

ISSN (Print) 2616-7034
ISSN (Online) 2663-130X

Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің

ХАБАРШЫСЫ

BULLETIN

of L.N. Gumilyov
Eurasian National University

ВЕСТНИК

Евразийского национального
университета имени Л.Н. Гумилева

БИОЛОГИЯЛЫҚ ҒЫЛЫМДАР сериясы

BIOSCIENCE Series

Серия БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ

№1 (154)/ 2026

2010 жылдан бастап шығады

Founded in 2010

Издается с 2010 года

Жылына 4 рет шығады

Published 4 times a year

Выходит 4 раза в год

Астана, 2026

Astana, 2026

Бас редактор:
Р.І. Берсімбаев,
ҚР ҰҒА академигі, б.ғ.д, проф., Л.Н.Гумилев атындағы ЕҰУ,
Астана, Қазақстан

Бас редактордың орынбасары **Ж.К. Масалимов,** б.ғ.к., доцент, Л.Н.Гумилев атындағы ЕҰУ,
Астана, Қазақстан

Редакция алқасы:

Акильжанова А.Р. м.ғ.д., PhD, Назарбаев университеті, Астана (Қазақстан)
Аликулов З.А. б.ғ.к., проф., Л.Н. Гумилев атындағы ЕҰУ, Астана (Қазақстан)
Аскарова Ш.Н. б.ғ.к., PhD, Назарбаев университеті, Астана (Қазақстан)
Ау У. PhD, проф., Техас университеті, Техас (АҚШ)
Бисенбаев А.К. б.ғ.д., проф., ҚР ҰҒА академигі, Әл-Фараби атындағы ҚазҰУ, Алматы (Қазақстан)
Здунек-Застока Э. PhD, проф., Варшава жаратылыстану ғылымдары университеті, Варшава (Польша)
Изотти А. PhD, проф., Генуя университеті, Генуя (Италия)
Ильдербаев О.З. м.ғ.д., проф., Л.Н. Гумилев атындағы ЕҰУ, Астана (Қазақстан)
Коломиец М. PhD, проф., Техас университеті, Техас (АҚШ)
Константинов Ю.М. б.ғ.д., проф., Иркутск мемлекеттік университеті, Иркутск (Ресей)
Курманбаева А.Б. PhD, оқытушы-зерттеуші, Л.Н. Гумилев атындағы ЕҰУ, Астана (Қазақстан)
Позо М.Х. PhD, Испания ұлттық зерттеу кеңесінің Zaidin тәжірибелік станциясы, Гранада (Испания)
Рубцов Н. б.ғ.д., проф., Цитология және генетика институты, Новосібір (Ресей)
Саги М. PhD, проф., Бен Гурион атындағы Негев университеті, Беэр-Шева (Израиль)
Сарбасов Д.Д. PhD, проф., Назарбаев университеті, Астана (Қазақстан)
Тарлықов П.В. PhD, зертхана меңгерушісі, Ұлттық биотехнология орталығы, Астана (Қазақстан)
Халилов Р.И. ф.-м.ғ.д., Баку мемлекеттік университеті, Баку (Әзірбайжан)

Редакцияның мекенжайы: **010008, Қазақстан, Астана қ., Қажымұқан к-сі, 13,**
Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті
E-mail: eurjournal@enu.kz

Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің Хабаршысы. **БИОЛОГИЯЛЫҚ ҒЫЛЫМДАР** сериясы
Меншіктенуші: КеАҚ "Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті"
Мерзімділігі: жылына 4 рет
Қазақстан Республикасының Ақпарат және коммуникациялар министрлігімен тіркелген
02.02.2021ж. № KZ11VPY00031938 қайта есепке қою туралы құәлігі
Типографияның мекенжайы: 010008, Қазақстан, Астана қ., Қажымұқан к-сі 13
Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті
Сайт: <http://bulbio.enu.kz>

© Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті

Editor-in-Chief:

R.I. Bersimbaev,

*Academician of NAS RK, Doctor of Biological Sciences, Prof.,
L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan*

Deputy Editor-in-Chief:

Zh.K. Masalimov, *Candidate of Biological Sciences, Associate professor,
L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan*

Editorial board

Akilzhanova A.R.	Doctor of Medical Sciences, PhD, Nazarbayev University, Astana (Kazakhstan)
Alikulov Z.A.	Prof., Can. of Biological Sciences, L.N. Gumilyov ENU, Astana (Kazakhstan)
Askarova Sh.N.	PhD, Can. of Biological Sciences, Nazarbayev University, Astana (Kazakhstan)
Au W.	PhD, Prof., University of Texas, Texas (USA)
Bisenbayev A.K.	Doctor of Biological Sciences, Prof., Academician of NAS RK, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty (Kazakhstan)
Zdunek-Zastocka E.	PhD, Prof, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw (Poland)
Izzotti A.	PhD, Prof., University of Genoa, Genoa (Italy)
Ilderbayev O.Z.	Doctor of Medical Sciences, Prof., L.N. Gumilyov ENU, Astana (Kazakhstan)
Kolomic M.	PhD, Prof., University of Texas, Texas (USA)
Konstantinov Yu.M.	Doctor of Biological Sciences, Prof., Irkutsk State University, Irkutsk (Russia)
Kurmanbayeva A.B.	PhD, teacher-researcher, L.N. Gumilyov ENU, Astana (Kazakhstan)
Pozo M.J.	PhD, Zaidin Experimental Station of the Spanish National Research Council, Granada (Spain)
Rubtsov N.	Doctor of Biological Sciences, Prof., Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk (Russia)
Sagi M.	PhD, Prof., Ben Gurion University of the Negev, Beer Sheva (Israel)
Sarbassov D.D.	PhD, Prof., Nazarbayev University, Astana (Kazakhstan)
Tarlykov P.V.	PhD, Head of the Laboratory, National Center for Biotechnology, Astana (Kazakhstan)
Khalilov R.I.	Doctor of Physical and Mathematical Sciences, Baku State University, Baku (Azerbaijan)

Editorial address: **13 Kazhymukan str., of., L.N. Gumilyov Eurasian National University,
Astana, Kazakhstan, 010008**
E-mail: **eurjourbio@enu.kz**

Bulletin of L.N. Gumilyov Eurasian National University. BIOSCIENCE Series

Owner: Non-profit joint-stock company «L.N. Gumilyov Eurasian National University»

Periodicity: 4 times a year

Registered by the Ministry of Information and Communication of the Republic of Kazakhstan Rediscount certificate

№ KZ11VPY00031938 from 02.02.2021

Address of Printing Office: 13 Kazhimukan str., L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan 010008

Website: <http://bulbio.enu.kz>

Главный редактор:

Р.И. Берсимбай,

профессор, д.б.н., академик НАН РК, ЕНУ имени Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан

Зам. главного редактора

Ж.К. Масалимов, *к.б.н., доцент, ЕНУ имени Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан*

Редакционная коллегия:

Акильжанова А.Р.	д.м.н., PhD, Назарбаев Университет, Астана (Казахстан)
Аликулов З.А.	к.б.н., проф., ЕНУ имени Л.Н. Гумилева, Астана (Казахстан)
Аскарова Ш.Н.	к.б.н., PhD, Назарбаев Университет, Астана (Казахстан)
Ау У.	PhD, проф., Техасский университет, Техас (США)
Бисенбаев А.К.	д.б.н., проф., академик НАН РК, КазНУ имени аль-Фараби, Алматы (Казахстан)
Здунек-Застока Э.	PhD, проф., Варшавский университет естественных наук, Варшава (Польша)
Изотти А.	PhD, проф., Университет Генуя, Генуя (Италия)
Ильдербаев О.З.	д.м.н., проф., ЕНУ имени Л.Н. Гумилева, Астана (Казахстан)
Коломиец М.	PhD, профессор, Техасский университет, Техас (США)
Константинов Ю.М.	д.б.н., проф., Иркутский государственный университет, Иркутск (Россия)
Курманбаева А.Б.	PhD, преподаватель-исследователь, ЕНУ имени Л.Н. Гумилева, Астана (Казахстан)
Позо М.Х.	PhD, Экспериментальная станция Zaidin Испанского национального исследовательского совета, Гранада (Испания)
Рубцов Н.	д.б.н., профессор, Институт цитологии и генетики, Новосибирск (Россия)
Саги М.	PhD, профессор, Университет имени Бен-Гуриона в Негеве, Беэр-Шева (Израиль)
Сарбасов Д.Д.	PhD, профессор, Назарбаев Университет, Астана (Казахстан)
Тарлыков П.В.	PhD, заведующий лабораторией, Национальный центр биотехнологии, Астана (Казахстан)
Халилов Р.И.	д.ф.-м.н., Бакинский государственный университет, Баку (Азербайджан)

Адрес редакции: **010008, Казахстан, г. Астана, ул. Кажымукан, 13,**

Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева

E-mail: eurjourbio@enu.kz

Вестник Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева. Серия БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ

Собственник: НАО «Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева»

Периодичность: 4 раза в год

Зарегистрирован Министерством информации и коммуникаций Республики Казахстан Свидетельство о постановке на переучет № KZ11VPY00031938 от 02.02.2021 г.

Адрес типографии: 010008, Казахстан, г. Астана, ул. Кажымукана, 13

Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева

Сайт: <http://bulbio.enu.kz>

4

МАЗМҰНЫ/ CONTENT/ СОДЕРЖАНИЕ

К.Ш. Айтымбетова, Т.Ш. Мурзатаева, Г.Т. Ситпаева, А.С. Елубаева, К.Х. Махмудова, Б.С. Дүкенбаева, А. Муган, А. Алғазы Қазақстанда Poa L. түрлерінің таралуына қысқаша шолу және тұқымдарының сыртқы морфологиялық ерекшеліктеріне сипаттама.....	
К.Sh. Aitymbetova, T.Sh. Murzatayeva, G.T. Sitpayeva, A.S. Yelubayeva, K.Kh. Makhmudova, B.S. Dukenbayeva, A. Mугan, A. Algazy Short survey of Poa L. species' distribution in Kazakhstan and description of external morphological seed features.....	
К.Ш. Айтымбетова, Т.Ш. Мурзатаева, Г.Т. Ситпаева, А.С. Елубаева, К.Х. Махмудова, Б.С. Дүкенбаева, А. Муган, А.Т. Алғазы Краткий обзор распространения видов Poa L. в Казахстане и описание внешних морфологических особенностей семян.....	8
С.К. Мухтубаева, М.Б. Такирова, А.Б. Мырзагалиева, М.Ж. Жумагул, К.С. Избастина, И.Ю. Селютина, С.М. Байбосынова, С.А. Джангильдинова Ұлытау облысы флорасындағы Apiaceae Lindl. тұқымдасы.....	
S.K. Mukhtubayeva, M.B. Takirova, A.B. Myrzagalieva, M.Zh. Zhumagul, S. Izbastina, I.Yu. Selyutina, S.M. Vaibosynova, S.A. Zhangildinova The family Apiaceae Lindl. in the flora of the Ulytau region.....	
С.К. Мухтубаева, М.Б. Такирова, А.Б. Мырзагалиева, М.Ж. Жумагул, К.С. Избастина, И.Ю. Селютина, С.М. Байбосынова, С.А. Джангильдинова Семейство Apiaceae Lindl. во флоре Улытауской области.....	24
Т.С. Тасмаганбетова, У.З. Сагындыков Сүтқышқылды бактериялардың пробиотикалық әлеуетін бағалау.....	
T.S. Tasmaganbetova, U.Z. Sagyndykov Assessment of the probiotic potential of lactic acid bacteria.....	
Т.С. Тасмаганбетова, У.З. Сагындыков Оценка пробиотического потенциала молочнокислых бактерий.....	48
Н.М. Сейдалиева Экологиялық факторлардың тұқы тұқымдас балықтардың иммундық жағдайына және ауруларға сезімталдығына әсері.....	
N.M. Seidaliyeva Influence of environmental factors on the immune status of cyprinid fish and susceptibility to diseases.....	
Н.М. Сейдалиева Влияние экологических факторов на иммунный статус карповых рыб и восприимчи- вость к заболеваниям.....	63

<i>Е.В. Дейнеко, А.Н. Кеңес, Б.Б. Тойлыбай, Г.С. Ташкентбаева, Р.М. Турпанова</i> ДНҚ технологиясын қолдану арқылы өсімдік геномын модификациялау: экзогендік ДНҚ жеткізу саласындағы прогресс.....	
<i>E.V. Deineko, A.N. Kenges, B.B. Toilybai, G.S. Tashkentbaeva, R.M. Turpanova</i> Modification of plant genomes using DNA technologies: progress in the delivery of exogenous DNA.....	
<i>Е.В. Дейнеко, А.Н. Кеңес, Б.Б. Тойлыбай, Г.С. Ташкентбаева, Р.М. Турпанова</i> Модификация генома растений с применением ДНҚ-технологий: прогресс в области доставки экзогенных ДНҚ.....	77
<i>А.Е. Секенова, А.С. Исабекова, В.Б. Огай</i> Кіндік бауынан мезенхималды бағаналы жасушаларды алу және сипаттау.....	
<i>A.Ye. Sekenova, A.S. Issabekova, V.B. Ogay</i> Isolation and characterization of umbilical cord-derived mesenchymal stem cells.....	
<i>А.Е.Секенова, А.С. Исабекова, В.Б. Огай</i> Выделение и характеристика мезенхимальных стволовых клеток из пупочного канатика.....	93
<i>Р.М. Уалиева, А.В. Осипова, М.М. Каверина, С.Б. Жангазин, Н.Н. Иқсам</i> Гиперспектралды мәліметтер бойынша бидай татының спектрлік сигнатуралары: машиналық оқыту әдістерінің әлеуеті.....	
<i>R.M. Ualiyeva, A.V. Osipova, M.M. Kaverina, S.B. Zhangazin, N.N. Iksat</i> Spectral signatures of wheat rust from hyperspectral data: the potential of machine learning methods.....	
<i>Р.М. Уалиева, А.В. Осипова, М.М. Каверина, С.Б. Жангазин, Н.Н. Иқсам</i> Спектральные сигнатуры ржавчины пшеницы по гиперспектральным данным: потенциал методов машинного обучения.....	104
<i>М.К. Бейсекова, А.С. Сату, К.Д. Кумарғазы, М.Мамбетова, А. Самат, А.Ж. Бектурова, М.Т. Мырзабаева, А.Ж. Акбасова, Ж.К. Масалимов, А.Б. Қурманбаева</i> Ауыр металлдардың арпаға (<i>Hordeum vulgare</i> L.) тигізген әсерінің биохимиялық механизмдері.....	
<i>M.K. Beisekova, A.S. Satu, K.D. Kumargazy, M. Mambetova, A. Samat, A.Zh. Bekturova, M.T. Myrzabayeva, A.Zh. Akbassova, Zh.K. Masalimov, A.B. Kurmanbayeva</i> Biochemical mechanisms of the effects of heavy metals on barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.).....	
<i>М.К. Бейсекова, А.С. Сату, К.Д. Кумарғазы, М. Мамбетова, А. Самат, А.Ж. Бектурова, М.Т. Мырзабаева, А.Ж. Акбасова, Ж.К. Масалимов, А.Б. Қурманбаева</i> Биохимические механизмы воздействия тяжелых металлов на ячмень (<i>Hordeum vulgare</i> L.).....	120
<i>М.С. Бақытжанова, К.Х. Махмудова, Б.У. Шарипова, Н.П. Ахметова, А.А. Биткеева, Т. Атичи</i> Ақтөбеоблысындағы сирек кездесетін <i>Linaria cretacea</i> Fisch ex Spreng ценопопуляцияларының онтогенетикалық спектрі.....	
<i>M.S. Bakytzhanova, K.H. Makhmudova, B.U. Sharipova, N.P. Akhmetova, A.A. Bitkeyeva, T. Atici</i> Ontogenetic spectrum of rare <i>Linaria cretacea</i> Fisch ex Spreng coenopopulations in the Aktobe region.....	
<i>М.С. Бақытжанова, К.Х. Махмудова, Б.У. Шарипова, Н.П. Ахметова, А.А. Биткеева, Т. Атичи</i> Онтогенетический спектр редких ценопопуляций <i>Linaria cretacea</i> Fisch ex Spreng в Актюбинской области.....	137

Р.Н. Төлеуова, Б.К. Есімов, А.У. Тұяқбаева, Г.К. Мусаева, Қ.И. Ахметов, М.А. Бердіқұлов, Қ.Т. Майхин, Б.Ә. Қазыбай, Г.Е. Асылбекова

Кенелердің Батыс Қазақстан облысында трансмиссивті және арбовирустық аурулардың таралуына әсері.....

