dynamics of chloroplast genomes and offer useful phylogenetic signals for resolving relationships within *Allium*.

The total length of protein-coding genes across the seven analyzed plastomes was 61,332 bp, comprising a total of 20,420 codons. Codon usage bias and amino acid frequencies were evaluated to understand translational preferences (Fig. 4). Among the 20 amino acids encoded, Leucine (Leu), Serine (Ser), and Arginine (Arg) were the most abundant, whereas Methionine (Met) and Tryptophan (Trp) were the least frequent.

The codon AGA, encoding Arginine (Arg), was the most commonly used codon with a Relative Synonymous Codon Usage (RSCU) value of 1.90, followed by UUG, encoding Leucine (Leu), with an RSCU value of 1.44. In total, 34 codons had RSCU values greater than 1, indicating a strong codon usage bias favoring these synonymous codons. The most frequently used stop codon across the species was UAG.

Repeat Sequences and SSRs Analysis

The chloroplast genomes of the five newly sequenced *Allium* species were systematically screened for simple sequence repeats (SSRs) using the MicroSATellite (MISA) tool (Beier et al., 2017). The total number of SSRs identified varied among species, ranging from 79 in *A. isakulii* to 90 in *A. karataviense* (Fig. 5A–B). Mononucleotide repeats were the most abundant category, with counts ranging from 49 (*A. giganteum*) to 60 (*A. karataviense*). Among these, adenine (A) repeats dominated, representing the most frequent SSR motif.

Dinucleotide SSRs, particularly the AT motif, were the second most prevalent class, with counts ranging from 12 in *A. alaicum* to 15 in *A. altissimum*. Tetranucleotide repeats (e.g., AAAT) were observed in several species, including *A. giganteum* and *A. karataviense* (7 each), and *A. alaicum* (5). Pentanucleotide repeats were detected in all species except *A. karataviense*, while hexanucleotide repeats were rare and found only in *A. isakulii* (3 repeats). These SSRs represent potential molecular markers for population-level studies, species identification, and evolutionary inference.

In addition to SSRs, a total of 423 long repeat sequences were identified across the five species,

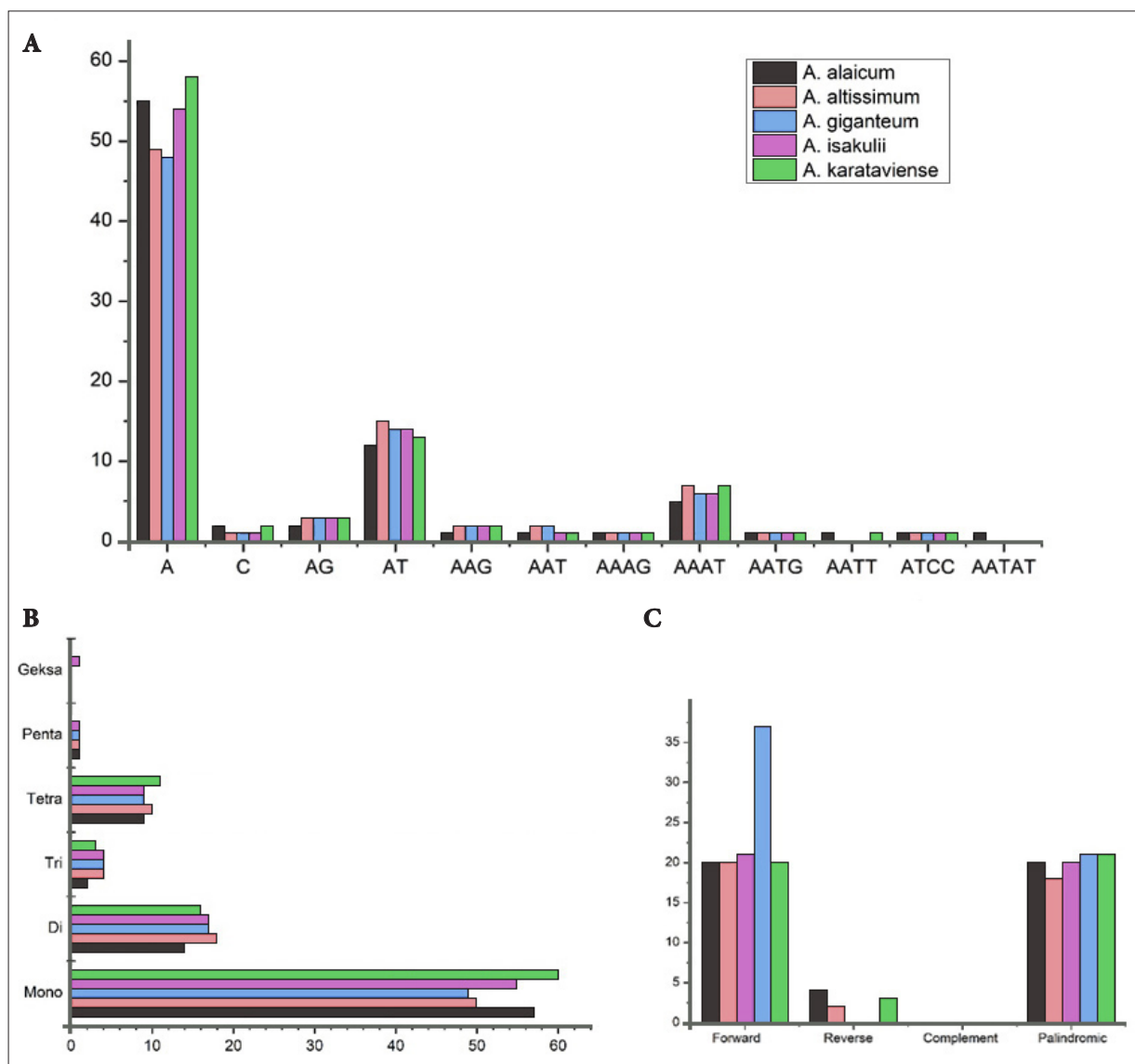


Fig. 5. Simple sequence repeats (SSRs) and number of repeats detected in the chloroplast genomes of five *Allium* species. A: type and number of SSR loci; B: number of repeat types; C: number of repeated sequences

comprising forward, reverse, palindromic, and complementary repeat types (Fig. 5C). Forward repeats were the most abundant ($n = 118$), followed by palindromic repeats ($n = 100$), and tandem repeats ($n = 158$). Among the species, *A. giganteum* exhibited the highest number of long repeats, with 37 forward and 21 palindromic repeats, whereas *A. isakulii* had the lowest, with 21 forward and 20 palindromic repeats. These dispersed repeats may play roles in structural genome rearrangement, recombination, and evolution of the plastome.

Comparative genomic divergence, hotspot regions and selection on functional genes

To explore divergence patterns across the chloroplast genomes of subgenus *Melanocrommyum*, nucleotide diversity (P_i) was calculated across the complete genome, as well as within the LSC, SSC, IR regions, and across protein-coding genes (Fig. 6A–B). The most variable regions, with P_i values of 0.02338 and 0.02175, were located between positions 113,760–114,632 bp and 58,946–59,773 bp, corresponding primarily to the SSC and LSC regions,

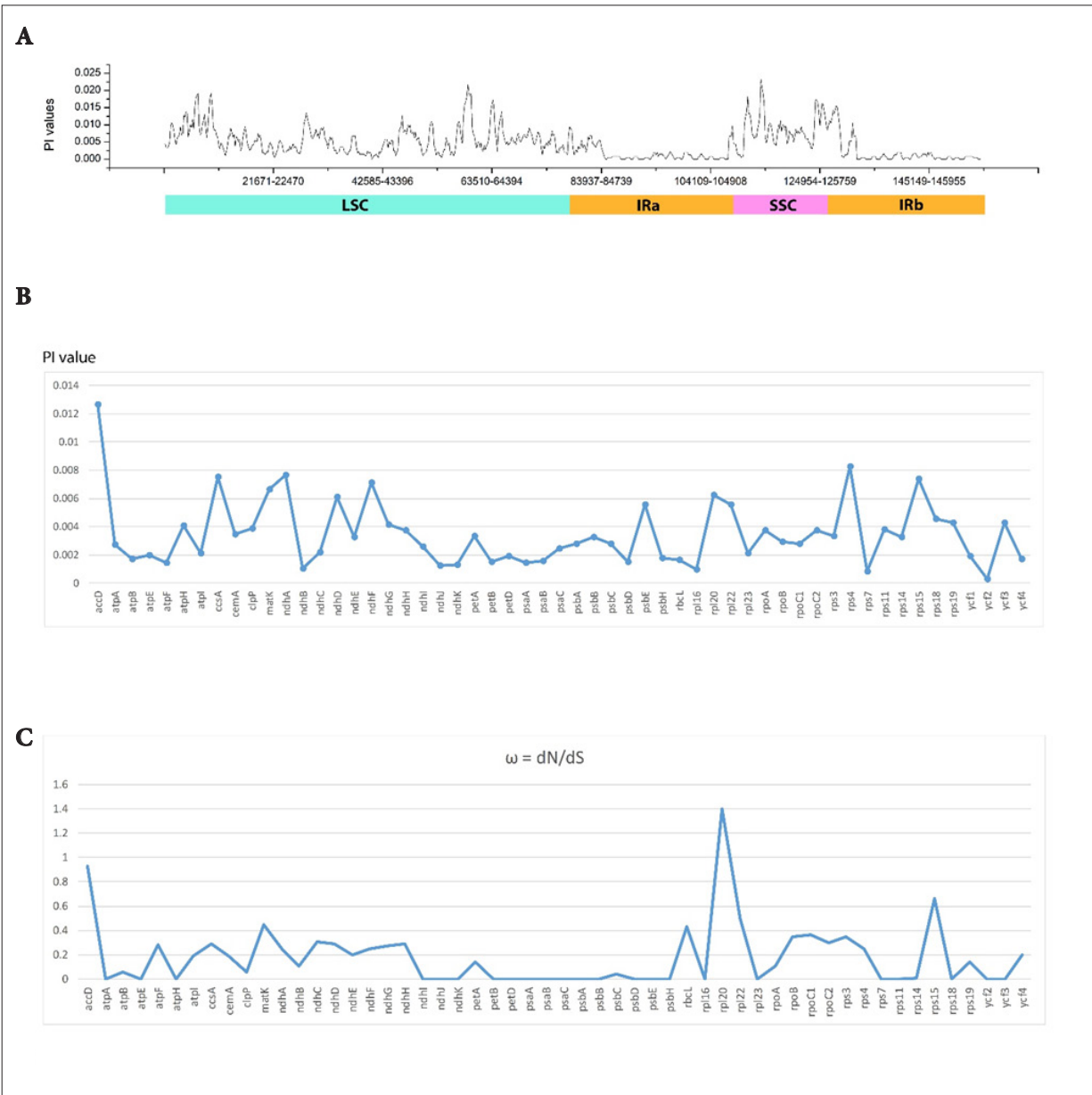


Fig. 6. Comparative analysis of the nucleotide variability (Pi value) of the chloroplast genomes of five *Allium* species presented in a sliding window (window length: 800 bp; step size: 200 bp) and the non-synonymous/synonymous substitution rates. A: whole plastid genome nucleotides; B: Protein-coding genes; C: the non-synonymous/synonymous substitution of the protein coding region

respectively (Fig. 6A). Among the protein-coding genes, *accD*, *ndhD*, and *rps4* exhibited the highest levels of nucleotide diversity ($Pi > 0.007$), indicating potential hotspots of variation. In contrast, the *ycf2* gene was the most conserved, with a Pi value of only 0.00029. Notably, more than half (50.09%) of the protein-coding genes showed Pi values greater than

0.003, and 29.09% exceeded 0.004, signifying considerable variability across coding regions (Fig. 6B).

Comparative visualization of genome divergence was further performed using mVISTA, with *A. fetisowii* as a reference. The analysis revealed high conservation in IR regions and protein-coding genes, while intergenic spacers and non-coding

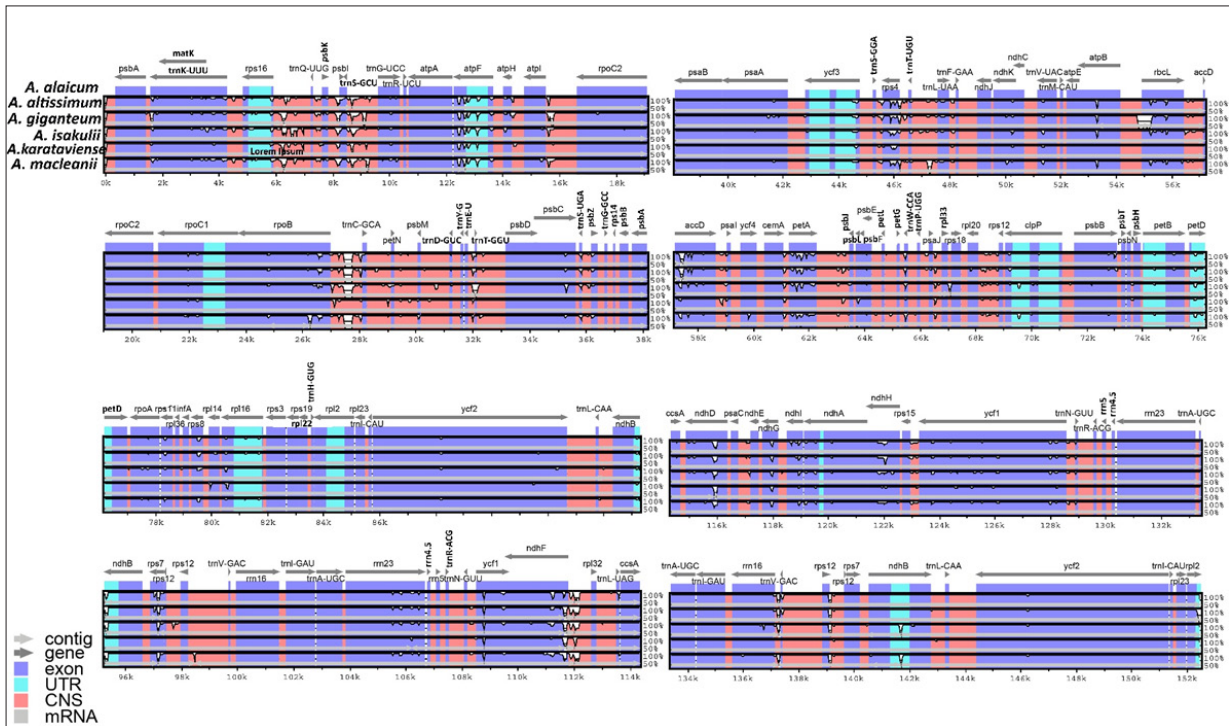


Fig. 7. The comparison of the chloroplast genomes of six species of *Allium* subg. *Melanocrommyum* by using mVISTA. *Allium fetisowii* was used as a reference. Genomic regions are color-coded to indicate protein-coding regions, exons, UTRs, and CNS

regions — particularly within the LSC and SSC — exhibited greater variability (Fig. 7). These findings highlight several loci suitable for future studies in population genetics and species delimitation within *Allium* subg. *Melanocrommyum*.

To assess selection pressure on functional genes, the ratio of non-synonymous (dN) to synonymous (dS) substitution rates ($\omega = dN/dS$) was calculated. Most genes displayed ω ratios below 1, indicative of purifying selection. Several genes (*atpA*, *atpE*, *atpH*, *ndhI*, *ndhJ*, *ndhK*, *petB*, *petD*, *psaA*, *psaB*, *psaC*, *psbA*, *psbB*, *psbD*, *psbE*, *psbH*, *rps11*, *rps18*, *ycf3*) had ω values of 0.0000, suggesting strong functional constraints. However, the gene *ycf2* showed a notably elevated ω value of 1.40, possibly indicating relaxed or positive selection. Genes such as *rps15* and *accD* also exhibited relatively high ω values (>0.6), supporting the hypothesis of functional diversification or adaptive evolution in specific plastid-encoded proteins.

Phylogenetic analysis

Phylogenetic trees were reconstructed using Maximum Likelihood (ML), Bayesian Inference (BI),

and Maximum Parsimony (MP) methods based on concatenated protein-coding gene sequences. All three methods produced congruent topologies with robust support at nearly all nodes (Fig. 8). The analysis confirmed the monophyly of the genus *Allium*, which was subdivided into three major clades.

The species of *Allium* subg. *Melanocrommyum* analyzed in this study were grouped into two strongly supported clades. The first clade comprised *A. altissimum*, *A. giganteum*, *A. maclearii*, and *A. isakulii*. The second clade included *A. fetisowii*, *A. karataviense*, and *A. alaicum*. These groupings were consistently supported by posterior probabilities of 1.00 (BI), and bootstrap support values of 100% (ML and MP), providing strong confidence in the evolutionary relationships among the sampled species.

Discussion

In this study, we sequenced and analyzed the complete chloroplast genomes of five species of *Allium* subg. *Melanocrommyum*, each representing a distinct taxonomic section: *A. alaicum* (sect.

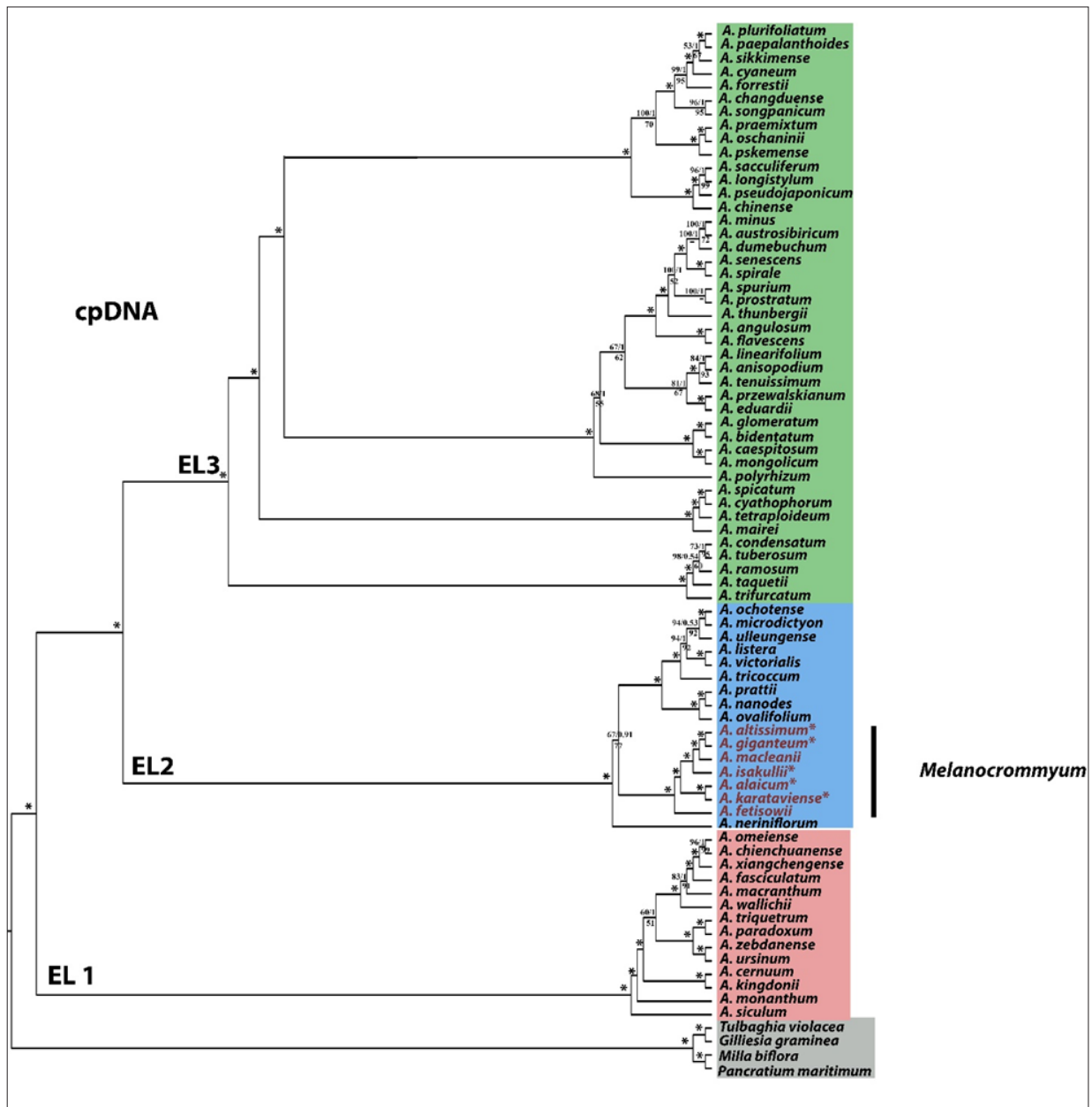


Fig. 8. Phylogenetic tree showing relationships of seven species of *Allium* subg. *Melanocrommyum* (names in red) among 67 chloroplast genomes from other taxa of the genus *Allium* and 4 outgroup species inferred using protein-coding regions. Numbers above the branches follow the order: BS (bootstrap support)/MP (bootstrap values)/PP (posterior probability); values of 100% are denoted by an asterisk. The evolutionary lines 1–3 are in red, blue, and green, respectively. The asterisk in tip labels indicates the newly sequenced species for the current study

Acmopetala R.M. Fritsch), *A. altissimum* (sect. *Procerallium* R.M. Fritsch), *A. giganteum* (sect. *Compactoprason* R.M. Fritsch), *A. isakulii* (sect. *Regeloprason* Wendelbo), and *A. karataviense* (sect. *Miniprason* R.M. Fritsch). These genomes also were

compared with two previously published plastomes of closely related *Melanocrommyum* species (*A. fetisowii*, *A. macleianii*) to evaluate patterns of structural conservation (Fig. 3).

All five newly sequenced plastomes exhibited the canonical quadripartite structure, consisting of a large single-copy (LSC) region, a small single-copy (SSC) region, and two inverted repeats (IRs), consistent with prior findings in the subgenus and across *Allium* (Xie et al., 2019, 2020; Munavvarov et al., 2022; Jin et al., 2022; Fu et al., 2023). Sequence identity across most regions of the chloroplast genomes was high, underscoring structural conservation; however, subtle differences were observed, some of which may represent lineage-specific characteristics of subgenus *Melanocrommyum* (Fig. 9).

Genome size variation is a well-documented feature in *Allium*, previously reported to range from 145,819 bp to 157,735 bp across members of the family *Amaryllidaceae*, subfamily *Allioideae* (Xie et al., 2019, 2020; Munavvarov et al., 2022; Fu et al., 2023). The sizes of the five newly analyzed chloroplast genomes — ranging between 151,960 bp and 152,725 bp — fall well within this established range (Fig. 2). This variation is largely attributed to multiple evolutionary mechanisms, including gene loss, intergenic region variability, and expansion or contraction of inverted repeat regions (Chen et al., 2022).

When comparing the junctions between the IR and single-copy regions (LSC/IR and SSC/IR), a high degree of similarity was observed among the examined species. However, minor differences were detected in the positioning of key genes such as *rpl22*, *rps19*, *ycf1*, and *ndhF*, consistent with patterns observed in earlier studies on *Allium* plastomes (Huo et al., 2019; Xie et al., 2020; Munavvarov et al., 2022; Fu et al., 2023). Notably, the *rpl22* gene was consistently located within the LSC region and positioned 317 to 403 bp away from the JLB (junction of LSC and IRb) boundary in all species of *Allium* subg. *Melanocrommyum*. These subtle variations may reflect fine-scale evolutionary dynamics within plastid genomes and can serve as useful markers for resolving phylogenetic relationships at the subgeneric level.

The codon usage analysis revealed strong biases across the five cp genomes. The most frequently used codons included AGA (Arginine) and UUG (Leucine), with Relative Synonymous Codon Usage (RSCU) values above 1.9 and 1.4, respectively (Fig. 4). Similar codon preference patterns have been previously observed in angiosperm cp genomes and likely reflect translational efficiency or nucleotide composition bias (Morton, 1998; Wang

et al., 2018). Among amino acids, Leucine, Serine, and Arginine were the most commonly encoded ones, while Methionine and Tryptophan appeared least frequently, reflecting their single-codon redundancy.

Nucleotide diversity (Π) across the genomes highlighted two highly variable hotspot regions located in the SSC and LSC regions (Fig. 6A), in agreement with findings by Fu et al. (2023) and Munavvarov et al. (2022), who reported elevated divergence in noncoding intergenic spacers and certain protein-coding genes. In our analysis, genes such as *accD*, *ndhD*, and *rps4* showed the highest variation, suggesting their potential as molecular markers in phylogeographic and evolutionary studies. The *ycf2* gene remained one of the most conserved loci ($\Pi = 0.00029$), corroborating its highly constrained nature in plastid evolution (Dugan et al., 2015).

The analysis of selection pressure via dN/dS (ω) ratios revealed that most genes are under strong purifying selection ($\omega < 1$), especially those related to core photosynthetic complexes such as *psa*, *psb*, and *ndh* families (Fig. 6C). However, elevated ω values for *accD* and *rps15* (> 0.6) and a notably high ω for *ycf2* (1.40) suggest relaxed or positive selection. Similar patterns were previously reported by Li et al. (2022), who linked such signatures to adaptive plastid genome evolution in harsh environments.

The SSR analysis identified 79 to 90 microsatellites across the five cp genomes, with *A. karataviense* containing the highest number (Fig. 5A, B). Mononucleotide A-repeats were the most frequent, followed by AT dinucleotides. These patterns align with previous observations in *Allium przewalskianum* and other species of *Amaryllidaceae* (Xie et al., 2020). The presence of several tetranucleotide (AAAT), pentanucleotide, and rare hexanucleotide motifs (found only in *A. isakulii*) suggests species-specific repeat dynamics that may be useful for population-level marker development.

Longer repeat types — forward, palindromic, reverse, and complement — were also abundant, with a total of 423 repeats detected (Fig. 5C). Forward repeats were the most common, especially in *A. giganteum*, which harbored the largest number of both forward (37) and palindromic repeats (21). These long repeats may contribute to plastome rearrangements, although the absence of large inversions suggests that *Allium* plastomes are largely stable (Maréchal, Brisson, 2010; Wicke, Naumann, 2018).

The mVISTA comparison of the cp genomes (Fig. 7) confirmed a high degree of sequence conservation in coding regions across the six analyzed species of *Allium* subg. *Melanocrommyum*. Divergent regions were primarily found in noncoding intergenic spacers, especially in the LSC and SSC regions, consistent with previous comparative studies in *Allium* and other monocots (Li et al., 2019; Wang et al., 2023). Such hotspots — e.g., between *accD-psaI* and *ndhF-rpl32* — could serve as candidate loci for phylogenetic and barcoding applications.

Phylogenetic reconstruction based on concatenated protein-coding genes yielded consistent topologies across Maximum Likelihood (ML), Maximum Parsimony (MP), and Bayesian Inference (BI) analyses, with strong statistical support at all major nodes (Fig. 8). The genus *Allium* was resolved as monophyletic, divided into three well-supported evolutionary lineages (EL1, EL2, EL3). The species of *Allium* subg. *Melanocrommyum* formed a clearly defined group within EL2 and were subdivided into two clades: one comprising *A. altissimum*, *A. giganteum*, *A. macleanii*, and *A. isakulii*, and another consisting of *A. fetisowii*, *A. karataviense*, and *A. alaicum*. These clades correspond to taxonomic sections and support previous morphological and molecular hypotheses (Friesen et al., 2006; Munavarov et al., 2022, Yusupov et al., 2022).

Conclusion

This study provides new genomic insights into five species of *Allium* subg. *Melanocrommyum*. The plastomes show overall structural conservation but also exhibit subtle variations in IR boundaries, codon usage, and repeat composition that reflect lineage-specific evolution. Several highly variable genes and regions — such as *accD*, *ndhD*, and intergenic spacers in the LSC and SSC — were identified as promising markers for phylogenetic and population-level studies. Selection analyses revealed mostly strong purifying selection, with a few genes showing signals of adaptive evolution. Phylogenetic reconstruction strongly supported the monophyly of

Allium subg. *Melanocrommyum* and clarified species relationships consistent with established taxonomy. Overall, these results enhance our understanding of plastid genome evolution in this subgenus and provide valuable resources for future evolutionary and systematic research.

Acknowledgments

This research was supported by the State Programs “Digital Nature. Development of a digital platform for the flora of Central Uzbekistan”, implemented by the Institute of Botany of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan for the period 2025–2029. This research was also supported by the projects “Assessing climate change adaptation in endangered plants of Uzbekistan: A DNA barcoding approach” (AL 9224104464) and “Molecular-genetic identification of medicinal plant species in the flora of Uzbekistan and Belarus using DNA markers” (FL-7923051878). The authors thank the anonymous reviewers for their valuable time taken for reviewing the manuscript and providing their useful comments.

SUPPLEMENTARY MATERIAL

This article includes Supplementary Material (Tables S1, S2) available as: [ukrbotj83-01-003-S1.pdf](#) (41 KB) and [ukrbotj83-01-003-S2.pdf](#) (45 KB).

ETHICS DECLARATION

There is no actual or potential conflict of interest in relation to this article.

ORCID

I. Ergashov  <https://orcid.org/0000-0002-0991-1076>
 I. O'rinboyev  <https://orcid.org/0000-0001-5821-8449>
 G. Shokirova  <https://orcid.org/0009-0007-8888-7759>
 M. Yuldashova  <https://orcid.org/0000-0003-1875-5797>
 M. Kurbonova  <https://orcid.org/0009-0006-9149-6081>
 M. Akbarova  <https://orcid.org/0000-0002-2903-5675>
 A. Togaev  <https://orcid.org/0009-0004-1459-4046>
 Z. Yusupov  <https://orcid.org/0000-0003-2278-542X>

REFERENCES

- Alieva K.B., Peng Y., Usupbaev A., Tojibaev K.S., Yusupov Z., Ergashov I., Azimova D., Jiang Z. 2025. Synopsis of the genus *Elymus* (Poaceae) in Uzbekistan (Middle Asia) with a description of *Elymus uzbekistanicus* a new species from Turkistan Mts. *PhytoKeys*, 257: 9–50. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.257.142950>
- Beier S., Thiel T., Münch T., Scholz U., Mascher M. 2017. MISA-web: a web server for microsatellite prediction. *Bioinformatics*, 33(16): 2583–2585. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx198>
- Chen J., Xie D., He X., Yang Y., Li X. 2022. Comparative analysis of the complete chloroplast genomes in *Allium* section *Bromatorrhiza* species (Amaryllidaceae): phylogenetic relationship and adaptive evolution. *Genes*, 13(7): 1279. <https://doi.org/10.3390/genes13071279>
- Cui L., Veeraraghavan N., Richter A., Wall K., Jansen R.K., Leebens-Mack J., DePamphilis C.W. 2006. ChloroplastDB: the chloroplast genome database. *Nucleic Acids Research*, 34(suppl. 1): D692–D696. <https://doi.org/10.1093/nar/gkj055>
- Darling A.E., Mau B., Perna N.T. 2010. progressiveMauve: multiple genome alignment with gene gain, loss and rearrangement. *PLoS ONE*, 5(6): e11147. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0011147>
- Dekkhonov D., Asatulloev T., Yusupov Z., Tojiboeva U., Ergashov I., Sun W., Tojibaev K. 2025. Comparative chloroplast genome and phylogenetic analysis of Central Asian tulips. *Nordic Journal of Botany*, e04460. <https://doi.org/10.1111/njb.04460>
- Doyle J. 1991. DNA protocols for plants. In: *Molecular techniques in taxonomy*. Berlin: Springer, pp. 283–293. https://doi.org/10.1007/978-3-642-83962-7_18
- Dugas D.V., Hernandez D., Koenen E.J., Schwarz E., Straub S., Hughes C.E., Bailey C.D. 2015. Mimosoid legume plastome evolution: IR expansion, tandem repeat expansions and accelerated rate of evolution in *clpP*. *Scientific Reports*, 5(1): 16958. <https://doi.org/10.1038/srep16958>
- Eker İ., Şahin B., Bouh A.M. 2025. *Allium cankiriense* (Amaryllidaceae), a new species of sect. *Codonoprasum* from Central Anatolia, Turkey. *Annales Botanici Fennici*, 62(1): 245–250. <https://doi.org/10.5735/085.062.0140>
- Ergashov I., Yusupov Z., Toshtemirov J., Mamajonov S., Akbarova M., Marupov A., Esankulov A. 2025a. Evaluating the vulnerability of endangered *Allium* species (Amaryllidaceae) to climate change in Central Asia. *Analele Universității din Oradea, Fascicula Biologie*, 32(1): 87–104.
- Ergashov I., Yusupov Z., Dolatyari A., Khorasani M., Eker I., Turdumatova N., Tojibaev K. 2025b. New insights into the molecular phylogeny and biogeographical history of *Allium* subgenus *Melanocrommyum* (Amaryllidaceae) based on plastome and nuclear sequences. *Plant Diversity*, 47(4): 561–575. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2025.04.009>
- Ergashov I., Ismonova G., Ibrokhimova G., Yusupov Z., Mamasoliev S., Berdiyev M., Naralieva N. 2026. Comparative chloroplast genome analysis and phylogeny of the genus *Rosa* (Rosaceae). *Analele Universității din Oradea, Fascicula Biologie*, 33(1): 24–32.
- Frazer K.A., Pachter L., Poliakov A., Rubin E.M., Dubchak I. 2004. VISTA: computational tools for comparative genomics. *Nucleic Acids Research*, 32(suppl. 2): W273–W279. <https://doi.org/10.1093/nar/gkh458>
- Fritsch R.M. 2016. *A preliminary review of Allium subg. Melanocrommyum in Central Asia*. Gatersleben: Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), 120 pp.
- Friesen N., Fritsch R., Blattner F. 2006. Phylogeny and new intrageneric classification of *Allium* (Alliaceae) based on nuclear ribosomal DNA ITS sequences. *Aliso*, 22(1): 372–395. <https://doi.org/10.5642/aliso.20062201.31>
- Fu X., Xie D.F., Zhou Y.Y., Cheng R.Y., Zhang X.Y., Zhou S.D., He X.J. 2023. Phylogeny and adaptive evolution of subgenus *Rhizirideum* (Amaryllidaceae, *Allium*) based on plastid genomes. *BMC Plant Biology*, 23(1): 70. <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03993-z>
- Huo Y., Gao L., Liu B., Yang Y., Kong S., Sun Y., Wu X. 2019. Complete chloroplast genome sequences of four *Allium* species: comparative and phylogenetic analyses. *Scientific Reports*, 9(1): 12250. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48546-9>
- Jin J.J., Yu W.B., Yang J.B., Song Y., DePamphilis C.W., Yi T.S., Li D.Z. 2020. GetOrganelle: a fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes. *Genome Biology*, 21(1): 241. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02154-5>
- Jin Y., Zhang T., Liu B., Zheng C., Huo H., Zhang J. 2022. Comparative and phylogenetic analysis of the complete chloroplast genome sequences of *Allium mongolicum*. *Scientific Reports*, 12(1): 21676. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-26354-0>
- 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>
- Kearse M., Moir R., Wilson A., Stones-Havas S., Cheung M., Sturrock S., Drummond A. 2012. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12): 1647–1649. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199>
- Keusgen M., Fritsch R.M., Hisoriev H., Kurbonova P.A., Khassanov F.O. 2006. Wild *Allium* species (Alliaceae) used in folk medicine of Tajikistan and Uzbekistan. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*, 2: art. 18. <https://doi.org/10.1186/1746-4269-2-18>
- Khassanov F.O., Pulatov S., Asatulloev T., Ergashov I., Tojibaev K.S., Yusupov Z. 2023. *Allium sunhangii* — a new species from section *Brevidentia* F.O. Khass. & Iengal. (Amaryllidaceae) from Southern Pamir-Alay, Uzbekistan. *PhytoKeys*, 219: 35–49. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.219.96464>