R.N. Toleuova, B.K. Essimov, A.U. Tuyakbayeva, G.K. Mussayeva, K.I. Akmetov, M.A. Berdikulov, K.T. Maikhin, B. Kazybay, G. Assylbekova

The influence of ticks on the spread of vector-borne and arbovirus diseases in the West Kazakhstan region.....

Р.Н. Төлеуова, Б.К. Есімов, А.У. Туяқбаева, Г.К. Мусаева, Қ.И. Ахметов, М.А. Бердіқұлов, Қ.Т. Майхин, Б.А. Қазыбай, Г.Е. Асылбекова

Влияние клещей на распространение трансмиссивных и арбовирусных заболеваний в Западно-Казахстанской области.....

147

А.Қ. Даржігітова, А.М. Оразбаева, Д.О. Ибраев,

Б.Қ. Жұмабекова, М. Өзтүрік

Батыс Қазақстан облысының табиғи биоценоздарында кейбір паразиттік жәндіктер мен гельминттердің таралуы.....

A.K. Darzhigitova, A.M. Orazbayeva, D.O. Ibrayev,

B.K. Zhumabekova, M. Öztürk

The prevalence of some parasitic insects and helminths in the natural biocenoses of the West Kazakhstan region.....

А.К. Даржігітова, А.М. Оразбаева, Д.О. Ибраев,

Б.К. Жұмабекова, М. Озтюрк

Распространённость некоторых паразитических насекомых и гельминтов в природных биоценозах Западно-Казахстанской области.....

160

Е.В. Фёдорова, С.В. Маньковская

Егеуқұйрық миокардының доксорубицин-индуцирленген кардиомиопатиясы кезінде гистоморфометриялық көрсеткіштері.....

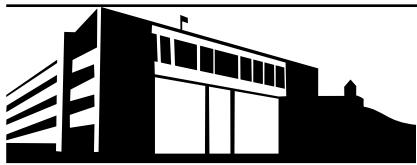
E.V. Fiodorova, S.V. Mankovskaya

Myocardial histomorphometry of rat in doxorubicin-induced cardiomyopathy.....

Е.В. Фёдорова, С.В. Маньковская

Гистоморфометрические показатели миокарда крыс при доксорубицин-индуцированной кардиомиопатии.....

177



МРНТИ 34.29.25

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-8-23>

Научная статья

Краткий обзор распространения видов *Poa L.* в Казахстане и описание внешних морфологических особенностей семян

К.Ш. Айтымбетова*¹, Т.Ш. Мурзатаева², Г.Т. Ситпаева³,
А.С. Елубаева⁴, К.Х. Махмудова⁵, Б.С. Дукенбаева⁶, А. Муган⁷, А.Т. Алгазы⁸

^{1,2,3,4,5,6,7,8}Институт ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан

E-mail: *¹Aitklara@mail.ru, ²m.tansara@mail.ru, ³sitpaeva@mail.ru, ⁴aigera_89_01@mail.ru,
⁵carinamakh@mail.ru, ⁶baadaat@mail.ru, ⁷Ardak_@mail.ru, ⁸alban_akmaral94@mail.ru

Аннотация. Климатические изменения, глобальное потепление, ведущее к опустыниванию, нерациональные антропогенные действия ведут к сокращению многих видов растительности или исчезновению. Семена одного из распространенных, дернообразующих травянистых растений мятликов *Poa L.* собраны и хранятся в Банке семян. Мятлик имеет значение как кормовое, пастбищное растение, а некоторые виды широко используются для газонов. По современным данным род мятликов семейства Poaceae состоит из 575 видов, из которых во флоре Казахстана встречаются 80, не учитывая новые виды, которые были недавно открыты и описаны в Восточном Казахстане. По Каталогу мировой коллекции Всероссийского института растениеводства (ВИР) 4 вида мятликов: *Poa bulbosa L.*, *P. nemoralis L.*, *P. pratensis L.*, *P. trivialis L.*, определены как дикие сородичи культурных растений (ДСКР). Целью исследования было провести краткий анализ источников литературы по видовому составу *Poa L.*, распространению, биолого-хозяйственному значению и использованию, анализ количества образцов по видам, флористическим районам и описание внешних морфологических особенностей семян с фотографиями. Проведенный нами краткий обзор источников по систематике выявил 57 видов, распространенных по территории. Описание семян с фотографиями представлено по 7 видам, по которым имеется 75 образцов из различных флористических зон. Семена и их описание могут быть использованы для идентификации видов и в качестве ценного генетического материала в селекции.

Ключевые слова: мятлик, *Poa L.*, вид, злаки, семена, флористический район

Поступила: 03.06.2025. Одобрена: 16.02.2026. Доступна онлайн: 31.03.2026.

Введение

Семейство злаковых – *Poaceae* насчитывает более 8 тыс. видов из 500 родов [1], по другим источникам – около 10 тыс. видов из 700 родов, из которых во флоре территорий стран бывшего СССР произрастало 1011 видов из 177 родов, а на территории Казахстана 482 вида из 101 рода [2]. Последние исследования [3] свидетельствуют о дополнительных списках 77 видов из 22 родов семейства *Poaceae*, произрастающих на территории Восточного Казахстана и не отмеченных во «Флоре Казахстана» [4] и в других изданиях.

Во флоре Казахстана встречаются многие виды семейства злаковых, определенные как дикие сородичи культурных растений (ДСКР). Так, в пределах степной части установлены ареалы распространения 32 видов особо ценных злаков [5,6,7,8]. К ним можно отнести растения, имеющие важное значение как ДСКР для использования в селекции кормовых культур, как кормовые растения для пастбищного использования, в том числе создания культурных, на сено, для травосмесей. Ярким представителем служат род мятлики – *Poa* L., насчитывающие около 80 видов из 300 [9], или по современным данным из 575 видов [10], встречающихся на обоих полушариях Земли.

По Каталогу мировой коллекции ВИР [7] 4 вида мятликов: *Poa bulbosa* L. – мятлик луковичный, *P. nemoralis* L. – мятлик лесной (дубравный), *P. pratensis* L. – мятлик луговой, *P. trivialis* L. – мятлик обыкновенный отмечены в качестве ДСКР.

По мнению исследователей [11], высокая плоидность многих видов, частый апомиксис и межвидовая гибридизация усложняют формирование четкой системы рода и разграничение видов, что является предметом дискуссий. В результате проведенных молекулярно-генетических исследований было выявлено, что основная часть полиплоидных мятликов является межвидовыми гибридами [12]. По мнению авторов, аллополиплоиды по сравнению с родственными диплоидами имеют более широкие ареалы распространения и, благодаря своим особенностям, могут выживать и чаще встречаются в экстремальных условиях [13, 14]. Пробатова Н.С. также отмечает, что при экологически напряженных, но стабильных условиях существования у злаков оптимален диплоидный уровень генома, а при естественной или искусственной нестабильности среды обитания большее преимущество получают полиплоиды, отличающиеся более высокой экологической пластичностью [15]. По Олоновой М.В. [16] и Кэррол и др. [12] исследование морфологического разнообразия рода *Poa* L. показывает, что род обладает высоким полиморфизмом, пластичностью, жизнеспособностью, обеспеченной сочетанием нескольких способов размножения, внутри рода происходят различные модели видообразования, что обуславливает его широкое распространение и эволюционное процветание; морфологические признаки не всегда связаны с жизненным циклом растения.

Мятлики как многолетние растения характеризуются дернообразующим, или дерновинным, почвоукрепляющим свойствами и кормовым значением – пастбищным, сенокосным и являются источником и донором биологических и хозяйственных признаков в селекции кормовых культур. Однако действие природных катаклизмов, потепление климата, опустынивание, и нерациональные антропогенные действия и использование природных ресурсов могут привести к их сокращению или исчезновению, поэтому меры по их сохранению входят в задачи по сохранению и расширению биоразнообразия природной флоры Казахстана [17, 18].

Задачей данной работы было изучение распространения и значения видов мятликов, хранящихся в Банке семян, на основе обзора литературных источников и описание внешних морфологических особенностей их семян.

Материалы и методы исследования

*Аналитический краткий обзор распространения и морфо-биологического и хозяйственного значения видов *Poa L.* в Казахстане*

Для проведения обзора были использованы источники: научные книги, монографии, журналы, интернет-ресурсы.

Сбор, подготовка и хранение образцов

Материалами изучения служили образцы семян видов мятликов рода *Poa L.*, собранных из различных флористических зон Казахстана и хранящиеся в активной и базовой коллекциях Семенного банка института ботаники и фитоинтродукции Республики Казахстан. Впервые флористическое районирование в Казахстане было предложено Н.В. Павловым [4] (Павлов, 1956, Флора Казахстана. 1 том. С.32–33). Согласно источнику всего насчитывается 29 флористических районов и 7 подрайонов.

Описание и фотографирование

Для изучения образцы семян были осушены, очищены в два этапа, доведены до требуемой влажности, взвешены по общепринятым инструкциям и методам для семенных банков [19]. Хранение в морозильной камере проводится при температуре +40С для активной и до -180С для базовой коллекции. Описание внешних морфологических особенностей семян и их фотографирование проводили с использованием микроскопов Flat digital microscope MAN101 и Nikon SMZ800N с подсветкой KL 1600 LED. При описании семян руководствовались источниками литературы, книгами, справочниками, из интернет-ресурсов [20, 21].

Результаты и обсуждение

*Краткий обзор распространения и морфо-биологического и хозяйственного значения видов *Poa L.* в Казахстане*

Большое географическое, природно-экологическое разнообразие территории Казахстана определяет также и значительное распределение различных видов злаков, в частности *Poa L.* По Арыстангалиеву С.А. [22, 23] на территории Казахстана представлены 38 видов рода *Poa L.* Мятлики, которые соответствуют 38 видам, данным во Флоре Казахстана [4], по Абдулиной С. А. – 35 [24], по Байтенову М. С. – 36 [2], из которых 3 эндемики, при этом некоторые виды, как *P. palustris L.*, *P. tianschanica* (Regel) Hack. Ex O.Fedtsch., *P. tanfiljewii* Roshev., *P. subfastigiata* Trin., *P. supina* Schrad., *P. timoleontis* Heldr. Ex Boiss. и другие, всего 11, приведены вторым автором и не указаны в работе у первого, в то же время некоторые виды, как *P. albertii* Rgl., *P. tremuloides* Litw., *P. marginata* Ovcz., *P. serotina* Ehrh. и др., всего также 11, не обнаружены у Абдулиной С.А., а 3 вида представлены подвидами. По результатам многолетних флористических исследований Котуховым Ю.А. [3] по Восточному Казахстану приводятся ранее не отмеченные во Флоре Казахстана [4]

и в работе Абдулиной [24] 7 видов *Poa* L.: *P. argunensis* Roshev., *P. glauca* Vahl, *P. intricata* Wein, *P. krylovii* Reverd., *P. pseudoaltaica* (Olonova), *P. sergievskajae* Prob., *P. veresczaginii* Tzvel., с информацией о местообитании, высотном распределении и распространении на территории Восточного Казахстана. Проведенный нами обзор показывает, что в источниках отмечены 57 видов рода *Poa* L., произрастающих на территории Казахстана, среди которых *P. kokuensis* Golosk., *P. korshunensis* Golosk., *P. aksuensis* (Tzvel.) Czer. относятся к эндемикам. Среди многочисленных представителей рода имеются виды, которые отличаются прекрасными кормовыми достоинствами и широко используются в жизнедеятельности человека [10, 25, 26]. Из них в качестве кормовых растений в Казахстане известны Мятлик узколистный – Жіңішке қоңырбас (*P. angustifolia* L.), М. оттянутый – Тартыңқы қ. (*P. attenuata* Trin.), М. степной – Дала қ. (*P. stepposa* (Kryl.) Roshev.), М. расставленный – Селдір қ. (*P. remota* Forselles.), М. обыкновенный – Кәдімгі қ. (*P. trivialis* L.), М. луговой – Шалғын қ. (*P. pratensis* L.), М. сибирский – Сібір қ. (*P. sibirica* Roshev.), М. болотный – Батпақ қ. (*P. palustris* L.), М. альпийский – Альпа қ. (*P. alpina* L.) [22, 27]. В лесной зоне в культуру как сенокосные и пастбищные введены виды М. луговой (*P. pratensis* L.) и М. болотный (*P. palustris* L.). В южных засушливых районах кормовое значение имеют эфемероид М. луковичный (*P. bulbosa* L.), на высокогорных пастбищах – М. альпийский (*P. alpina* L.). М. однолетний (*P. annua* L.) – распространённое во всех зонах сорное растение [28].

Мятлики, род *Poa* L., в семействе злаков (*Poaceae* Varnhart) одна из наиболее обширных групп растений, распространенных главным образом в умеренно холодной полосе земного шара. Они хорошо растут на лугах, в степях, некоторые - в полупустынях, лесах, тундре. Это в основном многолетние травы высотой 10–120 см, с ползучими подземными побегами, при их отсутствии образуют более или менее густые дерновины. Стебли обычно прямостоячие, голые и гладкие, реже шероховатые. Листья линейные, шириной 1–8 (до 12) мм, с расщепленным гладким или шероховатым влагалищем и с коротким или длинным язычком. Соцветие - раскидистая или сжатая метелка длиной 1,5–25 (до 30) см, ветви которой собраны пучками по 2 или более. Колоски мелкие, яйцевидные или эллиптические, с 2–8 цветками, длиной 2,5–9 (до 10) мм. [29]. Плодики – зерновка, длиной 1,3–3 мм, продолговатые или эллиптические, на брюшной стороне обычно более или менее уплощённые, почти трёхгранные, отпадающие вместе с цветочными чешуями [4, 28, 30].

Количество видов и образцов

Из многочисленных видов мятликов *Poa* L. семейства мятликовых *Poaceae*, в исследовании включены 7 видов, находящихся на хранении в Семенном банке, из которых в ходе анализов внешних морфологических признаков идентифицировали 6. Всего в Семенном банке собрано в период экспедиционных выездов 2013–2015 годов 75 образцов растений из различных флористических зон Казахстана, семена которых, проходя все этапы очистки, сушки, определения жизнеспособности, находятся на долгосрочном хранении. Превалируют в количественном соотношении м. луковичный – *P. bulbosa* L., – 38 и м. узколистный – *P. angustifolia* L. – 27 образцов, м. луговой – *P. pratensis* L. – 7 и по 1 образцу имеется м. примечательный – *P. insignis* Litv. ex Roshev., м. лесной дубравный – *P. nemoralis* L. и м. болотный – *P. palustris* L. (Рисунок 1), широко распространенного вида, считающегося сорным – м. однолетнего – *P. annua* L., в коллекции не оказалось.

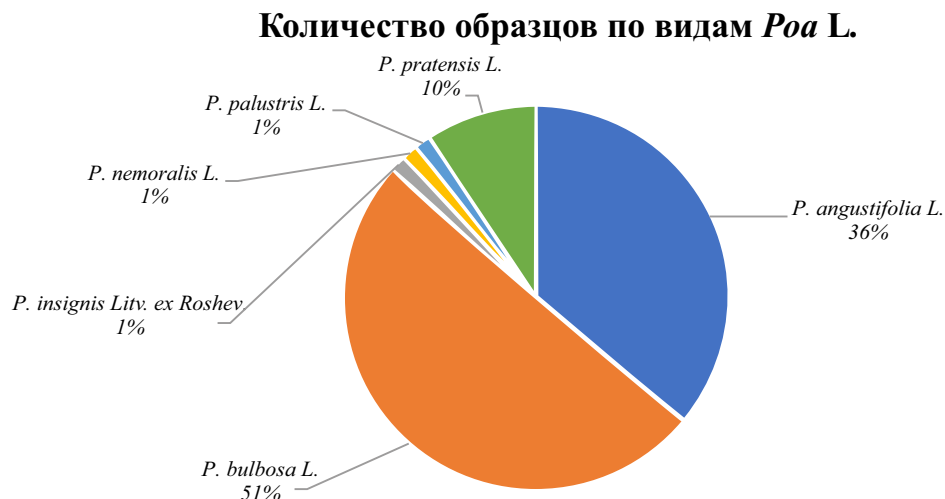


Рисунок 1. Количество образцов по видам *Poa* L.

Мятлики широко и повсеместно распространены по территории республики, как с севера на юг, так и с запада на восток. Имеющиеся в фонде виды мятликов представлены с 23 флористических зон, обозначаемых в дальнейшем порядковыми номерами и некоторые – дополнительно прописными буквами. Во флористических районах Западный мелкосопочник (10) и Заилийский Алатау (25) собрано по 2 вида, наибольшее разнообразие – 4 вида – в Кетмень и Терской Алатау (25А), а в остальных – по одному. В Прикаспийском (6) флористическом районе собрано наибольшее количество образцов – 16, по 10 и 8 образцов – в Западном мелкосопочнике (10) и Кетмень и Терской Алатау (25А). В Заилийском Алатау (25) и Кокшетавском (5) собрано по 5 образцов, а по остальным зонам – от 1 до 4 (Рисунок 2).

*Фотографирование и описание внешних морфологических признаков плодов и семян видов *Poa* L.*

Одним из завершающих этапов циклической работы семенного банка является описание внешних морфологических особенностей, признаков семян образцов, часто одновременно – и плодов, и семян. Описания плодов и семян многих видов растений представлены в литературе, интернет-ресурсах, но некоторых найти крайне сложно. Поэтому проводили описание внешних признаков зерновок практически у конкретного образца вида, при этом всесторонне опирались на доступные ресурсы и руководствовались справочниками.

Контроль и идентификацию плодов и семян по морфологическим признакам также проводили с использованием гербарного материала из фонда института. У мятликов плодами служат пленчатые зерновки. У некоторых видов цветочные чешуи сложно и трудно отделяются, или не отделяются. При очищении цветочных чешуй остается голое зерно, или само семя. Проведенное описание включает описание как пленчатой зерновки, так и голой зерновки при их наличии в образцах, с их фотографиями (Рисунки 3–6). По всем образцам, по которым возникали некоторые сомнения, был использован для контроля и идентификации гербарный материал. Для создания полной картины описания зерновок по видам *Poa* L. было включено также описание вида *P. annua* L., изученное на конкретном гербарном образце.

Количество образцов *Poa L.* по флористическим районам

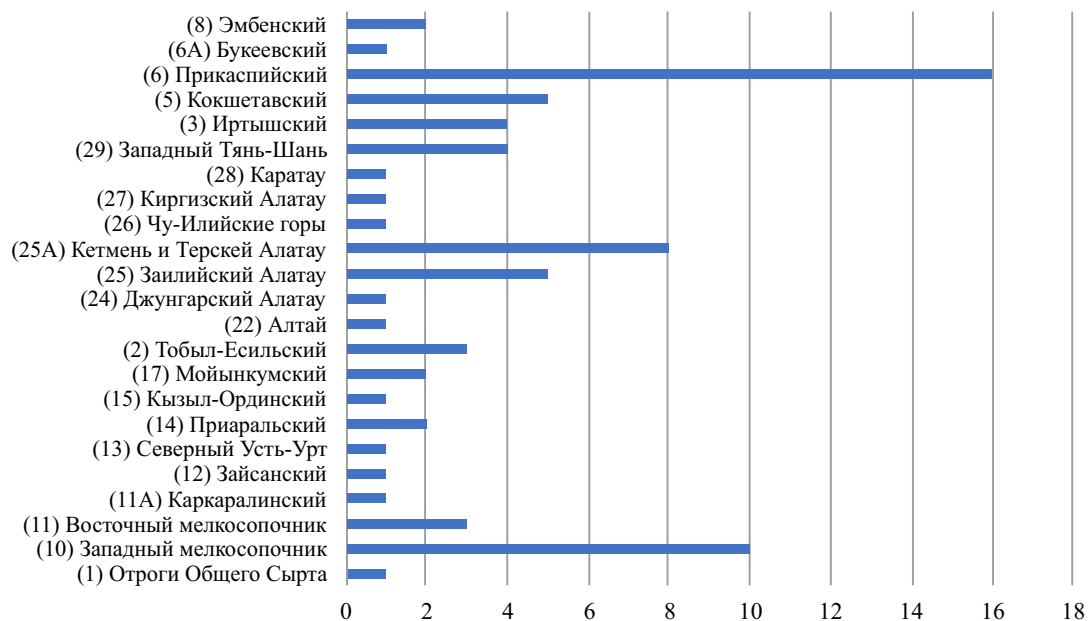


Рисунок 2. Количество образцов *Poa L.* по флористическим зонам

P. angustifolia L., 1190, (3) Иртышский. Плод – зерновка пленчатая, выпуклой, удлинено-веретеновидной формы, с небольшим остевидным заострением, которое легко обламывается, верхняя часть светлая, пустая из-за недоразвитых, невыполненных семян; в основании пяточка хорошо выделяется, округлая, прямо срезана, имеются волоски; стерженек средний, цилиндрический, опушенный, слабоизогнутый, кососрезанный; поверхность внешней чешуи с 5 жилками, с реснитчатыми зубчиками, внутренняя – ладьевидно-вогнутая; окраска светло-серая, светло-бурая, светлая по жилкам и на верхушке, длина $2,48 \pm 0,31$ мм, ширина $0,61 \pm 0,12$ мм, толщина $0,50 \pm 0,06$ мм (Рисунок 3а). Семя – зерновка, очищенная от чешуй, овальной или яйцевидно-удлиненной формы. К вершине более суженная, с заметным хохолком, со спины выпуклая, на брюшной стороне бороздка, широкая и часто глубокая, на спинке небольшой темный зародыш; поверхность продольно-линейно-шероховатая, блестящая в микроскопе; окраска желтая в микроскопе, светло-коричневая, коричневая; длина $1,39 \pm 0,30$ мм, ширина $0,55 \pm 0,12$ мм, толщина $0,39 \pm 0,06$ мм.

P. bulbosa L., 95, (28) Каратау. Плод-колоски, почки-луковички, покрытые чешуями (пленчатая луковичка), удлинено-яйцевидной формы, округло-сжатая, длиной до 15–18 мм вместе с длинными заострениями колосковых чешуй; колосковые чешуи яйцевидные, килеватые, тонкие, со слабо опушенными центральными и боковыми нервами, с тонкими заострениями, по краям пленчатые; нижняя цветковая чешуя равная колосковым, с ясно выраженными жилками, у основания с волокнами, внутренняя – узкая, скрыта внутри верхней, практически неотделима от луковички; почка -луковичка поверхность нижней цветковой чешуи, луковички, продольно бороздчатая, мелко точечная, блестящая в микроскопе; окраска колосковых чешуй светло-бурая, буровато-фиолетовая (цветковых) со светлой верхней частью; луковичка (зерновка) с чешуями

длина $3,73 \pm 0,62$ мм, ширина $1,98 \pm 0,55$ мм, толщина $1,27 \pm 0,33$ мм (Рисунок 3б). Луковичка (зерновка) без чешуй – длина $3,52 \pm 0,41$ мм, ширина $0,97 \pm 0,35$ мм, толщина $1,03 \pm 0,12$ мм. У *P. bulbosa* L. v. *vivipara* Koch. Цветки превращены в выводковые почки. Наружная цветковая чешуя у своего основания вытягивается, утолщается и образует луковички, которые подсыхают и сбрасываются метелкой.



Рисунок 3. а) *P. angustifolia* L.: зерновка пленчатая и оголенная от цветковых чешуй; б) *P. bulbosa* L.: зерновка пленчатая и оголенная от цветковых чешуй

P. pratensis L., 659, (25A) Кетмень и Терской Алатау. Плод – пленчатая зерновка, удлинненно-веретеновидной, или ладьевидно-удлиненной формы, с остевидным заострением; внешняя цветковая чешуя с 5 жилками, опушенными, при основании – пучок волосков; внутренняя цветковая чешуя – вогнутая, по краям имеются зубчики-реснички; основание – тупо округлое; стерженек – средний, слегка изогнут, немного косо усеченный; поверхность мелко шероховатая, точечно-бугорчатая; окраска буровато-белая, серовато-белая, светло-серая; длина $3,1 \pm 0,44$ мм, ширина $0,84 \pm 0,09$ мм, толщина $0,64 \pm 0,05$ мм (Рисунок 4а). Зерновка, отделенная от чешуй, продолговатой обратнойцевидной тупотрехгранной формы, несколько суженной к основанию и, нередко и к вершине; на верхушке имеется небольшой хохолок, а в основании со спины-зародыш; с брюшной стороны несомкнутая широкая бороздка; поверхность продольно линейно-шероховатая, в микроскопе блестящая; окраска серовато-желтая, бурая, коричневая; длина $2,07 \pm 0,17$ мм, ширина $0,73 \pm 0,06$ мм, толщина $0,53 \pm 0,05$ мм.

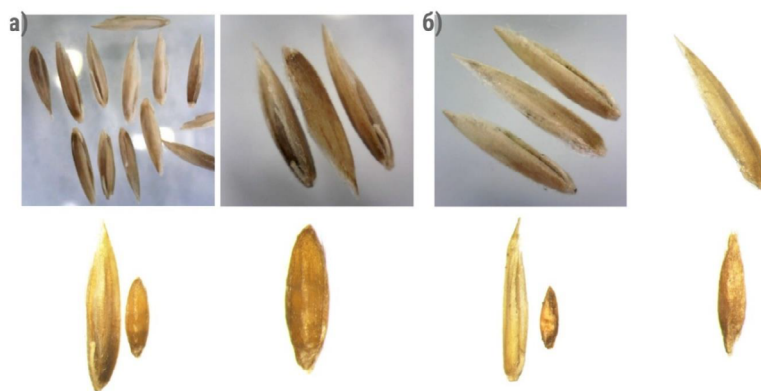


Рисунок 4. а) *P. pratensis* L.: зерновка пленчатая и оголенная от цветковых чешуй; б) *P. palustris* L.: зерновка пленчатая и оголенная от цветковых чешуй

P. palustris L., 1202, (10) Западный мелкосопочник. Плод – пленчатая зерновка, ладьевидно-удлиненной, трехгранной формы, с заострением; нижняя цветковая чешуя полупрозрачная, с ясно выраженным килем почти на 1/3 закрывает внутреннюю, по краям с тонкими светлыми волосками; внутренняя цветковая чешуя вдавленная, по краю с зубчиками-ресничками; каллус с пучком извилистых волосков (Рисунок 4б). Стерженек округлый немного изогнутый, косо усеченный, с тонкими волосками; поверхность мелко точечно зернистая, матовая, слегка блестящая в микроскопе; окраска светло-темно-серая, темно-желтовато-серая; длина $2,98 \pm 0,25$ мм, ширина $0,62 \pm 0,08$ мм, толщина $0,52 \pm 0,06$ мм. Зерновка, очищенная от чешуй, удлиненно-яйцевидной трехгранной формы, грани тупые, нижняя сторона слегка вогнута с обозначением широкой бороздки; поверхность гладкая, продольно-линейная, блестящая; окраска светло-коричневая, коричневая; длина $1,48 \pm 0,16$ мм, ширина $0,54 \pm 0,08$ мм, толщина $0,46 \pm 0,05$ мм (Рисунок 4б).

P. insignis Litv. ex Roshev., (25A) Кетмень и Терской Алатау. Плод – пленчатая зерновка ладьевидно-удлиненной трехгранной формы, без ости; нижняя цветковая чешуя 5-жилковая, с ясно выраженным килем, по краю в верхней части с узкой прозрачной пленкой, голая, по килю и по краевым киям с шипиками; верхняя цветковая чешуя вогнутая, по киям с густо расположенными шипиками, немного короче нижней; стерженек средний, округлый, слегка косоусеченный, с короткими шипиками, каллус голый; окраска светло-серая, светло-бурая, бурая; длина $3,25 \pm 0,29$ мм, ширина $0,73 \pm 0,08$ мм, толщина $0,76 \pm 0,08$ мм (Рисунок 5а). Зерновка, голая, освобожденная от чешуй, удлиненно-яйцевидной суженной к концам, трехгранной формы; выдающийся зародыш темного цвета, на верхушке хохолок; поверхность гладкая, продольно линейно-точечно-бугорчатая, блестящая в микроскопе; окраска желто-коричневая, блестящая в микроскопе; длина $1,83 \pm 0,05$ мм, ширина $0,67 \pm 0,05$ мм, толщина $0,57 \pm 0,05$ мм.



Рисунок 5. а) *P. insignis* Litv. ex Roshev.: зерновка пленчатая и оголенная от цветковых чешуй; б) *P. nemoralis* L.: зерновка пленчатая и оголенная от цветковых чешуй

P. nemoralis L., 1387, (25 A) Кетмень и Терской Алатау. Плод – пленчатая зерновка, удлиненно-ладьевидной, ланцетовидной трехгранной формы, нижняя цветковая чешуя продолговато-ланцетная, киль на 1/2, 2/3 длины, а краевые жилки до 1/3 коротковорсинчатые (коротковолосистые), вершина перепончатая; каллус с небольшим пучком длинных извилистых волосков; верхняя цветковая чешуя вдавленная, тонкая, между ворсинчатыми киями – голая и гладкая; стерженек средний, округлый,

косоусеченный; окраска светло-серая, светло-соломенная; длина $3,13 \pm 0,13$ мм, ширина $0,84 \pm 0,05$ мм, толщина $0,77 \pm 0,07$ мм. Пыльники 1,0–1,2 мм (Рисунок 5б). Голая зерновка, освобожденная от цветочных чешуй, удлинено-яйцевидной, ланцетовидной, заостренной к двум концам, неясно-трехгранной формы; в основании немного выдающийся зародыш, темного цвета, на верхушке имеется хохолок; поверхность гладкая, голая, линейно мелко точечно-морщинистая, блестящая; окраска желто-коричневая, коричневая; длина $1,83 \pm 0,05$ мм, ширина $0,73 \pm 0,05$ мм, толщина $0,53 \pm 0,05$ мм.