- Kurtz S., Choudhuri J.V., Ohlebusch E., Schleiermacher C., Stoye J., Giegerich R. 2001. REPuter: the manifold applications of repeat analysis on a genomic scale. *Nucleic Acids Research*, 29(22): 4633–4642. <https://doi.org/10.1093/nar/29.22.4633>
- Kurbaniyazova G., Levichev I., Rodionov A., Gnutikov A., Jamalova D., Karimov B., Ergashov I., Norxodjayeva A., Kurbaniyazov B., Yusupov Z. 2026. Molecular phylogenetics and morphological diversification in the genus *Gagea* (*Liliaceae*). *Plant Science Today*, 13(1): 1–10. <https://doi.org/10.14719/pst.10947>
- Li J.Y., Yang C., Tian Y.Y., Liu J.X. 2022. Regulation of chloroplast development and function at adverse temperatures in plants. *Plant and Cell Physiology*, 63(5): 580–591. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcac022>
- Li Q.-Q., Zhou S.D., He X.-J., Yu Y., Zhang Y.-C., Wei X.-Q. 2010. Phylogeny and biogeography of *Allium* (*Amaryllidaceae: Allieae*) based on nuclear ribosomal internal transcribed spacer and chloroplast rps16 sequences, focusing on the inclusion of species endemic to China. *Annals of Botany*, 106(5): 709–733. <https://doi.org/10.1093/aob/mcq177>
- Lohse M., Drechsel O., Kahlau S., Bock R. 2013. OrganellarGenomeDRAW — a suite of tools for generating physical maps of plastid and mitochondrial genomes and visualizing expression data sets. *Nucleic Acids Research*, 41(W1): W575–W581. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt289>
- Maréchal A., Brisson N. 2010. Recombination and the maintenance of plant organelle genome stability. *New Phytologist*, 186(2): 299–317. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03152.x>
- Morton B.R. 1998. Selection on the codon bias of chloroplast and cyanelle genes in different plant and algal lineages. *Journal of Molecular Evolution*, 46(4): 449–459. <https://doi.org/10.1007/PL00006321>
- Munavvarov A., Yusupov Z., Ergashov I., Tojibaev K.Sh., Deng T., Sun H. 2022. Complete chloroplast genomes of ten species from subgenus *Allium* (*Allium*, *Amaryllidaceae*). *Plant Diversity of Central Asia*, 1(2): 67–81. https://doi.org/10.54981/PDCA/vol1_iss2/a3
- Nikitina E., Mirzayeva S., Alieva K., Ergashov I., Yusupov Z. 2025. Complete chloroplast genomes and phylogenetic positions of species of the genus *Ziziphora* (*Lamiaceae*) from Uzbekistan. *Ukrainian Botanical Journal*, 82(4): 314–325. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj82.04.314>
- Patel R.K., Jain M. 2012. NGS QC Toolkit: a toolkit for quality control of next generation sequencing data. *PLoS ONE*, 7(2): e30619. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0030619>
- Rakhmatiliev A., Togaev A., Ergashov I., Yusupov Z. 2025. Ethnomedicinal and nutritional applications of *Rheum maximowiczii* Losinsk. in traditional medicine in Uzbekistan. *Ethnobotany Research and Applications*, 31: 1–8. <https://doi.org/10.32859/era.31.44.1-8>
- Rozas J., Ferrer-Mata A., Sánchez-DelBarrio J.C., Guirao-Rico S., Librado P., Ramos-Onsins S.E., Sánchez-Gracia A. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12): 3299–3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- Ronquist F., Huelsenbeck J., Teslenko M. 2011. *Draft MrBayes version 3.2 manual: tutorials and model summaries*, 172 pp. Available at: https://pbil.univ-lyon1.fr/members/perriere/pdf/mb3.2_manual.pdf
- Stamatakis A. 2014. RAXML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30(9): 1312–1313. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>
- Swofford D.L. 2003. PAUP*. *Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and Other Methods)*. Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Tojiboeva U., Azimova D., Mamasoliev S., Sharipova M., Ergashov I., Kadirov U., Esankulov A., Yusupov Z. 2025. The complete chloroplast genomes of *Leonurus turkestanicus* from the Chatkal and Nuratau ridges (Central Asia). *Analele Universității din Oradea, Fascicula Biologie*, 32(2): 206–217.
- Wang J., Fu G.F., Tembrock L.R., Liao X.Z., Ge S., Wu Z.Q. 2023. Mutational meltdown or controlled chain reaction: The dynamics of rapid plastome evolution in the hyperdiversity of *Poaceae*. *Journal of Systematics and Evolution*, 61(2): 328–344. <https://doi.org/10.1111/jse.12854>
- Wang L., Xing H., Yuan Y., Wang X., Saeed M., Tao J., Sun X. 2018. Genome-wide analysis of codon usage bias in four sequenced cotton species. *PLoS ONE*, 13(3): e0194372. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0194372>
- Wheeler E.J., Mashayekhi S., McNeal D.W., Columbus J.T., Pires J.C. 2013. Molecular systematics of *Allium* subgenus *Amerallium* (*Amaryllidaceae*) in North America. *American Journal of Botany*, 100(4): 701–711. <https://doi.org/10.3732/ajb.1200641>
- Wicke S., Naumann J. 2018. Molecular evolution of plastid genomes in parasitic flowering plants. In: *Advances in botanical research*. Vol. 85. London: Academic Press, pp. 315–347. <https://doi.org/10.1016/bs.abr.2017.11.014>
- Xie D.F., Yu H.X., Price M., Xie C., Deng Y.Q., Chen J.P., He X.J. 2019. Phylogeny of Chinese *Allium* species in section *Daghestanica* and adaptive evolution of *Allium* species revealed by the chloroplast complete genome. *Frontiers in Plant Science*, 10: 460. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00460>
- Xie D.F., Tan J.B., Yu Y., Gui L.J., Su D.M., Zhou S.D., He X.J. 2020. Insights into phylogeny, age and evolution of *Allium* (*Amaryllidaceae*) based on the whole plastome sequences. *Annals of Botany*, 125(7): 1039–1055. <https://doi.org/10.1093/aob/mcaa024>
- Yusupov Z., Deng T., Volis S., Khassanov F., Makhmudjanov D., Tojibaev K., Sun H. 2021. Phylogenomics of *Allium* section *Cepa* (*Amaryllidaceae*) provides new insights on domestication of onion. *Plant Diversity*, 43(2): 102–110. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2020.07.008>

Yusupov Z., Ergashov I., Volis S., Makhmudjanov D., Dekhkonov D., Khassanov F., Sun H. 2022. Seed macro- and micromorphology in *Allium* (*Amaryllidaceae*) and its phylogenetic significance. *Annals of Botany*, 129(7): 869–911. <https://doi.org/10.1093/aob/mcac067>

Повні хлоропластні геноми п'яти видів підроду *Melanocrommyum* роду *Allium* (*Amaryllidaceae*)

І. ЄРГАШОВ¹, І. ОРІНБОЄВ², Г. ШОКІРОВА², М. ЮЛДАШОВА²,
М. КУРБОНОВА³, М. АКБАРОВА², А. ТОГАЄВ⁴, З. ЮСУПОВ¹

¹ Інститут ботаніки Академії наук Республіки Узбекистан, Ташкент, Узбекистан

² Ферганський державний університет, Фергана, Узбекистан

³ Туранський міжнародний університет, Карші, Узбекистан

⁴ Термезький університет економіки та сервісу, Термез, Узбекистан

Реферат. Підрід *Melanocrommyum* роду *Allium* (*Amaryllidaceae*) представлений морфологічно різноманітними і таксономічно складними видами, чимало з яких є ендемічними для Центральної Азії. У цьому дослідженні було секвеновано і проаналізовано повні хлоропластні геноми п'яти видів — *A. alaicum*, *A. altissimum*, *A. giganteum*, *A. isakulii* та *A. karataviense* — з п'яти різних таксономічних секцій. Усі пластоми демонстрували типову чотиридольну структуру з консервативним вмістом генів. Розміри геному коливалися від 151 960 до 152 725 п.н. Використання кодонів показало зміщення в бік AGA (Arg) та UUG (Leu), а загалом було ідентифіковано 79–90 простих повторів (SSRs) і 423 довгі повтори. Ділянки інтенсивної дивергенції включали *accD*, *ndhD* та *rps4*, тоді як ген *ycf2* був висококонсервативним, проте мав значний показник ω , що свідчить про можливу адаптивну еволюцію. Філогенетичний аналіз на основі генів, що кодують білки, послідовно визначив дві основні клади досліджених видів, підтверджуючи монофілію підроду та сучасну класифікацію на рівні секцій. Це дослідження надає важливі геномні дані для роду *Allium*, висвітлює еволюцію пластомів у підроді *Melanocrommyum* і визначає маркери для подальших філогенетичних та еволюційних досліджень.

Ключові слова: *Allium*, SSR, використання кодонів, нуклеотидна різноманітність, підрід *Melanocrommyum*, повторні послідовності, філогенетичний аналіз, хлоропластний геном



<https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.020>

RESEARCH ARTICLE

Nomenclatural notes on two names of elms published by P. Miller and R.A. Salisbury: *Ulmus sativa* and *U. procera* (*Ulmaceae*)

Duilio IAMONICO 

Department of Environmental Biology, University of Rome Sapienza,
5 Piazzale Aldo Moro, Rome 00185, Italy

Address for correspondence: duilio.iamonico@uniroma1.it

Abstract. Typification of the elm species names *Ulmus procera* Salisb. and *U. sativa* Mill. is discussed. Both these names are lectotypified on illustrations (which seem to be the only extant original material for each name) published in Gerard's *The Herball, or, Generall historie of plantes*, i.e., respectively, “*Ulmus vulgatissima folio lato scabro*” and “*Ulmus minor, folio angusto, scabro*”. The available molecular and morphological data indicate that the plants placed in *U. procera* are related to *U. minor* s. l., a Eurasian variable species that includes two currently recognized infraspecific taxa, i.e. subsp. *minor* and subsp. *canescens*. Supported by the present nomenclatural study, a coherent taxonomic choice is to consider *U. procera* as a subspecies of *U. minor* (not as a heterotypic synonym of *U. minor* subsp. *minor*, as recognized by various authors). Based on morphological observations, *U. minor* subsp. *procera* can be distinguished from the other two subspecies (subsp. *minor* and subsp. *canescens*) by the lower length/width ratio of the leaf blades (1.1–1.6 vs. 1.7–2.5 times longer than wide). Concerning Miller's *U. sativa*, its leaves features match those of *U. minor* subsp. *minor*, and the two names are here synonymized.

Keywords: morphology, synonymy, typification, *Ulmus minor*

Introduction

The genus *Ulmus* L. (*Ulmaceae* Mirb.) comprises 20–40 species, mainly occurring in the north temperate zones and extending southward into tropical mountains of both hemispheres (see Whittemore et al., 2021, and references therein). The genus was recovered as monophyletic by Zuo et al. (2017) who published the first complete chloroplast genome sequence in *Ulmaceae* (but see also Wiegrefe et al., 1994; Whittemore et al., 2021). Concerning the issue of delimitation of infrageneric taxa in *Ulmus*,

Whittemore (2017) provided a well-supported and elaborate classification, with four subgenera, eight sections, one subsection, and twelve series.

The taxonomy and delimitation of many species in *Ulmus* is much complicated by a long history of human cultivation, which has greatly altered the patterns of morphological variation in *Ulmus* (Whittemore et al., 2021). In Asia and Europe, many variants, often considered earlier as separate species, are now treated as stable cultivars, often of unknown origin (see, e.g., Browicz, Zielinski, 1982; Richens, 1983; Gil et al., 2004). In this context, a

ARTICLE HISTORY. Submitted 10 July 2025. Revised 22 January 2026. Published 26 February 2026

CITATION. Iamónico D. 2026. Nomenclatural notes on two names of elms published by P. Miller and R.A. Salisbury: *Ulmus sativa* and *U. procera* (*Ulmaceae*). *Ukrainian Botanical Journal*, 83(1): 20–26. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.020>

© M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine, 2026

© Publisher PH "Akademperiodyka" of the NAS of Ukraine, 2026

This is an open access article under the CC BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

nomenclatural understanding is fundamental for assuring the application of various names in *Ulmus* which, in turn, facilitates unambiguous communication across different fields, including in areas such as silviculture, horticulture, and applied conservation (Thomson et al., 2018).

As part of the ongoing studies on the genus *Ulmus* (Iamonico, Capotorti, 2025), I investigate here in the nomenclatural context the names *Ulmus sativa* Mill. and *U. procera* Salisb., which need clarification since they appear to be not yet typified properly.

Materials and Methods

This research is based on the analysis of relevant literature (i.e., protologues of the names investigated and works cited therein, and primary floras and other publications in which the studied names are listed or mentioned), and on the search for and study of specimens preserved at BM, LINN, and UPS (acronyms according to Thiers, 2026–onward) and their images available online. Nomenclatural articles cited throughout the text follow the current version of the *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants* (hereafter the ICN), the *Madrid Code* (Turland et al., 2025).

Results and Discussion

Typification and taxonomic identity of *Ulmus procera*

The name *Ulmus procera* was validly published by Salisbury (1796: 391) who reported only: “*U. [Ulmus] campestris* α. *Soland. in Ait. Hort. Kew. v. 1. p. 319*”. This citation refers to Aiton (1789: 319) and, specifically, to *U. campestris* L. var. (α) *vulgaris* Aiton. Aiton (1789: 319) named its var. *vulgaris* as “*Ulmus vulgatissima folio lato scabro*” by citing Gerard (1633: 1478) and Ray (1724: 468) and also reported “*Huds. angl. 109*” after this polynomial. This latter citation would refer to Hudson’s *Flora Anglica* where, however, Hudson (1762) treated elms at pages 94–95 [at page 109 of *Flora Anglica*, as reported by Aiton (1789: 319), there are taxa belonging to the family *Apiaceae* Lindl.]. “*Ulmus vulgatissima folio lato scabro*” (as in Aiton’s *Hortus Kewensis*) was listed by Hudson (1762: 94) as a synonym of *U. campestris*. Finally, “*Ulmus campestris. Mill. dict. Du Roi hort. harb. 495*” was listed as a further synonym by Aiton (1789: 319), and it refers to Miller (1768: *Ulmus* no. 1) and Du Roi (1772: 495). All things

considered, the typification of Salisbury’s *Ulmus procera* should be studied in the context of Aiton’s *Hortus Kewensis* (see Art. 7.4 of the ICN).

Gerard (1633: 170), cited by Aiton (1789), provided an illustration which is original material for the name *Ulmus procera*. This illustration, being the only currently traced original material (no specimen that can be considered for the lectotypification purpose was found), is here designated as the lectotype for *U. procera*.

Gerard’s illustration of “*Ulmus vulgatissima folio lato scabro*” displays leaves clearly asymmetric, but the base of the longer side does not form a lobe overlapping the petiole; the blades are ovate (“two inches [about 5.1 cm] broad and three inches [about 7.6 cm] long” in Gerard’s description) and dentate, with the apex more or less acuminate; there are 10–13 secondary veins (5–7 on each side of the midrib); based on Gerard’s description, the upper surface of the leaves is rough. Most of the characteristics of the leaves match the current concept of both *U. minor* s. l. and *U. procera*, but the surface would refer to *U. procera* only, according to the authors who accepted this latter entity as a separate taxon (see, e.g., Tutin, 1993: 76; Uotila, 2011; Thomas et al., 2018); also, the length/width ratio of the leaf blade agrees with the recognition by Eversham (2021: 18) who specified that it is 1.1–1.6 for *U. procera* and 1.7–2.5 for *U. minor*. On the other hand, several authors consider *U. procera* as a heterotypic synonym of *U. minor* subsp. *minor* (see, e.g., Portal to the Flora of Italy, 2025–onward; POWO, 2026–onward), while some named it as *U. minor* var. *vulgaris* (Richens, 1983), or just *U. minor* with no further infraspecific recognition (Amaral Franco, 1992; Gil et al., 2004; Caudullo, de Rigo, 2016; Whittemore et al., 2021).

The question about the taxonomic recognition of *Ulmus procera* is not completely solved at present. The phylogenetic work by Whittemore et al. (2021) demonstrated that some taxa [i.e., *U. minor* s. str., *U. minor* subsp. *angustifolia* (Weston) C.A. Stace, *U. minor* subsp. *canescens* Bartolucci & Galasso, *U. minor* subsp. *sarniensis* (C.K. Schneid.) C.A. Stace, *U. procera*, and *U. stricta* (Aiton) Lindl. var. *goodyeri* Melville] form a well-supported clade (bootstrap value: 100) comprising subclades with different (low to high) support (bootstrap values from 28 to 100). *Ulmus minor* subsp. *angustifolia* and subsp. *sarniensis* form a highly supported subclade (bootstrap value: 100) and could be considered as separate taxa. On the other hand, *U. minor* subsp. *canescens* Bartolucci

& Galasso (*U. canescens* Melville, *nom. inval.*; *U. minor* subsp. *canescens* Browicz & Ziel., *nom. inval.*) is currently accepted as a separate taxon (see, e.g., Portal to the Flora of Italy, 2025–onward; POWO, 2026–onward), although it forms, together with *U. procera*, a low-supported group (bootstrap value: 54) in the tree proposed by Whitemore et al. (2021). *Ulmus procera* is accepted as a separate species in the *Flora of North America North of Mexico* (Sherman-Broyles et al., 2005). My opinion is that the relationships among the taxa belonging to the *Ulmus minor* aggregate (see Uotila, 2011) need further investigation. Note that Jeffers (1996), based on multivariate analyses on characteristics of the leaves, emphasized that *U. minor* and *U. procera* can be morphologically distinguished by the size of their leaves (which are smaller in *U. minor*). Based on just the lectotype of *U. procera* (Gerard's illustration), which represents the original morphological concept of the taxon, *U. procera* can be also distinguished from *U. minor* s. str. by the surface of leaves (rough vs. smooth; Fig. 1A–B). Tutin (1993: 76) distinguished these two species by the shape of their leaf blades, i.e. “suborbicular to ovate” in *U. procera* and “obovate to oblanceolate” in *U. minor* s. str. (Fig. 1C–D). Eversham (2021: 18), as stated above, specified the length/width ratio of the leaves, identifying *U. procera* with blades 1.1–1.6 times longer than wide and *U. minor* with blades 1.7–2.5 times longer than wide.

All things stated, and waiting for further studies, I prefer to maintain for *Ulmus procera* the status of an accepted taxon. Anyway, considering the case of the current recognition of *U. minor* subsp. *canescens*, I prefer to accept the subspecies rank for Salisbury's elm, according to the proposal by Amoral Franco (1992: 259; see below).

Typification and taxonomic identity of *Ulmus sativa*

Ulmus sativa was validly published by Miller (1768: *Ulmus* no. 3) with a short diagnosis (“*ULMUS (Sativus) foliis ovatis acuminatis duplicato-serratis, calycibus foliaceis*”); the synonym “*Ulmus minor, folio angusto, scabro*” (from Gerard, 1633: 1478) was also cited. Miller (1768) also stated that this species “is not native of England” and “is commonly known in the nursery-gardens by the title of English Elm”. Gerard (1597: 1480) published an illustration which is original material for the name *U. sativa*. No original specimen useful for the lectotypification purpose was traced at BM, LINN, and UPS, where Miller's

herbarium and types are known to be preserved (HUH, 2013). Consequently, Gerard's illustration represents the only known extant original element, and it is here designated as the lectotype of Miller's name.

The taxonomic identity of the lectotype is not so easy to establish. In fact, Gerard's illustration is not so detailed and, especially, it lacks fruit images which features are important for identifying correctly the species of *Ulmus* (see, e.g., Tutin, 1993; Sherman-Broyles et al., 1997; Fu et al., 2003). Note that neither Gerard (1633: 1478) nor Miller (1768: *Ulmus* no. 3) gave information about fruits in their descriptions by stating, respectively, “I have not observed either the flowers or seeds ...” and “... I could never observe any seed upon this sort”. Note that Miller's taxon is considered often as a synonym for *U. minor* subsp. *minor* (see, e.g., POWO, 2026–onward, and references therein). Based on just the morphology of the leaves, they are obovate to oblanceolate and smooth in *U. minor* (see Tutin, 1993: 76). Gerard's “*Ulmus minor, folio angusto, scabro*” has leaves ovate, “usually about two inches and a half long, and an inch or an inch and a quarter broad” (which corresponds to a length/width ratio of 2.0–2.5:1), more or less asymmetric, with the base of the longer side not forming a lobe overlapping the petiole, and the apex acute; leaf surface is rough, according to the description by Gerard (1633: 1478). The length/width ratio highly overlaps that referring to *U. minor* (ratio 1.7–2.5) while it is out of the range for *U. procera* (ratio 1.1–1.6:1) (see Eversham, 2021: 18). On the other hand, leaf surface would be rough (Gerard, 1633: 1478), a character which would be diagnostic for *U. procera* (here recognized as a subspecies, see below). However, it is to be noted that, in elms, species where mature leaves on lateral branches are normally smooth, have often scabrous leaves on leaders, on shoots regenerating after the tree has been cut back or otherwise damaged, or when they are juvenile. The fact that Gerard (1633) described his “*Ulmus minor, folio angusto, scabro*” as a plant growing in a hedge suggests that it may have been cut back. Consequently, I here consider *U. sativa* as synonym of *U. minor* s. str., according to the prevailing opinions in the current literature.

Taxonomic treatment

Ulmus minor Mill., Gard. Dict., ed. 8.: no. 6. 1768 (Miller, 1768: unpaginated, *Ulmus* no. 6) subsp. *minor*.



Fig. 1. Leaves in *Ulmus minor* subsp. *procera* and *U. minor* subsp. *minor* (s. str.). A, B: adaxial surface [A: *U. minor* subsp. *procera* (from specimen at RO collected in Rome along the Tevere (Tiber) River); B: *U. minor* subsp. *minor* (from specimen at RO collected at the Circeo National Park, southern Lazio, central Italy)]; C, D: shape [C: *U. minor* subsp. *procera* (from specimen at RO collected in Rome along the Tevere (Tiber) River); D: *U. minor* subsp. *minor* (from Portal to the Flora of Italy, 2025 under the CC-BY-SA 4.0 license)]

TYPE (neotype, designated by Iamónico & Capotorti, 2025: 1215): Great Britain, England, Leicestershire, Owston to Launde road, Apr 1933, “Ex Herb. F. A. Sowter” (SLBI!; image of the neotype available at <https://herbariaunited.org/sheets/SLBI/41923.jpg>).

= *Ulmus sativa* Mill., Gard. Dict., ed. 8.: *Ulmus* no. 3. 1768 (Miller, 1768: unpaginated, *Ulmus* no. 3).

TYPE (**lectotype, here designated**): [illustration] “*Ulmus minor*, folio angusto, scabro” in Gerard (1633: 1478; image of the lectotype available at <https://www.biodiversitylibrary.org/item/33580#page/1444/mode/1up>).

Ulmus minor Mill. subsp. *canescens* Bartolucci & Galasso, Ital. Botanist 7: 138. 2019.

TYPE (holotype): Greece, Thrace, Karakeuy, 17 May 1932, *H.G. Tedd 806* (K000852646!; image of the holotype available at <https://d2jcv3kl45hlgi.cloudfront.net/0483c141a7e7ffd7fcd7aedb3cadadb4.jpg>).

Ulmus minor Mill. subsp. *procera* (Salisb.) Franco, Anales Jard. Bot. Madrid 50: 259. 1992 = *Ulmus procera* Salisb., Prodr. Stirp. Chap. Allerton: 391. 1796 = *Ulmus campestris* L. subsp. *procera* (Salisb.) Maire, Bull. Soc. Hist. Nat. Afrique N. 30: 364. 1939.

TYPE (**lectotype, here designated**): [illustration] “*Ulmus vulgarissima* folio lato scabro” in Gerard (1633: 1740; image of the lectotype available at <https://www.biodiversitylibrary.org/item/33580#page/1444/mode/1up>).

Diagnostic key of the subspecies included in

Ulmus minor

1. Ratio length/width of the blade 1.1–1.6:1 (Fig. 1C) subsp. *procera*
– Ratio length/width of the blade 1.7–2.5:1 (Fig. 1D) 2
2. Leaves and branchlets glabrous to slightly pubescent; secondary veins 7–12 subsp. *minor*
– Leaves and branchlets densely pubescent; secondary veins 12–16 subsp. *canescens*

Notes on the distribution and habitat of *Ulmus minor* subsp. *procera*: *Ulmus minor* subsp. *procera* is a species native to Europe (England, Wales, Scotland, Spain, and the Balkans) and North Africa (Algeria and Tunisia), according to Uotila (2011, sub *U. procera*), whereas it is considered alien in Ireland and Northern Ireland and

doubtfully native in Libya. Concerning Italy, no record occurs in the *Euro+MedPlant Base* (Uotila, 2011). According to Brullo and Spampinato (1999), *U. minor* subsp. *procera* (reported as *U. procera*) is a diagnostic species of the alliance *Alno-Quercion roboris* Horvat 1950 (order *Populetales albae* Br.-Bl. ex Tchou 1948; class *Salici Purpureae-Populetea Nigrae* Rivas-Martínez et al. 2001) which represents hygrophilous and acidophilous forest communities that grow on plains and hills. Based on the relevés by Brullo and Spampinato (1999: 144, Table 1), *U. minor* subsp. *procera* (which was listed in relevés nos. 3 and 5) occurs in Italy in the Friuli-Venezia Giulia region (north-east) and Molise region (the southeastern part of the Italian Peninsula). My examination of specimens preserved at RO revealed plants identifiable as *U. minor* subsp. *procera* and collected in Trentino-Alto Adige in Province of Bolzano (northern Italy), as well as in Lazio regions (central Italy), in both Province of Viterbo (around Lake Bracciano) and Metropolitan City of Rome, along the bank of the Tevere (Tiber) River.

Specimina visa (selected specimens examined): Italy, Trentino-Alto Adige region, Province of Bolzano, pie' e dintorni, ca. 900 m a.s.l., VIII.1959, Anzalone s.n. (RO!); Viterbo, presso il lago di Bracciano, IX 1973, Anzalone s.n. (RO!); Lazio, Roma, Rive del Tevere entro città, Lungotevere della Vittoria, X 1975, Anzalone s.n. (RO!); *ibidem* (RO!); *ibidem* (RO!); Lazio, Roma, Rive del Tevere in città, presso Ponte Milvio riva sin., X 1976, Anzalone s.n. (RO!); Lazio, Roma, Rive del Tevere, Lungotevere Ripa, IX 1978, Anzalone s.n. (RO!).

Acknowledgements

Thanks are due to two reviewers for their valuable comments and suggestions and to Directors and Curators of the herbaria cited for the useful discussion about Miller's collection.

Project funded under the National Recovery and Resilience Plan (NRRP), Mission 4 Component 2 Investment 1.4 — Call for tender No. 3138 of 16 December 2021, rectified by Decree n. 3175 of 18 December 2021 of Italian Ministry of University and Research funded by the European Union — Next-GenerationEU. Project code CN_00000033, Concession Decree No. 1034 of 17 June 2022 adopted by the Italian Ministry of University and Research, CUP B83C22002950007, Project title “National Biodiversity Future Center — NBFC”.

ETHICS DECLARATION

The author declares no conflict of interest.

ORCID

D. Iamónico  <https://orcid.org/0000-0001-5491-7568>

REFERENCES

- Aiton W. 1789. *Hortus Kewensis; or, a catalogue of the plants cultivated in the Royal Botanic Garden at Kew*. Vol. 1. London: George Nicol, xxx + 496 pp. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.4504>
- Amaral Franco J. do. 1992. *Ulmus minor* subsp. *procera* (Salisb.) Franco, comb. nov. *Anales del Jardín Botánico de Madrid*, 50: 259.
- Browicz K., Zielinski J. 1982. *Ulmus*. In: *Flora of Turkey*. Vol. 7. Ed. P.H. Davis. Edinburgh: Edinburgh University Press, pp. 645–648.
- Brullo S., Spampinato G. 1999. Syntaxonomy of hygrophilous woods of the *Alno-Quercion roboris*. *Annali di Botanica (Roma)*, 57: 133–146. <https://doi.org/10.4462/annbotrm-9053>
- Caudullo G., de Rigo D. 2016. *Ulmus* — elms in Europe: distribution, habitat, usage and threats. In: *European Atlas of Forest Tree Species*. Eds J. San-Miguel-Ayanz, D. de Rigo, G. Caudullo, T. Houston Durrant, A. Mauri. Luxembourg: Publ. Off. EU, pp. 186–188. <https://doi.org/10.2760/776635>
- Du Roi J.P. 1772. *Die Harbkesche wilde Baumzucht theils Nordamerikanischer und anderer fremder: Theils einheimischer Bäume, Sträucher und Strauchartigen Pflanzen, nach den Kennzeichen der Anzucht, den Eigenschaften und der Benutzung*. Vol. 2. Braunschweig: im Verlage de Fürstl. Waisenhaus-Buchhandlung, 512 pp. + Index (unpaged) + Tab. iv–vi. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.139988>
- Eversham B. 2021. *Identifying British Elms Ulmus*. Version 2.3.1. Wildlife Trust BNC, 138 pp. Available at: <https://www.wildlifecbn.org/sites/default/files/2021-07/Complete%20key%20to%20native%20and%20naturalised%20elms.pdf> (Accessed 02 July 2025).
- Fu L.-K., Xin J., Whitemore A. 2003. *Ulmaceae*. In: *Flora of China*. Vol. 5. Eds Z.Y. Wu, P.H. Raven, D.Y. Hong. Beijing: Science Press; St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, pp. 1–19.
- Gerard [“Gerarde”] J. 1597. *The Herball, or, Generall historie of plantes*. London: Iohn Norton [Imprinted at London, By Iohn Norton], 1482 pp. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.51606>
- Gerard [“Gerarde”] J. 1633. *The Herball, or, Generall historie of plantes*. Ed. T. Jonson. London: Adam Islip, Joice Norton and Richard Whitakers. [33 pp. introduction, unpaged] + 1678 pp. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.121658>
- Gil L., Fuentes-Utrilla P., Soto Á., Cervera M.T., Collada C. 2004. English elm is a 2,000-year-old Roman clone. *Nature*, 431: 1053. <https://doi.org/10.1038/4311053a>
- Hudson W. 1762. *Flora Anglica*. Londini [London]: Impensis Auctoris [self-published], viii + [8 pp., unpaged] + 536 pp. [+ 22 pp., indexes, unpaged]. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.124863>
- HUH. 2013. Miller, Philip. In: *Harvard University Herbaria & Libraries. Index of Botanists*. Available at: https://kiki.huh.harvard.edu/databases/botanist_search.php?mode=details&id=143 (Accessed 22 January 2026).
- Iamónico D., Capotorti C. 2025. Nomenclatural notes on some European elm names (*Ulmaceae*). *Taxon*, 74(5): 1213–1216. <https://doi.org/10.1002/tax.13358>
- Jeffers J.N.R. 1996. Multivariate analysis of a reference collection of elm leaves. *Journal of Applied Statistics*, 23(6): 571–587. <https://doi.org/10.1080/02664769623946>
- Miller P. 1768. *The Gardeners Dictionary*. 8th ed. London: Printed for the author and sold by John and Francis Rivington. Without pagination.
- Portal to the Flora of Italy. 2025–onward. Available at: <https://dryades.units.it/floritaly/index.php> (Accessed 22 January 2026).
- POWO. 2026–onward. *Plants of the World Online*. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew. Available at: <https://powo.science.kew.org/> (Accessed 22 January 2026).
- Ray J. 1724. *Synopsis Methodica Stirpium Britannicarum*. 3rd ed. Londini [London]: Impensis Gulielmi & Joannis Innys Regiae Societatis Typographorum. xvi + 482 pp. + [30 pp., indexes, unpaged]. Available at: <https://www.biodiversitylibrary.org/bibliography/75077>
- Richens R.H. 1983. *Elms*. Cambridge: Cambridge University Press, 360 pp.
- Salisbury R.A. 1796. *Prodromus stirpium in horto ad Chapel Allerton vigentium*. Londini [London], vii + 422 pp. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.427>
- Sherman-Brotles S.L., Barker W.T., Schultz L.M. 2005. *Ulmaceae*. In: *Flora of North America North of Mexico*. Vol. 3. Eds Flora of North America Editorial Committee. New York & Oxford: Oxford University Press, pp. 368–380.
- Thiers B. 2026–onward [continuously updated]. *Index Herbariorum. A global directory of public herbaria and associated staff*. New York Botanical Garden’s Virtual Herbarium. Available at: <http://sweetgum.nybg.org/science/ih> (Accessed 22 January 2026).
- Thomas P.A., Stone D., La Porta N. 2018. Biological Flora of the British Isles: *Ulmus glabra*. *Journal of Ecology*, 106(4): 1724–1766. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12994>

- Thomson S.A., Pyle R.L., Ah Yong S.T., Alonso-Zarazaga M., Ammirati J., Araya J.F., and 178 co-authors. 2018. Taxonomy based on science is necessary for global conservation. *PLoS Biology*, 16(3): e2005075. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.2005075>
- Turland N.J., Wiersema J.H., Barrie F.R., Gandhi K.N., Gravendyck J., Greuter W., Hawksworth D.L., Herendeen P.S., Klopfer R.R., Knapp S., Kusber W.-H., Li D.-Z., May T.W., Monro A.M., Prado J., Price M.J., Smith G.F., Zamora Señoret J.C. 2025. *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Madrid Code)* [Regnum Vegetabile, vol. 162]. Chicago, USA: University of Chicago Press. <https://doi.org/10.7208/chicago/9780226839479.001.0001>
- Tutin T.G. 1993. *Ulmus*. In: *Flora Europaea*. Vol. 1. 2nd ed. Eds T.G. Tutin, N.A. Burges, A.O. Chater, J.R. Edmonson, V.H. Heywood, D.M. Moore, D.H. Valentine, S.M. Walters, D.A. Webb. Cambridge: Cambridge University Press, p. 76.
- Uotila P. 2011–onward. *Ulmaceae*. In: *Euro+Med Plantbase — the information resource for Euro-Mediterranean plant diversity*. Available at: https://europlusmed.org/cdm_dataportal/taxon/4412a0fe-627d-46ad-87b9-db12b3b7de72 (Accessed 22 January 2026).
- Whittemore A.T. 2017. Typification of infrageneric names in *Ulmus* L. (*Ulmaceae*). *Phytotaxa*, 297(3): 291–294. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.297.3.11>
- Whittemore A.T., Fuller R.S., Brown B.H., Hahn M., Gog L., Weber J.A., Hipp A.L. 2021. Phylogeny, biogeography, and classification of the elms (*Ulmus*). *Systematic Botany*, 46(3): 711–727. <https://doi.org/10.1600/036364421X16312068417039>
- Wiegrefe S.J., Sytsma K.J., Guries R.P. 1994. Phylogeny of elms (*Ulmus*, *Ulmaceae*): Molecular evidence for a sectional classification. *Systematic Botany*, 19(4): 590–612. <https://doi.org/10.2307/2419779>
- Zuo L.-H., Shang A.-Q., Zhang S., Yu X.-Y., Ren Y.-C., Yang M.-S., Wang J.-M. 2017. The first complete chloroplast genome sequences of *Ulmus* species by *de novo* sequencing: Genome comparative and taxonomic position analysis. *PLoS ONE*, 12: e0171264. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0171264>

**Номенклатурні нотатки щодо двох назв в'язів, опублікованих
Ф. Міллером і Р. Солсбері: *Ulmus sativa* та *U. procera* (*Ulmaceae*)**

Д. ІАМОНІКО

Римський університет Сапієнца, Рим, Італія

Реферат. Обговорюється типіфікація видових назв *Ulmus procera* Salisb. та *U. sativa* Mill. Обидві назви лектотипізовані ілюстраціями, опублікованими у роботі Джерарда “*The Herball, or, Generall historie of plantes*” (“Травник, або Загальна історія рослин”) які, очевидно, є єдиними наявними оригінальними елементами обох назв, а саме, відповідно, “*Ulmus vulgarissima folio lato scabro*” та “*Ulmus minor, folio angusto, scabro*”. Наявні молекулярні та морфологічні дані вказують на те, що рослини, ідентифіковані як *U. procera*, є близько спорідненими з *U. minor* s. l., євразійським варіабельним видом, який наразі включає два визнані внутрішньовидові таксони – subsp. *minor* і subsp. *canescens*. Як вказує наша номенклатурна розвідка, доцільно розглядати *U. procera* як підвид *U. minor* (а не як гетеротипний синонім *U. minor* subsp. *minor*, як визнають різні автори). За морфологічними ознаками *U. minor* subsp. *procera* відрізняється від двох інших підвидів — subsp. *minor* і subsp. *canescens* — меншим співвідношенням довжини до ширини листових пластинок (які є довшими за ширину в 1,1–1,6, а не в 1,7–2,5 рази). Що стосується *U. sativa* у розумінні Міллера, характерні ознаки листків цього виду збігаються з ознаками *U. minor* subsp. *minor*, і ці дві назви тут синонімізовані.