P. annua L. Юго-западные отроги Джунгарского Алатау, из гербарного фонда. Плод – пленчатая зерновка ладьевидно-удлиненной трехгранной формы, без ости; нижняя цветковая чешуя 5-жилковая, с ясно выраженным килем, по краю в верхней части с узкой прозрачной пленкой, голая, по килю и по краевым килям с шипиками; верхняя цветковая чешуя вогнутая, по килям с густо расположенными шипиками, немного короче нижней; стерженек средний, округлый, слегка косоусеченный, с короткими шипиками, каллус голый; окраска светло-серая, светло-бурая, бурая; длина $3,25 \pm 0,29$ мм, ширина $0,73 \pm 0,08$ мм, толщина $0,76 \pm 0,08$ мм (Рисунок 6).



Рисунок 6. *P. annua* L.: зерновка пленчатая и оголенная от цветковых чешуй

Зерновка, голая, освобожденная от чешуй, удлиненно-яйцевидной суженной к концам, трехгранной формы; выдающийся зародыш темного цвета, на верхушке хохолок; поверхность гладкая, продольно линейно-точечно-бугорчатая, блестящая в микроскопе; окраска желто-коричневая, блестящая в микроскопе; длина $1,83 \pm 0,05$ мм, ширина $0,67 \pm 0,05$ мм, толщина $0,57 \pm 0,05$ мм.

Заключение

В результате проведенного обзора литературных источников по систематике установлено, что по территории Казахстана распространены 57 видов рода *Poa* L., из которых *P. kokuensis* Golosk., *P. korshunensis* Golosk., *P. aksuensis* (Tzvel.) Czer. относятся к эндемикам. В Восточном Казахстане открыты и описаны, включая местообитание, высотное распределение 7 новых видов, которых нет во «Флоре Казахстана» [5]. Приведены описания морфологического строения растений видов *Poa* L., их биологическое развитие, кормовое, экологическое, а также хозяйственно-полезное значение. По хранящимся в Банке семян видам проведен анализ по их количеству,

флористическим зонам. Фотографирование и описание внешних морфологических особенностей семян с их размерами дают информацию о представителях мятликов из конкретных условий местообитания, может служить дополнительным источником для идентификации видов, а семена могут быть использованы как ценный генетический материал для селекции кормовых растений.

Вклад авторов

А.К. – концепция и написание текста; **М.Т.** – руководство работой и обсуждение результатов исследования; **С.Г.** – редактирование текста статьи; **Е.А.** – проведение экспериментов; **М.К.** – обсуждение результатов исследования; **Д.Б.** – проведение экспериментов; **М.А.** – проведение экспериментов; **А.А.** – проведение экспериментов.

Финансирование

Статья написана в рамках программы целевого финансирования (ПЦФ) BR23591088 «Создание Кадастра растений Улытауской области как реализация задач Закона РК «О растительном мире» для устойчивого использования ботанических ресурсов региона» Института ботаники и фитоинтродукции, финансируемой Министерством экологии и природных ресурсов РК (МЭПР РК).

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Соблюдение этических норм

Настоящая статья не содержит описания выполненных авторами исследований с участием людей или использованием животных в качестве объектов.

Список литературы

1. Брежнев ДД, Коровина ОН. Дикие сородичи культурных растений флоры СССР. Л.: Колос; 1981.
2. Байтенов МС. Флора Казахстана. Родовой комплекс флоры. Т. 2. Алматы: Гылым; 2001.
3. Котухов ЮА. Дополнение к «Флоре Казахстана». Злаки Восточного Казахстана. *Turczaninowia*. 2021;24(2):156-69. <https://doi.org/10.14258/turczaninowia.24.2.15>
4. Флора Казахстана. Т. 1. 1956.
5. Ситпаева ГТ. К формированию генофонда диких сородичей культурных растений Казахстана. *Новости науки*. 2006;3(90):171-77.
6. Ситпаева ГТ. Систематический состав и распространение диких сородичей злаков в Заволжско-Казахстанской степной провинции. *Биологические основы селекции и генофонда растений*. Алматы. 2005:226-31.
7. Ситпаева ГТ, Веселова ПВ, Гемеджиева НГ, и др. Комплексные исследования диких сородичей культурных растений Западного Тянь-Шаня. Алматы: Институт ботаники и фитоинтродукции; 2014.
8. Sitpayeva GT, Kudabayeva GM, Dimeyeva LA, Gemedzhiyeva NG, Vesselova PV. Crop wild relatives of Kazakhstanian Tien Shan: Flora, vegetation, resources. *Plant Diversity*. 2020;42(1):19-32. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2019.10.003>
9. Голоскоков ВП. Флора Джунгарского Алатау: (Конспект и анализ). Алма-Ата: Издательство Наука Казахской ССР; 1984.

10. Gillespie LJ, Soreng J. A Phylogenetic Analysis of the Bluegrass Genus *Poa* Based on cpDNA Restriction Site Data. *Systematic Botany*. 2005;30(1):84-105. <https://doi.org/10.1600/0363644053661940>
11. Носов НН, Пунина ЕО, Родионов АВ. Конспект Роасеае (злаки) Алтайского края и Республики Алтай. Сообщение I. Роды *Агстороа* (арктомятлик), *Егемороа* (пустынномятлик) и *Роа* (мятлик пустынномятлик) и *Роа* (мятлик). *Turczaninowia*. 2017;20(2):31-55. <https://doi.org/10.14258/turczaninowia.20.2.4>
12. Carroll DE, Brosnan JT, Trigiano RN, et al. Current understanding of the *Poa annua* life cycle. *Crop Science*. 2021; 61:1527-37. <https://doi.org/10.1002/csc2.20441>
13. Цвелев НН. Гибридизация как один из факторов увеличения биологического разнообразия и геномный критерий родов у высших растений. Биологическое разнообразие: подходы к изучению и сохранению. Мат-лы конф. БИН РАН и ЗИН РАН. Л.: (СПб); 1992. с.193-201.
14. Fawcett JA, Maere S, Van de Peer Y. Plants with double genomes might have had a better chance to survive the Cretaceous-Tertiary extinction event. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 2009; 106:5737-42. <https://doi.org/10.1073/pnas.0900906106>
15. Пробатова НС. Хромосомные числа в семействе Роасеае и их значение для систематики, филогении и фитогеографии (на примере злаков Дальнего Востока России). *Комаровские чтения*. 2007:9-103.
16. Олонова МВ. Род мятлик (*Poa* L., РОАСЕАЕ) во флоре Сибири. Систематика, анатомия, география, родственные связи. Томск: Издательство Томского университета; 2016. Электронная библиотека (репозиторий) Томского государственного университета [Интернет]. [цитировано 2025 фев 17]. Доступно: <http://vital.lib.tsu.ru/vital/access/manager/Repository/vtls:000583980>
17. Herbert B. National strategy and action plan on conservation and sustainable use of biological diversity in the republic of Kazakhstan. Ministry of natural resources and protection of environment of the republic of Kazakhstan. *Kokshetau*. 1999:3-4.
18. Engels JMM, Ebert AW. A Critical Review of the Current Global Ex Situ Conservation System for Plant Agrobiodiversity. II. Strengths and Weaknesses of the Current System and Recommendations for Its Improvement. *Plants*. 2021; 10:1904. <https://doi.org/10.3390/plants10091904>
19. Harrington JF, "Drying, Storage, and Packaging Seed to Maintain Germination and Vigor". All Articles. 1959:44 [Internet]. Mississippi State University Scholars Junction [cited 2025 Feb 17]. Available from: <https://scholarsjunction.msstate.edu/seedtechpapers/44>
20. Артюшенко ЗТ, Федоров АА. Атлас по описательной морфологии высших растений: Плод. Л.: Наука; 1986.
21. Майсурян НА, Атабекова АИ. Определитель семян и плодов сорных растений. Издание 2-е, перераб. и доп. М.: Колос; 1978.
22. Арыстангалиев СА, Рамазанов ЕР. Растения Казахстана. Алма-Ата: Наука; 1977.
23. Арыстангалиев С. Қазақстан өсімдіктері атауларының қазақша-орысша-латынша сөздігі. Словарь казахско-русско-латинских названий растений Казахстана. Көкшетау: Келешек-2030; 2013.
24. Абдулина СА. Список сосудистых растений Казахстана. Под ред. Камелина РВ. Алматы; 1999.
25. Clayton WD, Renvoize SA. Genera Graminum. Grasses of the World. *Kew Bull. Additional Series*.1999;13:1-389.
26. Gucker CL. *Poa bulbosa*. In: Fire Effects Information System, [Internet]. U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Rocky Mountain Research Station, Fire Sciences Laboratory (Producer); 2007. [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://www.fs.usda.gov/database/feis/plants/graminoid/poabul/all.html>
27. Черепанов СК. Сосудистые растения СССР. Л.: Наука; 1981.
28. Бекмухамедов ЭЛ, Тореханов АА. Кормовые растения Казахстана. Алматы: Бастау; 2005.
29. Цвелев НН. Злаки СССР. Л.: Наука; 1976.
30. Байтенов МС. Флора Казахстана. Иллюстрированный определитель семейств и родов. Т1. Алматы: Гылым; 1999.

Қазақстанда *Poa L.* түрлерінің таралуына қысқаша шолу және тұқымдарының
сыртқы морфологиялық ерекшеліктеріне сипаттама

К.Ш. Айтымбетова*¹, Т.Ш. Мурзатаева², Г.Т. Ситпаева³, А.С. Елубаева⁴,
К.Х. Махмудова⁵, Б.С. Дүкенбаева⁶, А. Муган⁷, А. Алғазы⁸

^{1,2,3,4,5,6,7,8}Ботаника және фитointродукция институты, Алматы, Қазақстан

Аңдатпа. Климаттың өзгеруі, құрғақшылыққа апаратын жаһандық жылыну, рационалды емес антропогендік әрекеттер өсімдіктердің көптеген түрлерінің азаюына немесе жойылуына әкеледі. Кең таралған шым түзетін шөпті өсімдіктердің бірі *Poa L.* түрлерінің тұқымдары жиналып, Тұқым банкінде сақталуда. Қоңырбастар жем азықтық, жайылымдық өсімдік ретінде маңызды, ал кейбір түрлері көгалдандыруға кеңінен қолданылады. Қазіргі мәліметтер бойынша Роасеае тұқымдасының қоңырбастар туысының 575 түрі бар, солардың ішінде Қазақстанның флорасында 80 түрі, жақында ашылған Шығыс Қазақстан бойынша сипатталған жаңа түрлерді есепке алмағанда, кездеседі. Бүкілресейлік өсімдік шаруашылығы институтының (ВИР) әлемдік коллекциялар каталогында қоңырбастардың 4 түрі: *Poa bulbosa L.*, *P. nemoralis L.*, *P. pratensis L.*, *P. trivialis L.*, мәдени өсімдіктердің жабайы туысы болып анықталған. Зерттеудің мақсаты *Poa L.*, таралуы, биологиялық-шаруашылық маңызы және қолданылуы бойынша әдебиет көздеріне қысқаша талдау жүргізу, флористикалық аймақтар бойынша түрлердің үлгілер санын талдау және тұқымдардың фотосуреттерімен сыртқы морфологиялық ерекшеліктерін сипаттау болды. Дереккөздеріне жүргізілген қысқаша шолу бойынша аумақта 57 түр таралғаны анықталды. Фотосуреттері бар тұқым сипаттамасы 7 түр бойынша ұсынылған, олар бойынша түрлі флористикалық аймақтардан 75 үлгі бар. Тұқымдар мен олардың сипаттамасы түрлерді анықтау үшін және селекцияда құнды генетикалық материал ретінде пайдаланылуы мүмкін.

Түйін сөздер: қоңырбас, *Poa L.* түр, астық тұқымдастар, тұқым, флористикалық аймақ

Short survey of *Poa L.* species' distribution in Kazakhstan and description of external
morphological seed features

K.Sh. Aitymbetova*¹, T.Sh. Murzatayeva², G.T. Sitpayeva³, A.S. Yelubayeva⁴, K.Kh.
Makhmudova⁵, B.S. Dukenbayeva⁶, A. Mугan⁷, A. Algazy⁸

^{1,2,3,4,5,6,7,8}*Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan*

Abstract. Climate change and global warming are considered to cause desertification; irrational anthropogenic activity leads to plant species shortening or their extinction. Seeds of one common sod-forming herbaceous plant, bluegrass (*Poa L.*), were collected forage and pasture plants, and some species are also widely used for lawns. According to current data, the bluegrass genus of the Poaceae family consists of 575 species, of which 80 are found in the flora of Kazakhstan, not taking into account new species that were recently discovered and described in East Kazakhstan. According to the Catalog of the World Collection of the All-Russian Institute of Plant Growing (VIR), such 4 species of bluegrasses, *Poa bulbosa L.*, *P. nemoralis L.*, *P. pratensis L.*, and *P. trivialis L.*, were identified as wild relatives of cultivated plants (WRCP). The purpose of our research was to conduct a brief analysis of the literature sources for the species composition of *Poa L.*, distribution, biological and economic significance, and application, analysis of the number of samples by species, floristic regions, and the description of the external morphological seed features and their photographing. Our brief review of systematic sources has revealed 57 species distributed throughout the research territory. The description of seeds with photographs is presented for 7 species, for which there are 75 samples from various floristic zones. Seeds and their description might be used for species identification and as valuable genetic material in breeding.