Ключові слова: морфологія, синонімія, типіфікація, *Ulmus minor*



<https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.027>

RESEARCH ARTICLE

Pollen morphology of representatives of the genus *Petrosimonia* (*Chenopodiaceae* s. str. / *Amaranthaceae* s. l.) of the flora of Ukraine

Zoya TSYMBALYUK * , Lyudmila NITSENKO , Lyudmyla BEZUSKO 

M.G. Kholodny Institute of Botany, National Academy of Sciences of Ukraine,
2 Tereshchenkivska Str., Kyiv 01601, Ukraine

* Author for correspondence: palynology@ukr.net

Abstract. Pollen morphology of *Petrosimonia brachiata*, *P. oppositifolia*, and *P. triandra* (*Salsoloideae*, *Chenopodiaceae* s. str. / *Amaranthaceae* s. l.) of the flora of Ukraine was investigated using light and scanning electron microscopy. For *Petrosimonia triandra*, such data are provided here for the first time. The objective of the present study was to obtain data on pollen characteristics of these species and to assess the significance of characters for species-specific identification. Pollen grains in the studied species are pantoporate, spheroidal, circular in outline, slightly undulate or undulate on the edges; small- and medium-sized. Exine sculpture is nanoechinulate, tectum is psilate-perforate. Pore membranes are nanoechinulate. The exine structure (columellae) of pollen grains of all species was analyzed for the first time in the present study. Significance of pollen grain traits for the taxonomy and pollen analysis in paleopalynology is discussed. UPGMA dendrograms based on palynomorphological data support the differentiation of studied species. Pollen grains of *P. triandra* differ from those of *P. brachiata* and *P. oppositifolia* in their size, distances between pores and between pore centers, as well as the number of pores. Pollen grains in *P. brachiata* have larger size and number of pores, larger nanoechini, and shorter columellae than those in *P. oppositifolia*.

Keywords: light microscopy, palynomorphology, pollen analysis, scanning electron microscopy, sculpture, structure, UPGMA

Introduction

The genus *Petrosimonia* Bunge belongs to the subfamily *Salsoloideae* (*Chenopodiaceae* s. str. / *Amaranthaceae* s. l.), and comprises 10 to 12 species (Iljin, 1952; Hernández-Ledesma et al., 2015; POWO, 2025–onward), or up to 15 species (Tzvelev, 1996). Representatives of the genus are annual herbaceous plants occurring from southeastern and eastern

Europe to Mongolia and Afghanistan, mainly within the belts of deserts, semi-deserts, and steppes (Kühn et al., 1993; Zhu et al., 2003; Hernández-Ledesma et al., 2015; POWO, 2025–onward). In the flora of Ukraine, the genus is represented by three species, *P. brachiata* (Pall.) Bunge, *P. oppositifolia* (Pall.) Litv., and *P. triandra* (Pall.) Simonk. (Iljin, 1952; Tzvelev, 1996; Mosyakin, Fedoronchuk, 1999). All species are plants of salt marshes and

ARTICLE HISTORY. Submitted 10 July 2025. Revised 08 January 2026. Published 26 February 2026

CITATION. Tsymbalyuk Z., Nitsenko L., Bezusko L. 2026. Pollen morphology of representatives of the genus *Petrosimonia* (*Chenopodiaceae* s. str. / *Amaranthaceae* s. l.) of the flora of Ukraine. *Ukrainian Botanical Journal*, 83(1): 27–39. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.027>

© M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine, 2026

© Publisher PH "Akadempriodyka" of the NAS of Ukraine, 2026

This is an open access article under the CC BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

partly gypsum-bearing slopes, with the exception of *P. triandra*, which also inhabits solonchaks and solonchak steppes (Iljin, 1952; Grozeva et al., 2019). There are many publications devoted to the use of halophytes as helpful tools for the restoration of degraded lands and soil protection (Qadir, Oster, 2004; Grozeva et al., 2019). Halophytic plants have a wide range of active components and medicinal properties (De Gregorio et al., 2024). *Petrosimonia* species have high economic value in some Eurasian deserts and semi-deserts as they are good autumn-winter feed for many types of livestock and are harvested in large quantities for this purpose for the winter; and are even recommended for cultivation on the salty soils (Iljin, 1952; Feodorova, Aleksandrov, 2015).

A rather comprehensive taxonomic treatment of the genus *Petrosimonia* in Ukraine was published by Iljin (1952). The author included *Petrosimonia brachiata* in the section *Brachyphyllon* Iljin, *P. oppositifolia* — section *Synandra* Iljin, and *P. triandra* — section *Oligandra* Iljin (Iljin, 1952). Tzvelev (1996), however, placed *P. triandra* in its own newly described section, *Petrosimonia* sect. *Triandra* Tzvelev. Molecular phylogenetic studies of the tribe *Salsola* s. l., including three species of *Petrosimonia*, was carried out by Akhani et al. (2007). According to molecular data, *Petrosimonia* and *Ofaiston* Raf. form a clade that, in turn, is sister to the clade containing the genus *Climacoptera* Botsch. The authors noted that *Petrosimonia* and *Ofaiston* are quite distinct morphologically, but *Petrosimonia* was supported as a monophyletic lineage in all analyses (Akhani et al., 2007). Molecular phylogenetic studies of *Salsola*, mainly species occurring in China, including six species of *Petrosimonia*, have confirmed the monophyly of this genus (Wen et al., 2010). Molecular phylogenetic studies of ten Eurasian species of *Petrosimonia* were conducted by Feodorova and Aleksandrov (2015). It has been shown that *Petrosimonia* comprises a monophyletic lineage, and sections of the genus were compared with the revealed clades.

The palynomorphological traits are often used as additional diagnostic features in taxonomy and phylogenetic reconstructions (Tymbalyuk et al., 2022; Borsch, Flores-Olvera, 2025, and references therein), as well as for spore-pollen analysis in paleopalynology (Lu et al., 2019; Marinova et al., 2023; Mudie et al., 2025). The presence of representatives of *Petrosimonia* in fossil palynofloras expands

the possibilities of using the results of paleopalynological studies in reconstructing the patterns of distribution of halophytic vegetation in the past in space and time (Bezusko et al., 2006).

Pollen morphology of *Petrosimonia* was studied using light and/or scanning electron microscopy by several authors (Kupriyanova, Alyoshina, 1972; Monoszon, 1973; Tymbalyuk, 2005, 2008; Grozeva et al., 2019; Sonyan, Hayrapetyan, 2021; Sonyan et al., 2022). Kupriyanova and Alyoshina (1972) investigated pollen grains of *P. oppositifolia*. Monoszon (1973) described pollen grains of *P. brachiata* and *P. oppositifolia*. Grozeva et al. (2019) investigated pollen morphology in two different populations of *P. brachiata*, the only representative of the genus in Bulgaria. The authors did not find significant variability in pollen morphological traits. Sonyan and Hayrapetyan (2021) and Sonyan et al. (2022) investigated pollen grains of *P. brachiata* and *P. glauca* Bunge. The authors also found no significant differences between the two representatives of the genus in any of the four main pollen diagnostic characters used.

Our analysis of literature demonstrated that knowledge about the morphology of pollen grains in *Petrosimonia* still remains rather fragmentary, and, in particular, the exine sculpture and exine structure have not been studied in detail. Pollen grains of *P. oppositifolia* were studied only with a light microscope. Pollen grains of *Petrosimonia triandra* have not been studied previously. The present palynomorphological investigation of *P. brachiata*, *P. oppositifolia*, and *P. triandra* was carried out in order to provide detailed quantitative and qualitative data on their pollen characters and to evaluate the significance of these data for the species-specific identification.

Materials and Methods

Plant material

Pollen grains of six specimens belonging to *P. brachiata*, *P. oppositifolia* and *P. triandra* species were sampled in the National Herbarium of Ukraine (KW — Herbarium of the M.G. Kholodny Institute of Botany, National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv; the herbarium acronym is given according to Thiers (2025). Abbreviations of taxon author names follow Brummitt and Powell (1992), with additions available from the continuously updated IPNI (2025–onward) and POWO (2025–onward) online databases.

List of specimens investigated

***Petrosimonia brachiata*:** 1. Kherson Region, Novotroitske District [since 2020 included in Henichesk District], Tyubek Peninsula, near Sivash. 8 September 1937. G. Bilyk (KW). 2. [Kherson Region] Arabatska Strilka, Henichesk, salt marsh. 9 September 1936. G. Bilyk (KW).

***Petrosimonia oppositifolia*:** 1. Crimea, Dzhanhoy District, Stalne village, the shore of Sivash. 18 August 1996. Ranetskaya (KW093150). 2. Dnipropetrovsk Region [now in Kherson Region], Henichesk District, northern shore of Sivash, Kuyuk-Tuk Island, bottom of the gorge. 15 June 1925. Krivosheev (KW).

***Petrosimonia triandra*:** 1. Crimea, Kerch Peninsula, Mount Opuk, top of the rock. 21 August 1976. O. Dubovyk (KW). 2. [Donetsk Region] Artemivsk [now Bakhmut] District. 13 August 1928. P. Oksiyuk (KW).

Palynomorphological analysis

The methods used in the present study have been described in details earlier (Tsymbalyuk et al., 2023a, 2023b, etc.). For LM (light microscopy) studies (Biolar $\times 700$), the pollen was acetolyzed following Erdtman (1952), mounted on slides with glycerinated gelatin, analyzed, and photomicrographed. Pollen morphometric features of 30 properly developed pollen grains from each specimen were measured, and the measurements included the following parameters: pollen diameter, pore diameter, distance between pores, exine thickness. The distance between pore centers and C/D value (C — distance between pore centers, D — pollen diameter) were calculated (McAndrews, Swanson, 1967). The number of pores was calculated by multiplying the number of pores visible on the surface by two and adding the number of pores at the edge of the pollen grain. For all quantitative characters, descriptive statistics was applied and the range (minimum–maximum), arithmetic mean and standard deviation were calculated using Microsoft Excel software. The slides were deposited in the Palynotheca (KW-P; reference pollen collection) at the National Herbarium of Ukraine.

Acetolyzed as well as dry pollen grains were treated with 96% ethanol, and then the samples were sputter-coated with gold in a vacuum installation and examined using SEM — scanning electron microscopy (JEOL JSM-6060LA) at the Centre of Electron Microscopy of the M.G. Kholodny Institute of Botany. The measurements of the nanoechini

and columellae were taken on 6–8 pollen grains from each specimen from SEM micrographs and made using the program AxioVision Rel.4.8.2. The numbers of nanoechini per unit area ($4\ \mu\text{m}^2$) and on pore membranes were determined (Tsymbalyuk et al., 2022, 2023a, 2023b, 2024). Terminology used in descriptions of pollen grains follows the glossaries of Punt et al. (2007) and Halbritter et al. (2018). LO-analysis was used according to Erdtman (1952).

Statistical analysis

The specific quantitative features were assessed for numerical analysis. Thirteen quantitative characters were used to evaluate *Petrosimonia* phenetic similarities: pollen and pore diameter, distance between pores and between pore centres, pore number, C/D value, and exine thickness (Table 1); nanoechini: height, width at the base, number/ $4\ \mu\text{m}^2$, number on pore membranes; columellae: height and thickness (Table 2). Cluster analysis was carried out using the Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA). The Euclidean distance was used as a similarity index in clustering analyses. PAST (PAleontological STatistics) v. 4.08 was used for the analysis (Hammer et al., 2001). The variability of the characters of pollen has been examined by Box plots.

Results

Description of pollen grains

Petrosimonia brachiata (Figs 1A–D; 2A–F; 3G, J).

LM. Pollen grains monads, isopolar, spheroidal, circular in outline, slightly undulate on the edge; small or medium-sized: pollen diameter (D) = 21.28–29.26 μm ; pantoporate, with 36–53 pores evenly distributed on the surface. Pores circular, 2.12–3.32 μm in diameter, with distinct or indistinct margins. Distance between pores 2.26–3.72 μm , distance between pore centres (C) = 4.65–7.04 μm . C/D = 0.181–0.278. Exine 2.26–2.66 μm thick (Table 1). Sexine thicker than nexine. Columellae distinct or indistinct. LO-analysis: columellae distinct, circular, densely distributed, nanoechini indistinct or invisible.

SEM. Exine sculpture nanoechinata; nanoechini conic with straight sides and acute apex, 0.05–0.17 μm high, 0.12–0.26 μm wide at base, sparsely or more densely distributed ($16\text{--}24/4\ \mu\text{m}^2$); tectum psilate-perforate in areas between nanoechini. Pore membranes with nanoechini (in number 8–19),

Table 1. **Pollen quantitative characters (using LM): the values are presented as Mean $\pm$ Standard deviation and Range (minimum–maximum) (all measurements given as μm); 1, 2 — specimen number; G — general specimens' measurements**

Species	Pollen diameter (D)	Pore diameter	Distance between pores	Distance between pore centres (C)	Pore number	C/D	Exine thickness
<i>Petrosimonia brachiata</i> 1	26.60 $\pm$ 1.36 23.94–29.26	2.69 $\pm$ 0.23 2.39–3.32	2.92 $\pm$ 0.36 2.66–3.72	5.61 $\pm$ 0.53 5.05–6.65	46.04 $\pm$ 4.43 36–53	0.21 $\pm$ 0.01 0.18–0.25	2.58 $\pm$ 0.10 2.39–2.66
<i>Petrosimonia brachiata</i> 2	24.80 $\pm$ 2.15 21.28–29.26	2.67 $\pm$ 0.35 2.12–3.32	2.83 $\pm$ 0.41 2.26–3.72	5.51 $\pm$ 0.71 4.65–7.04	45.80 $\pm$ 3.45 40–52	0.22 $\pm$ 0.02 0.19–0.27	2.45 $\pm$ 0.14 2.26–2.66
<i>Petrosimonia brachiata</i> G	25.72$\pm$2.00 21.28–29.26	2.68$\pm$0.29 2.12–3.32	2.88$\pm$0.39 2.26–3.72	5.56$\pm$0.63 4.65–7.04	45.92$\pm$3.99 36–53	0.21$\pm$0.02 0.18–0.27	2.52$\pm$0.14 2.26–2.66
<i>Petrosimonia oppositifolia</i> 1	23.45 $\pm$ 1.10 21.28–25.27	2.80 $\pm$ 0.23 2.39–3.32	2.87 $\pm$ 0.27 2.39–3.32	5.68 $\pm$ 0.40 5.05–6.65	38.04 $\pm$ 3.14 34–46	0.24 $\pm$ 0.01 0.22–0.27	2.40 $\pm$ 0.14 2.12–2.66
<i>Petrosimonia oppositifolia</i> 2	21.28 $\pm$ 1.57 18.62–25.27	2.75 $\pm$ 0.38 2.26–3.72	2.74 $\pm$ 0.27 2.39–3.32	5.49 $\pm$ 0.51 4.78–7.04	37.10 $\pm$ 2.40 34–42	0.25 $\pm$ 0.01 0.23–0.28	2.39 $\pm$ 0.17 2.12–2.66
<i>Petrosimonia oppositifolia</i> G	22.42$\pm$1.73 18.62–25.27	2.78$\pm$0.31 2.26–3.72	2.81$\pm$0.28 2.39–3.32	5.59$\pm$0.46 4.78–7.04	37.59$\pm$2.85 34–46	0.25$\pm$0.01 0.22–0.28	2.39$\pm$0.16 2.12–2.66
<i>Petrosimonia triandra</i> 1	25.00 $\pm$ 1.25 22.61–26.60	2.80 $\pm$ 0.40 2.26–3.99	2.07 $\pm$ 0.18 1.59–2.39	4.88 $\pm$ 0.43 3.99–5.98	64.76 $\pm$ 3.55 58–74	0.19 $\pm$ 0.01 0.16–0.23	2.47 $\pm$ 0.18 1.99–2.66
<i>Petrosimonia triandra</i> 2	23.20 $\pm$ 0.98 21.28–25.27	2.62 $\pm$ 0.27 2.26–3.32	2.17 $\pm$ 0.14 1.99–2.39	4.79 $\pm$ 0.35 4.25–5.71	58.30 $\pm$ 2.62 54–64	0.20 $\pm$ 0.01 0.18–0.23	2.38 $\pm$ 0.18 1.99–2.66
<i>Petrosimonia triandra</i> G	24.28$\pm$1.45 21.28–26.60	2.72$\pm$0.36 2.26–3.99	2.11$\pm$0.17 1.59–2.39	4.84$\pm$0.41 3.99–5.98	62.18$\pm$4.51 54–74	0.19$\pm$0.01 0.16–0.23	2.43$\pm$0.19 1.99–2.66

Table 2. **Pollen quantitative characters (using SEM): the values are presented as Mean $\pm$ Standard deviation and Range (all measurements given as μm); 1, 2 — specimen number; G — general specimens' measurements**

Species	Nanoechini				Columellae	
	Height	Width at the base	Number/4 μm^2	Number on pore membranes	Height	Thickness
<i>Petrosimonia brachiata</i> 1	0.10 $\pm$ 0.03 0.05–0.17	0.21 $\pm$ 0.02 0.16–0.26	20.72 $\pm$ 2.04 18–24	15.12 $\pm$ 2.84 10–19	0.50 $\pm$ 0.20 0.20–0.93	0.22 $\pm$ 0.03 0.18–0.28
<i>Petrosimonia brachiata</i> 2	0.11 $\pm$ 0.03 0.05–0.16	0.19 $\pm$ 0.03 0.12–0.25	19.58 $\pm$ 2.66 16–23	12.53 $\pm$ 3.24 8–19	0.68 $\pm$ 0.19 0.20–0.96	0.21 $\pm$ 0.03 0.17–0.28
<i>Petrosimonia brachiata</i> G	0.10$\pm$0.03 0.05–0.17	0.20$\pm$0.03 0.12–0.26	20.13$\pm$2.45 16–24	13.87$\pm$3.30 8–19	0.60$\pm$0.21 0.20–0.96	0.22$\pm$0.03 0.17–0.28
<i>Petrosimonia oppositifolia</i> 1	0.08 $\pm$ 0.02 0.05–0.12	0.17 $\pm$ 0.02 0.12–0.21	19.25 $\pm$ 1.53 17–21	11.35 $\pm$ 3.88 6–18	0.53 $\pm$ 0.19 0.20–0.84	0.21 $\pm$ 0.02 0.18–0.26
<i>Petrosimonia oppositifolia</i> 2	0.09 $\pm$ 0.02 0.05–0.14	0.19 $\pm$ 0.02 0.12–0.24	19.25 $\pm$ 2.58 16–23	12.50 $\pm$ 3.67 7–18	0.79 $\pm$ 0.33 0.21–1.29	0.21 $\pm$ 0.03 0.17–0.27
<i>Petrosimonia oppositifolia</i> G	0.09$\pm$0.02 0.05–0.14	0.18$\pm$0.02 0.12–0.24	19.25$\pm$1.85 16–23	11.92$\pm$3.82 6–18	0.66$\pm$0.30 0.20–1.29	0.21$\pm$0.02 0.17–0.27
<i>Petrosimonia triandra</i> 1	0.07 $\pm$ 0.01 0.04–0.10	0.16 $\pm$ 0.02 0.13–0.21	20.45 $\pm$ 1.87 18–24	10.10 $\pm$ 3.08 6–18	0.51 $\pm$ 0.14 0.20–0.76	0.21 $\pm$ 0.02 0.18–0.28
<i>Petrosimonia triandra</i> 2	0.07 $\pm$ 0.02 0.04–0.11	0.14 $\pm$ 0.03 0.10–0.21	20.06 $\pm$ 2.51 17–25	11.85 $\pm$ 3.16 7–18	0.59 $\pm$ 0.23 0.23–0.91	0.22 $\pm$ 0.03 0.20–0.28
<i>Petrosimonia triandra</i> G	0.07$\pm$0.01 0.04–0.11	0.15$\pm$0.03 0.10–0.21	20.22$\pm$2.28 17–25	10.97$\pm$3.24 6–18	0.52$\pm$0.17 0.20–0.91	0.22$\pm$0.02 0.18–0.28

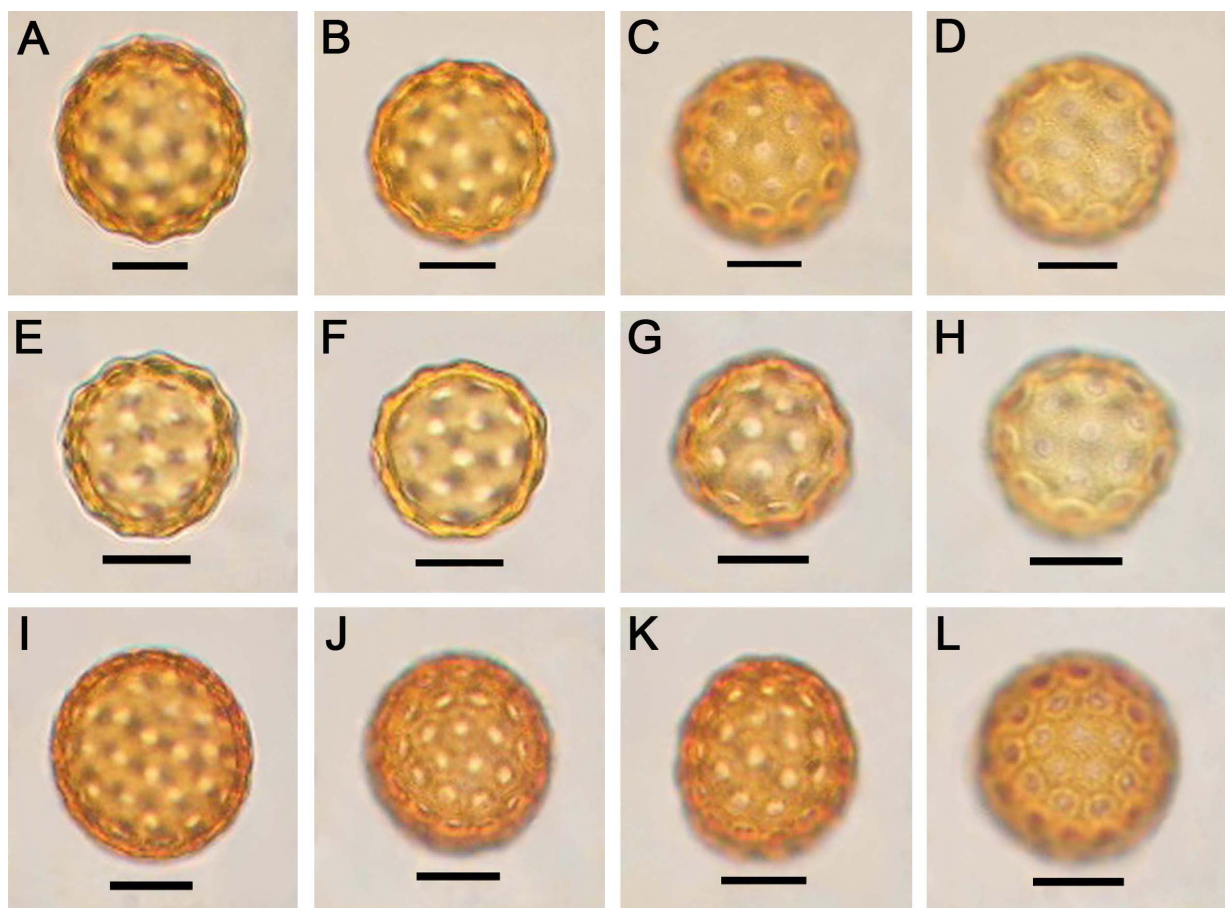


Fig. 1. Pollen grains of *Petrosimonia* (LM). A–D: *P. brachiata* (A — specimen 1; B–D — specimen 2); E–H: *P. oppositifolia* (E–G — specimen 1; H — specimen 2); I–L: *P. triandra* (I, L — specimen 1; J, K — specimen 2). Scale bars: 10 μm

pore margins raised; mesoporia slightly convex. Columellae are continuous from tectum to foot layer; short or long, 0.20–0.96 μm long, 0.17–0.28 μm wide, very densely arranged (Table 2).

Petrosimonia oppositifolia (Figs 1E–H; 2G–L; 3H, K).

LM. Pollen grains monads, isopolar, spheroidal, circular in outline, slightly undulate on the edge; small and medium-sized: pollen diameter (D) = 18.62–25.27 μm ; pantoporate, with 34–46 pores evenly distributed on the surface. Pores circular, 2.26–3.72 μm in diameter, with indistinct or distinct margins. Distance between pores 2.39–3.32 μm , distance between pore centres (C) = 4.78–7.04 μm . C/D = 0.221–0.281. Exine 2.12–2.66 μm thick (Table 1). Sexine thicker than nexine. Columellae indistinct or invisible. LO-analysis: columellae indistinct or rarely distinct, circular, densely distributed, nanoechini invisible.

SEM. Exine sculpture nanoechinulate; nanoechini conic with straight sides and acute apex, 0.05–0.14 μm high, 0.12–0.24 μm wide at base, sparsely or more densely distributed (16–23/4 μm^2); tectum psilate-perforate in areas between nanoechini. Pore membranes with nanoechini (in number 6–18), pore margins raised; mesoporia slightly convex. Columellae are continuous from tectum to foot layer; short or long, 0.20–1.29 μm long, 0.17–0.27 μm wide, very densely arranged (Table 2).

Petrosimonia triandra (Figs 1I–L; 3A–F, I, L).

LM. Pollen grains monads, isopolar, spheroidal, circular in outline, undulate on the edge; small and medium-sized: pollen diameter (D) = 21.28–26.60 μm ; pantoporate, with 54–74 pores evenly distributed on the surface. Pores circular, 2.26–3.99 μm in diameter, with indistinct or distinct margins. Distance between pores 1.59–2.39 μm ,

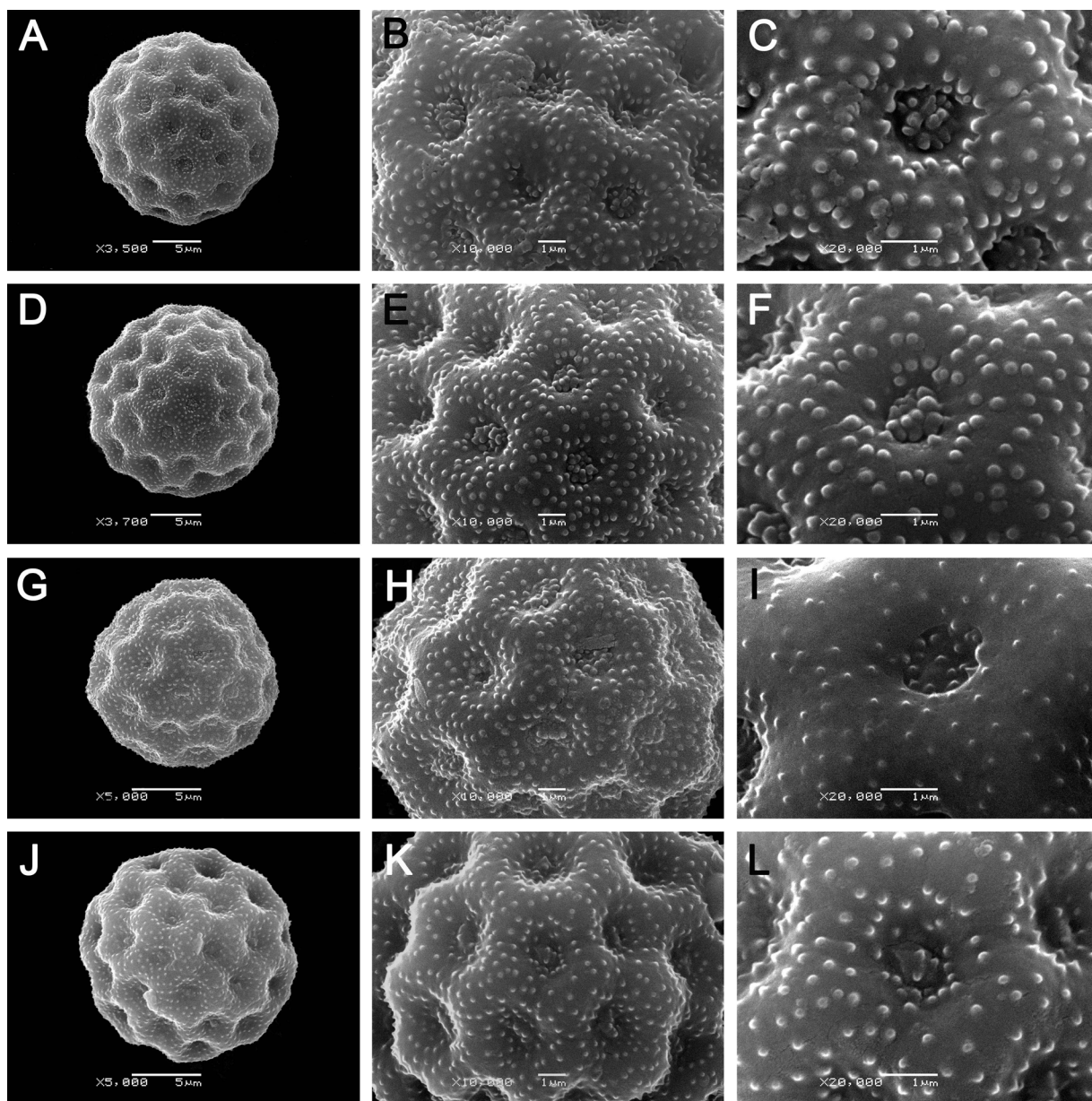


Fig. 2. Pollen grains of *Petrosimonia* (SEM). A–F: *P. brachiata* (A–C — specimen 1, D–F — specimen 2); G–L: *P. oppositifolia* (G–I — specimen 1, J–L — specimen 2). A, D, G, J: general view; B, E, H, K: nanoechinate exine sculpture; C, F, I, L: pores. A–L: dry pollen

distance between pore centres (C) = 3.99–5.98 μm . C/D = 0.165–0.238. Exine 1.99–2.66 μm thick (Table 1). Sexine thicker than nexine. Columellae indistinct or invisible. LO-analysis: columellae indistinct or rarely distinct, circular, densely distributed, nanoechini invisible.

SEM. Exine sculpture nanoechinate; nanoechini conic with straight sides and acute apex, 0.04–0.11

μm high, 0.10–0.21 μm wide at base, sparsely or more densely distributed (17–25/4 μm^2); tectum psilate-perforate in areas between nanoechini. Pore membranes with nanoechini (in number 6–18), pore margins sunken; mesoporia convex. Columellae are continuous from tectum to foot layer; short or long, 0.20–0.91 μm long, 0.18–0.28 μm wide, densely arranged (Table 2).

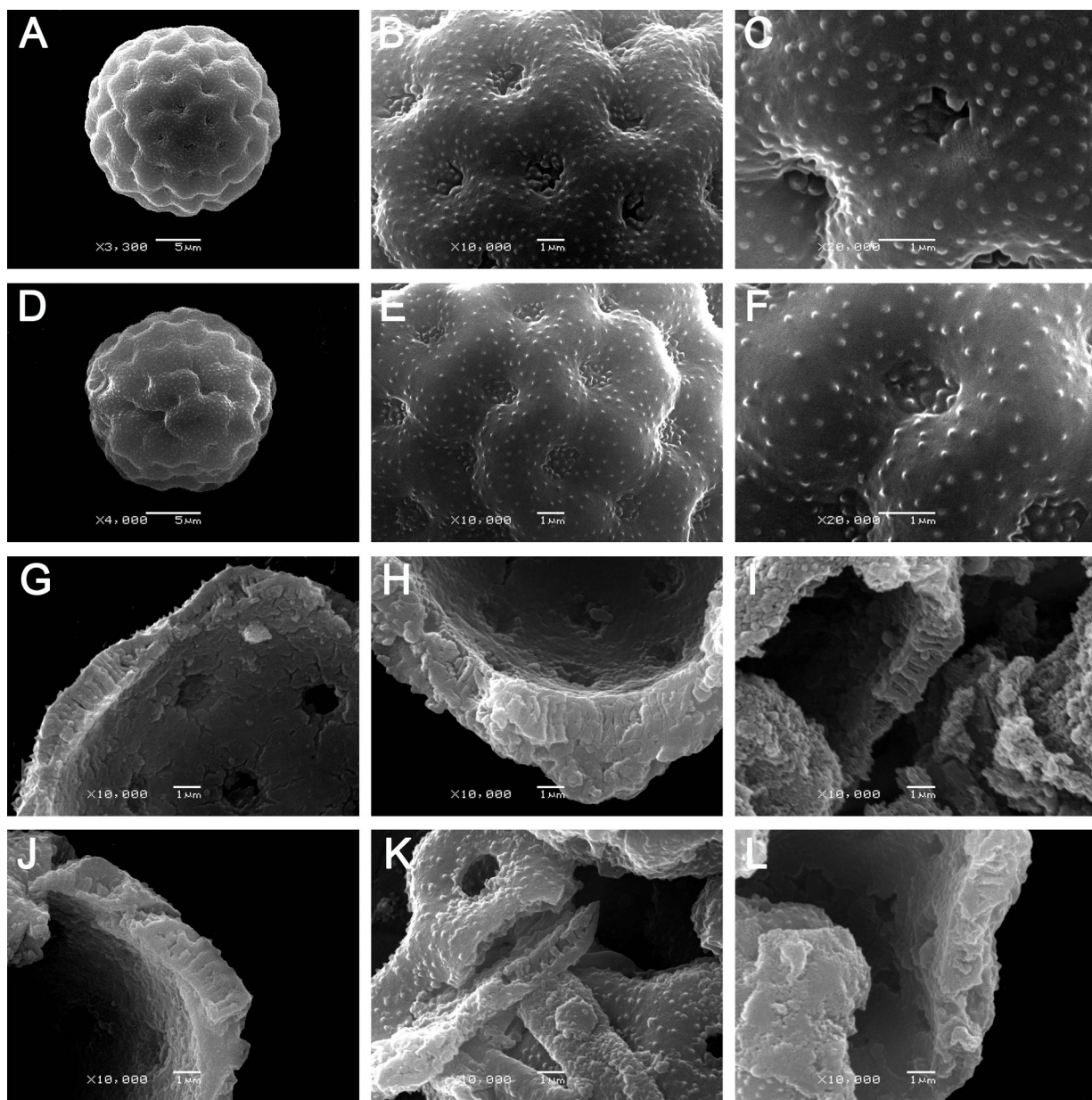


Fig. 3. Pollen grains and exine structure of *Petrosimonia* (SEM). A–F, I, L: *P. triandra* (A–C, I — specimen 1, D–F, L — specimen 2); G, J: *P. brachiata* (G — specimen 1, J — specimen 2); H, K: *P. oppositifolia* (H — specimen 1, K — specimen 2). A, D: general view; B, E: nanoechinate exine sculpture; C, F: pores; G–L: exine structure. A–F: dry pollen; G–L: acetolysed pollen

Numerical analysis of the palynomorphological characters states

Cluster analysis of all six studied specimens clearly distinguished the three clades corresponding to three species of *Petrosimonia* (Tables 1 and 2; Fig. 4A). Specimens with comparable average measurements of pollen grain features, belonging to

P. brachiata and *P. oppositifolia*, are grouped together and placed in a separate cluster (Fig. 4A). On the other hand, *P. triandra* specimens with the different measurements of pollen grain features are placed in another cluster (Fig. 4A). In general, the variation ranges in the characters of pollen grains between different specimens of *P. brachiata* and *P.*

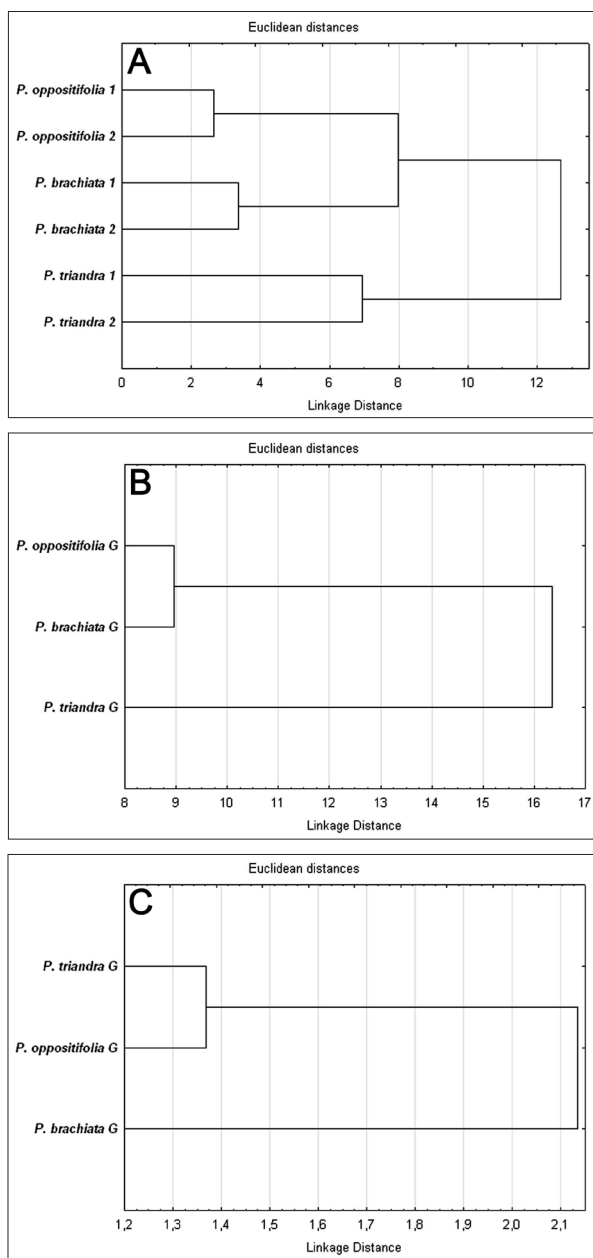


Fig. 4. UPGMA dendrograms showing the relationships of pollen grains of *P. brachiata*, *P. oppositifolia* and *P. triandra* species. A: quantitative characters (see Tables 1 and 2); B: quantitative characters (see Table 1, general specimens' measurements); C: quantitative characters (see Table 2, general specimens' measurements)

oppositifolia were small (Fig. 5); we did not observe significant discontinuity within species. However, the two samples of *P. triandra* have differences in the number of pores (Fig. 5E). But in general, the

number of pores in *P. triandra* was greater than that in *P. brachiata* and *P. oppositifolia*. The average value of the pore diameter in the *P. triandra* pollen samples is the same, while the measurements at the range differ (Fig. 5B).

As seen in the UPGMA dendrogram based on total pollen characters (Table 1), *P. triandra* has distinctive pollen morphometric features and is placed in a separate cluster (Fig. 4B). *Petrosimonia brachiata* and *P. oppositifolia* are grouped together and placed in their separate cluster. Based on the nanoechini and columellae characters (Table 2), *P. brachiata* is distinct and forms a separate cluster, whereas *P. oppositifolia* and *P. triandra* are grouped together in their separate cluster (Fig. 4C).

Discussion

The obtained data showed that some characters of pollen grains of representatives of *Petrosimonia* are significant for their taxonomy and for spore-pollen analysis. The pollen grains are mostly small and rarely medium-sized. The pollen size generally overlaps in all species, but on average the pollen grains are smallest in *P. oppositifolia*, and the larger dimensions are characteristic of *P. brachiata* (Table 1). The pollen size for *P. oppositifolia* was given by Kupriyanova and Alyoshina (1972) as 21.6–24.0 µm, and by Monoszon (1973) as 18.0–23.0 µm. These data are similar to those for *P. oppositifolia* obtained in the present study (Table 1). The pollen size range for *P. brachiata* was given by Monoszon (1973) as 21.3–26.0 µm, and by Sonyan et al. (2022) as 18.0–21.2 µm. Their data are close to our pollen diameter measurements, although the range in our study is slightly wider.

Pollen grains of all species have similar pore diameters (Table 1, Fig. 5B). Monoszon (1973) and Sonyan et al. (2022) described pore diameters in *P. brachiata* (2.2–3.0 µm and 1.6–2.8 µm, respectively), which are in general consistent with our data. Kupriyanova and Alyoshina (1972) and Monoszon (1973) reported pore diameters in *P. oppositifolia* (1.2–2.4 µm and 2.5–3.3 µm, respectively), in which the diameter of pores is comparable to those of *P. oppositifolia* revealed in the present study (Table 1).

The data obtained show that shortest distances between pores are characteristic for *P. triandra* (Fig. 5C), the largest distances between pores are characteristic for *P. brachiata* and *P. oppositifolia* (Fig. 5C). Sonyan et al. (2022) reported *P. brachiata*

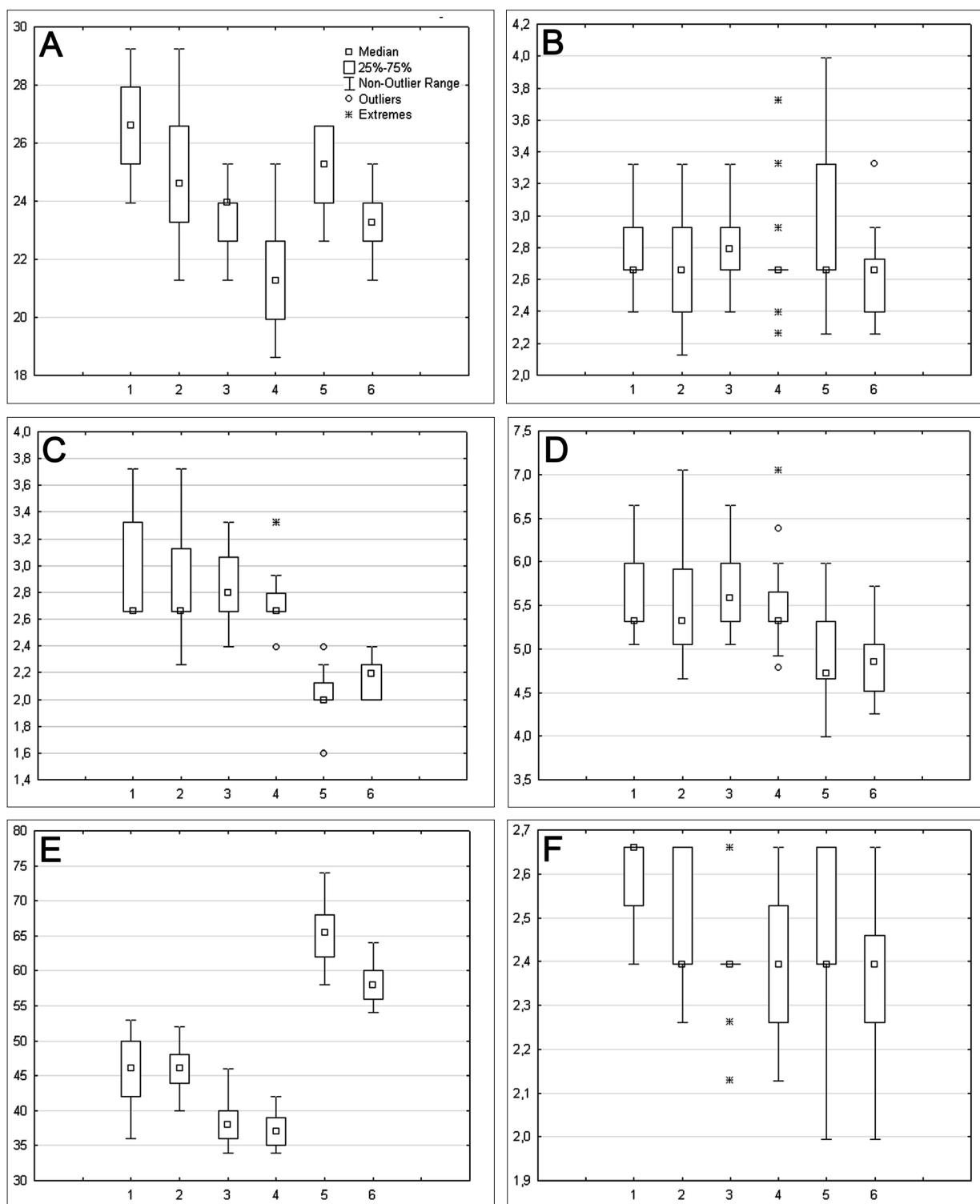


Fig. 5. Box plots of variation of *Petrosimonia* pollen grains. A: pollen diameter; B: pore diameter; C: distance between pore; D: distance between pore centers; E: pore number; F: exine thickness. 1, 2 — *P. brachiata*; 3, 4 — *P. oppositifolia*; 5, 6 — *P. triandra*

pollen grains that have distances between pores of 1.7–2.4 μm , which is not consistent with the values obtained in this study. Kupriyanova and Alyoshina (1972) recorded pollen grains of *P. oppositifolia* with the distances between pores (2.4–3.0 μm) comparable to those of *P. oppositifolia* in the present study (Table 1). The shortest distances between centers of pores are characteristic for *P. triandra*, and the largest ones in *P. brachiata* and *P. oppositifolia* (Table 1, Fig. 5D). Monoszon (1973) described pollen grains with distances between centers of pores in *P. brachiata* (4.7–5.4 μm) and in *P. oppositifolia* (4.9–6.3 μm), which is consistent with our data (Table 1).

Pollen grains in all species are pantoporate. The smallest number of pores is characteristic of *P. oppositifolia*, while the largest number of pores is characteristic of *P. triandra* (Fig. 5E). The data obtained show that pollen grains with many pores are characterized by a low mean C/D ratio (0.19 in *P. triandra*), and pollen with a fewer pores has a high mean C/D ratio (0.21 in *P. brachiata*, and 0.25 in *P. oppositifolia*). The number of pores for *P. oppositifolia* was given by Kupriyanova and Alyoshina (1972) as 40–50, and Monoszon (1973) as 30–36. Monoszon (1973) also reported pollen grains of *P. brachiata* with 38–53 pores, which is consistent with our data (Table 1).

The thickness of the exine generally overlaps in all species, but on average the exine is thicker in *P. brachiata* pollen, while it is thinner in *P. oppositifolia* and *P. triandra* (Table 1). Kupriyanova and Alyoshina (1972) recorded pollen grains of *P. oppositifolia* that had slightly thinner exine (1.2–2.4 μm) than the values measured in this study. The exine of the pollen grains of *P. brachiata* (0.9–1.5 μm), reported by Sonyan et al. (2022), is generally thinner than the exine of *P. brachiata* measured in our study (Table 1). Monoszon (1973) described pollen grains of *P. oppositifolia* (2.5–3.5 μm) and *P. brachiata* (2.4–3.5 μm) that had thicker exine, than the values measured in this study. In general, our data are in agreement with the results of previous LM studies (Kupriyanova, Alyoshina, 1972; Monoszon, 1973; Sonyan et al., 2022).

The obtained data show that among the studied species, *P. triandra* differs in some pollen characters, in particular the distances between pores and between pore centers, nanoechini bases and columellae height (Tables 1 and 2). According to recent molecular phylogenetic data (Fedorova, Aleksandrov, 2015), *P. triandra* forms a separate clade that is rather phylogenetically distant from other clades, which is in good agreement with the inclusion of

this species in the section *Oligandra*. The pollen features obtained in the present investigation are consistent with these conclusions (Figs 4A, B; 5C–E).

Pollen grains of *P. brachiata* and *P. oppositifolia* are similar in some pollen characters, in particular the distances between pores and between pore centers, nanoechini bases and columellae height (Fig. 4A, B), but differ in other characters. Pollen in *P. brachiata* has a larger size and pore number, larger nanoechini and shorter columellae, and the species is thus placed in a separate branch (Fig. 4C). This is also supported by the box plots (Fig. 5A, E). Molecular phylogenetic data placed these species in different clades (Fedorova, Aleksandrov, 2015), which correspond to sections *Brachyphyllon* and *Synandra*, respectively.

There are several palynomorphological characters that overlap. For example, pollen grains in *P. brachiata* and *P. oppositifolia* have only slightly undulate edges, and in *P. triandra* they are undulate on the edge. According to the mesoporial exine level, pores in *P. brachiata* and *P. oppositifolia* are sunken or raised, while in *P. triandra* they are sunken. Pollen grains in *P. brachiata* and *P. oppositifolia* have slightly convex mesoporia, while in *P. triandra* they are convex (Figs 2 and 3). Since these characters are similar in all species, their usefulness for distinguishing of the species is limited. Thus, diagnostic features for the purposes of taxonomy are the following: size, distances between pores and between pore centers, pore number, nanoechini size, nanoechini bases size and columellae height.

Our study improves the knowledge of *Petrosimonia* species and provides the refined diagnostic characters for the identification of their pollen grains. *Petrosimonia brachiata* is similar to *P. oppositifolia* in LM that they are difficult to properly separate using palynological data. In case of good preservation of pollen grains of *Petrosimonia*, we propose to use a set of features: size, distances between pores and between pore centers, and pore number. With pollen analysis we can identify pollen of *P. triandra*. The smaller distances between pores and between centers of pores were characteristic for *P. triandra* while larger ones were observed in *P. brachiata* and *P. oppositifolia* (Fig. 5C, D). *Petrosimonia brachiata* and *P. oppositifolia* have fewer pores, while *P. triandra* have bigger pore numbers (Fig. 5E). Identification of these species is an important criterion for reconstructing the distribution pattern of halophytic vegetation in the recent past (Pleistocene–Holocene).

Conclusions

Pollen morphology proved to be an important source of additional information for the species-specific identification of the genus *Petrosimonia*. A detailed description of the pollen grains of *P. triandra* is provided for the first time in this study using LM and SEM. This study presents the first detailed description of pollen grains of *P. oppositifolia* using SEM. The exine structure of pollen grains of all species was also studied for the first time using SEM. The diagnostic features of the studied species included the pollen sizes, distances between pores and between pore centers, pore numbers, and features of nanoechini and columellae. The presented characteristics of pollen grains and their photomicrographs can be used for pollen identification in the spore-pollen analysis. The species *P. brachiata* and *P. oppositifolia* are quite similar in their pollen grain characters. When identifying pollen grains, it is possible to use a complex of features of *P. brachiata* / *P. oppositifolia*. The pollen characteristics described here may also be used in future studies aiming at expanding the knowledge on taxa of *Salsoloideae* and *Chenopodiaceae* / *Amaranthaceae* in general.

Acknowledgements

The authors express their gratitude to Natalia M. Shyian, Head Curator of the National Herbarium of Ukraine (KW — Herbarium of the M.G. Kholodny Institute of Botany, National Academy of Sciences of Ukraine). Kind help and cooperation of Dmytro O. Klymchuk, Head of the Centre of Electron Microscopy (M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine), are greatly appreciated. This study was funded in part by the project of the M.G. Kholodny Institute of Botany No. III-96-21.476 (state registration No. 0121U100463) supported by the National Academy of Sciences of Ukraine: "Micromorphological and palaeopalynological characteristics of representatives of critical groups of asterids in the flora of Ukraine (taxa of order *Caryophyllales*)".

ETHICS DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Z. Tsybalyuk  <https://orcid.org/0000-0003-2768-0045>

L. Nitsenko  <https://orcid.org/0000-0003-1945-7409>

L. Bezusko  <https://orcid.org/0000-0001-6682-6129>

REFERENCES

- Akhani H., Edwards G., Roalson E.H. 2007. Diversification of the Old World *Salsoleae* s. l. (*Chenopodiaceae*): molecular phylogenetic analysis of nuclear and chloroplast data sets and a revised classification. *International Journal of Plant Sciences*, 168(6): 931–956. <https://doi.org/10.1086/518263>
- Bezusko L.G., Mosyakin S.L., Tsybalyuk Z.M. 2006. Pollen of *Chenopodiaceae* Vent. as an indicator of changes of natural conditions in Ukraine in the Pleistocene. *Ukrainian Botanical Journal*, 63(5): 645–653. [Безусько Л.Г., Мосякін С.Л., Цимбалюк З.М. 2006. Пилок *Chenopodiaceae* Vent. як індикатор змін природних умов на території України у плейстоцені. *Український ботанічний журнал*, 63(5): 645–653.]
- Borsch T., Flores-Olvera H. 2025. Extended phylogenetic analysis and morphology of the *Iresine cassiniiformis* — *I. hartmannii* alliance (*Amaranthaceae*) reveals two further geographically distinct species. *Botanical Sciences*, 103(1): 139–159. <https://doi.org/10.17129/botsci.3572>
- Brummitt R.K., Powell C.E. (eds). 1992. *Authors of plant names. A list of authors of scientific names of plants, with recommended standard forms of their names, including abbreviations*. Kew: Royal Botanic Gardens, 732 pp.
- De Gregorio M.A., Zhang L., Mahomoodally M.F., Zengin G., Jugreet S., Yildiztugay E., Fiorini A., Lucini L. 2024. Metabolic profiles and biopharmaceutical properties of *Petrosimonia brachiata* and *P. nigdeensis* from Turkey. *Plants*, 13(15): 2073. <https://doi.org/10.3390/plants13152073>
- Erdtman G. 1952. *Pollen morphology and plant taxonomy. Angiosperms*. Stockholm: Almqvist and Wiksell, 539 pp.
- Feodorova T.A., Aleksandrov O.S. 2015. The molecular-phylogenetic study of *Petrosimonia* species of *Chenopodiaceae* Juss. family. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*, 5: 54–60.
- Grozeva N., Todorova M., Pavlov D. 2019. Karyological and morphological variation within *Petrosimonia brachiata* Bunge in Bulgaria. *Botanica Serbica*, 43(1): 13–21. <https://doi.org/10.2298/BOTSERB1901013G>
- Halbritter H., Ulrich S., Grímsson F., Weber M., Zetter R., Hesse M., Buchner R., Svojtka M., Frosch-Radivo A. 2018. *Illustrated pollen terminology*. 2nd ed. Cham: Springer, 501 pp. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-71365-6>
- Hammer Ø., Harper D.A.T., Ryan P.D. 2001. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologica Electronica*, 4(1): 19. http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm

- Hernández-Ledesma P., Berendsohn W.G., Borsch T., von Mering S., Akhani H., Arias S., Castañeda-Noa I., Eggli U., Eriksson R., Flores-Olvera H., Fuentes-Bazán S., Kadereit G., Klak C., Korotkova N., Nyffeler R., Ocampo G., Ochoterena H., Oxelman B., Rabeler R.K., Sanchez A., Schlumpberger B.O., Uotila P. 2015. A taxonomic backbone for the global synthesis of species diversity in the angiosperm order *Caryophyllales*. *Willdenowia*, 45: 281–383. <http://dx.doi.org/10.3372/wi.45.45301>
- Iljin M.M. 1952. *Chenopodiaceae*. In: *Flora URSS*. Vol. 4. Ed. M.I. Kotov. Kyiv: AN URSR, pp. 260–400. [Ільїн М.М. 1952. *Chenopodiaceae*. В кн.: *Флора УРСР*. Т. 4. Ред. М.І. Котов. Київ: Вид-во АН УРСР, с. 260–400.]
- IPNI. 2025–onward. *The International Plant Names Index*. The Royal Botanic Gardens, Kew, Harvard University Herbaria & Libraries and Australian National Botanic Gardens. Available at: <https://www.ipni.org/> (Accessed 29 May 2025).
- Kühn U., Bittrich V., Carolin R., Freitag H., Hedge I.C., Uotila P., Wilson P.G. 1993. *Chenopodiaceae*. In: *The families and genera of vascular plants*. Vol. 2: Flowering plants. Dicotyledons: Magnoliid, Hamamelid and Caryophyllid families. Eds K. Kubitzki, J.G. Rohwer, V. Bittrich. Berlin; Heidelberg: Springer, pp. 253–281.
- Kupriyanova L.A., Aleshina L.A. 1972. *Pylytsa i spory rasteniy flory Evropeyskoy chasti SSSR*. Vol. 1. Leningrad: Nauka, 171 pp. [Куприянова Л.А., Алешина Л.А. 1972. *Пыльца и споры растений флоры Европейской части СССР*. Т. 1. Ленинград: Наука, 171 с.]
- Lu K.Q., Li M., Wang G.H., Xu L.S., Ferguson D.K., Trivedi A., Xuan J., Feng Y., Li J.F., Xie G., Yao Y.F., Wang Y.F. 2019. New pollen classification of *Chenopodiaceae* for exploring and tracing desert vegetation evolution in eastern arid central Asia. *Journal of Systematics and Evolution*, 57(2): 190–199. <https://doi.org/10.1111/jse.12462>
- Marinova E., Lazarova M., Ivanov D., Tonkov S. 2023. Holocene vegetation history of the Western Rhodope Mountains (South Bulgaria): the paleoecological record of peat bog Beliya Kanton. *Acta Palaeobotanica*, 63(1): 87–99. <https://doi.org/10.35535/acpa-2023-0006>
- McAndrews J.H., Swanson A.R. 1967. The pore number of periporate pollen with special references to *Chenopodium*. *Review of Palaeobotany and Palynology*, 3: 105–117. [https://doi.org/10.1016/0034-6667\(67\)90044-9](https://doi.org/10.1016/0034-6667(67)90044-9)
- Monoszon M.Kh. 1973. *Opredelitel pylytsy vidov semeystva marevykh (posobie po sporovo-pyltsevomu analizu)*. Moscow: Nauka, 96 pp. [Моноззон М.Х. 1973. *Определитель пыльцы видов семейства маревых (пособие по спорово-пыльцевому анализу)*. Москва: Наука, 96 с.]
- Mosyakin S.L., Fedoronchuk M.M. 1999. *Vascular plants of Ukraine. A nomenclatural checklist*. Kyiv, xxiii + 345 pp. <https://doi.org/10.13140/2.1.2985.0409>
- Mudie P.J., Aksu A.E., Hiscott R.N. 2025. Late Pleistocene — Holocene palynology and paleoceanography of Imrali Basin, Marmara Sea: Pollen-spore, dinoflagellate cyst and other NPP zonations. *Review of Palaeobotany and Palynology*, 331: 105179. <https://doi.org/10.1016/j.revpalbo.2024.105179>
- POWO. 2025–onward. *Plants of the World Online*. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew. Available at: <https://powo.science.kew.org/> (Accessed 29 May 2025).
- Punt W., Hoen P.P., Blackmore S., Nilsson S., Le Thomas A. 2007. Glossary of pollen and spore terminology. *Review of Palaeobotany and Palynology*, 143(1–2): 1–81. <https://doi.org/10.1016/j.revpalbo.2006.06.008>
- Qadir M., Oster J.D. 2004. Crop and irrigation management strategies for saline-sodic soils and waters aimed at environmentally sustainable agriculture. *Science of the Total Environment*, 323(1–3): 1–19. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2003.10.012>
- Sonyan H., Hayrapetyan A. 2021. Palynomorphological peculiarities of some representatives of the subfamily *Salsoloideae* (*Chenopodiaceae*) in South Transcaucasia. III. Genera *Petrosimonia* Bunge and *Halanthium* K. Koch. *Biological Journal of Armenia*, 73(3): 37–45.
- Sonyan H., Hayrapetyan A., Poghosyan N., Muradyan A. 2022. Pollen typification and palynotaxonomy of subfamily *Salsoloideae* Ulbr. (*Chenopodiaceae* Vent.) in the flora of South Transcaucasia. *Acta Palaeobotanica*, 62(2): 93–107. <https://doi.org/10.35535/acpa-2022-0007>
- Thiers B. 2025–onward. *Index Herbariorum: A global directory of public herbaria and associated staff*. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. Available at: <https://sweetgum.nybg.org/science/ih> (Accessed 29 May 2025).
- Tsybalyuk Z.M. 2005. *Palinomorfolohiya predstavnykiv rodyiny Chenopodiaceae Vent. (dlya tsiley systematyky u sporovo-pylkovoho analizu)*. Cand. Sci. Diss. Kyiv, M.G. Kholodny Institute of Botany NAS of Ukraine, 320 pp. (manuscript). [Цимбалюк З.М. 2005. *Палиноморфологія представників родини Chenopodiaceae Vent. (для цілей систематики й спорово-пилкового аналізу)*. Дис. ... канд. біол. наук. Київ, Інститут ботаніки ім. М.Г. Холодного НАН України, 320 с. (рукопис).] <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.25941.83680>
- Tsybalyuk Z.M. 2008. Palinomorfologicheskie osobennosti predstaviteley semeystva *Chenopodiaceae*. *Botanicheskiy Zhurnal*, 93(3): 430–438. [Цымбалюк З.М. 2008. Палиноморфологические особенности представителей семейства *Chenopodiaceae*. *Ботанический журнал*, 93(3): 430–438.]
- Tsybalyuk Z.M., Ivanova D., Nitsenko L.M. 2024. Taxonomic significance of pollen morphology of African *Oreobliton*, and related genera *Aphanisma*, *Beta*, *Hablitzia*, and *Patefilifolia* (*Amaranthaceae*). *South African Journal of Botany*, 169: 134–145. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2024.04.017>
- Tsybalyuk Z.M., Mosyakin S.L., Nitsenko L.M. 2023a. New data on pollen morphology of the genus *Camphorosma* (*Chenopodiaceae*). *Acta Palaeobotanica*, 63(1): 21–31. <https://doi.org/10.35535/acpa-2023-0002>

- Tsymbalyuk Z.M., Nitsenko L.M., Mosyakin S.L. 2023b. Taxonomic significance of pollen morphology of selected taxa of *Bassia*, *Sedobassia*, *Spirobassia* and *Neokochia* (*Chenopodiaceae* / *Amaranthaceae* sensu APG IV). *Palynology*, 47(4): 1–16. <https://doi.org/10.1080/01916122.2023.2233586>
- Tzvelev N.N. 1996. *Petrosimonia*. In: *Flora Europae Orientalis*. Vol. 9. Ed. N.N. Tzvelev. St. Petersburg: Mir i Semia-95, pp. 75–78. [Цвелев Н.Н. 1996. *Petrosimonia*. В кн.: *Флора Восточной Европы*. Т. 9. Ред. Н.Н. Цвелев. Санкт-Петербург: Мир и Семья-95, с. 75–78.]
- Wen Z.B., Zhang M.L., Zhu G.L., Sanderson S.C. 2010. Phylogeny of *Salsola* s. l. (*Chenopodiaceae*) based on DNA sequence data from ITS, *psbB-psbH*, and *rbcL*, with emphasis on taxa of northwestern China. *Plant Systematics and Evolution*, 288: 25–42. <https://doi.org/10.1007/s00606-010-0310-5>
- Zhu G., Mosyakin S.L., Clemants S.E. 2003. *Chenopodiaceae*. In: Wu Z.-Y., Raven P.H., Hong D.-Y. (eds.). *Flora of China*. Vol. 5: *Ulmaceae* through *Basellaceae*. Beijing: Science Press and St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, pp. 351–414.

Морфологія пилкових зерен представників роду *Petrosimonia* (*Chenopodiaceae* s. str. / *Amaranthaceae* s. l.) флори України

З.М. ЦИМБАЛЮК, Л.М. НИЦЕНКО, Л.Г. БЕЗУСЬКО
 Інститут ботаніки ім. М.Г. Холодного НАН України,
 вул. Терещенківська 2, Київ 01601, Україна

Реферат. Морфологію пилкових зерен *Petrosimonia brachiata*, *P. oppositifolia* та *P. triandra* (*Salsoloideae*, *Chenopodiaceae* s. str. / *Amaranthaceae* s. l.) флори України досліджено за допомогою світлової та сканувальної електронної мікроскопії, пилкові зерна *P. triandra* було досліджено вперше. Метою роботи було отримати характеристики пилкових зерен цих видів та оцінити значення ознак для видоспецифічної ідентифікації. Пилкові зерна досліджених видів багатопорові, сфероїдальні, округлі, злегка хвилясті або хвилясті по краях; дрібного та середнього розміру. Скульптура екзини наношипикувата, покрив гладенько-перфорований. Порові мембрани наношипикуваті. Вперше вивчено і проаналізовано структуру екзини (стовпчики) пилкових зерен усіх видів. Обговорюється значення особливостей пилкових зерен для таксономії та пилкового аналізу в палеопалінології. Дендрограми UPGMA, засновані на паліноморфологічних даних, підтверджують диференціацію досліджених видів. Пилкові зерна *P. triandra* чітко відрізняються від пилкових зерен *P. brachiata* та *P. oppositifolia* за розміром, відстанями між порами та між центрами пор, а також кількістю пор. Пилкові зерна *P. brachiata* мають більший розмір та кількість пор, більші наношипики та коротші стовпчики порівняно з такими у *P. oppositifolia*.

Ключові слова: паліноморфологія, пилковий аналіз, світлова мікроскопія, сканувальна електронна мікроскопія, скульптура, структура, UPGMA



<https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.040>

RESEARCH ARTICLE

Colchicum triphyllum s. l. (Colchicaceae) в Україні: географічне поширення та сучасний стан популяцій

Віктор І. МЕЛЬНИК^{1,2} * , Юрій В. СОЛОНЕНЧЕНКО¹ ,
Світлана Я. ДІДЕНКО¹ , Алла М. ГНАТЮК¹ 

¹ Національний ботанічний сад імені М.М. Гришка НАН України,
вул. Садово-Ботанічна 1, Київ 01014, Україна

² Національний університет Києво-Могилянська Академія (НаУКМА),
вул. Г. Сковороди 2, Київ 04070, Україна

* Автор для листування: melnykviktor6@gmail.com

Реферат. У статті представлені результати дослідження географічного поширення, умов зростання та сучасного стану популяцій в Україні рідкісного виду *Colchicum triphyllum* sensu lato (incl. *Colchicum ancycense*: Colchicaceae). Встановлено, що північно-східна межа ареалу виду в Європі проходить в Україні по північному краю правобережжя Причорноморської низовини, співпадає з долиною Дніпра і далі продовжується по межі між материковою частиною та Кримським півостровом. Виділено два фрагменти ареалу виду в Україні. Один приурочений до Бессарабської височини та правобережжя Причорноморської низовини (Одеська, Миколаївська, Херсонська області), інший — до Кримського півострова та прилеглих піщаних кіс Приазов'я (Автономна Республіка Крим та Херсонська область). Досліджені локальні популяції *C. triphyllum* у нових місцезнаходженнях на узбережжях Хаджибейського, Куяльницького та Тилігульського лиманів (Одеська область) займають площу від 300 до 15000 м². Встановлено, що популяції *C. triphyllum* задовільно представлені на природно-заповідних територіях Криму та півдня материкової України. Однак їхнє збереження тут не гарантовано, оскільки значна кількість популяцій перебуває на окупованих територіях, де не дотримуються норми природоохоронного законодавства.

Ключові слова: ареал, біорізноманіття, Кримський півострів, Миколаївська область, Одеська область, рідкісний вид, угруповання, Україна, флора

Вступ

Розробка наукових основ охорони флористичного різноманіття є важливим завданням екологічних досліджень. В умовах інтенсивного пресингу на екосистеми актуальним завданням,

згідно з Глобальною стратегією охорони рослин, є моніторинг за станом популяцій ендемічних, реліктових, рідкісних та зникаючих видів, популяції яких є малочисельними (Holz et al., 2022; Melnyk et al., 2024).

ARTICLE HISTORY. Submitted 11 June 2025. Revised 30 January 2026. Published 26 February 2026

CITATION. Melnyk V.I., Solonenczenko Ju.V., Didenko S.Ja., Gnatiuk A.M. 2026. *Colchicum triphyllum* s. l. (Colchicaceae) in Ukraine: the geographic distribution and current state of populations. *Ukrainian Botanical Journal*, 83(1): 40–53. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.040>

© M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine, 2026

© Publisher PH "Akademperiodyka" of the NAS of Ukraine, 2026

This is an open access article under the CC BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

Об'єктом наших досліджень був рідкісний вид флори України *Colchicum triphyllum* Kunze sensu lato родини *Colchicaceae*, що внесений до Червоної книги України під назвою *C. ancycense* B.L. Burt (Krytska et al., 2009). *Colchicum triphyllum* також внесений до Червоних книг Молдови, Італії (Conti et al., 1992; Ghendov et al., 2015) і до Червоних списків Албанії та Румунії (Oltean et al., 1994; Malo, Shuka, 2013).