Keywords: bluegrass, *Poa L.*, species, grasses, seeds, floristic region

References

1. Brezhnev DD, Korovina ON. Dikie sorodichi kul'turnyh rastenij flory SSSR [Wild relatives of cultivated plants of the flora of the USSR.]. L.: Kolos; 1981. [in Russian]
2. Baitenov MS. Flora Kazahstana. Rodovoj kompleks flory. [Flora of Kazakhstan. The generic complex of flora]. Vol.2. Almaty: Gylym; 2001. [in Russian]
3. Kotukhov YuA. Supplement to the "Flora of Kazakhstan". Grasses of East Kazakhstan. Turczaninowia. 2021;24(2):156-69. doi.org/ [10.14258/turczaninowia.24.2.15](https://doi.org/10.14258/turczaninowia.24.2.15) [in Russian]
4. Flora Kazahstana [Flora of Kazakhstan]. Vol. 1. 1956. [in Russian]
5. Sitpayeva GT. About formation of gene pool of wild congenes of cultural plants of Kazakhstan. Novosti nauki [Science news]. Almaty. 2006;3(90):171-77. [in Russian]
6. Sitpayeva GT. Sistematicheskij sostav i rasprostranenie dikih sorodichej zlakov v Zavolzhsko-Kazahstanskoj stepnoj provincii [The systematic composition and distribution of wild relatives of cereals in the Trans-Volga-Kazakhstan steppe province]. Biologicheskie osnovy selekcii i genofonda rastenij [Biological foundations of plant breeding and gene pool]. Almaty. 2005:226-31. [in Russian]
7. Sitpayeva GT, Veselova PV, Gemedzhieva NG, et al. Kompleksnye issledovaniya dikih sorodichej kul'turnyh rastenij Zapadnogo Tyan'-Shanya [Comprehensive studies of wild relatives of cultivated plants of the Western Tien Shan]. Almaty: Institute of Botany and Phytointroduction; 2014. [in Russian]
8. Sitpayeva GT, Kudabayeva GM, Dimeyeva LA, Gemedzhieva NG, Vesselova PV. Crop wild relatives of Kazakhstani Tien Shan: Flora, vegetation, resources. Plant Diversity. 2020;42(1):19-32. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2019.10.003>
9. Goloskokov VP. Flora Dzhungarskogo Alatau:(Konspekt i analiz) [Flora of the Dzungarian Alatau: (Synopsis and analysis)]. Alma-Ata: Izdatel'stvo «Nauka» Kazakhskoj SSR; 1984. [in Russian]
10. Gillespie LJ, Soreng J. A Phylogenetic Analysis of the Bluegrass Genus *Poa* Based on cpDNA Restriction Site Data. Systematic Botany. 2005;30(1):84-105. <https://doi.org/10.1600/0363644053661940>
11. Nosov NN, Punina EO, Rodionov AV. Synopsis of the grasses (Poaceae) of Altai Krai and Altai Republic. I. Genera *Arctopoa*, *Eremopoa* and *Poa*. Turczaninowia. 2017;20(2):31-55. <https://doi.org/10.14258/turczaninowia.20.2.4> [in Russian]
12. Carroll DE, Brosnan JT, Trigiano RN, et al. Current understanding of the *Poa annua* life cycle. Crop Science. 2021;61:1527-37. <https://doi.org/10.1002/csc2.20441>
13. Tsvelev NN. Gibridizaciya kak odin iz faktorov uvelicheniya biologicheskogo raznoobraziya i genomnyj kriterij rodov u vysshih rastenij [Hybridization as one of the factors of increasing biological diversity and the genomic criterion of genera in higher plants]. In: Biologicheskoe raznoobrazie: podhody k izucheniyu i sohraneniyu [Biological diversity: approaches to study and conservation]. Mat-ly konf. BIN RAN i ZIN RAN. [Materials of the conference of BIN RAS and ZIN RAS]. L. (SPb); 1992. p. 193-201. [in Russian]
14. Fawcett JA, Maere S, Van de Peer Y. Plants with double genomes might have had a better chance to survive the Cretaceous-Tertiary extinction event. Proc. Natl. Acad. Sci. 2009; 106:5737-42.
15. Probatova NS. Chromosome numbers in Poaceae and their importance for taxonomy, phylogeny, phytogeography (the Russian Far East). Komarov Memorial Lectures. 2007:9-103. [in Russian]
16. Olonova MV. Rod myatlik (*Poa* L., POACEAE) vo flore Sibiri: Sistematika, anatomiya, geografiya, rodstvennyye svyazi. [Genus *Poa* L. (Poaceae) in the flora of Siberia. Systematics, anatomy, geography, family ties] Tomsk: Izdatel'stvo Tomskogo universiteta; 2016. Electronic Library (repository) of Tomsk State University [Internet]. [cited 2025 Feb 17]. Available from: <http://vital.lib.tsu.ru/vital/access/manager/Repository/vtls:000583980> [in Russian]
17. Herbert B. National strategy and action plan on conservation and sustainable use of biological diversity in the republic of Kazakhstan. Ministry of natural resources and protection of environment of the republic of Kazakhstan. Kokshetau. 1999:3-4.
18. Engels JMM, Ebert AW. A Critical Review of the Current Global Ex Situ Conservation System for Plant Agrobiodiversity. II. Strengths and Weaknesses of the Current System and Recommendations for Its Improvement. Plants. 2021;10:1904. <https://doi.org/10.3390/plants10091904>

19. Harrington JF, "Drying, Storage, and Packaging Seed to Maintain Germination and Vigor". All Articles. 1959:44 [Internet]. Mississippi State University Scholars Junction [cited 2025 Feb 17]. Available from: <https://scholarsjunction.msstate.edu/seedtechpapers/44>
20. Artyushenko ZT, Fedorov AA. Atlas po opisatel'noj morfologii vysshikh rasteniy: Plod [Atlas of descriptive morphology of higher plants: Fruit]. L.: Nauka. 1986. [in Russian]
21. Majsuryan NA, Atabekova AI. Opredelitel' semyan i plodov sornyh rastenij [Determinant of seeds and fruits of weeds]. Izdanie 2-e, pererab. i dop. [2nd edition, revised. and add.]. M.: Kolos; 1978. [in Russian]
22. Arystangaliev SA, Ramazanov ER. Rasteniya Kazahstana [Plants of Kazakhstan]. Alma-Ata: Nauka; 1977. [in Russian]
23. Arystangaliev S. Қазақстан өсімдіктері атауларының қазақша-орысша-латынша сөздігі. Slovar' kazahsko-russko-latinskikh nazvanij rastenij Kazahstana [Kazakh-Russian-Latin dictionary of plant names of Kazakhstan]. Kөkshetau: Keleshek-2030; 2013. [in Russian]
24. Abdulina SA. Checklist of vascular plants of Kazakhstan. Ed. by Kamelin RV Almaty; 1999. [in Russian]
25. Clayton WD, Renvoize SA. Genera Graminum. Grasses of the World. Kew Bull. Additional Series. 1999; 13:1-389.
26. Gucker CL. *Poa bulbosa*. In: Fire Effects Information System, [Online]. U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Rocky Mountain Research Station, Fire Sciences Laboratory (Producer). 2007. [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://www.fs.usda.gov/database/feis/plants/graminoid/poabul/all.html>
27. Cherepanov SK. Sosudistye rasteniya SSSR [Vascular plants of the USSR]. - L., Nauka; 1981. [in Russian]
28. Bekmuhamedov EL, Torekhanov AA. Kormovye rasteniya Kazahstana [Fodder plants of Kazakhstan]. Almaty: Bastau; 2005. [in Russian]
29. Tsvelev NN. Zlaki SSSR [Grasses of the USSR]. L.: Nauka; 1976. [in Russian]
30. Baitenov MS. Flora of Kazakhstan. Illustrated key of families and genera. Vol. 1. Almaty: Gylım; 1999. [in Russian]

Сведения об авторах:

Айтымбетова Клара Шардарбековна – автор для корреспонденции, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории Банк семян, РГП "Институт ботаники и фитоинтродукции" КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Мурзатаева Тансара Шаяхметовна – кандидат сельскохозяйственных наук, заведующая лабораторией Банк семян, РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Ситпаева Гульнара Токбергеновна – доктор биологических наук, академик КазНАЕН, Генеральный директор РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Елубаева Айгерим Сауытовна – магистр естественных наук, младший научный сотрудник лаборатории Банк семян, РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Махмудова Карина Хамидовна – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории Банк семян, РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Дукенбаева Бағдат Саматқызы – магистр технических наук, младший научный сотрудник лаборатории Банк семян, РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Муган Ардак – магистр технических наук, младший научный сотрудник лаборатории Банк семян, РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Алғазы Ақмарал Турсунжанқызы – магистр технических наук, младший научный сотрудник лаборатории Банк семян, РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, ул. Тимирязева 36 Д, 040050, Алматы, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Айтымбетова Клара Шардарбекқызы – хат-хабар авторы, ауылшаруашылық ғылымдарының кандидаты, Тұқым банкі зертханасының жетекші ғылыми қызметкері, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Мурзатаева Тансара Шаяхметқызы – ауылшаруашылық ғылымдарының кандидаты, Тұқым банкі зертханасының меңгерушісі, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Ситпаева Гульнара Тоқбергенқызы – биология ғылымдарының докторы, Қазақстан Жаратылыстану ғылымдары академиясының академигі, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорнының Бас директоры, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Елубаева Айгерим Сауытқызы – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, Тұқым банкі зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Махмудова Карина Хамидовна – биология ғылымдарының кандидаты, Тұқым банкі зертханасының жетекші ғылыми қызметкері, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Дукенбаева Бағдат Саматқызы – техникалық ғылымдарының магистрі, Тұқым банкі зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Муган Ардақ – техникалық ғылымдарының магистрі, Тұқым банкі зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Алғазы Ақмарал Турсунжанқызы – техникалық ғылымдарының магистрі, ұқым банкі зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Қазақстан Республикасы Экология, табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36 үй, 040050, Алматы, Қазақстан.

Authors' information:

Aitymbetova Klara – Corresponding author, Candidate of Agricultural Sciences, Leading researcher of the Seed Bank Laboratory of RSE REU “Institute of Botany and Phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazev, 36 D, 040050, Almaty.

Murzatayeva Tansara – Candidate of Agricultural Sciences, Head of the Seed Bank laboratory of RSE REU “Institute of Botany and Phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazeva, 36 D, 040050, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Sitpayeva Gulnara – Doctor of Biological Sciences, Academician of KazNANS, General director of RSE REU “Institute of botany and phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazev, 36 D, 040050, Almaty, Republic of Kazakhstan.

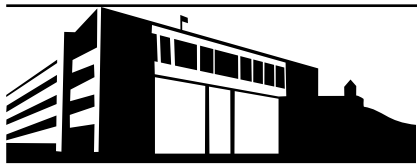
Yelubayeva Aigerim – Master of Natural Sciences, Junior Researcher of the Seed Bank laboratory of RSE REU “Institute of botany and phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazev, 36 D, 040050, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Makhmudova Karina – Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher of the Seed Bank laboratory of RSE REU “Institute of Botany and Phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazev, 36 D, 040050, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Dukenbayeva Bagdat – Master of Technical Sciences, Junior Researcher of the Seed Bank laboratory of RSE REU “Institute of botany and phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazev, 36 D, 040050, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Mugan Ardak – Master of Technical Sciences, Junior Researcher of the Seed Bank laboratory of RSE REU “Institute of Botany and Phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazev, 36 D, 040050, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Algazy Akmaral – Master of Technical Sciences, Junior Researcher of the Seed Bank laboratory of RSE REU “Institute of Botany and Phytointroduction” CFW MENR of the RK, Timiryazev, 36 D, 040050, Almaty, Republic of Kazakhstan.



МРНТИ 34.29.35

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-24-47>

Научная статья

Семейство *Ariaceae Lindl.* во флоре Улытауской области

С.К. Мухтубаева¹, М.Б. Такирова^{*2}, А.Б. Мырзагалиева³, М.Ж. Жумагул⁴,
К.С. Избастина^{*5}, И.Ю. Селютина⁶, С.М. Байбосынова⁷, С.А. Джангильдинова⁸

^{1,5,7}Астанинский ботанический сад, Астана, Казахстан

^{1,2,3,4}Международный университет Астана, Астана, Казахстан

¹Евразийский университет им. Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан

⁵Казахский агротехнический исследовательский университет имени С. Сейфуллина, Астана, Казахстан

⁶Институт ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан

⁸Карагандинский медицинский университет, Караганда, Казахстан

E-mail: ¹mukhtubaeva@mail.ru, ^{*2}mako_3005@mail.ru, ³an.myrzagaliyeva@gmail.com,
⁴mzhakypzhan@mail.ru, ^{*5}izbastina.k@gmail.com, ⁶selyutina.inessa@mail.ru,
⁷baisaule-m@mail.ru, ⁸dzhangildinova@qmu.kz

Аннотация. В статье представлены результаты комплексного анализа литературных источников, гербарных коллекций и экспедиционного исследования по семейству *Ariaceae* в пределах Улытауской области. В ходе исследования выявлено 66 видов из 30 родов, семейство входит в десятку ведущих, играет важную роль в формировании основных фитоценозов региона. Высокое разнообразие объясняется сочетанием степных, пустынных и горных экосистем, а также расположением области в Ирано-туранской флористической области. Наибольшее видовое богатство отмечено в Жанаркинском районе (63 таксон), где преобладают ксерофитные и галофитные виды. Наиболее крупными родами являются *Ferula* (17 видов), *Seseli* (9 видов), *Prangos*, *Sium*, *Palimbia*, *Hyalolaena* (по 3 вида), *Cuminum*, *Pastinaca*, *Peucedanum* и *Trinia* (по 2 вида), остальные 20 родов представлены единичными видами. По жизненным формам доминируют многолетники (84,6 %). Среди экологических групп преобладают ксерофиты (60,5 %), из родов *Ferula*, *Prangos* и *Seseli*. По отношению к засолению выявлено 8 видов галофитов и 11 мезогалофитов, приуроченных к солонцеватым почвам и солончакам. В пределах области зафиксирован один краснокнижный вид - *Saposhnikovia divaricata*, и пять субэндемичных таксонов: *Palimbia defoliata*, *Prangos ledebourii*, *Sium medium*, *Seseli eriocephalum*, *S. coronatum*, распространенных ограниченно и приуроченных к специфическим биотопам, что требует их охраны и мониторинга. Анализ ресурсного потенциала показал, что основную долю – 58 видов (87,8 %) составляют лекарственные растения: *Carum carvi*, *Falcaria vulgaris*, *Ferula soongorica*, *F. tatarica* и ряд других видов, обладающих спазмолитическим, противовоспалительным и общеукрепляющим действием. Часть видов являются перспективными для использования в качестве кормовых, эфирномас-

Поступила: 01.12.2025. Одобрена: 10.03.2026. Доступна онлайн: 31.03.2026.

личных и декоративных растений. С целью выявления перспективных видов для включения в Красную книгу Улытауской области, проанализированы виды с ограниченным числом местообитаний, относящихся к категории изредка или редко встречающихся.

Ключевые слова: семейство *Ariaceae*, вид, род, систематика, экология, Улытауская область

Введение

Одной из важнейших проблем современности и международной природоохранной политики является сохранение биологического разнообразия, где особое место занимают исследования флористического состава, направленные на выявление, описание и классификацию видов. Систематическое изучение крупных таксонов растений позволяет не только углубить знания о строении и эволюции флоры, но и служит основой для разработки региональных и национальных программ охраны природы. Флора Казахстана, представляющая собой уникальное сочетание пустынных, степных, горных и предгорных экосистем, отличается высоким уровнем эндемизма и видового богатства. Однако степень изученности её отдельных регионов и таксономических групп остаётся неоднородной: одни территории исследованы достаточно глубоко, в то время как другие остаются практически неохваченными ботаническими обследованиями. Анализ современных публикаций показывает, что значительная часть данных по систематике и географии растений нуждается в уточнении и актуализации, особенно в условиях происходящего пересмотра таксономических границ и объёмов многих родов и видов. В этом контексте особую актуальность приобретает изучение семейства *Ariaceae* Lindl. (*Umbelliferae* Juss.), одного из крупнейших семейств цветковых растений, включающего около 400 родов и свыше 3500 видов, распространённых преимущественно в умеренных и субтропических областях Северного полушария [1]. Центром видового разнообразия семейства считается Средняя и часть Центральной Азии, что делает Казахстан одним из ключевых регионов для его изучения. По количеству родов семейство *Ariaceae* занимает шестое место среди покрытосеменных семейств, восьмое место по числу видов [2]. По исследованиям азиатских зонтичных постоянно ведётся активная работа на основе интегративной таксономии. В отличие от более ранних исследований, эти исследования, включающие полевые исследования и проверку местных гербариев, охватывают такие соседние азиатские страны, как Китай, Турция, Иран, Индия, Непал и даже Афганистан, что позволяет изучить среднеазиатские таксоны в более широком контексте. Стали доступны гербарные коллекции, в том числе типовые, хранящиеся в мировых гербариях (K, P, BM, E, V, L, M, JE и др.). Опубликованы обработки или актуальные списки зонтичных из соседних стран, в том числе из России [3], Китая [4], Кыргызстана [5], Афганистана [6], Ирана [7] и др., а также многочисленные статьи, частично касающиеся Среднеазиатского региона и Казахстана [8].

На территории Казахстана по данным М.С. Байтенова [9] зонтичные представлены 79 родами и 232 видами. По обновленному конспекту зонтичных Средней Азии и Казахстана Пименова [10], в пределах Казахстана отмечается 82 рода из 211 видов, из которых 28 являются эндемичными. По данным А.Н. Куприянова [11] для флоры Казахского мелкосопочника приводится (81 вид, 37 родов). В работе Ишмуратовой

[12] приводится для флоры г. Улытау – 14 видов из 9 родов, что подчёркивает глобальное значение региона как одного из центров разнообразия зонтичных. По нашим исследованиям на территории Улытауской области произрастает 66 видов из 30 родов, где по численности видов также занимает одно из ведущих мест и входит в состав основных фитоценозов. Семейство *Ariaceae* – космополиты, но большинство их видов обитает во внетропических областях северного полушария, характеризуется значительной экологической пластичностью и разнообразием жизненных форм. Наряду с преобладающими многолетними травами встречаются двулетние, однолетние растения и даже кустарники. Крупные представители семейства, такие как *Ferula*, *Heracleum*, *Prangos*, *Seseli* отличаются массивными размерами и своеобразным обликом, что позволяет рассматривать их как важные элементы растительного ландшафта [13].

Экологическое и хозяйственное значение представителей семейства чрезвычайно велико. Они включают овощные, кормовые, лекарственные, эфирномасличные, декоративные и технические виды. Многие содержат в своих органах биологически активные соединения – эфирные масла, смолообразные вещества, кумарины, флавоноиды, реже сапонины, что делает их перспективными объектами для фармацевтической и пищевой промышленности. Однако наряду с полезными видами существуют и ядовитые, такие как *Cicuta virosa* L. и *Conium maculatum* L., представляющие потенциальную угрозу для человека и животных [3]. Дополнительную актуальность исследованиям придаёт проблема распространения инвазивных видов (*Turgenia latifolia* (L.) Hoffm., *Carum carvi* L.), способных вытеснять аборигенные растения и нарушать естественные экосистемы [14].

Учитывая изложенное, исследование флористического состава и экологических особенностей семейства *Ariaceae* в пределах Улытауской области является необходимым шагом для уточнения региональной таксономической базы данных, оценки современного состояния биоразнообразия и разработки рекомендаций по его сохранению.

Целью исследования являлось проведение комплексного анализа флористического состава семейства *Ariaceae* Lindl. на территории Улытауской области с созданием списка видов зонтичных, включением основных синонимов, оценки распространения, спектра жизненных форм и экологической приуроченности.

Материалы и методы исследования

Материалы были получены в ходе полевых исследований (май–июнь 2025 г.) в этом регионе, также были проанализированы литературные источники [15–17], гербарные образцы, хранящиеся в различных зарубежных гербарных коллекциях – LE, MW, SVER, NS, NSK, KUZ, ALTB и в отечественных коллекциях – гербарные материалы Института ботаники и фитоинтродукции (AA), Карагандинского университета им. Букетова (QAR), Жезказганского ботанического сада, АО «Международный научно-производственный холдинг «Фитохимия». Также были вовлечены в анализ материалы, загруженные на платформы GBIF и iNaturalist, распространенные на территории Улытауской области. Экспедиционные выезды осуществляли в разные периоды для более полного охвата всех видов растений, вегетирующих в разные сезоны года. При выполнении обследований учитывали флористическое районирование Казахстана согласно «Флоре Казахстана» [9, 15]. На территории Улытауской области были обследованы следующие флористические районы: Тургайский, Улытау, Приаральский, Западный мелкосопочник, Бетпақдала и Кызылординский (Рисунок 1).

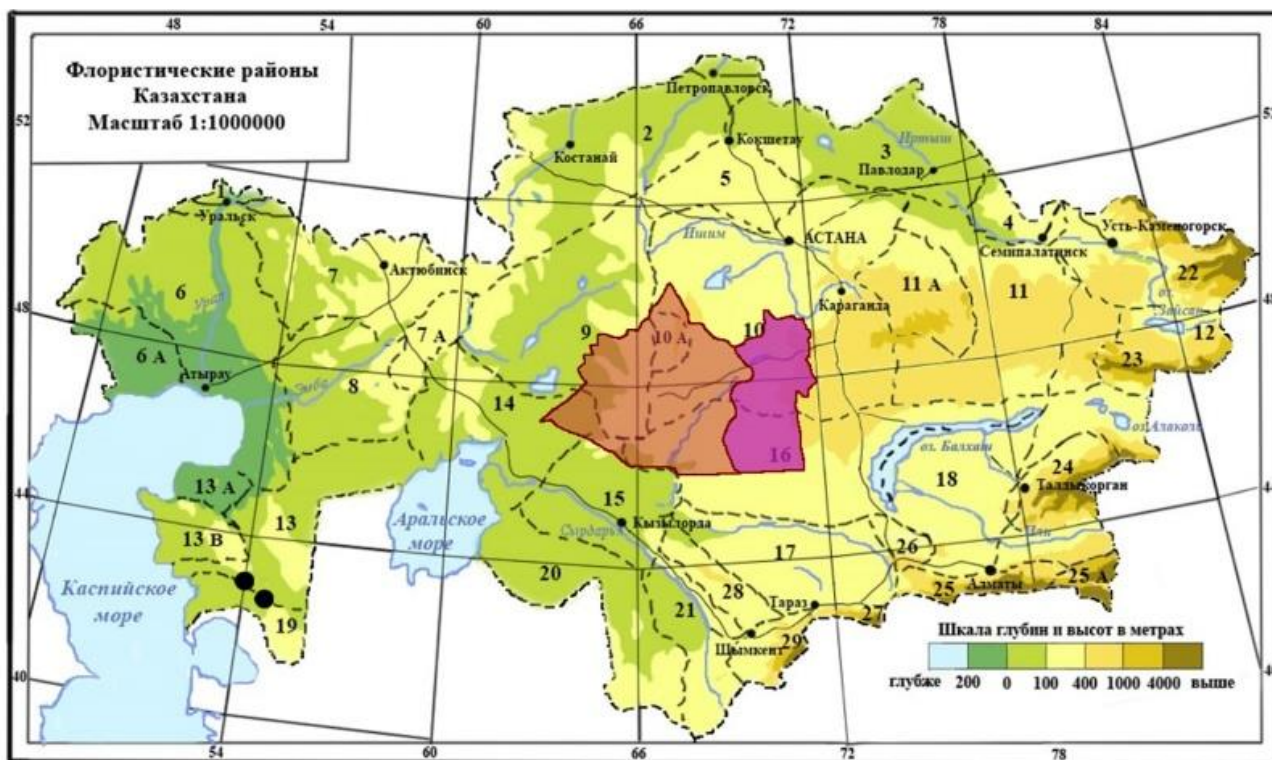


Рисунок 1. Карта флористического районирования Улытауской области (коричневым цветом выделен – Улытауский район, а розовым – Жанаркинский)

Названия принятых родов и видов приводятся по данным сайта Plants of the World Online (POWO) [18]. Кроме того, приняты во внимание недавно опубликованные таксономические версии некоторых семейств и родов. Авторство видов, родов и семейств приведено по Международному указателю названий растений (IPNI) [19]. При выполнении биолого-экологического, систематического, хорологического и сравнительного анализов опирались на проверенные методические подходы, широко используемые в ботанико-географических исследованиях. Для установления видовой принадлежности таксонов использованы фундаментальные сводки «Флора Казахстана» (1956–1966), «Флора Казахстана», 2001 [15, 16], «Определитель растений Средней Азии» (1968–1994) [17], «Флора СССР» (1951) [20], «Флора Сибири» (1996) [21] и другие.

Жизненные формы растений определяли по общепринятой методике И.Г. Серебрякова [22]. Экологические группы растений выделяли согласно существующей классификации, а чужеродные виды – по общепринятым критериям их отбора. Частота встречаемости оценивалась по следующим грациям: обычно – виды встречаются повсеместно в подходящих для них местообитаниях; изредка – растения встречаются спорадически не во всех регионах исследуемой территории; редко – растения, отмечающиеся единично в отдельных регионах исследуемой территории; очень редко – известно не более 5 местонахождений на всей исследуемой территории.

При идентификации полезных свойств растений использованы: «Растительные ресурсы СССР: Цветковые растения, их химический состав, использование» (1984–1991) [23]; Ишмуратова [24], «Аннотированный список лекарственных растений Казахстана» (2014) [25] и других.

Результаты

В современном территориальном делении Казахстана 8 июня 2022 года область Улытау с административным центром в городе Жезказган была выделена из состава Карагандинской области. В состав новой Улытауской области вошли города Каражал, Сатпаев, а также Жанааркинский и Улытауский районы. Улытауская область на севере граничит с Костанайской областью, на северо-востоке и востоке – с Карагандинской, на юго-востоке – с Жамбылской, на юге – с Туркестанской и Кызылординской, на западе – с Актюбинской.

Улытауская область, находясь в Центральном Казахстане, относится к Ирано-Туранской флористической области (региону) в системе флористического районирования по Тахтаджяну [26]. Климатические условия региона отличаются суровыми континентальными особенностями (материковый режим температуры воздуха, для которого характерна большая контрастность, резкие сезонные и межгодовые колебания, дефицит влаги, особенно в летний период) [11, 27–29]. Общеизвестно, что формирование растительного покрова сильно зависит от особенностей как климата, так и рельефа.

На территории Улытауской области нами выявлены 66 видов зонтичных (таблица 1), подтвержденных полевыми (рисунок 2) и гербарными образцами, из 30 родов. По количеству видов крупными родами являются *Ferula* (17 видов), *Seseli* (9 видов), *Prangos*, *Sium*, *Palimbia*, *Hyalolaena* (по 3 вида), *Cuminum*, *Pastinaca*, *Peucedanum* и *Trinia* (по 2 вида), остальные роды имеют в своем составе по 1 виду.

Анализ территориального распределения представителей *Ariaceae* по районам Улытауской области показал, что наибольшее видовое разнообразие отмечено в Жанаркинском районе (63 таксона), а наименьшее в Улытауском районе (52 таксона). По экологическим группам в обоих районах выявлено значительное число ксерофитных и галофитных видов, что отражает адаптацию флоры к аридным условиям региона.

Таблица 1

Список видов семейства *Ariaceae* Улытауской области

№	Название вида	Местообитания	Тип ареала	Флористические области	Жизненная форма	Экология
1	<i>Anethum graveolens</i> L.	В огородах, на свалках, обочинах дорог, около жилья	Палеарктический	Ц+ИТ	Однолетник	Мезофит
2	<i>Carum carvi</i> L.	Вдоль ручьев и по берегам рек, на лугах, кустарниках и в культуре	Евроазиатский вид с дизъюнктивным ареалом	Ц+ИТ	Двулетник, многолетник	Мезофит, гликофит
3	<i>Cenolophium fischeri</i> (Spreng.) Koch. (<i>C. denudatum</i> Tutin)	Растет на лугах, поймах рек и в луговых западинах	Закавказско-ирано-туранский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит

4	<i>Chaerophyllum prescottii</i> DC.	На сырых лу-гах, травянистых западинах, полянах, вокруг родников, залежах	Европейско-западносибирский	Ц+ИТ	Двулетник	Мезофит
5	<i>Cicuta virosa</i> L.	По берегам рек, озер, болот, влажным лугам	Голарктический	Ц+ИТ	Многолетник	Гигрофит
6	<i>Coriandrum sativum</i> L.	Культивируется, одичальными в садах, полях и посевах	Западноевропейско-сибирский	Ц+ИТ	Однолетник	Ксерофит
7	<i>Cuminum borszczowii</i> (Regel & Schmalh.) Koso-Pol.	На лесовых и песчаных почвах, равнинах и предгорьях	Ирано-туранский	ИТ	Однолетник	Ксерофит
8	<i>C. setifolium</i> (Boiss.) Koso-Pol.	На песках, сухих склонах пустынных возвышенностей, реже в полын-ных пустынях	Ирано-горносреднеазиатский	ИТ	Однолетник	Ксерофит
9	<i>Elaeosticta lutea</i> (M. Bieb. ex Hoffm.) Kljuykov, Pimenov & V.N.Tikhom. (<i>Muretia lutea</i> (M.B.) Boiss.)	В полынно-ковыльных степях и на залежах	Ирано-туранский	ИТ	Многолетник	Ксеромезофит
10	<i>Elwendia setacea</i> (Schrenk) Pimenov & Kljuykov (<i>Scaligeria setacea</i> (Schrenk) Eug.)	По травянистым, реже каменистым склонам	Казахстанско-китайско-горносреднеазиатский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
11	<i>Eryngium planum</i> L.	В ковыльно-типчачковых степях, солонцеватым берегам озер, пойм, залежам	Европейско-западноазиатский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксеромезофит
12	<i>Falcaria vulgaris</i> Bernh.	Растет на каменистых и щебнистых склонах	Европейско-западноазиатский	Ц	Многолетник	Ксерофит, мезогалофит, петрофит
13	<i>Ferula canescens</i> (Ledeb.) Ledeb.	На щебенчато-глинистых почвах	Казахстанско-китайский вид	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, литофит, мезогалофит

14	<i>F. caspica</i> M.Bieb.	На глинистых, глинисто-щебнистых степях	Понтическо-заволжско-казахстанский степной	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, мезогалофит
15	<i>F. dissecta</i> (Ledeb.) Ledeb.	На глинистых, щебнистых, песчаных и супесчаных почвах	Казахстанско-монгольско-китайский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, литофит, мезогалофит
16	<i>F. dubjanskyi</i> Korovin (<i>F. dshaudshamyri</i> Korovin)	На песках реже на каменистых сопках	Казахстано-китайский	Ц	Многолетник	Ксерофит, литофит, мезогалофит
17	<i>F. lehmannii</i> Boiss.	Среди полыни на песчано-глинистых равнинах	Ирано-туранский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, мезогалофит
18	<i>F. leiophylla</i> (Koso-Pol.) Korovin	На солонцеватых лугах, по берегам саев и такыров	Казахстанско-китайский	ИТ	Многолетник	Мезоксерофит галофит
19	<i>F. longifolia</i> Fisch. (<i>Eriosynaphe longifolia</i> (Fisch.) DC.)	В ковыльно-типчачковых и кустарниковых степях	Ирано-туранский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, псаммофит
20	<i>F. karelinii</i> Bunge	На песках и песчано-гравийных почвах равнин	Ирано-турано-западногималайский	ИТ	Многолетник	Ксерофит
21	<i>F. nuda</i> Spreng.	В пустыне и полупустыне на глинистых засоленных почвах	Ирано-туранский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, литофит
22	<i>F. ovina</i> (Boiss.) Boiss.	На щебнистых и глинистых склонах сопок, солонцах	Ирано-горносреднеазиатский	ИТ	Многолетник	Мезоксерофит
23	<i>F. paniculata</i> Ledeb. (<i>F. ferulaeoides</i> (Steud.) Eug.)	В полынных и полынно-типчачковых, солонцеватых степях	Казахстанско-монгольско-китайский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, мезогалофит
24	<i>F. sibirica</i> Willd. (<i>Soranthus meyeri</i> Ledeb.)	На песках	Туранский вид	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит
25	<i>F. songorica</i> Pall. ex Willd.	В кустарниковых зарослях, степях, склонах сопок	Туранский вид	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит, литофит