Метою нашої роботи було встановлення закономірностей географічного поширення, вивчення умов місцезростань та сучасного стану популяцій *C. triphyllum* в Україні.

Матеріали та методи

Польові дослідження проводили впродовж 2000–2025 рр. на території Кримського півострова (до 2014 року) та в Одеській області.

Картографи загального ареалу *Colchicum triphyllum* та поширення виду в Україні складені на основі вивчення матеріалів гербаріїв, власних досліджень, даних електронних ресурсів: GBIF (<https://www.gbif.org>), iNaturalist (<https://www.inaturalist.org/>), UkrBIN (<https://ukrbn.com/>) та літературних даних (Düsen, Sümbül, 2007; Malo, Shuka, 2013; Kheloufi, 2023; Skorobohatov, 2023; Melnyk et al., 2025). Були досліджені гербарні зразки, які зберігаються в гербаріях Інституту ботаніки ім. М.Г. Холодного НАН України (Національний гербарій України, KW), Національного ботанічного саду імені М.М. Гришка НАН України (KWH), Київського національного університету імені Т.Г. Шевченка (KWU), Одеського національного університету імені І.І. Мечникова (MSUD), Нікітського ботанічного саду — Національного наукового центру НАН України (YALT), Ботанічного інституту імені В.Л. Комарова РАН (LE), Ботанічного саду АН Молдови (CHIS), ботанічного саду Клузького університету імені Бабеша-Бойяї (CL) (акроніми наведено за *Index Herbariorum*: Thiers, 2025–onward).

Вивчення місцезростань та популяцій *C. triphyllum* проводилось за методичними принципами популяційної біології (Harper, 2010). Етапи онтогенезу *C. triphyllum* вивчались на живих рослинах в Національному ботанічному саду імені М.М. Гришка НАН України та в природних місцезростаннях (Gnatiuk, 2007, 2024). Також були враховані дослідження етапів

онтогенезу, які раніше проводили в Криму (Vakhrusheva, Burlaka, 2011). Чисельність популяцій встановлювали на ділянках площею 1 м². У кожній локальній популяції закладалось по 10–15 таких пробних ділянок.

Результати

Перелік місцезнаходжень *Colchicum triphyllum* в Україні

Одеська обл. Березівський р-н: Березівка, 1987, Дятлов (KW). **Одеса:** Бессер [Besser] (LE); 1845, Нордманн [Nordman] (LE); 1884 (LE); 1888, Пачоський [Paczoski], (LE); на полях та дачах, 1868, Срединський [Sredinsky] (LE); по степах [sur les steppes aux environs de Odessa], 1843 (LE); Аркадія, Савост'янов (LE); **Одеський р-н:** поблизу Одеси, 1870, Срединський [Sredinsky] (LE); на глинистих ґрунтах при дорозі в Кривий Балці та на кам'янистих місцях біля Зюдсдорфа; Ліндеман і Шовіц [in argillosis ad viam in Kriwaja-Balka et in Lapidosis ad Süsdorf, Lind. et Szovits] (LE); околиці села Алтестове, 1996, Діденко (KWH); схили Хаджибейського лиману (2017, https://www.ukrbn.com/show_image.php?imageid=60019; 2018, 57997; 2020, 163050; 2024, <https://www.inaturalist.org/observations/198753449>); схили Тилігульського лиману (2023, 150289799; 2024, 201411898, 201410897) (рис. 1).

Миколаївська обл. Вознесенський р-н: природний заповідник "Єланецький степ" (2024, <https://www.inaturalist.org/observations/198656806>, 198656522; 2024, 198657659, 205116709; 2025, 260799348). **Баштанський р-н:** біля с. Галаганівка (2012, 66328663). **Миколаївський р-н:** Миколаїв (2015, https://www.ukrbn.com/show_image.php?imageid=50533, 2017, 51950); Миколаїв, Тернівка (2017, 48426); Киряківка (2023, <https://www.inaturalist.org/observations/151212948>); Сухоеланецька (2024, 198656806; 2024, 200399270, 198657824, 200399147, 198658591).

Запорізька обл. Запорізький р-н: Степовий південний схил, затока Сухенька [залив Сухонький] Запорізького водосховища, 1988, Барановський (LE).

Херсонська обл. Генічеський р-н: Азово-Сиваський національний природний парк [Азово-Сиваський заповідник], острів Бірючий, 1948, Парнаський (KW); (2008, <https://www.inaturalist.org/observations/66539411>).

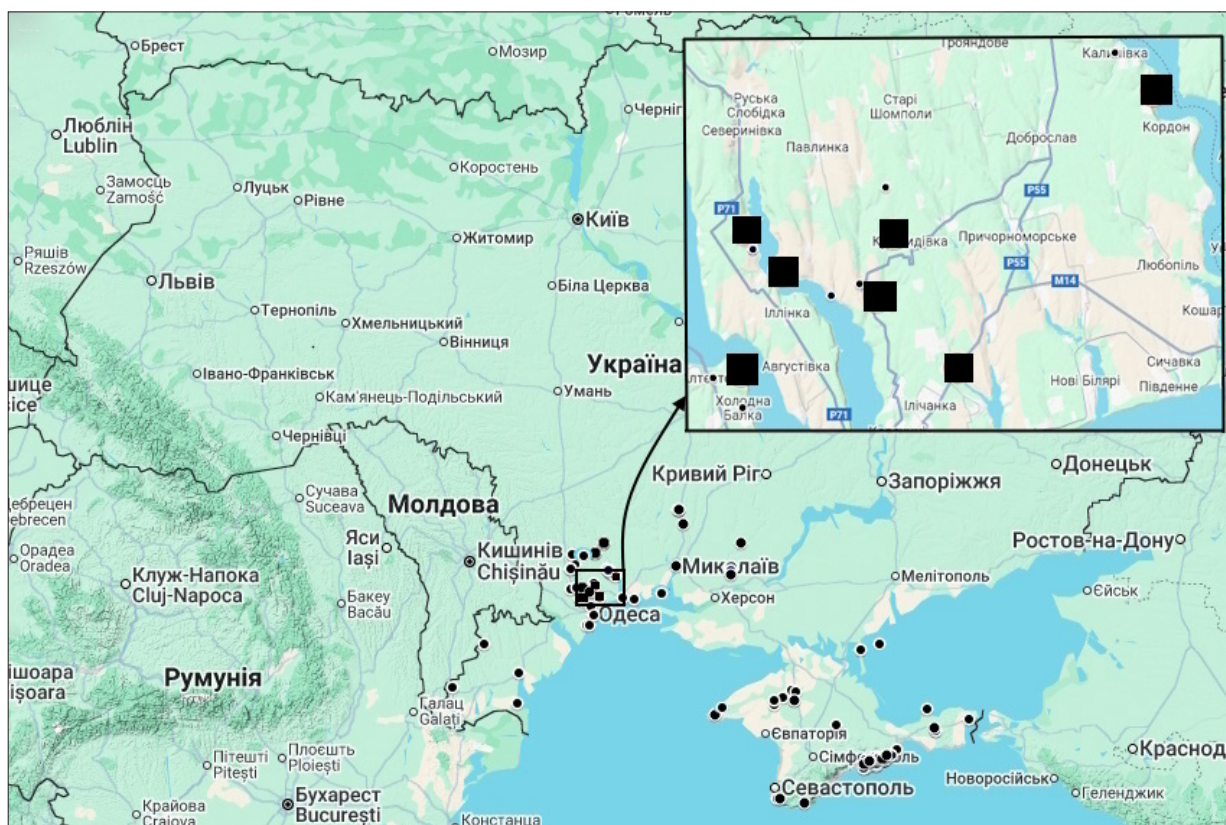


Рис. 1. Картохема географічного поширення *Colchicum triphyllum* в Україні та досліджені популяції в Одеській області (крапки — місцезнаходження за даними гербаріїв та за електронними базами даних, прямокутники — досліджені авторами популяції)

Fig. 1. Map of geographic distribution of *Colchicum triphyllum* in Ukraine and studied populations in the Odesa Region (dots — localities according to herbarium data and electronic databases, rectangles — studied by the authors); <https://www.google.com/maps/d/u/0/viewer?mid=1tquhKNaFZAEzMOJDpsJDjTEaKT6RSQU&ll=46.23112177906156%2C30.79018086648402&z=8>

Автономна республіка Крим. Керченський р-н: Керч, Клопаров [Kloparov], 1908, 1909 (LE); (2024, <https://www.inaturalist.org/observations/199171679>, 198825180, 198825188). Євпаторійський р-н: (2013, 248451834; 2024, 248451677). Феодосійський р-н: Карадаг, близ балки Бачинського, 1930, Сарандинаки, (LE); околиця села Щebetовка, 2006, Гнатюк (KWHN); с. Коктебель, Junge, 1904, (KW); Junge, 1904, (KW); поблизу Феодосії на схилах, 1904, Junge (KW); Карадазький заповідник (ЧКУ, 1996); Беш-Таш, Карадазький природний заповідник (2017, https://www.ukrbin.com/show_image.php?imageid=52417); окр. Карадага (2020, <https://www.inaturalist.org/observations/38604385>); Коктебель (2024, 199195094), Судак (2019, 20362216); (2011, <https://www.inaturalist.org/observations/43884520>;

2012, 54833951; 2015, 82408558; 2017, 82408553, 82408551; 2019, 82408554; 2020, 41524841; 2021, 100762108, 94356975, 82408550, 107740424, 71016778, 7129336, 71293504, 71293495, 71293416; 2022, 113767527, 107740374, 106792840, 106792970, 106792906, 105093077; 2023, 146760921, 147633597, 148015475; 2024, 197213257, 160562892, 200110338; 199171690, 199171695, 199171699, 199171701, 199171703, 199818054, 199818053, 199171710, 199171704, 199171683, 199171683, 199171680, 199171679, 200301284, 198419039; 2025, 260620132, 260620131, 260363036, 260047658, 260047653, 260047652, 266244559. Курманський р-н: с. Степное, Тарчинский, Ена, 1996 (KW); 2024, <https://www.inaturalist.org/observations/196983399>, 196982584. Перекопський р-н: с. Зиміне (Orlov, Yena, 1997, KW). Бахчисарайський р-н: 2023,

[200085368](#); Севастополь (Балаклавський р-н): 2020, [38260482](#); 2021, [71931819](#); 2022, [106748771](#), [152724007](#), [117003431](#); 2023, [148820735](#), [152722160](#), [200014723](#).

Результати дослідження локальних популяцій

Результати дослідження локальних популяцій *C. triphyllum* в Одеській області наводимо нижче у тексті, табл. 1 та на рис. 2.

Популяція №1. На лівому березі лиману Куяльник у 6 км від с. Новокубанка, популяція *C. triphyllum* складається з двох локусів. Перший займає площу 80 × 15 м на південному схилі (ухил 45–70°), вкритому злаковою рослинністю. Щільність популяції становить 26 особин/м². Популяція тут повностанова, нормальна з лівостороннім віковим спектром. Другий локус, що знаходиться в 350 м на північ від першого і відокремлений балкою, займає площу

Таблиця 1. Досліджені локальні популяції *Colchicum triphyllum* в Одеській області

Table 1. Locations of the studied local populations of *Colchicum triphyllum* in Odesa Region

№ п/п	Місце локації	Координати		Дата досліджень	Щільність популяції	Площа популяції
		Широта	Довгота			
1	Одеський р-н, Красносільська сільська громада, лівий берег Куяльницького лиману, окол. с. Новокубанка	46.715146 46.715205	30.633448 30.634183	13–24.02.2024 09.02.2025	26–32 особин/м ²	80 × 15 м + 200 × 30 м
2	Одеський р-н, Нерубайська сільська громада, Хаджибейський лиман, окол. с. Холодна балка, 3 км на північ	46.632167	30.584167	26.02.2025 01.03.2025	28 особин/м ²	100 × 50 м
3	Одеський р-н, Нерубайська сільська громада, Хаджибейський лиман, на північ від дач с. Холодна балка	46.635972	30.583222	01.03.2025	25 особин/м ²	100 × 150 м
4	Одеський р-н, Нерубайська сільська громада, Хаджибейський лиман, окол. с. Холодна балка, 1 км на північ від санаторію Хаджибей	46.619500	30.58128	01.03.2025	15 особин/м ²	90 × 90 м
5	Одеський р-н, Нерубайська сільська громада, Хаджибейський лиман, на південь 1,5 км від с. Холодна балка в бік с. Велика балка	46.61950	30.58128	01.03.2025	29 особин/м ²	100 × 80 м
6	Одеський р-н, Маяківська сільська громада, окол. с. Йосипівка, берег р. Барабой	46.396500	30.438861	02.03.2025	15 особин/м ²	50 × 20 м
7	Одеський р-н, Нерубайська сільська громада, Хаджибейський лиман, окол. с. Алтестове	46.628833	30.544056	26.02.2024	Спорадично групами до 7 особин	–
8	Одеський р-н, Визирська сільська громада, Тилігульський лиман, окол. с. Тилігульське	46.857361	31.082361	08.03.2023	Поодинокі	–
9	Одеський р-н, Фонтанська сільська громада, окол. с. Світле	46.639278	30.844278	17.02.2022	Поодинокі, ймовірно зникла	–
10	Одеський р-н, Доброславська сільська громада, між селами Кубанка та Кремидівка	46.41412 46.44413	30.44497 30.46002	28.03.2024	Поодинокі	–
11	Одеський р-н, Усатівська сільська громада, правий берег Куяльницького лиману, за с. Стара Еметівка	46.44434 46.44505 46.740235 46.45177	30.35276 30.35209 30.593027 30.35240	24.03.2024 01.03.2025	15 особин/м ²	5 га

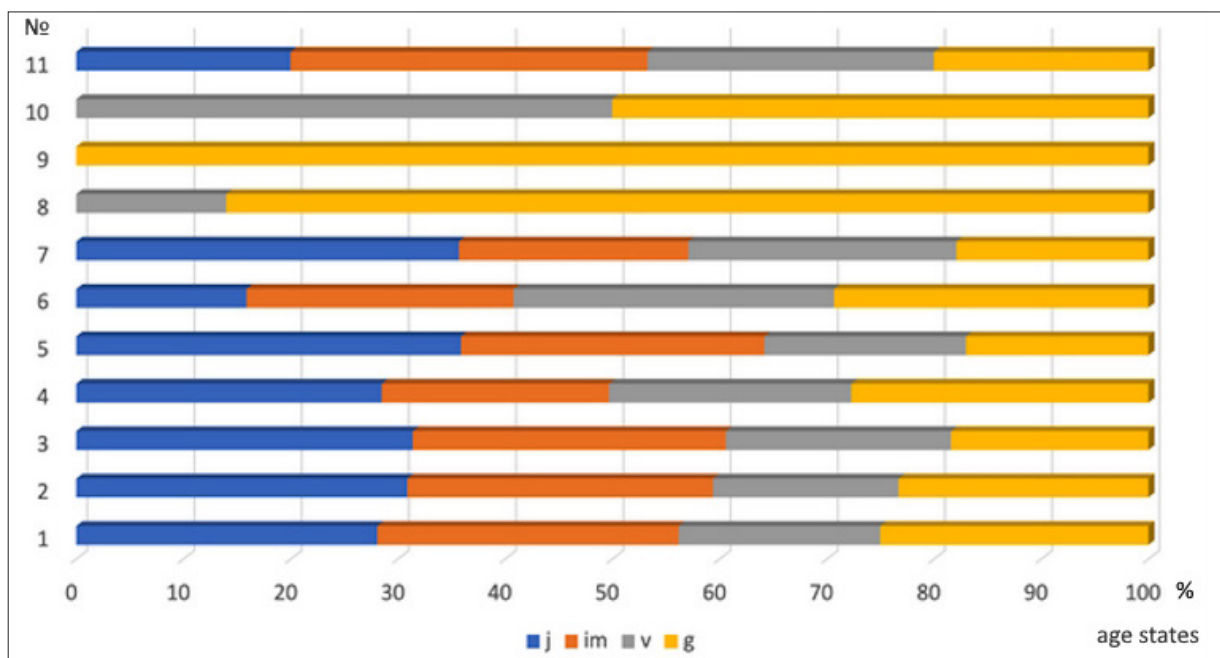


Рис. 2. Вікова структура популяцій *Colchicum triphyllum* (№ — номер популяції у тексті статті та табл. 1); *j* — ювенільні особини, *im* — іматурні особини, *v* — віргінільні особини, *g* — генеративні особини

Fig. 2. Age structure of populations of *Colchicum triphyllum* (No. — population number in the text of the article and Table 1); *j* — juvenile individuals, *im* — immature individuals, *v* — virginal individuals, *g* — generative individuals

200 × 30 м. Щільність популяції тут 32 особин/м², і вона зменшується від підніжжя (ухил 15°) до вершини схилу (ухил 50–70°). Популяція в цьому локусі суттєво не відрізняється структурою від попереднього, повностанова, нормальна, з лівостороннім віковим спектром. У цілому вся популяція гомеостатична, молода, здатна до відновлення.

Популяція №2. У 3 км на північ від с. Холодна балка на березі Хаджибейського лиману популяція *C. triphyllum* розміщена біля підніжжя південно-східного схилу на площі 100 × 50 м. *Colchicum triphyllum* росте між дернинами (рис. 3А). Щільність популяції становить 28 особин/м². Популяція нормальна, повностанова, з переважанням молодих особин, здатна до самопідтримки насіннєвим шляхом.

Популяція №3. На північ від дач с. Холодна балка на березі Хаджибейського лиману на південно-східному схилі (ухил 50–70°). Популяція *C. triphyllum* займає площу 100 × 150 м, щільність популяції 25 особин/м²; гомеостатична, повностанова, з переважанням молодих особин, здатна до самопідтримки (рис. 3В).

Популяція №4. Недалеко від с. Холодна балка, в 1 км на північ від санаторію Хаджибей (район старої скотобійні), на південному схилі; щільність — 15 особин/м². Співвідношення молодих особин до дорослих майже 50 : 50. Популяція зріла, гомеостатична, повностанова, здатна до самопідтримки.

Популяція №5. Від с. Холодна балка 1,5 км на південь в бік с. Велика балка на березі Хаджибейського лиману *C. triphyllum* росте біля підніжжя південно-східного схилу на площі 10 × 80 м. Щільність — 29 особин/м². Популяція нормальна, повностанова, з переважанням молодих особин, здатна до самопідтримки насіннєвим шляхом.

Популяція №6. В околицях с. Йосипівка на південному схилі берега р. Барабой, невелика популяція *C. triphyllum* займає площу 50 × 20 м. Ґрунт суглинок, рослинність переважно злакова. Щільність популяції становить 15 особин/м². Популяція повностанова, гомеостатична, зріла, здатна до самопідтримки. Однак, оскільки вона знаходиться близько від населеного пункту, спостерігаються регресивні зміни (рис. 3С).



Рис. 3. *Colchicum triphyllum* в Одеській області. А: рослини між дернинами (с. Холодна балка на березі Хаджибейського лиману); В: на березі Хаджибейського лиману; С: на березі р. Барабой; D: на березі Тилігульського лиману; Е: на березі Куяльницького лиману

Fig. 3. *Colchicum triphyllum* in Odesa Region. A: plants among turf clumps (Kholodna Balka village on the shore of the Khadzhibeysky Estuary); B: on the shore of the Hadzhibeysky Estuary; C: on the banks of the Baraboya River; D: on the shore of the Tiligul Estuary; E: on the shore of the Kuyalnyk Estuary

Популяція №7. На березі Хаджибейського лиману в околицях с. Алтестове, за 1 км на південь від дачного кооперативу популяція *C. triphyllum* займає площу близько 50 м² під пологом культур *Gleditsia triacanthos* L. і *Robinia pseudoacacia* L. Рослини трапляються рідко, невеликими групами, по 7 особин на 1 м². Популяція, зріла, повностанова, регресивна. Зважаючи на антропогенне навантаження на цій ділянці, ця популяція тут під загрозою зникнення.

Популяція №8. На березі Тилігульського лиману в околицях с. Тилігульське невелика популяція *C. triphyllum* займає площу 10 × 30 м на вершині південно-східного схилу (ухил 50–70°) (рис. 3Д). Тут трапляються поодинокі особини лише в генеративному стані. Популяція регресивна, повностанова, складається лише з дорослих особин.

Популяція №9. У 2020 р. ми знаходили поодинокі особини *C. triphyllum* в околицях с. Світле по низу балки, на дні якої бере початок правий пересихаючий рукав р. Аджалик, що впадає у Велику Аджаликську затоку. Цей район активно забудовується, а на території місцезростання виду активно випасають худобу. У 2024 р. зростання тут *C. triphyllum* нами вже не було підтверджене.

Популяція №10. Між селами Кубанка (відстань 6 км) та Кремидівка (відстань 5 км), по кам'янистих осипах і верхів'ях пересихаючої річки, що впадає в лиман Куяльник, трапляються поодинокі особини *C. triphyllum*. Популяція неповностанова, відсутні молоді особини; перебуває тут в регресивному стані на межі зникнення. До цього призводить забудова та надмірний випас худоби.

Популяція №11. На лівому березі лиману Куяльник за 6 км на північ від с. Стара Еметівка популяція *C. triphyllum* площею близько 5 га розміщена у верхній частині східних схилів балок. Популяція поділена на локуси. Щільність — 15 особин/м²; нормальна, повностанова, вікові стани рівномірно розподілені, на окремих ділянках спостерігається переважання молодих особин, які розташовані ближче до дна балок (рис. 3Е).

Обговорення

Colchicum triphyllum Kunze sensu lato (incl. *C. ancyrense* B.L. Burt; *C. bulbocodioides* M. Bieb., nom.

illeg.; *C. biebersteinii* Rouy, nom. illeg.) у широкому розумінні диз'юнктивно поширений від Північно-Західної Африки та Піренейського півострова до Близького Сходу. Окремі ексклави його ареалу приурочені до гір Атласу та прилеглих рівнинних регіонів на північному заході Африки (Марокко, Алжир, Туніс), центральної, північно-східної та південної частин Піренейського півострова, островів Сицилія та Мальта, Балканського півострова, північно-західного узбережжя Чорного моря (Болгарія, Румунія, Молдова, Україна), Кримського півострова, Малої Азії (Туреччина), східного узбережжя Середземного моря (Сирія, Ізраїль, Йорданія), досягаючи Північного Ірану (рис. 4).

У рівнинній частині України найбільше локалітетів *C. triphyllum* зафіксовано в Одеській області. Цей вид уперше був виявлений в межах м. Одеса. В гербарії LE зберігається зразок виду (визначений як *C. bulbocodioides* M. Bieb.), зібраний В. Бессером, без зазначення року збору. Перший зразок із Одеси із зазначенням дати збору належить до 1843 р. (LE) і є анонімним. Перший зразок із зазначенням збирача — О.Д. Нордманна (Nordman) належить до 1846 р. (LE). Відтоді *C. triphyllum* доволі часто гербаризували з Одеси (див. перелік місцезнаходжень). Вид, вочевидь, не був тут рідкісним. Про це свідчать й дані П. Шестерикова (Shesterykov, 1908), який зауважив, що *C. triphyllum* в Одесі зростає у досить великих кількостях на Жеваховій горі та на Малому Фонтані.

Відсутність гербарних і літературних даних про знахідки *C. triphyllum* в Одесі в подальші роки свідчить про зникнення цього виду зі складу флори міста. Це, ймовірно, пов'язано з інтенсивним антропогенним впливом на міські екосистеми в зв'язку з рекреаційним використанням територій та забудовою. До того ж на Жеваховій горі видобувається глина, а значна частина гори засмічена відходами.

Поза межами Одеси, на території сучасної Одеської області в XIX — першій половині XX ст. були зафіксовані локалітети *C. triphyllum* в околицях сіл Баранівка та Іванівка на території Березівського р-ну, в околицях с. Бурлача Балка Одеського р-ну, в околицях м. Татарбунари та с. Приморське Ізмаїльського р-ну (Shesterykov, 1908; Pachoskyi, 1914; Bordzilovskiy, 1950). В околицях м. Татарбунари цей вид зберігся до наших днів.

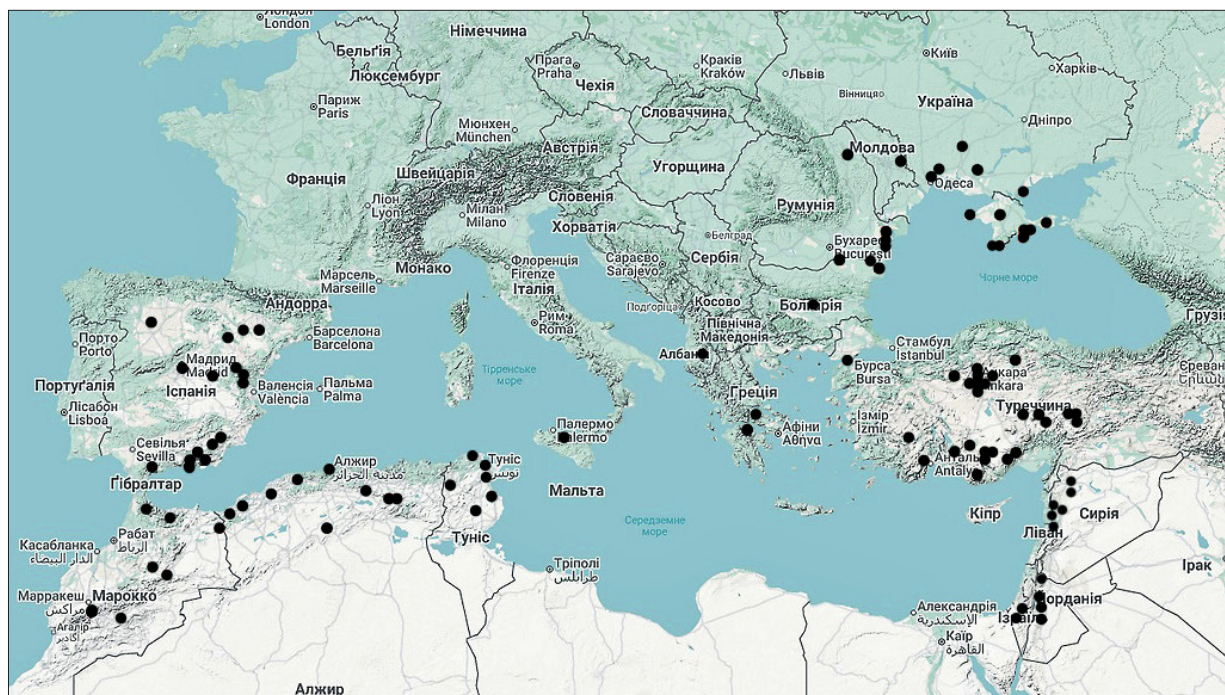


Рис. 4. Загальне поширення *Colchicum triphyllum* (зафіксовані локалітети)

Fig. 4. Distribution of *Colchicum triphyllum* (recorded localities)

У другій половині XX ст. *C. triphyllum* був виявлений в околицях м. Березівка та с. Маринівка Березівського р-ну, с. Сербка Лиманського р-ну, сіл Алтестове, Стара Еметівка, Калинівка, Каїри, Кубанка Одеського р-ну, с. Костянтинова Балка Роздільнянського р-ну, с. Ярославове Болградського р-ну (Dyatlov et al., 1984; Porova, 2002).

Нами підтверджено зростання *C. triphyllum* на схилах Тилігульського лиману поблизу сіл Алтестове, Холодна балка, Стара Еметівка і виявлено нові локалітети виду на узбережжі Тилігульського лиману в околицях сіл Світле та Тилігульське (Червона Нива), між селами Кремидівка та Кубанка та в околицях с. Нова Еметівка Одеського р-ну. В останньому локалітеті популяція *C. triphyllum* займає значну площу.

На початку минулого століття *C. triphyllum* був зафіксований на території Миколаївського р-ну Миколаївської обл. та поблизу сіл Коблево і Рибаківка (Pachoskyi, 1914). У 2022 році поблизу с. Коблево було зафіксовано дві особини *C. triphyllum* у постгенеративному стані. В наступні роки особин виду виявити не вдалося. Очевидно, в зв'язку з інтенсивним антропогенним впливом на екосистеми Чорноморського

узбережжя вид зник з цього локалітету (Melnyk et al., 2025).

В останні роки виявлено два нові локалітети *C. triphyllum* на східному узбережжі Тилігульського лиману на території регіонального ландшафтного парку "Тилігульський" на південному заході Миколаївської обл. в невеликій безіменній балці, яка впадає в Тилігульський лиман і розташована між Атаманською косою та Кафельовою балкою (близько 100 особин) та між с. Ташине і Атаманською стрілкою (тут чисельність в різні роки коливалась від 12 до 27 дорослих особин) (Melnyk et al., 2025). У Миколаївському р-ні виявлено нове місцезнаходження *C. triphyllum* на лівому корінному березі р. Південний Буг в околицях с. Сливіне. Ця локальна популяція виду складається лише з 15–20 дорослих особин і перебуває під значним антропогенним пресингом (Skorobohatov, 2023).

У Миколаївській області також зафіксовані локалітети *C. triphyllum* на території природного заповідника "Єланецький степ" (Вознесенський та Миколаївський р-ни), між селами Зарічне Миколаївського р-ну та Лиманці Баштанського р-ну, Зарічне та Галаганівка у

Баштанському р-ні (Moysiyenko et al., 2009; Gnatiuk, 2024), в Аджигольській балці в Очаківському р-ні (Skorobohatov, 2023; див. перелік місцезнаходжень). Безпосередньо до локалітетів *C. triphyllum* у Баштанському р-ні Миколаївської обл. прилягає місцезнаходження виду на степових схилах у балках лівого берега р. Інгулець в околицях с. Лиманець Херсонського р-ну Херсонської обл. (Moysiyenko et al., 2009).

Вказане І. Шмальгаузен (Shmalhauzen, 1897), місцезростання для с. Табурище Олександрівського повіту (нині місцевість поблизу м. Світловодськ Олександрійського р-ну Кіровоградської обл.) Й. Пачоський вважав помилковим, зазначаючи, що тут зростає *Bulbocodium versicolor* (Ker Gawl.) Spreng. (Pachoskyi, 1914).

У Б. Стефанова (Stefanov, 1926) для території України як місце зростання виду згадується "Alexandrowsk" (нині Запоріжжя) (Stefanov, 1926; Bordzilovskiy, 1950). У гербарії KW зберігається зразок з плодом, зібраний Б.А. Барановським 27 квітня 1988 р. на правому березі Запорізького водосховища на степовому схилі південної експозиції затоки Сухенької, та визначений ним як *C. ancycrense*. Цей екземпляр перевизначено нами як *Bulbocodium versicolor*, оскільки бульбоцибулина вкрита товстими темними лусками і плід за формою та розміщенням відповідає саме цьому виду. Проте в обробці флори Дніпропетровської та Запорізької областей (Tarasov, 2005) цей вид все ж наводиться для степових схилів, а отже в переліку вказуємо ще й цю область, хоча місцезнаходження *C. triphyllum* тут вважаємо досить сумнівним і таким, що потребують підтвердження.

У Криму в XIX — перших десятиріччях XX ст. *C. triphyllum* був зафіксований в околицях с. Ескандер між Сімферополем та Євпаторією, в околицях міст Керч, Судак, Коктебель, Сімферополь, у Білогірську на р. Зуя, між річками Зуя та Бурульча (Wulff, 1929; див. перелік місцезнаходжень).

Більшість з наявних локалітетів приурочені до гір Криму. За винятком місцезнаходжень *C. triphyllum* з околиць Сімферополя та Білогірська, ці місцезнаходження неодноразово підтверджувались у подальшому (див. перелік місцезнаходжень). В останні роки *C. triphyllum* був зафіксований в Балаклаві (див. перелік місцезнаходжень).

Таким чином, у Кримських горах *C. triphyllum* фіксувався по всьому просторі від Балаклави до Феодосії. Основний осередок географічного поширення *C. triphyllum* у горах і передгір'ях Криму розміщений на південному сході в районі Коктебеля, Судака та Феодосії. В минулому він був більшим за площею і простягався до Сімферополя та Білогірська.

Окремі ізольовані локалітети популяції *C. triphyllum* були зафіксовані в різних частинах рівнинного степового Криму. Для Тарханкутського півострова наводилось місцезнаходження з околиць с. Ярилгач (від 1945 року — с. Міжводне Євпаторійського р-ну, розташоване поблизу озера Сасик (Wulff, 1929), яке пізніше не було підтверджено. У 2013 р. на Тарханкутському півострові було виявлено місцезнаходження *C. triphyllum* в околицях с. Красносільське (див. перелік місцезнаходжень). Малочисельні ізольовані популяції *C. triphyllum* були виявлені на північному заході рівнинного Криму в околицях сіл Гришине, Олексіївка Курманського р-ну та с. Зиміне Перекопського р-ну, а також в центральній частині рівнинного Криму в околицях с. Найдьянівка Курманського р-ну (Yena et al., 1988; Vakhrusheva, Burlaka, 2011). Два локалітети *C. triphyllum* наводились для Керченського півострова: одне в околицях м. Керч — на початку минулого століття, інше для Казантипського природного заповідника — на початку нинішнього (див. перелік місцезнаходжень).

Детальний аналіз географічного поширення *C. triphyllum* в Україні дозволяє виділити два фрагменти ареалу виду в нашій країні, розділених диз'юнкцією на лівобережжі Причорноморської низовини. Перший фрагмент ареалу охоплює Бессарабську височину та Правобережжя Причорноморської низовини. Із заходу до нього прилягають локалітети виду в молдавському Придністров'ї (Ghendov et al., 2015). Північна межа географічного поширення виду співпадає з північною межею Причорноморської низовини, оскільки, як вже вказувалось вище, відомості про його географічне поширення поза межами Причорноморської низовини в Дніпропетровській та Запорізькій областях є недостовірними. Східна межа географічного поширення *C. triphyllum* на Причорноморській низовині співпадає з долиною Дніпра.

Другий фрагмент ареалу виду в Україні охоплює переважно Кримські гори. Окремі

ізолювані локалітети зафіксовані в рівнинному Криму та на прилеглих до півострова піщаних косах (Арабатська Стрілка та Бірючий Острів) в Приазов'ї (Херсонська обл.).

Не виключено, що диз'юнкція між двома фрагментами ареалу *C. triphyllum* могла виникнути в результаті антропогенного впливу. В обох фрагментах ареалу відбувається його скорочення, про що свідчить відсутність підтверджень про знаходження виду в околицях міст Одеса, Сімферополь і Білогірськ та на Тарханкутському півострові в останні десятиріччя.