26	<i>F. syreitschikowii</i> Koso-Pol.	На равнинах и сопках, глинистых, щебенчатых и солонцеватых почвах	Казахстанско-китайский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, галофит.
27	<i>F. tatarica</i> Fisch. ex Spreng.	На солонцеватых почвах, в кустарниково-вых зарослях	Восточноевропейско-туранский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, глинофит
28	<i>F. varia</i> (Schrenk) Trautv. (<i>F. schair</i> <i>Borszcz.</i>)	По каменистым склонам, в песчаной и глинистой степи	Казахстанско-среднеазиатский	ИТ	Многолетник	Ксерофит
29	<i>Heracleum sibiricum</i> L.	На сырых лугах, берегах рек, зарослях кустарников	Европейско-западносибирский	Ц	Двулетник, многолетник	Мезофит
30	<i>Hyalolaena bupleuroides</i> (Schrenk) Pimenov & Kljuykov (<i>Carum bupleroides</i> Schrenk)	На солонцеватых лугах, типчаково-полынных степях	Европейско-сибирский	Ц	Многолетник	Мезофит, галофит
31	<i>H. jaxartica</i> Bunge	На щебнисто-каменистых почвах, в полынно-боялычевой пустыне	Ирано-туранский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
32	<i>H. trichophylla</i> (Schrenk) Pimenov & Kljuykov	На щебнистых и глинистых склонах сопек, по галечникам сухих русел, на солонцах	Казахстанско-китайско-горносреднеазиатский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит
33	<i>Kadenia dubia</i> (Schkuhr) Lavrova & V.N.Tikhom. (<i>Cnidium dubium</i> (Schkuhr) Thell.)	На сухих влажных злаково-осоковых лугах, по краю березово-осинового леса	Европейско-сибирский	Ц+ИТ	Однолетник	Гигрофит
34	<i>Oedibasis apiculata</i> subsp. <i>australis</i> Kamelin	На щебенчатых, слаборазвитых почвах, засоленных полупустынях	Казахстанско-горносреднеазиатский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
35	<i>Oenanthe aquatica</i> (L.) Poir.	По берегам болот, пресным рекам и озер	Европейско-сибирский	Ц+ИТ	Многолетник	Гигрофит

36	<i>Palimbia defoliata</i> (Ledeb.) Korovin	На солонцеватых почвах, солонцеватых лугах	Казахстанско-китайский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит, галофит
37	<i>P. rediviva</i> (Pall.) Thell. (<i>P. salsa</i> (L.f.) Besser	В ковыльно-разнотравных и типчаково-белополынных степях, солонцеватых почвах	Понтичско-заволжско-казахстанский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, галофит
38	<i>P. turgaica</i> Lipsky ex Woronow.	На щебнисто-каменистых суглинистых почвах, в степях солонцеватых лугах	Заволжско-казахстанский пустынно-степной	ИТ	Многолетник	Ксеромезофит галофит, петрофит
39	<i>Pastinaca clausii</i> (Ledeb.) Calest. (<i>P. graveolens</i> Bieb.)	По берегам рек, кустарниковых зарослях	Восточноевропейско-сибирско-туранский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит
40	<i>P. sativa</i> L.	По обочинам дорог, на огородах, в культуре	Евроазиатский вид	Ц	Двулетник	Мезофит
41	<i>Peucedanum alsaticum</i> L. (<i>Xanthoselinum alsaticum</i> (L.) Schur)	На солонцеватых лугах, в березовых колках, западинах	Восточноевропейско-западносибирский	Ц	Многолетник	Мезоксерофит
42	<i>P. morisonii</i> Besser ex Schult.	В степях, по опушкам сосновых боров и на лугах	Европейско-западносибирско-казахстанский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит
43	<i>Pimpinella saxifraga</i> L.	На меловых горках, крутых склонах холмов и степях	Европейско-западносибирский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит
44	<i>Prangos cachroides</i> (Schrenk) Pimenov & V.N.Tikhom.	На глинистых участках, в опустыненных степях	Туранский	ИТ	Многолетник	Ксерофит
45	<i>P. ledebourii</i> Herrnst. & Heyn (<i>Cachrys macrocarpa</i> Ledeb.)	На щебнисто-каменистых сопках, зарослях кустарников	Казахстанско-монгольско-китайский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
46	<i>P. odontalgica</i> (Pall.) Herrnst. et Heyn (<i>Cachrys odontalgica</i> Pall.)	На песчаных степях на юге региона	Понтичско-заволжско-казахстанский степной	ИТ	Многолетник	Ксерофит

47	<i>Saposhnikovia divaricata</i> (Turcz. ex Ledeb.) Schischk. (<i>Ledebouriella seseloides</i> (Hoffm.) H.Wolff.)	На мелкощербнистом склоне гор Актау	Азиатский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, псаммофит, мезогалофит
48	<i>Scandix stellata</i> Banks & Sol. (S. <i>fedtschenkoana</i> Koso-Pol.)	На мелкощербнистых почвах горных склонов и в предгорьях	Древнесредиземноморский	ИТ	Однолетник	Ксерофит
49	<i>Schrenkia involucrata</i> Regel & Schmalh.	По щербнистым склонам и вершинам пустынных возвышенностей	Среднеазиатский	ИТ	Многолетник	Ксерофит
50	<i>Seseli buchtormense</i> (Fisch. ex Hornem.) W.D.J.Koch (<i>Libanotis buchtormensis</i> (Fisch.) DC.)	На открытых каменистых склонах, скалах холмов и гор	Южносибирско-тяньшанско-китайско-западномалайский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
51	<i>S. coronatum</i> Ledeb.	На сухих степях и по щербнистым склонам	Казахстанско-китайский	ИТ	Многолетник	Ксерофит
52	<i>S. eriocarpum</i> (Schrenk) B. Fedtsch. (<i>Libanotis eriocarpa</i> Schrenk)	На каменистых склонах сопок и низкогорий	Казахстанско-монгольско-китайский	ИТ	Многолетник	Ксерофит
53	<i>S. eriocephalum</i> (Pall. ex Spreng.) Schischk.	По берегам соленых озер и рек, солонцах, солончаках	Туранский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, галофит
54	<i>S. glabratum</i> Willd. ex Schult.	На каменистых, щербнистых склонах сопок	Туранский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
55	<i>S. ledebourii</i> G.Don (<i>Elaeopleurum monosocum</i> Korovin)	По каменистым склонам, глинистым обрывам, зарослям степных кустарников	Восточноевропейско-туранский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
56	<i>S. libanotis</i> (L.) W.D.J.Koch. (<i>Libanotis sibirica</i> (L.) C. A. Mey.)	По опушкам леса, вокруг родников, на лугах, травянистых склонах сопок	Европейско-сибирский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит, псаммофит, мезогалофит

57	<i>S. sessiliflorum</i> Schrenk	По сухим, каменистым склонам и шлейфам пустынных возвышенностей	Горносреднеазиатский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
58	<i>S. strictum</i> Ledeb.	На солонцева- тых лугах, болотах, родников, в зарослях кустарников	Восточноевропейско- туранский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит
59	<i>Silaum silaus</i> (L.) Schinz & Thell. (<i>Silaum besseri</i> DC.)	В луговых степях, окраинам родников, кустарниках, межсочных ложбинах	Европейско- западносибирский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит, галофит
60	<i>Sium latifolium</i> L.	На болотах, в зарослях кустарников, воде и по берегам степных рек	Европейско-сибирский	Ц+ИТ	Многолетник	Гигрофит
61	<i>S. medium</i> Fisch. & С.А.Мей.	На мокрых лугах речных долин, в зарослях кустарников	Казахстанско- горносреднеазиатско- китайско- западнотималайский	Ц+ИТ	Многолетник	Гигрофит
62	<i>S. sisarum</i> L. (<i>Sium</i> <i>sisaroides</i> DC.)	На влажных местах вдоль берегов рек, лугах, поймах рек, старицах	Древнесреди- земноморский	Ц+ИТ	Многолетник	Мезофит
63	<i>Trinia hispida</i> Hoffm.	На камени-стых и щебнистых склонах сопок	Европейско-сибирский	Ц+ИТ	Многолетник	Ксерофит, петрофит
64	<i>T. muricata</i> Godet	В солонцева-тых степях, опушках березовых лесов	Заволжско- казахстанский пустынно-степной	Ц+ИТ	Многолетник	Мезоксерофит
65	<i>Turgenia latifolia</i> (L.) Hoffm.	На лесовых и щебенчатых почвах в предгорьях, залежах	Евразийский	ИТ	Многолетник	Ксеромезофит
66	<i>Zosimia</i> <i>absinthifolia</i> (Vent.) Link.	В глинистых и песчаных пустынных степях	Ирано-туранский	ИТ	Многолетник	Ксерофит, мезогалофит

Примечание: условные обозначения: Ц – только в Циркумбореальной; ИТ – в Ирано-Туранской

Обсуждение

Представлен сводный конспект видов семейства зонтичных Улытауской области. Для редких и очень редких видов приводятся данные гербарных сборов с указанием местонахождений и гербариев, где хранятся образцы; для видов, встречающихся нередко или изредка, указаны административные районы области их произрастания.

Высокое видовое разнообразие *Ariaceae* в пределах сравнительно небольшой территории Улытауской области объясняется значительным разнообразием природных условий и географическим положением региона на стыке двух крупных флористических областей (таблица 1). Для сравнения: в Западно-Казахстанской области отмечено 34 вида зонтичных, а во Восточно-Казахстанской – 97 видов [30]. Около половины видов Улытауской области встречается одновременно в обеих флористических областях – Циркумбореальной и Ирано-Туранской; оставшиеся таксоны приурочены только к одной из них. Основная часть – 62 таксона относится к Ирано-Туранской области, причем 28 видов не выходят за ее пределы. В Циркумбореальной области зарегистрировано 40 видов, из которых 6 являются более узкоареальными и ограничены ее границами. Некоторые виды, такие как *Falcaria vulgaris* и *Ferula dubjanskyi*, широко распространены в пределах Ирано-Туранской области, тогда как *Peucedanum alsaticum* встречается преимущественно в долине реки Сары-Су. *Pastinaca sativa* рассматривается как заносный вид, встречающийся в рассеянных местонахождениях горной Средней Азии.

На основании анализа ареалогических данных установлено, что около 45–50 % видов семейства *Ariaceae* встречается исключительно в пределах Ирано-Туранской флористической области. К этой группе относятся туранские, казахстанские, среднеазиатские, понтийско-заволжско-казахстанские и казахстанско-китайские типы ареалов. Основные центры их распространения сосредоточены в Средней Азии и Казахстане. Типичными представителями являются: *Elaeosticta lutea*, *Ferula lehmannii*, *F. leiophylla*, *F. longifolia*, *F. nuda*, *F. karelinii*, *Schumannia karelinii*, *Seseli eriocephalum*, *Oedibasis apiculata*, *Zosimia absinthifolia* и др. Данные виды, как правило, характеризуются степным, полупустынным и пустынным характером местообитаний, адаптированы к ксерофитным условиям и устойчивы к засухе. Часть видов имеет узкую географическую приуроченность, так, *Elwendia setacea* достигает на востоке хребта Саур, а *Turgenia latifolia*, *Seseli coronatum* проникают до хребта Азутау в Восточно-Казахстанской области. Интересно отметить, что именно в Улытауской области ареалы некоторых циркумбореальных видов (*Palimbia salsa*, *Seseli ledebourii*, *S. strictum*, *Silaum silaus*) несколько смещаются к югу, захватывая часть Ирано-Туранской области. Полученные детальные сведения о распределении местных видов подтверждают выводы Ключикова и Украинской [8] о наличии в регионе нескольких локальных центров разнообразия зонтичных.

Видовой состав семейства *Ariaceae* в Улытауской области характеризуется значительной широтой и экологической вариабельностью. Виды лесостепной и степной зон Евразии составляют около 3 % флоры (например, *Peucedanum alsaticum*, *Pastinaca sativa*). Виды лугов, пойм и опушек, имеющие ареал от Европы до Западной Сибири, формируют 22 % спектра и приурочены преимущественно к долинам рек и увлажненным местообитаниям (*Silaum silaus*, *Sium latifolium*, *Heracleum sibiricum*). Широко распространённые виды Северного полушария (около 5 %) представлены в основном

культурными и натурализованными формами, такими как *Cicuta virosa* и *Pimpinella anisum*.

К видам с широкими ареалами относятся также таксоны, охватывающие Европу, Сибирь и Северную Азию (3 %). В пределах азиатского континента (Сибирь, Казахстан, Западный Китай и Монголия) встречается 1,4 % видов. Ряд таксонов имеет более южное распространение с казахстанско-западнокитайским типом ареала (4,3 %), не проникая на север в Сибирь. Отдельные виды достигают юга Западного Тянь-Шаня и востока Монголии (3,3 %). К видам с широким ареалом относятся также *Cuminum borszczowii* и *Schrenkia involucrata*: первый распространен в Западном, Южном и Центральном Казахстане, а второй – в Южном Казахстане, бассейне озера Балхаш и в Казахстанском мелкосопочнике.

Особую группу составляют виды казахстанско-горносреднеазиатского типа ареалов, некоторые из которых простираются до Западных Гималаев и Ирана. Узкоареальные, эндемичные или субэндемичные виды, ограниченные территорией Казахстана и смежными районами Средней Азии, составляют 5–7 % флоры. К ним относятся: *Palimbia defoliata*, *Seseli eriocarpum*, *Saposhnikovia divaricata*, *Prangos ledebourii* (Рисунок 2). Эти таксоны нередко редки, локальны и приурочены к специфическим субстратам.

Отдельный интерес представляет группа средиземноморско-ирано-туранских видов (около 5%), объединяющая ксерофильные формы, встречающиеся как в Средиземноморье, так и в степях и пустынях Центральной Азии (*Scandix stellata*, *Turgenia latifolia*). Они нередко проявляют свойства сорных и рудеральных растений. Западноевропейско-сибирские и западноевропейско-кавказо-сибирские виды составляют 3–4 % флоры (*Heraclium sibiricum*, *Coriandrum sativum*). Еще одну группу образуют растения, широко распространённые на равнинах и в пределах Казахского мелкосопочника с туранским и близким к нему сарматским типами ареалов (4,3 %).

В процессе ревизии представителей семейства зонтичных в Улытауской области нами был выявлен редкий вид *Ledebouriella seseloides* (Hoffm.) N. Wolff., включенный в Красную книгу Казахстана [31]. Согласно современной номенклатуре POWO [18], этот таксон соответствует виду *Saposhnikovia divaricata* (Turcz. ex Ledeb.) Schischk. Кроме того, обнаружены пять субэндемичных видов – *Palimbia defoliata* (Ledeb.) Korovin, *Prangos ledebourii* Herrnst. & Heyn, *Sium medium* Fisch. & C.A. Mey., *Seseli eriocephalum* (Pall. ex Spreng.) Schischk., *S. coronatum* Ledeb. Ранее они приводились в списке Коровина [32], однако они исключены из числа эндемиков флоры Казахстана в связи с пересмотром их таксономического статуса и уточнением ареалов, включающих сопредельные территории Китая, Кыргызстана, Узбекистана и Таджикистана [33].



Cicuta virosa L.



Trinia hispida Hoffm.