В материковій частині України *C. triphyllum* приурочений до трав'яних ксерофільних угруповань. На Бессарабській височині та на Причорноморській низовині *C. triphyllum* є компонентом фітоценозів типчакowo-ковилових степів формацій *Festuceta valesiacaе*, *Stipeta capillataе*, *Stipeta ucrainicaе*. Він приурочений до парцел без зімкненого рослинного покриву в місцях виходу на поверхню глинистих ґрунтів на морських і лиманових берегах та на схилах балок. До складу цих угруповань входять *Gagea minima* (L.) Ker Gawl., *Galanthus elwesii* Hook. f., *Gymnospermium odessanum* (DC.) Takht., *Ephedra distachia* L., *Hyacinthella leucophaea* (K. Koch) Shur, *Iris pumila* L., *Linum austriacum* L., *Ornithogalum fimbriatum* Willd., *Tulipa sylvestris* subsp. *australis* (Link) Pamp. (Melnik, Didenko, 2021).

У Кримських горах популяції *C. triphyllum* зафіксовані в рідколіссях дуба пухнастого (*Quercus pubescens* Willd.) та сосни кримської (*Pinus pallasiana* D. Don.) на щебенистих схилах північної та північно-західної експозицій (Gnatiuk, 2024). В рівнинному Криму *C. triphyllum* входить до складу петрофітних степових угруповань *Bothriochloetum raconiosum (tenuifolii)* і росте між дернинами *Bothriochloa ischaemum* (L.) Keng та *Festuca rupicola* Neuff. (Vakhrusheva, 2011).

У Приазов'ї на косі Бірючий Острів *C. triphyllum* трапляється у невеликих западинах псамофітних кострицево-ковилових степів (Moysiyeenko et al., 2009).

Отже, в цілому в Україні місцезростання *C. triphyllum* пов'язані з ксерофільними пухнастодубовими та кримськососновими лісами та петрофітними й псамофітними степами.

Поза межами України *C. triphyllum* також приурочений до термофільних угруповань. Так, в Албанії він росте в чагарникових заростях *Juniperus foeditissima* Willd. та *Crataegus heldreichii*

Boiss. (Malo, Shuka, 2013). На Сицилії в Італії поширений у заростях маквісу в горах Мадоніє (Lentini, Raimondo, 1984). В Іспанії, в провінції Арагон поблизу м. Сарагоса *C. triphyllum* росте в соснових лісах (Cabeza, 2009). На півночі Алжиру *C. triphyllum* — на вапнякових схилах в горах Атласу на висоті 1802 м над рівнем моря в умовах аридного клімату з жарким посушливим літом і вологою та холодною зимою (Kheloufi, 2023).

Розглянемо стан популяцій *C. triphyllum* в Україні. Досліджені нами на узбережжі Хаджибейського і Тилігульського лиманів (Одеська обл.) локальні популяції виду займають невелику площу від 10 × 30 м до 100 × 150 м. У місцях, де відсутні значні антропогенні впливи, популяції характеризуються наявністю всіх вікових груп у спектрах онтогенетичних станів з переважанням молодих особин над генеративними і здатністю до самопідтримки. Щільність популяцій 15–32 особин/м². Антропогенний пресинг на популяції призводить до формування правосторонніх спектрів онтогенетичних станів, трансформації гомеостатичних популяцій у регресивні та до повної їхньої елімінації. Особливо небезпечним є надмірний випас худоби і закладання лісових культур *Gleditsia triacanthos* та *Robinia pseudoacacia* (рис. 2.)

Дещо відмінним є стан популяції цього виду на узбережжі Куяльницького лиману поблизу с. Стара Еметівка. Ця популяція площею близько 5000 га є гомеостатичною з лівостороннім спектром онтогенетичних станів, і складається з окремих локусів, приурочених до антропогенно не порушених степових угруповань на схилах балок.

Малочисельними є популяції *C. triphyllum* на Причорноморській низовині в межах Миколаївської та Херсонської областей. На степових схилах балок лівого берега р. Інгулець в околицях с. Лиманець Херсонського р-ну, які перебувають під значним пасовищним навантаженням, зафіксовані окремі групи з 1, 39, 43, 63, 78 квітучими рослинами (Moysiyeenko et al., 2009). У заповіднику "Єланецький степ" зафіксовано лише 15 особин виду (Buhaї, 2024).

У горах Криму поблизу с. Щебетівки в околицях с. Коктебель популяція *C. triphyllum* у пухнастодубовому лісі мала правосторонній спектр онтогенетичних станів з мінімальною кількістю ювенільних рослин. Середня щільність популяції 8 особин/м². Дещо відмінні популяційні

показники в екотоні на лісовій галявині, де було відмічено близько 70 генеративних (40% загальної кількості особин). Максимальна щільність популяції — 12 генеративних особин на 1 м² (Gnatiuk, 2024).

У рівнинному степовому Криму за даними А. Єни зі співавторами (Yena et al., 1998) невелика популяція *C. triphyllum* у Донузлавський балці в Роздільнянському р-ні займала площу близько 1000 м². Середня щільність популяції — 19 особин/м².

Популяція виду в Курманському р-ні в 2009 р. становила 3980 особин, серед них 1632 генеративні (41%). Рослини *C. triphyllum* були розміщені у вигляді окремих локусів поміж дернинами *Bothriochloa ischaetum* та *Festuca rupicola*. Середні розміри цих локусів сягали 0,28 м, середня чисельність у них — 8 особин/м² (Vakhru-sheva, Burlaka, 2011).

У Приазов'ї на косі Бірючий Острів було виявлено близько 100 особин *C. triphyllum*, 59 з яких генеративні. На Арабатській стрілці зафіксовано дві ділянки *C. triphyllum*. На одній з них, площею близько 100 м², виявлено лише 5 особин, в тому числі 3 генеративні. На іншій ділянці — 9 особин *C. triphyllum*, 7 з яких генеративні. Очевидно, перевипас овець негативно вплинув на стан популяції виду у Приазов'ї (Moysiyeenko et al., 2009).

Зауважимо, що популяції *C. triphyllum* є малочисельними й в інших частинах ареалу виду. Так в околицях м. Крікова та с. Ташлак у Молдові *C. triphyllum* ріс групами по 3–5 особин, формуючи популяцію близько 1000 особин (Ghendov et al., 2015). Єдина в Албанії популяція *C. triphyllum* на схилах гори Гаюпі поблизу струмка Браті, біля с. Жей була представлена лише кількома особинами (Malo, Shuka, 2013). Популяція в національному парку Белезма (північно-східний Алжир) складалася з 139 генеративних та 47 ювенільних рослин на площі 50 м² (Kheloufi, 2023).

Як рідкісна рослина цей представник роду *Colchicum* заслуговує на охорону в межах всього ареалу. В Україні він перебуває під охороною в природному заповіднику "Єланецький степ", у Карадазькому природному заповіднику, Азово-Сиваському національному парку, в національних природних парках "Тилігульський" та "Куяльницький", в ландшафтному заказнику "Тополине" (Одеська обл.). Вид репатрійований

на територію національного природного парку "Тузлівські лимани" (Одеська обл.). На жаль, Карадазький природний заповідник та Азово-Сиваський природний національний парк на сьогодні перебувають на окупованій території, де не діють норми природоохоронного законодавства. Зважаючи на рідкісність та малочисельність виду, охорони потребує кожна популяція.

Висновки

Рідкісний вид рослин Східної Європи *Colchicum triphyllum* — середземноморсько-причорноморський елемент флори України. Його диз'юнктивний ареал у межах країни представлений двома фрагментами на лівобережжі Причорноморської низовини. Один із фрагментів ареалу охоплює Бессарабську височину та правобережжя Причорноморської низовини, інший — Кримський півострів та прилеглі до нього піщані коси Приазов'я.

В Україні вид перебуває поблизу північно-східної межі ареалу в Європі, яка співпадає з північною межею правобережжя Причорноморської низовини та з долиною Дніпра і після диз'юнкції на лівобережжі Причорноморської низовини, проходить по межі між материковою Україною та Кримським півостровом і на сході досягає піщаних кіс Приазов'я. Елімінація локальних популяцій виду в околицях Одеси, Сімферополя, Білогірська призвела до скорочення ареалу виду в Україні під впливом антропогенних факторів.

Місцезростання *C. triphyllum* в Україні приурочені до термофільних рослинних угруповань пухнастодубових і кримсько-соснових лісів у горах Криму, петрофітних і псамофільних степів на рівнині. При цьому *C. triphyllum* уникає задернованих ділянок і займає еконіші в парцелях, позбавлених зімкненого рослинного покриву.

Локальні популяції *C. triphyllum* в Україні невеликі за площею (від 10 × 30 м до 100 × 150 м) і малочисельні (до 32 особин/м²). За відсутності значних антропогенних впливів гомеостатичні популяції з лівосторонніми спектрами онтогенетичних станів займають більшу площу (до 5000 м). Антропогенний пресинг на популяції (надмірний випас худоби, закладання лісових культур і рекреація) призводить до

формування правосторонніх спектрів онтогенетичних станів, трансформації гомеостатичних популяцій у регресивні і до елімінації популяцій.

Як гірські, так і рівнинні екотопи з участю *C. triphyllum* в Україні охоплені мережею природно-заповідних територій. Зважаючи на рідкісність і малочисельність популяцій, в перспективі необхідно забезпечити охорону кожного місцезнаходження виду в нашій країні.

ДОТРИМАННЯ ЕТИЧНИХ НОРМ

Автори повідомляють про відсутність будь-якого конфлікту інтересів.

ORCID

В.І. Мельник  <https://orcid.org/0000-0001-8315-8468>
 Ю.В. Солоненченко  <https://orcid.org/0009-0000-1111-6904>
 С.Я. Діденко  <https://orcid.org/0000-0001-7673-4674>
 А.М. Гнатюк  <https://orcid.org/0000-0001-5001-971X>

СПИСОК ПОСИЛАНЬ

- Bordzilovskiy Ye.I. 1950. *Liliaceae*. In: *Flora URSS*. Vol. 3. Kyiv: Vyd-vo AN URSS, pp. 74–79. [Бордзіловський Є. 1950. *Liliaceae*. В кн. *Флора УРСР*. Т. 3. Київ: вид-во АН УРСР, с. 74–79.]
- Buhaj L.V. 2024. Finding rare species of plants within territory of natural reserve "Jelanskiy steppe" (Mykolaiv Region). In: *Records of rare biodiversity of Ukraine*. Kyiv; Chernivtsi: Printing house ART, pp. 65–66. [Бугай Л.В. 2024. Виявлення рідкісних видів рослин у межах території природного заповідника "Єланецький степ" (Миколаївська область). В кн.: *Поширення раритетного біорізноманіття в Україні*. Київ; Чернівці: Друк Арт: с. 65–66.]
- Cabeza J.P. 2009. Algunas plantas interesantes para la flore de Aragon. *Flora Montiberica*, 41: 22–27.
- Chacón J., Cusimano N., Renner S.S. 2014. The evolution of *Colchicaceae* with a focus of chromosome numbers. *Systematic Botany*, 39(2): 415–427. Available at: <https://www.jstor.org/stable/24546152>
- Conti F., Manzi A., Pedrotti F. 1992. *Libro Rosso delle Piante d'Italia*, WWF Italia. Roma: TIPAR poligrafica editrice, 637 pp.
- Dyatlov S.Je., Huslyakov P.E., Ruzhitskaya I.P. 1984. About protection of rare and threatened species of plants of Western Black Sea region. In: *Materials of scientific conference of young scientists of Odessa University. Biology*. Odessa, pp. 144–146. [Дятлов С.Е., Гусляков Н.Е., Ружицкая И.П. 1984. Об охране редких и исчезающих видов растений западного Причерноморья. В сб.: *Материалы научной конференции молодых ученых Одесского университета. Биология*. Одесса, с. 144–146.]
- Düsen O.D., Sömbül H.A. 2007. A morphological investigation of *Colchicum* L. (*Liliaceae*) species in the Mediterranean region in Turkey. *Turkish Journal of Botany*, 31(5): 373–419. Available at: <https://journals.tubitak.gov.tr/botany/vol31/iss5/2>
- Ghendov V., Izverskaya T., Sabanova G. 2015. *Colchicum triphyllum*. In: *Cartea Roşie a Republicii Moldova*. 2 ediția. Ed. G. Duca. Chişinău: Ştiinţa, p. 151.
- Gnatiuk A.M. 2007. *Colchicum ancyrense* B.L. Burt (Colchicaceae) in nature and in primary culture. *Scientific Notes of Ternopil National Pedagogical University. Series: Biology*, 4(34): 28–31. [Гнатюк А.М. 2007. *Colchicum ancyrense* B.L. Burt (Colchicaceae) в природі та первинній культурі. Наукові записки Тернопільського національного педагогічного університету імені Б. Гнатюка. Серія: Біологія, 4(34): 28–31.]
- Gnatiuk A.M. 2024. *Meadow saffrons (Colchicaceae L. s. s.) in Ukraine*. Kyiv: Lira-K, 216 pp. [Гнатюк А.М. 2024. *Пізнюцвітти (Colchicaceae L. s. s.) в Україні*. Київ: Ліра-К, 216 с.] <https://doi.org/10.59647/978-617-8565-03-9/1>
- Harper J. 2010. *Population Biology of plants*. Reprint edition. Amsterdam: Academic Press, 892 p.
- Holz H., Segar J., Vaidez J.W., Stande J. 2022. Assessing extinction risk across the geographic ranges of plant species in Europe. *Plants, People, Planet*, 4: 303–311. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10251>
- Kheloufi A. 2023. First record of *Colchicum triphyllum* (Colchicaceae) from high altitude in Northeastern Algeria. *Acta Horti Botanici Bukurestiensis*, 49(1): 17–24. <https://doi.org/10.62229/ahbb491Z1Grd.039xf>
- Krytska L.I., Yena A.V., Novosad W.V. 2009. *Colchicum ancyrense*. In: *Chervona knyha Ukrainy. Roslynniyi svit (Red Data Book of Ukraine. Plant Kingdom)*. Ed. Ya.P. Didukh. Kyiv: Globalconsulting, p. 565. [Крицька Л.І., Єна А.В. Новосад В.В. 2009. *Colchicum ancyrense*. В кн.: *Червона книга України. Рослинний світ*. Ред. Я.П. Дідух. Київ: Глобалконсалтинг, с. 565.]
- Lentini F., Raimondo F.M. 1984. Contribution à la connaissance du genre "*Colchicum*" en Sicile. *Webbia*, 38(1): 747–755. <https://doi.org/10.1080/00837792.1984.10670345>
- Malo S., Shuka L. 2013. Distribution of *Colchicum doerfleri* Halácsy, *Colchicum triphyllum* Kunze and *Colchicum bivonae* Guss. *Journal of Ecosystems and Ecology Sciences*, 3(2): 273–278.
- Melnyk V., Didenko S. 2021. Geographical distribution, habitats and current state of the *Galanthus elwesii* (Amaryllidaceae) populations in Ukraine. *Phytologia Balcanica*, 27(2): 221–229. Available at: http://www.bio.bas.bg/~phytolbalcan/PDF/27_2/contents.html
- Melnyk V., Shynder O., Didenko S., Savchuk L. 2024. *Euonymus nanus* (Celastraceae) in Europe and in the Caucasus Mountains: geographical distribution, habitats and modern state of populations. *Biosystems Diversity*, 32(1): 116–126. <https://doi.org/10.15421/012411>

- Melnik R.P., Melnychuk S.S., D'yachenko O.V. 2025. *Colchicum ancyrense* B.L. Burt. on the territory of the Tygulytsky RLP (Mykolaiv Region, Ukraine). In: *Problems of ecology and energysaving: XVI International scientific and practical conference*. Mykolaiv: Vyd-vo of National University of Shipbuilding, pp. 226–230. [Мельник Р.П., Мельничук С.С., Д'яченко О.В. 2025. *Colchicum ancyrense* B.L. Burt. на території РЛП "Тигульський" (Миколаївська область, Україна). В зб.: *Проблеми екології та енергозбереження: XVI Міжнародна науково-практична конференція*. Миколаїв: Вид-во Національного університету кораблебудування, с. 226–230.]
- Moysiyenko I.I., Kolomyichuk V.P., Boyko M.F., Khodosovtsev O.S., Vondrak Ja., Naumovych G.O., Khodosovtseva Yu.A. 2009. First notification about growing of *Colchicum ancyrense* B.L. Burt. in Kherson Region. *Chornomorski Botanical Journal*, 5(4): 612–616. [Мойсієнко І.І., Коломійчук В.П., Бойко М.Ф., Ходосовцев О.Є., Вондрак Я., Наумович Г.О., Ходосовцева Ю.А. 2009. Перше повідомлення про зростання *Colchicum ancyrense* B.L. Burt. на Херсонщині (Україна). *Чорноморський ботанічний журнал*, 5(4): 612–616.] Available at: <https://cbj.kspu.edu/index.php/cbj/article/view/609>
- Oltean M., Negrean G., Popescu A., Roman N., Dihoru G., Sanda V., Mihailescu S. 1994. Lista rosie a plantelor superioare din Romania. *Studii, sintenze, documenta, tii de ecologie*, 1: 1–52.
- Nordenstam B. 1998. *Colchicaceae*. In: Kubitzki K. (ed.) *The families and genera of vascular plants*. Vol. 3. Berlin: Springer Verlag, pp. 175–185.
- Pachoskyi [Paczoski] J. 1914. *Flora of Kherson Region*. I. Higher cryptogamic, gymnosperm, monocotyledonous plants. Kherson: Olkhovnikov's Printing House, 548 pp. [Пачоский И. 1914. *Херсонская флора*. I. Высшие тайнобрачные, голозерные, однодольные. Херсон: Типография Ольховникова, 548 с.]
- Popova O.M. 2002. The vascular plants from Red Data Book of Ukraine, world and European Red Lists. *Scientific Journal of Odessa University. Series: Biology*, 1(7): 178–190. [Попова О. М. 2002. Судинні рослини з Червоної книги України, світового та Європейського Червоних списків. *Вісник Одеського університету. Серія Біологія*, 1(7): 178–190.]
- Shesterykov P. 1908. New additional data for flora of Odessa district. *Mémoires de la Société des Naturalistes de la Nouvelle Russie*, 33: 1–44. [Шестериков П. 1908. Новые дополнительные данные для флоры Одесского уезда. *Записки Новороссийского общества естествоиспытателей*, 33: 1–44.]
- Skorobogatov V.M. 2023. A new find of *Colchicum triphyllum* Kunze s. l. (incl. *Colchicum ancyrense* B.L. Burt. in the Mykolaiv Region). In: *Modern approaches to the assessment and conservation of biodiversity in the territories of the nature reserve fund: Collection of scientific papers based on the materials of the All-Ukrainian scientific conference*. Cherkasy; Chernivtsi: Druk-Art. pp. 146–148. [Скоробогатов В.М. 2023. Нова знахідка *Colchicum triphyllum* Kunze s. l. (incl. *Colchicum ancyrense* B.L. Burt. у Миколаївській області. У зб.: *Сучасні підходи до оцінки та збереження біорізноманіття на територіях природно-заповідного фонду: Збірник наукових праць за матеріалами Всеукраїнської наукової конференції*. Черкаси; Чернівці: Друк-Арт, с. 146–148.]
- Schmalhausen I.F. 1897. *Flora of Middle and Southern Russia, Crimea and the North Caucasus*. Vol. 2. Kyiv: I.N. Kushnerev & Co., xvi + 752 pp. [Шмальгаузен И.Ф. 1897. *Флора Средней и Южной России, Крыма и Северного Кавказа*. Т. 2. Киев: И.Н. Кушнерев и Ко., xvi + 752 pp.]
- Stefanov B. 1926. *Monographia of Colchicum L. genera*. Sophia, 100 pp. [Стефанов Б. 1926. *Монографія на рода Colchicum L.* София, 100 с.]
- Tarasov V.V. 2005. *Flora of Dnipropetrovsk and Zaporizka regions*. Vascular plants. DNU Press Edition, 276 pp. [Тарасов В.В. 2005. *Флора Дніпропетровської та Запорізької областей*. Судинні рослини. Дніпропетровськ: Вид-во ДНУ, 276 с.]
- Thiers B. 2025–onward. *Index Herbariorum*. A global directory of public herbaria and associated staff. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. Available at: <http://sweetgum.nybg.org/science/ih> (Accessed 15 December 2025).
- Yena A.V., Kovtun S.V., Mruk Yu.N., Orlov A.A. 1988. Finding of large populations of spring ephemerals in steppe Crimea. In: *Actual issues of protection and rendering of steppe ecosystems*. Askaniya Nova, pp. 174–176. [Ена А.В., Ковтун С.В., Мрук Ю.Н., Орлов А.А. 1988. Находки крупных популяций весенних эфемероидов в степном Крыму. В зб.: *Актуальні питання збереження та відновлення степових екосистем: Матеріали міжнародної наукової конференції, присвяченої 100-річчю заповідання "Асканії-Нова"*. Асканія-Нова, pp. 174–176.]
- Vakhrusheva L.P. 2011. Spatial structure of *Colchicum ancyrense* population in petrophilous steppe Krasnogvardiyskij District (Crimea). *Ecosystems, their improvement and protection*, 5: 52–57. [Вахрушева Л.П. 2011. Пространственная структура ценопопуляции *Colchicum ancyrense* в петрофитной степи Красногвардейского района (Крым). *Экосистемы, их оптимизация и охрана*, 5: 52–57.] Available at: http://nbuv.gov.ua/UJRN/ecooo_2011_5_8
- Vakhrusheva L.P., Burlaka D.V. 2011. Age structure of *Colchicum ancyrense* population in petrophilous steppe in Krasnogvardiyskij District of Crimea. *Ecosystems, their improvement and protection*, 4: 35–42. [Вахрушева Л.П., Бурлака Д.В. 2011. Возрастная структура популяций *Colchicum ancyrense* в петрофитной степи Красногвардейского района Крыма. *Экосистемы, их оптимизация и охрана*, 4: 35–42.] Available at: http://nbuv.gov.ua/UJRN/ecooo_2011_4_7
- Wulff E.V. 1929. *Flora of Crimea*. Monocotyledoneae. Vol. 2(1). Leningrad: Hidrographic agency printing house, 77 pp. [Вульф Е.В. 1929. *Флора Крыма*. Однодольные Monocotyledoneae. Т. 2(1). Ленинград: типография Гидрографического управления, 77 с.]

***Colchicum triphyllum* s. l. (Colchicaceae) in Ukraine:
the geographic distribution and current state of populations**

V.I. MELNYK ^{1,2}, Ju.V. SOLONENCZENKO ¹, S.Ja. DIDENKO ¹, A.M. GNATIUK ¹

¹ M.M. Gryshko National Botanical Garden, National Academy of Sciences of Ukraine,

1 Sadovo-Botanichna Str., Kyiv 01014, Ukraine

² National University of Kyiv Mohyla Academy (NaUKMA),

2 H. Skovorody Str., Kyiv 04070, Ukraine

Abstract. The paper presents the results of a study on the geographic distribution, habitats, and current state of populations in Ukraine of a rare species of the East European flora, *Colchicum triphyllum* (Colchicaceae). It was established that the northeastern boundary of the range of this species in Europe runs through Ukraine along the northern margin of the right-bank part of the Black Sea Lowland, coincides with the Dnipro River valley, and then continues along the boundary between the mainland and the Crimean Peninsula. Our analysis of the geographic distribution distinguished two fragments of the range within Ukraine. One fragment is confined to the Bessarabian Upland and the right-bank part of the Black Sea Lowland (Odesa, Mykolaiv, and Kherson regions), while another is associated with the Crimean Peninsula and the adjacent sandy spits of the Azov Sea region (Autonomous Republic of Crimea and Kherson Region). Local populations of *Colchicum triphyllum* identified at new localities in Odesa Region along the coasts of the Hadzhibei, Kuyalnyk, and Tyligul estuaries occupy areas ranging from 300 m² to 15.000 m². Populations of *Colchicum triphyllum* are satisfactorily represented within protected natural areas of Crimea and southern mainland Ukraine; however, this does not guarantee their conservation, as a significant number of populations occur in temporarily occupied territories where environmental protection regulations are not being observed.

Keywords: biodiversity, community, Crimean Peninsula, flora, Mykolaiv Region, Odesa Region, range, rare species, Ukraine



<https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.054>

RESEARCH ARTICLE

Нові знахідки рідкісного гриба *Battarrea phalloides* (*Agaricales*, *Basidiomycota*) в Україні

Федір П. ТКАЧЕНКО¹ , Микола П. ПРИДЮК^{2*} 

¹ Одеський національний університет імені І.І. Мечникова
вул. Всеволода Змієнка 2, Одеса 65085, Україна

² Інститут ботаніки ім. М.Г. Холодного НАН України
вул. Терещенківська 2, Київ 01601, Україна

* Автор для листування: prydiuk@gmail.com

Реферат. У статті представлені нові дані про знахідки в Україні рідкісного виду грибів *Battarrea phalloides*, занесеного до Червоної книги України. Гриб був виявлений у степовій частині Березівського р-ну Одеської області. Надано опис нового місцезнаходження, а також макро- та мікроморфологічні ознаки знайдених у цьому локалітеті плодових тіл. Узагальнена інформація про поширення *B. phalloides* в Україні (на основі літературних джерел і даних із соціальних мереж) та у світі.

Ключові слова: Крим, новий локалітет, Одеська область, степова зона, Червона книга України, *Agaricaceae*

Вступ

Battarrea phalloides (Dicks.) Pers., згідно з сучасними даними, належить до родини *Agaricaceae* Chevall., підпорядку *Agaricineae* Fr. та порядку *Agaricales* Underw. (Hyde et al., 2024). На відміну від більшості представників цієї родини, які мають класичні агарикоїдні плодові тіла (тобто поділені на шапинку та ніжку, з відкритим пластинчастим гіменофором), вказаний рід має так звані секотіюїдні карпофори. Останні є наслідком гастероміцетизації — еволюційного процесу пристосування грибів до посушливих умов шляхом утворення плодових тіл із закритим

гіменофором (Thiers, 1984). У його найвищих проявах гриби утворюють округлі (нерідко підземні) та повністю закриті карпофори без жодних ознак ніжки та шапинки, в той час як у секотіюїдних видів вказані елементи плодових тіл зберігаються, хоча гіменофор завжди певною мірою редукований і доволі довго або завжди залишається закритим. У деяких представників цієї морфологічної групи пластинки ще зберігаються (наприклад, у *Chlorophyllum agaricoides* (Czern.) Vellinga), хоча вони сильно деформовані та видозмінені, часто хвилясті з численними анастомозами, проте у *Battarrea phalloides* їх взагалі немає, а натомість утворилася комірчаста

ARTICLE HISTORY. Submitted 10 March 2025. Revised 10 February 2026. Published 26 February 2026

CITATION. Tkachenko F.P., Prydiuk M.P. 2026. New finds of the rare fungus *Battarrea phalloides* (*Agaricales*, *Basidiomycota*) in Ukraine. *Ukrainian Botanical Journal*, 83(1): 54–59. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.054>.

© M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine, 2026

© Publisher PH "Akademperiodyka" of the NAS of Ukraine, 2026

This is an open access article under the CC BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

глеба, і шапинка фактично перетворилася на мішечок, наповнений спорами.

Цей досить рідкісний в Європі та Україні вид приурочений до сухих місцин, переважно степів, остепнених луків та піщаних дюн, хоча нерідко трапляється і в лісосмугах, заростях чагарників та лісах (переважно на узліссях або галявинах). Його вважають індикатором аридних і семіаридних біотопів (Fraiture, Otto, 2015), і в багатьох країнах Європи (зокрема, в Австрії, Болгарії, Великій Британії, Вірменії, Іспанії, Італії, Мальті, Німеччині, Північній Македонії, Польщі, Росії, Румунії, Сербії, Словаччині, Туреччині, Угорщині, Франції та Чехії) він включений до Червоних списків грибів, а також запропонований для оцінки як кандидат для можливого внесення у Червоний список МСОП на глобальному рівні (Heluta et al., 2022; <https://redlist.info/iucn/species/view/159853/>). Починаючи з 2021 р. він включений і до Червоної книги України в категорії VU — вразливий (<https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/z0370-21#Text>). Донедавна в нашій країні було відомо близько 12 місцезнаходжень цього виду гриба, причому майже половина з них була зроблена за проміжок часу з кінця XIX ст. до 1970 р. (Valts, Rishavi, 1871; Sredinskiy, 1872–1873; Frankivskiy, 1963; Wasser, 1971; Zerova et al., 1979; Akulov et al., 2017). Оскільки вкрай важливими є актуальні дані щодо розповсюдження цього гриба в Україні, нижче ми наводимо інформацію щодо нового місцезнаходження *Battarrea phalloides*, виявленого в Одеській області, та додаємо низку нещодавніх спостережень цього гриба, зроблених учасниками Facebook-спільноти "Гриби України" та мережевої платформи iNaturalist.

Матеріали та методи

Опис макроморфологічних ознак гриба базується на трьох екземплярах сухих плодових тіл, виявлених у жовтні 2024 р. Для вивчення мікроструктур була відібрана проба ґлеби. Розміри спор вказані за результатами вимірів 20 випадково відібраних екземплярів, а також одного найбільшого та одного найменшого. Для інших мікроструктур вимірювали по 10 одиниць. Ідентифікацію гриба проводили за допомогою кількох мікологічних визначників (Sosin, 1973; Zerova et al., 1979; Calonge, 1998; Pegler et al., 1995; Sarasini, 2005). Всі наукові назви та їхні синоніми наведені згідно з базою даних

Index Fungorum (<https://www.indexfungorum.org/>, accessed 14 July 2025). Місцезнаходження згруповані відповідно до районування, прийнятого у "Флорі грибів України" (Heluta, 1989).

Результати та обговорення

Цей вид гриба був уперше описаний під назвою *Lycoperdon phalloides* Dicks. британським науковцем Д. Діксоном у 1785 р. Пізніше, у 1801 р., французький міколог Х.Г. Персон на основі цього ж гербарного зразка створив рід *Battarrea* Pers., назвавши його на честь італійського вченого Д.А. Баттаррі (Watling et al., 1995). Певний час вважали, що в Україні окрім *Battarrea phalloides* трапляється ще один вид, *B. stevenii* (Libosch.) Fr. (Sosin, 1973; Zerova et al., 1979), проте після низки досліджень із використанням молекулярно-генетичних методів науковці схильні розглядати другий вид як синонім *B. phalloides* (Martín et al., 2013).

***Battarrea phalloides* (Dicks.) Pers., Syn. meth. fung. (Göttingen) 1: xiv, 129. 1801. — Баттаррея веселкоподібна.**

≡ *Lycoperdon phalloides* Dicks., Fasc. pl. crypt. brit. (London) 1: 24. 1785.

= *Dendromyces stevenii* Libosch., Besch. entd. Pilzes (Wein): tab. 1, 2. 1814. = *Battarrea stevenii* (Libosch.) Fr., Syst. mycol. (Lundae) 3(1): 7. 1829. = *Battarrea phalloides* var. *stevenii* (Libosch.) Cleland & Cheel, J. Proc. R. Soc. N.S.W. 50: 111. 1916. = *Battarrea phalloides* f. *stevenii* (Libosch.) Calonge, in Calonge, Guzmán & Ramírez-Guillén, Boln Soc. Micol. Madrid 28: 339. 2004. = *Phallus campanulatus* Berk., Ann. Mag. nat. Hist., Ser. 1 9: 446. 1842. = *Ithyphallus campanulatus* (Berk.) Sacc., Syll. fung. (Abellini) 7: 11. 1888. = *Sphaericeps lignipes* Welw. & Curr., Trans. Linn. Soc. London 26(1): 290. 1868. 1870. = *Sphaerocybis lignipes* (Welw. & Curr.) Clem., Gen. fung. (Minneapolis): 117 (1909). = *Battarrea gaudichaudii* Mont., Annls Sci. Nat., Bot., sér. 2 2: 76. 1834. = *Battarrea guicciardiniana* Ces., R.C. R. Accad. Sci. Napoli 12: 36. 1875. = *Battarrea muelleri* Kalchbr., in Kalchbrenner & Cooke, Grevillea 9 (no. 49): 3. 1880. = *Battarrea tepperiana* F. Ludw. [as 'Batarea'], Botan. Centralbl. 37: 337. 1889. = *Battarrea guachiparum* Speg. [as 'Batarrea'], Anal. Mus. nac. Hist. nat. B. Aires 6: 190. 1898 [1899]. = *Battarrea patagonica* Speg. [as 'Batarrea'], Anal. Mus. nac. Hist. nat. B. Aires 6: 191. 1898 [1899].

= *Battarrea laciniata* Underw. ex V.S. White, Bull. Torrey bot. Club 28: 439. 1901. = *Battarrea levispora* Masee, Bull. Misc. Inf., Kew: 152. 1901. = *Battarrea franciscana* Copel., Annls mycol. 2(1): 3. 1904. = *Battarrea katzlerae* Ulbr., Notizbl. Bot. Gart. Berlin-Dahlem 13: 144. 1936.

Плодові тіла секотіюїдні, складаються з ніжки та спороносною голівки. В молодому віці яйцеподібні, 3–4 см діаметром, із подвійним перидієм. При дозріванні карпофорів зовнішній шар (екзоперидій) розривається, зберігаючись у вигляді піхви в основі ніжки, яка швидко витягується у довжину, піднімаючи спороносну gleбу над поверхнею ґрунту. Ніжка розміром 11–13 × 0,7–1,0 см, порожниста, циліндрична або дещо веретеноподібна, волокнисто-луската, у верхній частині сірувато-біла, нижче темно-коричнева. Голівка округло-приплюснута, знизу помітно увігнута, діаметром 2,0–3,5 см, вкрита гладеньким білуватим ендоперидієм, який при дозріванні руйнується у верхній частині, зберігаючись у вигляді кільця діаметром 1,0–2,3 см на верхівці ніжки. На вказаному кільці розташована світло-коричнева або бура gleба, яка після дозрівання карпофора перетворюється на порошисту спорову масу. М'якуш плодового тіла дерев'янистий, сіруватий, без особливого запаху та смаку.

Спори 4,7–6,5 мкм діаметром, дрібнобородавчасті, кулясті, товстостінні, іржаво-коричневі. Базидії не виявлені. Елатери циліндричні, часом розгалужені, завтовшки 3,5–5,0 мкм, зі спіральними потовщеними стінками, безбарвні.

Зростає поодинокі або невеликими групами на ґрунті, особливо піщаному, переважно у степах, на остепнених луках, пустирях, галявинах та узліссях, рідше у заростях чагарників, лісосмугах та лісах, з червня по листопад (хоча плодові тіла, завдяки дерев'янистій консистенції, зберігаються довго, і їх можна знайти ще у грудні, або навіть у січні–квітні наступного року).

Досліджений зразок: Правобережний злаковий Степ: Одеська обл., Березівський р-н, поблизу с. Ряснопіль, N 47°08'83", E 31°16'82", степ, серед розрідженої трав'яної рослинності, на суглинистому ґрунті, 11.10.2024, А. Гайна.

Поширення в Україні (рис. 1): Центральне Полісся: Київська обл., Бучанський р-н, околиці с. Липівка, городи, на ґрунті, 28.06.1884, А. Рогович (Akulov et al., 2017). Правобережний Лісостеп: Вінницька обл., Гайсинський р-н, 16.10.2022, В.

Косаківська (https://www.facebook.com/groups/Hryby.Ukrayiny/posts/5796160347070917). Кіровоградська обл., Кропивницький р-н, околиці м. Кропивницький, біля житлових будинків центрального відділення колишньої Кіровоградської обласної сільськогосподарської станції, лісосмуга з робінії, на ґрунті, 1953–1958 рр., Я. Франківський (Frankivskiy, 1963) [на жаль, немає конкретніших дат знахідок гриба та їх точної кількості, а в Гербарії Інституту ботаніки KW-M зберігається лише два зразки *Battarrea phalloides* з цього місця, переданих Я. Франківським, які були зібрані 06.10.1957 та 06.11.1957]; там само, 06.11.1967, Я. Франківський. Одеська обл., Подільський р-н, с. Саврань, подвір'я, на ґрунті, 01.09.2020, І. Іскра (https://www.facebook.com/groups/Hryby.Ukrayiny/posts/3920820114604959/). Лівобережний Лісостеп: Полтавська обл., Лубенський р-н, бурти, на ґрунті, 20.07.1862, А. Рогович (Valts, Rishavi, 1871). Харківський Лісостеп: Харківська обл., Зміївський р-н, НПП "Гомільшанські ліси", біостанція Харківського національного університету імені В.Н. Каразіна, кленово-липова діброва, на ґрунті, 30.06.2016, М. Жежера (Akulov et al., 2017); Куп'янський р-н, околиці с. Дворічна, ур. Плоске, байрачна діброва, в дуплі ясена на рівні ґрунту, 30.11.2016, А. Тупіков (Akulov et al., 2017). Правобережний злаково-лучний Степ: Запорізька обл., Запорізький р-н, околиці м. Запоріжжя (о. Хортиця), зарості чагарників, на ґрунті, 06.10.2025 (https://www.inaturalist.org/observations/319121723). Одеська обл., Білгород-Дністровський, Болградський та Ізмайльський р-ни (Бесарабія), цілинний степ, на ґрунті, М. Срединський (Sredinskiy, 1873). Правобережний злаковий Степ: Миколаївська обл., м. Миколаїв, парк, на ґрунті, 30.11.2025, О. Балагура (https://www.facebook.com/groups/Hryby.Ukrayiny/permalink/25593447223582269/). Лівобережний злаково-лучний Степ: Дніпропетровська обл., Синельниківський р-н, околиці с. Березнуватка, лісосмуга, на ґрунті, 06.10.2017, А. Новоборський (https://www.facebook.com/groups/Hryby.Ukrayiny/permalink/2870957629591218/). Запорізька обл., Запорізький р-н, цілинний степ, на ґрунті, М. Срединський (Sredinskiy, 1873). Донецький злаково-лучний Степ: Донецька обл., Горлівський р-н, с. Зачатівка, зарості чагарників, на ґрунті, 20.02.2024 (https://www.inaturalist.org/observations/200066354). Лівобережний злаковий Степ: Херсонська обл., Каховський р-н,

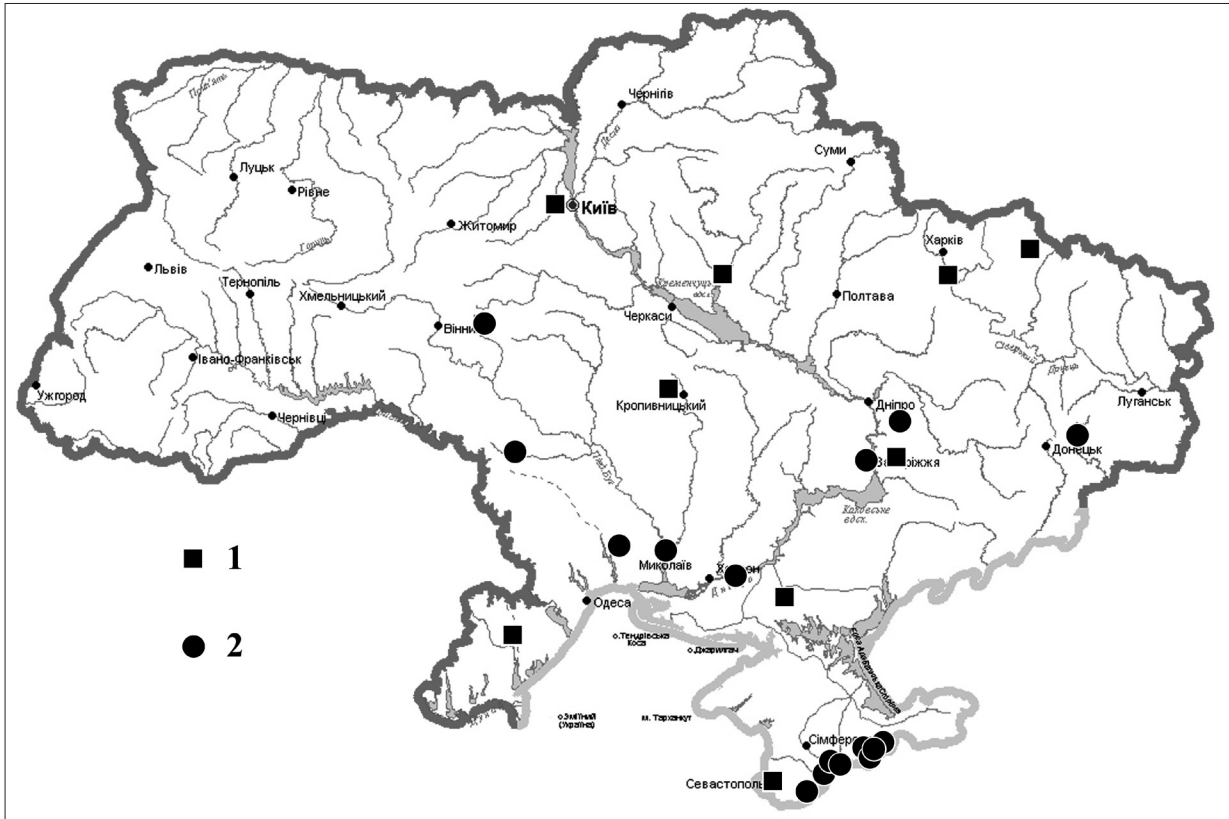


Рис. 1. Поширення *Battarrea phalloides* в Україні: 1 — місцезнаходження за літературними даними; 2 — нові місцезнаходження

Fig. 1. Distribution *Battarrea phalloides* in Ukraine: 1 — localities according to literature data; 2 — new localities

Біосферний заповідник "Асканія-Нова", цілинний степ, на ґрунті, С. Вассер (Wasser, 1969, 1971); Скадовський р-н, околиці м. Гола Пристань, обабіч міського кладовища, розріджене насадження тополі та робінії, на ґрунті, 31.01.2016, М. Заславець (Akulov et al., 2017); Херсонський р-н, околиці с. Кринки, 19.11.2021, І. Гончаровська (<https://www.facebook.com/groups/Hryby.Ukrayiny/permalink/25491597450433914/>). Кримський Лісостеп: АР Крим, околиці м. Севастополь, біля залізничної станції Мекензієві гори, насадження з туї та ялівцю, на ґрунті, 02.04.2016, Н. Федотова (Akulov et al., 2017). Гірський Крим: АР Крим, Феодосійський р-н, смт. Коктебель, пустир, на ґрунті, 25.10.2020, М. Орлов (<https://www.inaturalist.org/observations/63489464>); південно-східніше смт. Коктебель, остепнена ділянка, на ґрунті, 24.12.2023 (<https://www.inaturalist.org/observations/195184607>); Ялтинський р-н, околиці с. Краснокам'янка, ліс із сосни кримської,

на ґрунті, 01.08.2022 (<https://www.inaturalist.org/observations/136551817>). Південний берег Криму: АР Крим, Феодосійський р-н, околиця с. Курортне, зарості ялівцю, на ґрунті, 22.06.2017, О. Фатерига (<https://www.inaturalist.org/observations/68699496>); там само, зарості ялівцю, на ґрунті, 26.09.2021 (<https://www.inaturalist.org/observations/108165569>); Ялтинський р-н, східніше м. Алушта, ліс із дуба пухнастого, на ґрунті, 23.12.2023, С. Богданович (<https://www.inaturalist.org/observations/194674126>); м. Алушта, деревні насадження, на ґрунті, 22.07.2024, С. Богданович (<https://www.inaturalist.org/observations/230937018>); селище Ізобільне, зарості дуба пухнастого, на ґрунті, 16.11.2025, С. Богданович (<https://www.inaturalist.org/observations/327642653>); околиці с. Малоріченське, зарості дуба пухнастого, на ґрунті, 30.06.2016, Б. Серебряний (<https://www.inaturalist.org/observations/129661102>); селище Симеїз, зарості дуба пухнастого, на 02.07.2022,

грунті, С. Богданович (<https://www.inaturalist.org/observations/124416324>).

Загальне поширення. Європа: Австрія, Бельгія, Болгарія, Велика Британія, Греція, Іспанія, Італія, Мальта, Німеччина, Північна Македонія, Польща, Португалія, Росія, Румунія, Сербія, Словаччина, Туреччина, Угорщина, Україна, Хорватія, Франція, Чехія, Швейцарія. Африка: Алжир, Ангола, Ботсвана, Бурунді, Джибуті, Єгипет, Зімбабве, Кабо Верде, Кенія, Лівія, Мадагаскар, Мавританія, Марокко, Мозамбік, Намібія, Південноафриканська Республіка, Сан-Томе і Принсіпі, Сомалі, Танзанія, Туніс. Азія: Азербайджан, Бутан, Вірменія, Грузія, Ємен, Ізраїль, Індія, Іран, Казахстан, Киргизстан, Китай, Кіпр, Монголія, Об'єднані Арабські Емірати, Пакистан, Росія (Сибір), Саудівська Аравія, Тайвань, Туреччина, Узбекистан. Північна Америка: Гондурас, Домініканська Республіка, Канада, Мексика, Пуерто-Ріко, США. Південна Америка: Аргентина, Болівія, Бразилія, Еквадор, Карибські Нідерланди, Колумбія, Перу, Уругвай, Чилі. Австралазія: Австралія, Нова Зеландія (https://redlist.info/iucn/species_view/159853/; <https://www.gbif.org/en/species/2535676>; <https://www.inaturalist.org/taxa/119969-Battarrea-phalloides>).

Висновки

Загалом, проаналізувавши дані щодо розповсюдження *Battarrea phalloides* в Україні, можна відмітити кілька очевидних фактів. По-перше, підтверджується теплолюбність цього виду, оскільки практично всі локалітети, окрім одного, розташовані у межах Лісостепу (8 спостережень), Степу (10) та південного Криму (11). Цей вид вочевидь тяжіє до південніших областей України (рис. 1). Єдине поліське місцезнаходження з околиць Києва датується 1884 р. і нових знахідок з тих пір там не було. По-друге, гриб не виявляє явної приуроченості до певного типу біотопів і трапляється як у трав'яних, так і деревних угрупованнях, а іноді його виявляють

навіть на антропогенних ділянках (городах, буртах, парках, подвір'ях). По-третє, можна бачити, що протягом останніх семи років було лише 18 нових спостережень цього виду. Це досить небагато, враховуючи збільшення кількості мікологів-аматорів у нашій країні, і значного зростання ролі соціальних мереж у поширенні інформації про знахідки грибів. Зважаючи, що плодове тіло *Battarrea phalloides* досить велике та легке для ідентифікації навіть неспеціалістами, така незначна кількість знахідок, на нашу думку, підтверджує рідкісність цього виду. Однак передчасно впевнено судити про тренди зміни його популяції, оскільки складається враження, що вона щонайбільше стабільна, а не зростає. Наприклад, у більшості місцезнаходжень XIX–XX століть не було повторних знахідок. Таким чином, необхідність охорони *Battarrea phalloides* у нашій країні не підлягає сумніву, а поповнення інформації про його розповсюдження залишається актуальним завданням.

Подяки

Висловлюємо щирі вдячність к.б.н. І.С. Саркiній за консультативну допомогу та студентці А. Гайні за повідомлення про знахідку плодових тіл гриба. Окрема подяка членам Facebook-спільноти "Гриби України" О. Балагурі, І. Гончаровській, І. Іскрі, В. Косаківській та Н. Новобороському, а також учасникам платформи *iNaturalist* С. Богданович, М. Орлову, Б. Серебряному, О. Фатеризі та іншим за надану інформацію про спостереження *Battarrea phalloides* в Україні.

ДОТРИМАННЯ ЕТИЧНИХ НОРМ

Автори повідомляють про відсутність будь-якого конфлікту інтересів.

ORCID

Ф.П. Ткаченко  <https://orcid.org/0000-0001-5769-5120>

М.П. Придюк  <https://orcid.org/0000-0001-5083-0141>

СПИСОК ПОСИЛАНЬ

- Akulov O., Hromakova A., Zhezhera M., Tupikov A. 2017. First data about finds of a rare fungus *Battarrea phalloides* (Dicks.) Pers. from the Kharkiv Forest-Steppe. *Visnyk Kharkivskoho natsionalnoho universytetu imeni V.N. Karazina. Seriya Biologiya*. 28: 96–100. [Акулов О., Громакова А., Жежера М., Тупіков А. 2017. Перші відомості про знахідки рідкісного гриба *Battarrea phalloides* (Dicks.) Pers. з Харківського Лісостепу. *Вісник Харківського національного університету імені В.Н. Каразіна. Серія Біологія*, 28: 96–100.]

- Calonge F.D. 1998. Gasteromycetes. I. *Lycoperdales, Nidulariales, Phallales, Sclerodermatales, Tulostomatales*. *Flora Mycologica Iberica*, 3: 1–271.
- Fraiture A., Otto P. 2015. Distribution, ecology and status of 51 macromycetes in Europe – Results of the ECCF Mapping Programme. In: *Special issue of Scripta Botanica Belgica*. Vol. 53. Brussels: Jardin Botanique National de Belgique, 247 pp.
- Frankivskiy V.Ya. 1963. On the find of the fungus *Battarrea stevenii* (Lib.) Fr. in Ukraine. *Ukrainian Botanical Journal*, 20(1): 103. [Франківський В.Я. 1963. Про знаходження гриба *Battarrea stevenii* (Lib.) Fr. на Україні. *Український ботанічний журнал*, 20(1): 103.]
- Heluta V.P. 1989. *Flora of fungi of Ukraine. Powdery mildew fungi*. Kyiv: Naukova Dumka, 256 pp. [Гелюта В.П. 1989. *Флора грибів України. Мучнистопоросяні гриби*. Київ: Наукова думка, 256 с.]
- Heluta V.P., Zyкова M.O., Hayova V.P., Prydiuk M.P., Shevchenko M.V. 2022. An update to the species list of fungi in the *Red Data Book of Ukraine*. *Ukrainian Botanical Journal*, 79(3): 154–168. [Гелюта В.П., Зикова М.О., Гайова В.П., Придюк М.П., Шевченко М.В. 2022. Деякі зміни до списку видів грибів, включених до Червоної книги України. *Український ботанічний журнал*, 79(3): 154–168.] <https://doi.org/10.15407/ukrbotj79.03.154>
- Hyde K.D., Noorabadi M.T., Thiyagaraja V., He M.Q., Johnston P.R. et al. 2024. The 2024 outline of fungi and fungus-like taxa. *Mycosphere*, 15(1): 5146–6239. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/15/1/25>
- Martin M.P., Rusevska K., Dueñas M., Karadelev M. 2013. *Battarrea phalloides* in Macedonia: genetic variability, distribution and ecology. *Acta Mycologica*, 48(1): 113–122.
- Pegler P.D., Laessoe T., Spooner B.M. 1995. *British puffballs, earthstars and stinkhorns: an account of the British gasteroid fungi*. Key: Royal Botanic Garden, 253 pp.
- Sarasini M. 2005. *Gasteromyceti epigei*. Trento: AMB Fondazione Centro Studi Micologici, 406 pp.
- Sosin P.Ye. 1973. *Opredelitel gasteromycetov SSSR*. Leningrad: Nauka, 162 pp. [Сосин П.Е. 1973. *Определитель гастеромицетов СССР*. Ленинград: Наука, 162 с.]
- Sredinskiy N.K. 1872–1873. Materials for the flora of Novorossiysk Krai and Bessarabia. *Zapiski Novorossiyskogo obshchestva estestvoispytateley*, 1: 1–292. [Срединский Н.К. 1872–1873. Материалы для флоры Новороссийского края и Бессарабии. *Записки Новороссийского общества естествоиспытателей*, 1: 1–292.]
- Thiers H.D. 1984. The secotiid syndrome. *Mycologia*, 76: 1–8.
- Valts Ya.Ya., Rishavi L. 1871. List of the collection of myxomycetes and fungi collected by A.S. Rogovich, Ya.Ya. Valts and L. Rishavi. *Zapiski Kievskogo obshchestva estestvoispytateley*, 2(2): 187–195. [Вальц Я.Я., Ришави Л. 1871. Список коллекции миксомицетов и грибів, собранных А.С. Роговичем, Я.Я. Вальцем и Л. Ришави. *Записки Киевского общества естествоиспытателей*, 2(2): 187–195.]
- Wasser S.P. 1969. Agaricales, Aphyllophorales, Gasteromycetes tselinnoy stepi, polezashchitnykh lesopolos i dendroparka zapovednika Askaniya-Nova Khersonskoy oblasti. In: *Materialy I konferentsii po sporovym rasteniyam Ukrainy*. Kyiv: Naukova Dumka, pp. 136–138. [Вассер С.П. 1969. Agaricales, Aphyllophorales, Gasteromycetes целинной степи, полезащитных лесополос и дендропарка заповедника "Аскания-Нова" Херсонской области. В сб.: *Материалы I конференции по споровым растениям Украины*. Киев: Наукова думка, с. 136–138.]
- Wasser S.P. 1971. O nekotorykh novykh i redkikh vidakh agarikalnykh i gasteromycetalnykh gribov dlya flory Ukrainской SSR. In: *Biologiya, ekologiya, geografiya sporovykh rasteniy Sredney Azii*. Tashkent: Fan, pp. 178–179. [Вассер С.П. 1971. О некоторых новых и редких видах агарикальных и гастеромицетальных грибов для флоры Украинской ССР. В сб.: *Биология, экология, география споровых растений Средней Азии*. Ташкент: Фан, с. 178–179.]
- Watling R., Gucin F., Isiloglu M. 1995. *Battarraea phalloides* — its history, biology and extension to its distribution. *Nova Hedwigia*, 60: 13–18.
- Zerova M.Ya., Sosin P.Ye., Rozhenko H.L. 1979. *Vyznachnyk hrybiv Ukrainy. Bazydiomitsety*. Vol. 5, book 2. Kyiv: Naukova Dumka, 493 pp. [Зерова М.Я., Сосин П.Е., Роженко Г.Л. 1979. *Визначник грибів України. Базидіомицети*. Т. 5, кн. 2. Київ: Наукова думка, 493 с.]

New finds of the rare fungus *Battarrea phalloides* (Agaricales, Basidiomycota) in Ukraine

F.P. TKACHENKO¹, M.P. PRYDIUK²

¹ Odesa I.I. Mechnikov National University,
2 Vsevoloda Zmiienka Str., Odesa 65085, Ukraine

² M.G. Kholodny Institute of Botany of National Academy of Sciences of Ukraine
2 Tereshchenkivska Str., Kyiv 01601, Ukraine

Abstract. The article provides new data on the records of *Battarrea phalloides* in Ukraine, a rare species of fungi listed in the *Red Data Book of Ukraine*. The fungus was recorded in the steppe area in Berezhivka District (Odesa Region). A description of the new location is provided, as well as macro- and micromorphological features of the fruiting bodies found in this locality are given. Information on the distribution of *B. phalloides* in Ukraine (based on the literature sources and data from social networks) and in the world is summarized.

Keywords: Agaricaceae, Crimea, new locality, Odesa Region, *Red Data Book of Ukraine*, steppe zone



<https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.060>

REVIEW ARTICLE

Експансія *Aegilops cylindrica* (*Poaceae*) в агроценозах зернових культур: загрози для продовольчої безпеки

Надія О. КОЛОЯНІДІ^{3,4} , Володимир В. РУРИК³ ,
Олександр І. РИБАЛКА^{1,2} , Віктор В. ШВАРТАУ^{1*} 

¹ Інститут фізіології рослин і генетики НАН України,
вул. Васильківська 31/17, Київ 03022, Україна

² Селекційно-генетичний інститут Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення,
Овідіопольська дорога 3, Одеса 65036, Україна

³ Миколаївський національний аграрний університет,
вул. Георгія Гонгадзе 9, Миколаїв 54008, Україна

⁴ Миколаївська державна сільськогосподарська дослідна станція Інституту
кліматично орієнтованого сільського господарства НААН України,
вул. Центральна 17, с-ще Полігон 57217, Миколаївська обл., Україна

* Автор для листування: victorschwartau@gmail.com

Реферат. Подано стислий огляд сучасного стану проблеми експансії *Aegilops cylindrica* в агроценозах зернових культур, переважно пшениці, в Україні та світі. На основі аналізу наявних свідчень і літературних даних, а також власних спостережень показано, що ці процеси, через низку чинників, становлять реальну загрозу продовольчій безпеці. Оскільки представники роду *Aegilops* досить близько споріднені з родом *Triticum* (були донором одного з субгеномів гексаплоїдної пшениці), це обумовлює їхню високу подібність, зокрема *Aegilops cylindrica* та *Triticum aestivum* характеризуються близькими екологічними параметрами та фізіологічними реакціями. Можливий обмін генетичним матеріалом між двома видами може призвести як до генетичної ерозії сортів пшениці, так і до появи стійких до гербіцидів генетичних ліній *A. cylindrica* (наявні дані поки є суперечливими). При вирішенні цього питання слід використовувати інтегральний підхід, урахуваючи дані щодо екології, фітоценології, фізіології та біохімії, філогенетики і генетики, а також практичної селекції та аграрного менеджменту.

Ключові слова: егілопс, імідазолінони, конкурентні взаємодії у ценозах, резистентність біотипів бур'янів

Вступ

В агрофітоценозах Півдня України, зокрема, на полях Миколаївської, Одеської, Херсонської

областей, активно поширюється *Aegilops cylindrica* Host (*Poaceae: Triticeae*), доволі типова рослина степової зони. За останні 3–5 років вид набув значення висококонкурентного й

ARTICLE HISTORY. Submitted 29 April 2025. Revised 03 February 2026. Published 27 February 2026

CITATION. Koloianidi N.O., Ruryk V.V., Rybalka O.I., Schwartau V.V. 2026. Expansion of *Aegilops cylindrica* (*Poaceae*) in agrocenoses of cereals: threats to food security. *Ukrainian Botanical Journal*, 83(1): 60–70. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj83.01.060>

© M.G. Kholodny Institute of Botany, NAS of Ukraine, 2026

© Publisher PH "Akademperiodyka" of the NAS of Ukraine, 2026

This is an open access article under the CC BY license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

проблемного бур'яну в посівах пшениці та ячменю Півдня України. Він швидко поширюється в напрямках від степових до лісостепових регіонів України.

Рід *Aegilops* L. у сучасному таксономічному розумінні налічує приблизно 23–25 видів (van Slageren, 1994; <https://powo.science.kew.org/taxon/17369-1>) і належить до триби *Triticeae* разом з пшеницею (*Triticum* L.) та деякими іншими родами злаків. *Aegilops cylindrica* ($\equiv$ *Cyindropyrum cylindricum* (Host) Á. Löve, *Triticum cylindricum* (Host) Ces., Pass. & Gibelli) є алотетраплоїдом з CD геномами ($n = CCDD = 28$ хромосом). Цей вид поширений переважно на півдні Східної Європи, у південних районах Середньої Європи, на сході Середземномор'я, в Криму, на Кавказі, у Малій Азії, Ірані, Центральній Азії, а також занесений до Північної Америки та багатьох інших позатропічних регіонів світу (Johnston, Heyne, 1960; Prokudin et al., 1977; Häfliger, Scholz, 1981; Saufferer, 2007; USDAVIS, 2013; <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:384583-1>). Встановити первинний ареал виду досить складно (ймовірно, середземноморсько-ірано-туранський?), оскільки він, очевидно, неодноразово поширювався людиною у різні регіони з часів зародження і розвитку землеробства (Prokudin et al., 1977; <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:384583-1>).

Aegilops cylindrica відомий як небезпечний рудеральний та сегетальний бур'ян у багатьох країнах. Через свою спорідненість з пшеницею озимою його складно, а часто й неможливо контролювати за використання класичних методів управління агрофітоценозами. Так, він був занесений і став широко розповсюдженим наприкінці XIX ст. у Північній Америці, особливо на посівах пшениці озимої. Перші зразки *A. cylindrica* в Північній Америці були, очевидно, зібрані у Сентервіллі (штат Делавер) у 1870 р. Відомо, що в 1999 р. у США *A. cylindrica* вже забур'янив приблизно 2 млн га і ця площа збільшується приблизно на 20 тис. га щорічно (Donald, Ogg, 1991; Saufferer, 2007; Mallory-Smith et al., 2018). Лише 5 рослин *A. cylindrica* на 1 м² можуть знизити продуктивність пшениці озимої на 25–30% (Fleming et al., 1998; див. також Young et al., 2000). Одночасно проблемою є те, що швидке наростання біомаси *A. cylindrica* восени створює сприятливі умови для зимівлі шкідників та хвороб пшениці. Слід також зауважити,

що діаспори (фрагменти колосу) *A. cylindrica* складно відокремити від зерна пшениці після жнив. *Aegilops cylindrica* також вважається інвазійним у країнах Азії, наприклад у Японії. Деякі види *Aegilops* також засмічують значні сільськогосподарські площі в Китаї (van Slageren, 1994; Mallory-Smith et al., 2018; Li et al., 2022; Wang et al., 2024).

Отже, швидке розповсюдження *A. cylindrica* на Півдні України несе небезпеку масштабних уражень посівів зернових колосових культур цим видом, для контролювання якого в посівах пшениці та ячменю на сьогодні практично відсутні селективні гербіциди. Унеможливорює контроль *A. cylindrica* також те, що в останні роки у регіоні спостерігається тенденція суттєвого скорочення обробіток ґрунту зерновиробниками. Через поширення *A. cylindrica* вже сьогодні знижується рентабельність зерновиробництва, що може перешкоджати розвитку південних регіонів країни. Тому метою даної роботи є огляд біологічних особливостей *A. cylindrica* та аналіз можливих шляхів його контролю в агрофітоценозах Півдня України.

***Aegilops*: основні морфологічні та біологічні особливості**

Aegilops cylindrica є однорічною або інколи дворічною трав'яною рослиною, що зазвичай досягає висоти 20–40 см (Prokudin et al., 1977; Häfliger, Scholz, 1981; Saufferer, 2007). Проте, за нашими спостереженнями, на полях, де використовуються азотні добрива, висота рослин може сягати аж до 100 см, в окремі роки і вище.

Aegilops cylindrica та пшениця м'яка озима (*Triticum aestivum*) мають досить тісний генетичний зв'язок через наявність спільного субгеному D. Це, ймовірно, є ключовим фактором їхньої адаптації до холодного континентального клімату та зумовлює потенційну здатність до міжвидового (або й міжродового?) схрещування, якому, проте, перешкоджають різні рівні плідності (тетраплоїд та гексаплоїд, відповідно). Обидва види належать до рослин з C_3 -фотосинтезом, що обумовлює схожі механізми фіксації вуглецю, та характеризуються подібною фенологією, ідентичною швидкістю росту і переважно одночасним проростанням та проходженням основних фаз розвитку. *Aegilops cylindrica* вирізняється здатністю формувати значну кількість (30–50) прямостоячих

генеративних пагонів (стебел) на одну рослину, що сприяє його інтенсивному генеративному розмноженню. Подібно до пшениці, колоски *A. cylindrica* є сидячими, почергово розташованими на протилежних сторонах головної осі квітконосного пагону, утворюючи характерний видовжено-циліндричний колос. Кожен колосок містить 1–2 (рідше 3) зернівки червонувато-коричневого кольору, які досягають повної зрілості до середини / в середині літа, після чого колоски осипаються. Коренева система егілопу, на відміну від кореневої системи пшениць, добре розвинена.

Залежно від умов вегетаційного періоду, *A. cylindrica* здатний цвісти у травні–липні, а плодоносити у липні–серпні. Ця рослина є анемофільною (вітрозапильною) та самозапильною. Пиolkові зерна мають кулясту форму, дрібні розміри та гладку скульптуру поверхні. Розмноження *A. cylindrica* відбувається за допомогою насіння, з використанням механізму автохорії або барохорії. Насіння відносно легке, тому за опадів, навесні, восени, легко змивається поверхневими токами води і може переміщуватися на значні відстані. Насіння відрізняється швидким розвитком після запилення, одна рослина здатна продукувати від 2000 до 3000 насінин. Важливо відзначити, що насіння зберігає життєздатність у ґрунті протягом 4–5 років (Mallory-Smith et al., 2018).

При експериментальному збільшенні тривалості періоду після дозрівання, насіння *A. cylindrica* проростало раніше, швидше і з більшим кінцевим відсотком схожості порівняно з насінням, що не зазнало впливу періоду після дозрівання. Проростання насіння, що перебувало в стані спокою, залежало від температури інкубації та умов темряви / освітлення. Видалення колосків підвищило кінцеву схожість вторинно розташованого насіння *A. cylindrica* до 96%, збільшило швидкість проростання і скоротило кількість днів, необхідних для досягнення 50% схожості, до 6 днів (Fandrich, Mallory-Smith, 2005). Таким чином, за ураження *A. cylindrica* шкідниками, або ж за позакоренового застосування гербіцидів, неуразнені стебла, вірогідно, будуть продукувати насіння з підвищеним рівнем схожості.

Встановлено, що насіння *A. cylindrica* має циклічні сезонні зміни здатності до проростання у польових умовах. Менше 8% насіння *A.*

cylindrica вижило після 2 років, коли його залишили на поверхні ґрунту або закопували на глибину 5 см. Періоди найбільших втрат насіння збігалися з періодами пікових сходів восени (кінець вересня і жовтень). Здатність насіння до проростання також досягала піку восени і передувала періоду найбільшої польової схожості та найбільшого зниження виживання насіння (Donald, 1991). Спокій у *A. cylindrica* може перешкоджати проростанню насіння у свіжозламаних колосках до осені, коли температури будуть низькими і волога стане доступною. Оскільки колоски у колосі можуть мати по 2 насінини, то визначали кінцевий відсоток схожості первинного та вторинного насіння, який ніколи не становив 100% (Fandrich, Mallory-Smith, 2005); тобто, певна частка насіння виду знаходиться у стані спокою і поза осінньо-зимовим періодом.

Aegilops cylindrica характеризується високою зимо- та посухостійкістю, що робить цей вид високо адаптивним до складних і несприятливих кліматичних умов. Важливою особливістю є також толерантність до засоленості ґрунту, що дозволяє йому успішно поширюватися на засолених територіях (Kiani et al., 2017; Desheva et al., 2025).

***Aegilops*: еволюційний та генетичний контекст**

Історично види *Aegilops* відігравали ключову роль у філогенетичному розвитку пшениці, будучи донорами геномів у складних процесах поліплоїдного видоутворення, що призвели до формування сучасної гексаплоїдної пшениці м'якої (*Triticum aestivum*). На сьогодні види *Aegilops* мають практичну цінність як джерело генетичного різноманіття та широко використовуються в селекційних програмах для поліпшення характеристик культурної пшениці (Morgun et al., 2021; Gaurav et al., 2021; Baik et al., 2021; Avni et al., 2022).

З'ясування закономірностей еволюційного розвитку роду *Aegilops* має фундаментальне значення у формуванні сучасних видів і культиварів пшениці (*Triticum*), що підкреслюється вагомістю явищ природної гібридизації та поліплоїдії (Kishii, 2019). Зазначені процеси, що передбачають об'єднання субгеномів різних видів у межах комплексного геному одного гібридогенного поліплоїдного виду, зумовили формування гетерогенного генетичного фонду, який

став складовою подальшої селекції та успішної адаптації пшениці до різноманітних екологічних умов існування. Детальне дослідження еволюційних взаємозв'язків, що існують між родами *Aegilops* та *Triticum*, надає цінну інформацію для розуміння походження та диверсифікації культурної пшениці. Це також відкриває можливості для ефективного використання генетичних ресурсів роду *Aegilops* у сучасних селекційних програмах, спрямованих на значне підвищення врожайності та покращення показників стійкості пшениці до несприятливих факторів навколишнього середовища (Zhou et al., 2020).

Перехресне запилення *Aegilops* і пшениці: проблема загрози сортової чистоті

Вважається, що перехресне запилення між культивованою пшеницею (*Triticum aestivum*) та дикорослими видами *Aegilops*, зокрема *A. cylindrica*, є серйозною загрозою для сучасного рослинництва. Утворення життєздатних гібридів внаслідок цього процесу може призводити до успадкування небажаних характеристик від диких родичів, серед яких низька врожайність, схильність до осипання зерна та підвищена чутливість до збудників хвороб. Ймовірна інтрогресія генетичного матеріалу *Aegilops* у геном пшениці спричиняє втрату сортової чистоти, що ускладнює виробництво високоякісного зерна та створює значні проблеми для аграрного сектору (Zhang et al., 2015; Aroga et al., 2019; Levy, Feldman, 2022). Особливе занепокоєння викликає перенесення генів резистентності до гербіцидів від пшениці до видів *Aegilops*, що може призвести до формування резистентності у біотипів бур'янів. Це ускладнює контроль над ними та потребує збільшення витрат на застосування гербіцидів. Неконтрольоване перехресне запилення може спричинити зниження агрономічної цінності сортів пшениці, погіршення якості врожаю та створення ризиків для сталого сільського господарства. З огляду на це, розробка та реалізація дієвих стратегій управління, спрямованих на запобігання цього явища, є критично важливими для збереження генетичної чистоти та підтримки продуктивності посівів пшениці.

Механізм перехресного запилення між пшеницею та видами *Aegilops*, зокрема *A. cylindrica*, ґрунтується на кількох ключових чинниках,

що сприяють успішній гібридизації. Важливу роль відіграє генетична спорідненість між цими родами, створюючи біологічну основу для сумісності гамет під час запліднення. Додатково, спільний осінньо-зимово-весняний життєвий цикл обох рослин забезпечує синхронізацію періодів їхнього цвітіння, що збільшує ймовірність перенесення пилку та потенційну можливість успішного запліднення. Важливою складовою процесу є характерний для злаків анемофільний тип запилення, коли обидві рослини продукують значні обсяги пилку, здатного легко переноситися вітром на великі відстані. Емпіричні дані (Seefeldt et al., 1998) вказують на те, що частота спонтанного перехресного запилення між пшеницею та *A. cylindrica* за природних умов коливається в межах 0,02–1,6%. Це підкреслює відносно низьку, але все ж наявну або й значущу ймовірність гібридизації між цими видами в природному та антропогенно зміненому середовищі. Відповідно, однією зі складових успішного контролю *A. cylindrica* є розрив цієї синхронізації розвитку, наприклад за пізніх посівів пшениці озимої, насамперед тих сортів, які добре витримують ці посіви та можуть куштитися навесні.

Наслідки перехресного запилення

Втрата сортової чистоти становить серйозну загрозу для сучасного рослинництва. Спонтанне схрещування пшениці з *A. cylindrica* призводить до появи гібридів, які характеризуються зниженою врожайністю, погіршеними показниками якості зерна та нестабільною адаптивністю до різноманітних агрокліматичних умов. Змішування генетичної структури сортів є особливо небезпечним, оскільки воно підриває ефективність насінництва, що є ключовим фактором для забезпечення стабільного виробництва високоякісного зерна (Seefeldt et al., 1998; Lyon, Barroso, 2021).

Перенесення резистентності до гербіцидів, зокрема за використання системи *Clearfield* у вирощуванні пшениці, становить значну агрономічну проблему, що потребує безперервного моніторингу фітоценозів стосовно виникнення резистентних біотипів бур'янів, а також ефективних стратегій протидії (Seefeldt et al., 1998). Успадкування ознаки стійкості до гербіцидів від гібридів пшениці, отриманих за допомогою технологій, які забезпечують рослинам

резистентність, може спричинити поширення цієї ознаки у популяціях бур'янів, ускладнюючи боротьбу з ними та підвищуючи гербіцидне навантаження на фітоценози. Відповідно до результатів досліджень (зокрема Donaldson et al., 2002), формування гібридів, резистентних до АЛС-гербіцидів, визначено як один із критичних ризиків, що асоціюються з використанням системи *Clearfield*.

Виявлення таких гібридів у комерційних насінневих посівах є критичною проблемою, що обмежує можливості сертифікації насіння та становить серйозну загрозу для виробників насінневого матеріалу. Вияв таких рослин може мати негативні наслідки, починаючи від анулювання сертифікатів на відповідні партії насіння та закінчуючи накладанням значних фінансових штрафів на компанії-виробники. Виявлення гібридів може призвести до повної заборони на реалізацію продукції, що завдає відчутних економічних збитків та підриває довіру до виробника/країни на ринку (USDA Forest Service, 2014). Отже, необхідний посилений контроль якості, що включає генетичну ідентифікацію та ретельну перевірку на відповідність сорту, щоб забезпечити автентичність та чистоту насіння за присутності *A. cylindrica* в агрофітоценозах.

Слід зазначити, що в умовах Півдня України, де *A. cylindrica* досить поширений, ця проблема, за наявними спостереженнями, є незначною. Перехресне запилення між пшеницею та егілопсом існує, але фертильних, а тим більше, стабільних похідних від такої спонтанної гібридизації до останнього часу не зафіксовано. Причиною цього може бути такі фактори (see Seefeldt et al., 19987; Schoenenberger et al., 2006; Gaines et al., 2008; Martins et al., 2016, etc.). Геномна формула пшениці AABBDD, $2n = 6x = 42$, егілопсу циліндричного CCDD, $2n = 4x = 28$. Тобто, лише один субгеном D у цих видів споріднений. У гібрида F1 ABCDD у мейозі кон'югують лише хромосоми субгеномів D, які є високо гомологічними. Решта хромосом (21 хромосома, AB і C) всі уніваленти, а імовірність формування генетично збалансованих життєздатних гамет дуже низька. У результаті гібрид F1 є стерильним і не здатний продукувати життєздатні рослини. Фертильності у гібридів можливо досягти лише шляхом штучного беккросу на культурну пшеницю. І навіть після штучного беккросу BC1

отримати фертильні генотипи досить складно. Тому можна висловити певні сумніви щодо забруднення насінневих посівів життєздатними генотипами, що виникають від спонтанної гібридизації пшениці та егілопсу. Проблема може бути лише у появі на насінницьких посівах нетипових рослин F1 гібридного походження, які є стерильними та нежиттєздатними.

Способи мінімізації ризику контамінації агрофітоценозів *Aegilops cylindrica*

Контроль популяцій видів роду *Aegilops* в агрофітоценозах є складним питанням. Можливим його вирішенням є впровадження інтегрованого підходу, який охоплює декілька важливих складових. Першочерговим є створення буферних зон з дистанцією не менше 300 м між посівами пшениці та локаціями зростання *A. cylindrica*, якщо це можливо. Це бажано для того, щоб запобігти перехресному запиленню та обмежити розповсюдження насіння бур'яну, як підтверджено дослідженнями (Lyon, Baltensperger, 1995; Lyon, Barroso, 2021). Для ефективності такої роботи слід застосовувати механічні та хімічні методи контролю, які запобігають утворенню насіння. Систематичне знищення *A. cylindrica* як на полях, так і на прилеглих територіях, є постійним завданням. При виборі сортів пшениці слід надавати перевагу тим, які не мають генетично модифікованої стійкості до гербіцидів, особливо у регіонах з високим рівнем поширеності *A. cylindrica*, де вже ідентифіковані АЛС-резистентні біотипи бур'янів. Впровадження стійких до дії імідазолінонів сортів може сприяти розвитку АЛС-резистентних популяцій бур'яну та значно ускладнити подальшу боротьбу з ним (Mykhalska, Schwartau, 2022; Schwartau et al., 2023). Впровадження науково обґрунтованої сівозміни з переходом на альтернативні культури в районах з високою щільністю популяцій *A. cylindrica* є важливим кроком до розриву життєвого циклу цього бур'яну. Такий підхід дозволить суттєво знизити чисельність діаспор *A. cylindrica* в ґрунті та сформувати менш сприятливе середовище для його розповсюдження. У комплексі, ці заходи сприятимуть формуванню екологічно безпечних агрофітоценозів та покращенню продуктивності та якісних показників зерна пшениці, що забезпечить сталий розвиток рослинництва.

Географічне поширення резистентності

Резистентність до гербіцидів стає все більш серйозною проблемою в рослинництві, а її географічне поширення ілюструє складність і динамічність адаптивної еволюції бур'янів. Наразі у світі налічується понад 540 унікальних випадків (вид — сайт дії) резистентності біотипів бур'янів (серед яких 156 видів дводольних і 117 видів однодольних рослин) до гербіцидів. Бур'яни сформували резистентність до 21 з 31 відомого сайту дії гербіцидів і до 168 різних гербіцидів. Резистентні до гербіцидів біотиби бур'янів були зареєстровані на 102 культурах у 75 країнах (Heap, 2026).

У Сполучених Штатах Америки, зокрема в штатах Канзас, Колорадо та Вашингтон, спостерігаються найбільше випадків розвитку стійкості до інгібіторів АЛС у популяціях *A. cylindrica*, що підтверджено дослідженнями (Donald, Ogg, 1991).

В Україні відзначається тенденція, яка викликає занепокоєння щодо можливої появи осередків підвищеної толерантності видів *Aegilops* до гербіцидів в агроценозах, які зазнають інтенсивного хімічного обробітку. Незважаючи на те, що ці дані потребують додаткового підтвердження, вони сигналізують про потенційну загрозу для ефективності контролю бур'янів у сільськогосподарському виробництві. З метою об'єктивної оцінки ситуації та визначення масштабів поширення цього явища, необхідно ініціювати проведення комплексних наукових досліджень, спрямованих на визначення рівнів толерантності *A. cylindrica* до гербіцидів. Важливим етапом досліджень є встановлення механізмів резистентності, що лежать в основі адаптації виду до дії гербіцидів.

Проблема поширення резистентності егілопсу до дії гербіцидів спостерігається й у Китаї, зокрема у виду *A. tauschii* Cosson. Цей дикий родич пшениці, донор D-геному, широко розповсюджений в агроценозах пшениці в китайських провінціях Шаньдун, Шаньсі, Хенань та Хебей (Li et al., 2022; Wang et al., 2024). Його поширення в посівах пшениці створює значні труднощі для традиційних методів контролю, особливо в контексті обмеженої сівозміни та інтенсивного застосування гербіцидів. Виявлено, що популяції *A. tauschii* в Китаї демонструють резистентність до гербіциду мезосульфурон-метилу. Ця резистентність зумовлена

метаболічними механізмами, а не мутаціями в генах цільових ферментів (АЛС). Підвищена активність ферментів детоксикації, зокрема цитохрому P450 та глутатіон-S-трансферази (GST), відіграє ключову роль у метаболізмі гербіциду до неактивних сполук, тим самим знижуючи його токсичний вплив на рослини (Nakka et al., 2015; Zhang et al., 2022).

Ефективність контролю *Aegilops cylindrica* гербіцидами та резистентність

Контролювання *Aegilops cylindrica* у посівах пшениці озимої є складним завданням. У наших дослідках 2024–2025 рр. у Миколаївській та Одеській областях грамініциди піноксаден та фуроре, які є селективними щодо однорічних злакових видів у посівах пшениці та ячменю, виявилися неефективними у контролюванні виду. Флуазифоп-бутил має помірну активність щодо контролювання *A. cylindrica* за позакореневого застосування, проте він селективний лише у посівах дводольних культур. Високоєфективні композиції, наприклад пендиметалін + дифлуфенікан + хлортолурон, неефективні при контролюванні *A. cylindrica* за позакореневого застосування й мають обмежену дію у контролюванні виду за досходового внесення. Неефективними у контролюванні *A. cylindrica* були композиції трибенурон-метил + тифенсульфурон-метил у високих дозах і аклоніфен з дифлуфеніканом. Відоме застосування пропоксикарбазону для контролювання *A. cylindrica*, проте гербіцид відноситься до АЛС-інгібіторів і в перспективі, за його широкого застосування у південних регіонах держави, проблеми виникнення АЛС-резистентних біотипів бур'янів будуть посилюватися.

Помірно ефективними у контролюванні присутності рослин є неселективні післясходові гербіциди, наприклад фосфометилгліцин (гліфосат), проте його використання можливе лише в інтервалах між культурами, або на несільськогосподарських площах, де рослин егілопсу суттєво менше, і ці обробки мало впливають на зниження присутності виду в агрофітоценозі.

Можливим рішенням проблеми може бути досходове внесення інгібітору мітотичного циклу (пендиметалін тощо) з наступною позакореневою обробкою піроксуламом. Проте, в умовах польових дослідів даний підхід виявився

мало ефективним, у виробничих посівах ефективність АЛС-інгібітору піроксуламу була незначною з помітним варіюванням між дослідниками, та проявом фітотоксичності до пшениці за умов застосування гербіциду в композиціях (наприклад із інгібіторами монооксигеназ класу фосфорорганічних інсектицидів). Варіювання ефективності АЛС-інгібітору піроксуламу потребує перевірки популяцій *A. cylindrica* на Півдні щодо присутності резистентності у виду до гербіцидів класу АЛС-інгібіторів.

Проблема резистентності видів роду *Aegilops*, особливо *A. cylindrica* до гербіцидів протягом останніх десятиліть стала складною у вирішенні в багатьох регіонах світу, де основою рослинництва є вирощування пшениці озимої (Ball et al., 1999; Young et al., 2000, 2010; Gornish et al., 2018). Також показано у прогностичних дослідженнях, що стійка до імазамоксу пшениця може бути інструментом для управління популяціями *A. cylindrica*, особливо якщо поєднується зі сівозмінами, які включають пар або інші культури, окрім пшениці озимої системи *Clearfield* (Hanson et al., 2002).

В Україні в період 2015–2024 рр. виявлено стійкі до АЛС види бур'янів. Встановлено, що біотип бур'яну *Echinochloa crus-galli* (L.) P. Beauv., стійкий до імідазолінонів, має перехресну стійкість до широко використовуваних гербіцидів класів сульфонілсечовини та триазолпіримідинів. Це значно обмежує можливості хімічного контролю виду на посівах рису, пшениці, кукурудзи, соняшнику, сої тощо. У біотипу *E. crus-galli* не виявлено мультирезистентності до гербіцидів — інгібіторів 5-енолпірувілшкімат-3-фосфатсинтази (неселективний гліфосат) та ацетил-КоА-карбоксилази (післясходові грамініциди). У поширених дводольних видів *Amaranthus retroflexus* L., *Chenopodium album* L. встановлено резистентність до імідазолінонів — імазапіру та імазамоксу. Існує крос-резистентність до гербіцидів — інгібіторів АЛС класу сульфонілсечовин, а також до похідних триазолінонів, похідних триазолпіримідинів. Не виявлено резистентності *E. crus-galli* до піноксадену, а також резистентності *A. retroflexus*, *C. album*, *Ambrosia artemisiifolia* L. до гербіцидів класу похідних гліцину — гліфосату, феноксикарбоксилатів — 2,4-Д, бензойної кислоти — дикамбі; трицетонів — топрамезону; дифенілових ефірів

— аклоніфену; піридинкарбоксилатів (Mykhalska, Schwartau, 2022).

У 2022–2023 рр. було виявлено вже мультирезистентність *A. artemisiifolia* до інгібування АЛС HRAC групи 2 + інгібування протопорфіриногеноксидази HRAC групи 14. *Ambrosia artemisiifolia* є проблемою в посівах соняшнику в Південній та Центральній Україні в останні роки. Виявлення резистентних до АЛС біотипів *Echinochloa crus-galli* var. *crus-galli*, *Amaranthus retroflexus*, *Chenopodium album*, *Ambrosia artemisiifolia* у південній та центральній частинах України свідчить про обмежену ефективність контролю бур'янів гербіцидами. Це потребує суттєвого перегляду принципів сівозмін і способів боротьби з бур'янами в нашій країні для підтримання високих рівнів рентабельності та продуктивності агрофітоценозів. Також систематичне виявлення в останні роки біотипів бур'янів з АЛС-резистентністю на Півдні України підкреслює необхідність проведення постійного моніторингу агрофітоценозів щодо появи резистентних до АЛС (імідазолінонів тощо) біотипів *A. cylindrica* (Schwartau et al., 2023).

Дослідження Seefeldt et al. (1998) виявили специфічні мутації в локусі АЛС у природних гібридів пшениці та егілопсу, що демонстрували виражену резистентність до імазетапіру, тим самим підтвердили роль таргетних мутацій у формуванні резистентності виду до гербіцидів у виробничих умовах. Також, складовою є метаболічна резистентність до гербіцидів, яка представляє собою складний фізіологічний механізм, за допомогою якого рослини, адаптуються до фітотоксичних ксенобіотиків. Ключовою особливістю цього явища є підвищена експресія та активність ферментів детоксикації, котрі відіграють важливу роль у метаболічних перетвореннях гербіцидів. Ферменти, такі як цитохром Р450 (CYP450) та глутатіон-S-трансферази (GST), каталізують реакції, що призводять до швидкої деградації гербіцидів до неактивних, менш токсичних форм. Цей процес відбувається настільки ефективно, що гербіцид може бути інактивований ще до того, як він встигне досягти місця своєї цільової дії в рослині, запобігаючи прояву фітотоксичності. Прикладом може слугувати дослідження, в якому деякі популяції *A. cylindrica* продемонстрували здатність ефективно метаболізувати та інактивувати АЛС-інгібітори з утворенням нефітотоксичних

метаболітів. Стійкі до імазамоксу гібриди були отримані в результаті схрещування егілопсу та стійкої до імазамоксу пшениці. У рослин F1 постерігалася фенотипова мінливість. Запропоновано генетичний опис переміщення гена стійкості, що базується на випадку розташування гена у геномах D та A або B (Domínguez-Mendez et al., 2017). Цей механізм формування резистентності значно ускладнює контроль *A. cylindrica* та вимагає розробки нових стратегій управління, включаючи використання гербіцидів з іншими механізмами дії або інтегровані підходи до боротьби з бур'янами.

Висновки

Стрімке розповсюдження *A. cylindrica* на Півдні України несе небезпеку масштабних уражень агрофітоценозів високо конкурентним щодо посівів зернових колосових культур одно-дворічним однодольним зимуючим видом. При цьому посіви засмічуються злаковим видом з високою насінневою продуктивністю, бур'яном проти якого у посівах пшениці чи ячменю практично відсутні селективні гербіциди. Унеможливорює ефективний контроль *A. cylindrica* також те, що зерновиробники суттєво скорочують обробіток ґрунту за дефіциту ресурсів. Розповсюдження *A. cylindrica* вже сьогодні суттєво знижує рентабельність зерновиробництва та може перешкоджати розвитку південних регіонів.

Гібридизація та інтрогресія між культурною пшеницею (особливо сортами, що несуть гени стійкості до гербіцидів, такими як сорти системи Clearfield) та *A. cylindrica* потенційно може бути проблемою для сільського господарства. Інтрогресія генів стійкості від культурної пшениці до *A. cylindrica* може ускладнити контроль бур'яну в посівах пшениці, що фактично унеможливорює селективний контроль гербіцидами класу імідазолінонів цього виду в посівах пшениці чи ячменю. Тому стратегії управління можливою гібридизацією між пшеницею та *A. cylindrica* в умовах агрофітоценозів, включно із застосуванням інтегрованих систем боротьби з бур'янами та розробкою нових сортів пшениці з різними механізмами стійкості, є критично важливими для збереження ефективного контролю *A. cylindrica* та запобігання поширенню генів стійкості до гербіцидів.

За умов Півдня України, де *A. cylindrica* досить поширений, перехресне запилення між пшеницею та егілопсом існує, але фертильних, а тим більше стабільних, похідних від такої спонтанної гібридизації до нинішнього часу не помічено. Натомість, розвиток резистентності егілопсу до гербіцидів, насамперед АЛС-резистентності, становить серйозну агрономічну проблему, зумовлену поєднанням внутрішніх факторів, а саме: біологічними особливостями виду, такими як висока гібридизаційна здатність та адаптивність до мінливих умов, а також зовнішніх, антропогенних чинників, зокрема нераціональним використанням гербіцидів у сівоzmінах. Для вирішення цього питання необхідне застосування комплексного підходу до управління агрофітоценозами, що інтегрує широкий спектр досліджень складових ценозів з метою мінімізації гербіцидного навантаження та запобігання подальшому поширенню резистентних популяцій *A. cylindrica*.

Дослідження роду *Aegilops* є важливими як для розуміння еволюційних процесів, що призвели до виникнення культурної пшениці, так і для вирішення практичних завдань в сучасному рослинництві. Дикі види егілопсу відіграли визначальну роль у формуванні генетичного різноманіття гексаплоїдної пшениці (*Triticum aestivum*), сприяючи її пристосуванню до різних кліматичних та ґрунтових умов. Водночас, окремі види *Aegilops*, наприклад *A. cylindrica*, стали в останні роки висококонкурентними бур'янами в сучасних агроценозах, що становить швидко зростаючу загрозу для ефективного вирощування пшениці та для продовольчої безпеки в Україні та світі.

Подяки

Роботу виконано за підтримки компанії Bayer Crop Science та в межах проєктів "Контроль бур'янів у посівах нуту Півдня України", №0126U000309, "Основи раціонального живлення і захисту для підвищення продуктивності пшениці озимої та інших сільськогосподарських культур", №0123U105341, а також "Створення та трансфер перших вітчизняних сортів нових злакових культур з унікальними характеристиками зерна для виробництва продуктів здорового харчування та забезпечення продовольчої безпеки України", №0125U00707.

ДОТРИМАННЯ ЕТИЧНИХ НОРМ

Автори повідомляють про відсутність будь-якого конфлікту інтересів.

ORCID

N.O. Koloianidi  <https://orcid.org/0009-0008-1494-9715>
 V.V. Ruryk  <https://orcid.org/0009-0004-0044-3845>
 O.I. Rybalka  <https://orcid.org/0000-0003-0103-1012>
 V.V. Schwartz  <https://orcid.org/0000-0001-7402-5559>

СПИСОК ПОСИЛАНЬ

- Arora S., Steuernagel B., Gaurav K., Chandramohan S., Long Y., Matny O., Johnson R., Enk J., Periyannan S., Singh N., Asyraf Md Hatta M., Athiyannan N., Cheema J., Yu G., Kangara N., Ghosh S., Szabo L. J., Poland J., Bariana H., Jones J. D. G., Bentley A. R., Ayliffe M., Olson E., Xu S.S., Steffenson B.J., Lagudah E., Wulff B.B.H. 2019. Resistance gene cloning from a wild crop relative by sequence capture and association genetics. *Nature Biotechnology*, 37(2): 139–143. <https://doi.org/10.1038/s41587-018-0007-9>
- Avni R., Lux T., Minz-Dub A., Millet E., Sela H., Distelfeld A., Deek J., Yu G., Steuernagel B., Pozniak C., Ens J., Gundlach H., Mayer K.F.X., Himmelbach A., Stein N., Mascher M., Spannagl M., Wulff B.B.H., Sharon A. 2022. Genome sequences of three *Aegilops* species of the section *Sitopsis* reveal phylogenetic relationships and provide resources for wheat improvement. *The Plant Journal*, 110(1): 179–192. <https://doi.org/10.1111/tpj.15664>
- Baik N., Bandou H., Gonzales Garcia M., Benavente E., Vega J. M. 2021. Genetic diversity of ribosomal loci (5S and 45S rDNA) and pSc119.2 repetitive DNA sequence among four species of *Aegilops* (*Poaceae*) from Algeria. *Ukrainian Botanical Journal*, 78(6): 414–425. <https://doi.org/10.15407/ukrbotj78.06.414>
- Ball D.A., Young F.L., Ogg A.G. 1999. Selective control of jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*) with imazamox in herbicide-resistant wheat. *Weed Technology*, 13(1): 77–82. <https://doi.org/10.1017/S0890037X00044948>
- Desheva G., Valchinova E., Pencheva A., Kyosev B., Deshev M. 2025. Tolerance of *Aegilops cylindrica* Host to sodium chloride salinity. *Bulgarian Journal of Crop Science*, 62(3): 61–69. <https://doi.org/10.61308/PNIQ9348>
- Domínguez-Mendez R., Cruz R., Rojano-Delgado A., Fernández-Moreno P., Aponte R., Prado R. 2017. Multiple mechanisms are involved in new imazamox-resistant varieties of durum and soft wheat. *Scientific Reports*, 7: 14839. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-13874-3>
- Donald W. 1991. Seed survival, germination ability, and emergence of jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*). *Weed Science*, 39(2): 210–216. <https://doi.org/10.1017/S0043174500071496>
- Donald W.W., Ogg A.G. 1991. Biology and control of jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*), a review. *Weed Technology*, 5(1): 3–17. <https://doi.org/10.1017/S0890037X00033170>
- Donaldson D., Kiely T., Grube A. 2002. *Pesticides industry sales and usage. 1998 and 1999 market estimates*. Washington, DC: U.S. Environmental Protection Agency (Office of Prevention, Pesticides, and Toxic Substances), v + 33 pp. Available at: <https://nepis.epa.gov/Exe/ZyPDF.cgi/200001G5.PDF?Dockey=200001G5.PDF>
- Kiani R., Arzani A., Habibi F. 2015. Physiology of salinity tolerance in *Aegilops cylindrica*. *Acta Physiologiae Plantarum*, 37: art. 135. <https://doi.org/10.1007/s11738-015-1881-0>
- Lyon D., Barroso J. 2021 (revised). [original authors: Yenish J.P., Ball D.A., Schirman R. 2009]. *Integrated management of jointed goatgrass in the Pacific Northwest*. Available at: <https://wpcdn.web.wsu.edu/wp-ecommerce/uploads/sites/2/product-3774-sku-EB2042E.pdf>
- Fandrich L., Mallory-Smith C. 2005. Temperature effects on jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*) seed germination. *Weed Science*, 53(5): 594–599. <https://doi.org/10.1614/WS-05-03R1.1>
- Fleming G.F., Young F.L., Ogg A.G. 1998. Competitive relationships among winter wheat (*Triticum aestivum*), jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*), and downy brome (*Bromus tectorum*). *Weed Science*, 36(4): 479–486. <https://doi.org/10.1017/S0043174500075238>
- Gaines T.A., Henry W.B., Byrne P.F., Westra P., Nissen S.J., Shaner D.L. 2008. Jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*) by imidazolinone-resistant wheat hybridization under field conditions. *Weed Science*, 56(1): 32–36. <https://doi.org/10.1614/WS-07-033.1>
- Gaurav K., Arora S., Silva P., Sánchez-Martín J., Horsnell R., Gao L., Brar G. S., Widrig V., Raupp J.W., Singh N., Wu S., Kale S.M., Chinoy C., Nicholson P., Quiroz-Chávez J., Simmonds J., Hayta S., Smedley M.A., Harwood W., Pearce S., Gilbert D., Kangara N., Gardener C., Forner-Martínez M., Liu J., Yu G., Boden S.A., Pascucci A., Ghosh S., Hafeez A.N., O'Hara T., Waites J., Cheema J., Steuernagel B., Patpour M., Justesen A.F., Liu S., Rudd J.C., Avni R., Sharon A., Steiner B., Kirana R.P., Buerstmayr H., Mehrabi A.A., Nasyrova F.Y., Chayut N., Matny O., Steffenson B.J., Sandhu N., Chhuneja P., Lagudah E., Elkot A.F., Tyrrell S., Bian X., Davey R.P., Simonsen M., Schausser L., Tiwari V.K., Kutcher H. R., Hucl P., Li A., Liu D.-C., Mao L., Xu S., Brown-Guedira G., Faris J., Dvorak J., Luo M.-C., Krasileva K., Lux T., Artmeier S., Mayer K.F.X., Uauy C., Mascher M., Bentley A.R., Keller B., Poland J., Wulff B.B.H. 2021. Population genomic analysis of *Aegilops tauschii* identifies targets for bread wheat improvement. *Nature Biotechnology*, 40(3): 422–431. <https://doi.org/10.1038/s41587-021-01058-4>

- Gornish E., Case E., Valle M., Bean T., Moore-O'Leary K. 2018. A systematic review of management efforts on goatgrass (*Aegilops* spp.) dominance. *Plant Ecology*, 219(4): 549–560. <https://doi.org/10.1007/s11258-018-0817-3>
- Häfliger E., Scholz H. 1981. *Grass weeds* 2. Basle, Switzerland: CIBA-GEIGI Ltd., xx + 137 pp. + 23 tab.
- Hanson D.E., Ball D.A., Mallory-Smith C.A. 2002. Herbicide resistance in jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*): simulated responses to agronomic practices. *Weed Technology*, 16(1): 156–163. [https://doi.org/10.1614/0890-037x\(2002\)016\[0156:hrijga\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1614/0890-037x(2002)016[0156:hrijga]2.0.co;2)
- Heap I. 2026. *The International Herbicide-Resistant Weed Database*. Available at: www.weedscience.org (Accessed 5 April 2025).
- Johnston C.O., Heyne E.G. 1960. Distribution of jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica* Host.) in Kansas. *Transactions of the Kansas Academy of Science*, 63(4): 239–242. <https://doi.org/10.2307/3626901>
- Kishii M. 2019. An update of recent use of *Aegilops* species in wheat breeding. *Frontiers in Plant Science*, 10: 585. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00585>
- Levy A.A., Feldman M. 2022. Evolution and origin of bread wheat. *The Plant Cell*, 34(7): 2549–2567. <https://doi.org/10.1093/plcell/koac130>
- Li H., Nie F., Zhu L., Mu M., Fan R., Li J., Shaheen A., Liu Y., Li C., Liu W., Liang H., Zhao X., Bai S., Guo G., Li Z., Hu Y., Jiao Y., Adams J., Distelfeld A., Sun G., Li S., Zhou Y., Song C.-P. 2022. New insights into the dispersion history and adaptive evolution of taxon *Aegilops tauschii* in China. *Journal of Genetics and Genomics*, 49(3): 185–194. <https://doi.org/10.1016/j.jgg.2021.11.004>
- Lyon D.J., Baltensperger D.D. 1995. Cropping systems control winter annual grass weeds in winter wheat. *Journal of Production Agriculture*, 8: 535–539. <https://doi.org/10.2134/jpa1995.0535>
- Mallory-Smith C., Kniss A.R., Lyon D.J., Zemetra R.S. 2018. Jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*): a review. *Weed Science*, 66(5): 562–573. Available at: <https://www.jstor.org/stable/26505879>
- Martins B.A.B., Leonard J.M., Sun L., Zemetra R.S., Mallory-Smith C. 2016. Selection pressure effects on the proportion and movement of resistant alleles introgressed from wheat to *Aegilops cylindrica*. *Weed Research*, 56: 293–303. <https://doi.org/10.1111/wre.12211>
- Morgun V.V., Rybalka O.I., Morgun B.V. 2021. New scientific approaches in genetic amelioration of cereal crops. *Plant Physiology and Genetics*, 53(3): 187–215. <https://doi.org/10.15407/frg2021.03.187>
- Mykhalska L.M., Schwartau V.V. 2022. Identification of acetolactate synthase resistant *Amaranthus retroflexus* in Ukraine. *Regulatory Mechanisms in Biosystem*, 13(3): 231–240. <https://doi.org/10.15421/022230>
- Prokudin Y.N., Vovk A.G., Petrova O.A., Ermolenko E.D., Vernichenko Y.V. 1977. *Grasses of Ukraine*. Kyiv: Naukova Dumka, 517 pp. [Прокудин Ю.Н., Вовк А.Г., Петрова О.А., Ермоленко Е.Д., Верниченко Ю.В. 1977. *Злаки України*. Київ: Наукова думка, 517 с.]
- Saufler S.M. 2007. *Aegilops*. In: Flora of North America Editorial Committee (eds.). *Flora of North America North of Mexico*. Vol. 24 (*Magnoliophyta: Commelinidae* (in part): *Poaceae*, part 1). Oxford & New York: Oxford University Press, pp. 261–263.
- Schoenenberger N., Guadagnuolo R., Savova-Bianchi D., Küpfer P., Felber F. 2006. Molecular analysis, cytogenetics and fertility of introgression lines from transgenic wheat to *Aegilops cylindrica* Host. *Genetics*, 174(4): 2061–2070. <https://doi.org/10.1534/genetics.106.058529>
- Schwartau V.V., Mykhalska L.M., Markoveychuk T.I., Tretiakov V.O. 2023. Identification of a herbicide-resistant biotype of *Echinochloa crus-galli* in Ukraine. *Biosystems Diversity*, 31(3): 297–304. <https://doi.org/10.15421/012334>
- Seefeldt S.S., Zemetra R., Young F.L., Jones S.S. 1998. Production of herbicide-resistant jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*) × wheat (*Triticum aestivum*) hybrids in the field by natural hybridization. *Weed Science*, 46(6): 632–634. <https://doi.org/10.1017/s004317450008961x>
- USDAVIS. 2013. *Aegilops cylindrica; Aegilops triuncialis*. 2013. In: *Weed Control in Natural Areas in the Western United States*. Weed Research and Information Center, University of California. Available at: https://wric.ucdavis.edu/sites/g/files/dg-vnsk15316/files/media/documents/Aegilops_cylindrica-triuncialis.pdf
- USDA Forest Service. 2014. *Invasive Plant Fact Sheet: Jointed goatgrass (Aegilops cylindrica)*. U.S. Department of Agriculture, Forest Service. Available at: <https://biodiversity.sk.ca/Docs/InvasiveSpeciesCouncilFactSheets/Jointed%20Goatgrass.pdf>
- van Slageren M.W. 1994. *Wild wheats: a monograph of Aegilops L. and Amblyopyrum (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae)*. Wageningen, The Netherlands: Joint Publication of ICARDA, Aleppo, Syria and Wageningen Agricultural University, 512 pp.
- Wang Z., Wang W., He Y., Xie X., Yang Z., Zhang X., Niu J., Peng H., Yao Y., Xie C., Xin M., Hu Z., Sun Q., Ni Z., Guo W. 2024. On the evolution and genetic diversity of bread wheat D genome. *Molecular Plant*, 17(11): 1672–1686. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2024.09.007>
- Young F., Ball D., Thill D., Alldredge J., Ogg A., Seefeldt S. 2010. Integrated weed management systems identified for jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*) in the Pacific Northwest. *Weed Technology*, 24(4). <https://doi.org/10.1614/WT-D-10-00046.1>
- Young F.L., Gallandt E.R., Alldredge J.R. 2000. Predicting winter wheat (*Triticum aestivum*) yield loss based on jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*) populations from the previous season. *Weed Technology*, 14(2): 423–427. [https://doi.org/10.1614/0890-037X\(2000\)014\[0423:PWWTAY\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1614/0890-037X(2000)014[0423:PWWTAY]2.0.CO;2)

- Zhang P., Dundas I.S., McIntosh R.A., Xu S.S., Park R.F., Gill B.S., Friebe B. 2015. Wheat–*Aegilops* introgressions. In: Molnár-Láng M., Ceoloni C., Doležal J. (eds). *Alien Introgression in Wheat*. Springer, Cham: 221–243 pp. https://doi.org/10.1007/978-3-319-23494-6_9
- Zhang D., Li X., Bei F., Jin T., Jia S., Bu R., Wang J., Wang H., Liu W. 2022. Investigating the metabolic mesosulfuron-methyl resistance in *Aegilops tauschii* Coss. by transcriptome sequencing combined with the reference genome. *Journal Agriculture and Food Chemistry*, 70(36): 11429–11440. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.2c04529>
- Zhou Y., Zhao X., Li Y., Xu J., Bi A., Kang L., Xu D., Chen H., Wang Y., Wang Y.-g., Liu S., Jiao C., Lu H., Wang J., Yin C., Jiao Y., Lu F. 2020. *Triticum* population sequencing provides insights into wheat adaptation. *Nature Genetics*, 52(12): 1412–1422. <https://doi.org/10.1038/s41588-020-00722-w>

Expansion of *Aegilops cylindrica* (Poaceae) in agrocenoses of cereals: threats to food security

N.O. KOLOIANIDI^{3,4}, V.V. RURYK³, O.I. RYBALKO^{1,2}, V.V. SCHWARTAU¹

¹ Institute of Plant Physiology and Genetics, National Academy of Sciences of Ukraine,
1/17 Vasylykivska Str., Kyiv 03022, Ukraine

² Plant Breeding and Genetics Institute — National Center of Seed and Cultivar Investigation,
3 Ovidiopol'skaya Doroga, Odesa 65036, Ukraine

³ Mykolaiv National Agrarian University, 9 Georgiy Gongadze Str., Mykolaiv 54008, Ukraine

⁴ Mykolaiv State Agricultural Research Station of the Institute of Climate-smart Agriculture,
National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine,
17 Tsentralnaya Str., Village Polihon 57217, Mykolaiv Region, Ukraine

Abstract. A brief overview of the current state of expansion of *Aegilops cylindrica* in agrocenoses of grain crops (especially wheat) in Ukraine and the world is presented. Based on our analysis of available evidence and literature data, as well as our own observations in Ukraine, it is shown that these processes pose a real threat to food security, which is facilitated by several factors. Since representatives of the genus *Aegilops* are quite closely related to the genus *Triticum* (they belong to the same tribe, *Triticeae*, and were the donor of one of the subgenomes of hexaploid wheat), this causes a rather high similarity of plants of these genera, in particular *Aegilops cylindrica* and *Triticum aestivum*, in their ecological parameters and requirements, physiological processes and reactions, which significantly complicates weed control. Possible exchange of genetic material between the two species could lead to genetic erosion of wheat cultivars and the emergence of herbicide-resistant genetic lines of weeds, although the available evidence for this remains quite contradictory. The search for solutions of the problem should be based on an integrated approach considering and combining data, methods, and approaches from ecology, phytocoenology and phytosociology, physiology, and biochemistry, phylogenetics and genetics, as well as applied plant breeding and agricultural management.

Keywords: *Aegilops*, competitive relations in cenosis, imidazolinones, resistance of weed biotypes