Ferula karelinii Bunge

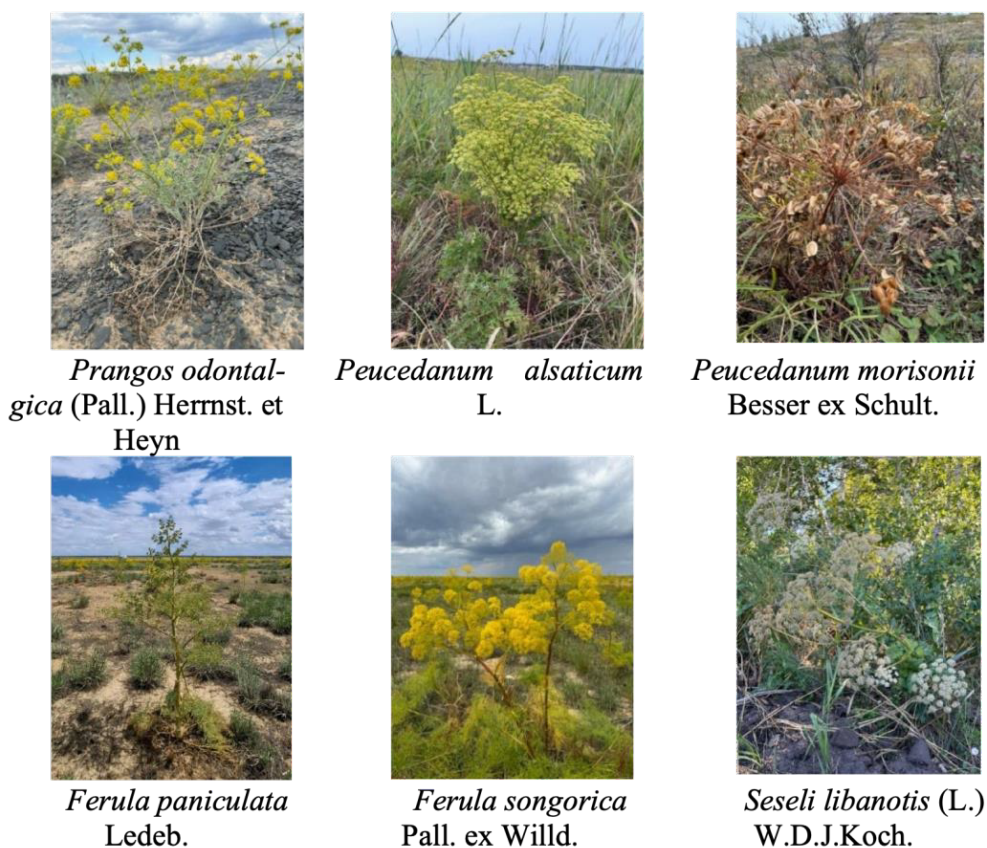


Рисунок 2. Некоторые представители семейства *Ariaceae* Lindl.

Среди представителей семейства *Ariaceae* преобладают многолетние виды (56 таксонов, или 84,8 %). Они представлены как поликарпиками, способными к многократному цветению и плодоношению в течение ряда лет, так и монокарпиками, которые полностью отмирают после единственного цикла плодоношения. Для многолетних монокарпиков характерен длительный (3–15 лет) вегетативный период, в течение которого формируются лишь розетки прикорневых листьев и происходит накопление запасных веществ в коре. По завершении этого этапа растения образуют развитый генеративный побег. К данной группе относятся, в частности, многочисленные виды рода *Ferula*, распространенные в полупустынных и низкогорных районах Средней и Западной Азии. Однолетние формы представлены 6 видами (9,1%), тогда как наименьшую долю занимают двулетники – 3 вида (4,5%), рисунок 3.



Рисунок 3. Соотношение видов по жизненным формам

По отношению к условиям увлажнения были выделены такие группы, как ксерофиты, мезофиты, гигрофиты, ксеромезофиты, мезоксерофиты. Наибольшее число видов принадлежит ксерофитам (57,6%) из большинства видов *Ferula*, *Prangos*, *Schumannia*, *Seseli*. Мезофиты (22,7%) (луговые, прибрежные, родниковые) – *Carum carvi*, *Chaerophyllum prescottii*, *Heracleum sibiricum*. Третью позицию занимают гигрофиты (болотные, пойменные) – 5 (7,5%), предпочитающие прибрежные участки, болота, родники (*Cicuta virosa*, *Sium latifolium*, *Oenanthe aquatica*), встречаются редко. Далее идут ксеромезофиты и мезоксерофиты – 4 (6,1%) (Таблица 2).

Таблица 2

**Распределение сосудистых растений флоры гор Улытау
по экологическим группам по отношению к условиям увлажнения**

Экологическая группа	Число видов, шт.	% от общего числа видов
Ксерофиты	38	57,6 %
Мезофиты	15	22,7 %
Гигрофиты	5	7,5 %
Ксеромезофиты	4	6,1 %
Мезоксерофиты	4	6,1 %
Всего:	66	100%

По отношению к засолению выделяются – галофиты (8 видов) и мезогалофиты (11 видов), обитающие преимущественно на солонцеватых почвах, солончаках и других засоленных почвах: *Palimbia defoliata*, *Seseli eriocephalum*, *Ferula syreitschikowii*, *F. Leiophylla*, характеризующиеся устойчивостью к колебаниям влажности и солевого режима.

По отношению к субстрату наблюдается еще более выраженная экологическая дифференциация – псаммофиты (3): *F. longifolia*, *Seseli libanotis* произрастающие на песчаных почвах и закрепляющие подвижные пески. Петрофиты составляют 9 видов: *Hyalolaena jaxartica*, *Oedibasis apiculata* subsp. *australis*, *Prangos ledebourii*, *Seseli buchtormensis* и др., приуроченные к каменистым склонам и щебнистым субстратам, где они образуют устойчивые ценопопуляции. Литофиты – 5 видов: *F. dissecta*, *F. dubjanskyi*, *F. nuda* и др., произрастают преимущественно в трещинах скальных выходов, приспособленные к экстремальным условиям минимального почвенного слоя. Гликофиты представлены 2 видами: *Cenolophium denudatum*, *Carum carvi* нормальные по водному режиму почвы. И один вид *Ferula tatarica* встречается на тяжелых глинистых субстратах, отличающихся высокой плотностью и ограниченной аэрацией.

Это свидетельствует о том, что флора формировалась на стыке типичных степных, полупустынных видов и бореальных элементов. На территории имеются достаточное количество экологических ниш, позволяющих формировать сообщества (колковые леса, их опушки, кустарниковые заросли, ручьи, родники и временные водотоки, межсопочные понижения, склоны сопок).

На исследованной территории выявлено значительное количество ресурсно-ценных представителей семейства *Ariaceae*, почти все из которых обладают разнообразными полезными свойствами и находят применение в различных сферах хозяйственной деятельности. Количественное распределение их представлено на рисунке 4.

Основную долю составляют лекарственные растения – 56 видов (84,8 %). Среди них широко распространены такие виды как *Carum carvi*, *Falcaria vulgaris*, *Ferula soongorica*, *F. tatarica* и др., обладающие спазмолитическим, противовоспалительными и общеукрепляющим действием. Многие из них включены в Государственные фармакопеи разных стран и используются как официальное лекарственное сырье [24].

На втором месте по численности находятся кормовые виды – 45 (68,2 %), которые служат ценным пастбищным кормом для домашнего скота (*Pastinaca sativa*) и диких животных, а также заготавливаются как сенокосные культуры.

Значительную группу образуют эфирномасличные растения – 37 видов (56,1 %), среди которых *Anethum graveolens*, *Coriandrum sativum*, виды рода *Ferula*. Их плоды содержат эфирные масла, богатые терпенами, которые используются в фармацевтике, пищевой промышленности и парфюмерии. Далее идут пищевые – 18 видов (27,3 %) и медоносные – 10 видов (15,1 %). К ним относятся пряно-ароматические культуры и виды, обеспечивающие значительную продуктивность нектара и способствующие поддержанию биоразнообразия опылителей: *Pastinaca sativa*, *Petroselinum crispum*, *Chaerophyllum prescottii*.

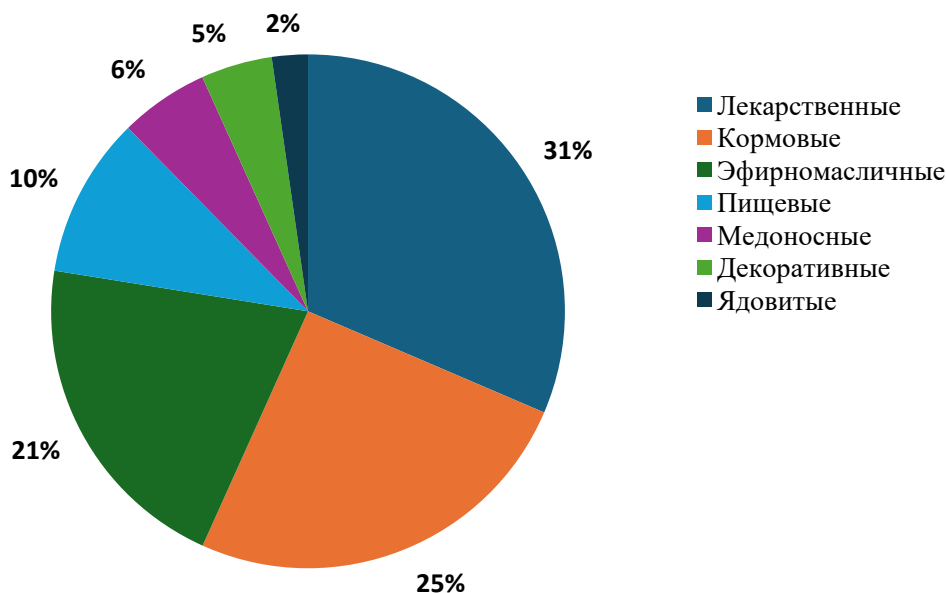


Рисунок 4. Количественное распределение семейства *Ariaceae* по хозяйственной значимости

Наименьшую группу составляют декоративные – 6 (9,1 %): виды рода *Ferula*, *Prangos*, и ядовитые растения – 4 вида (6,1 %): *Cenolophium fischeri*, *Peucedanum alsaticum*, *Cicuta virosa*, *Heracleum sibiricum*, *Oenanthe aquatica*, *Sium latifolium* и др., содержащие высокоактивные токсические соединения (кумариновые производные, фуранокумарины), что делает их опасными для человека и животных.

Спектр встречаемости *Ariaceae* в исследованной территории показывает, что они варьируют от массовых до единичных находок, что отражает как экологическую пластичность отдельных видов, так и специфику локальных местообитаний.

Дополнительно проанализированы виды по частоте встречаемости, где наибольшая группа отнесена к категории «изредка встречающиеся» – 32 вида. Среди них: *Cenolophium denudatum*, *C. fischeri*, *Ferula leiophylla*, *Kadenia dubia* и др. которые встречаются на

отдельных участках, преимущественно в местах с благоприятными экологическими условиями, и формируют относительно устойчивые, но разреженные популяции. К категории «обычно» отнесено 19 видов, в числе которых *Falcaria vulgaris*, *Eryngium planum*, *Ferula songorica*, обладающие более широкой экологической амплитудой и способны адаптироваться к различным условиям произрастания, что обеспечивает их устойчивое присутствие в составе местных флороценозов. Редко встречающиеся виды представлены 15 таксонами: *Ferula dissecta*, *F. dubjanskyi*, *F. lehmannii*, *F. longifolia*, *F. karelinii*, *Hyalolaena jaxartica* и др. Они приурочены к специфическим биотопам и отличаются узкой экологической приспособленностью, либо ограниченным ареалом. Низкая численность и ограниченное распространение некоторых из этих видов делает их потенциально уязвимыми и требует мониторинга состояния популяций.

Заключение

В результате обработки собранных полевых материалов по территории Улытауской области, изучения гербарных образцов отечественных и международных коллекций Гербарных фондов, а также анализа литературных источников был составлен список видов семейства *Ariaceae*, встречающихся в пределах области. Исследование охватывает два административных района – Улытауский (флористические районы – 9. Тургайский, 10а. Улытау, 14. Приаральский, 15. Кызыл-Ординский) и Жанаркинский (10. Западный мелкосопочник, 16. Бетпакдала). В общей сложности зарегистрировано 66 видов, относящихся к 30 родам. Определены доминирующие родовые комплексы, типы ареалов, жизненные формы и эколого-ценотические группы.

Анализ территориального распределения показал, что наибольшее видовое разнообразие зонтичных (63 таксона) отмечено в Жанаркинском районе, а наименьшее в Улытауском районе (52 таксона). В обоих районах преобладают ксерофитные и галофитные виды. Географический анализ выявил значительное разнообразие ареалов представителей семейства *Ariaceae*, что выражается в сочетании широко распространённых и узкоспециализированных таксонов. Это подтверждает уникальное географическое положение региона и его роль как локального центра флористического разнообразия данного семейства.

По жизненным формам преобладают многолетние растения – 56 таксонов (84,8%), однолетние формы представлены 6 видами (9,1 %), наименьшую долю занимают двулетники – 3 вида (4,5 %). В эколого-ценотическом отношении доминируют ксерофиты 38 видов (57,6 %), преимущественно из родов *Ferula*, *Prangos*, *Seseli*. Вторую группу составляют мезофиты – 15 видов (22,7 %), из видов *Carum carvi*, *Chaerophyllum prescottii*, *Heraclеum sibiricum*, а третью позицию занимают редко встречающиеся гигрофиты (*Cicuta virosa*, *Sium latifolium*, *Oenanthe aquatica*). Ксеромезофиты и мезоксерофиты (по 6,1 %) представлены ограниченным числом видов.

В условиях засоленных экотопов здесь наблюдается сочетание степных и пустынных элементов, среди которых преобладают галофиты (*Palimbia defoliata*, *Seseli eriocephalum*, *Ferula syreitschikowii*, *F. leiophylla*).

На территории Улытауской области зафиксировано шесть редких видов, среди которых *Saposhnikovia divaricata* (Turcz. ex Ledeb.) Schischk. (*Ledebouriella seseloides* (Hoffm.) H. Wolff.), включенный в Красную книгу Казахстана. Остальные пять субэндемичных видов – *Palimbia defoliata* (Ledeb.) Korovin, *Prangos ledebourii* Herrnst. & Heyn, *Sium medium* Fisch. & C.A. Mey., *Seseli eriocephalum* (Pall. ex Spreng.) Schischk., *S. coronatum* Ledeb.,

распространенные также в сопредельных районах России и северо-западного Китая. Эти таксоны связаны со специфическими местообитаниями – щебнистыми склонами, солонцами и песчаными участками, и встречающиеся крайне редко. Учитывая их уязвимость, рекомендуется включить виды в новое издание Красной книги Казахстана, обеспечить меры по их сохранению, а также необходимо проводить регулярный сезонный мониторинг состояния популяций. Следует ограничить хозяйственную деятельность на территориях их произрастания и включить семена редких видов в банки генетических ресурсов для сохранения генофонда. Наблюдается тенденция к сокращению ареалов и старению популяций, что требует срочных мер по их охране.

Дополнительно проанализированы виды с ограниченным числом местообитаний, отнесенные к категории «редко встречающиеся» (15 видов) и «изредка встречающиеся» (31 вид). Эти растения представляют собой перспективные объекты для включения в Красную книгу Улытауской области.

Оценка ресурсного потенциала показала, что основная часть представителей семейства *Apiaceae* относится к лекарственным растениям: *Carum carvi*, *Falcaria vulgaris*, *Ferula soongorica*, *F. tatarica* и др. обладают высокой фармацевтической и эколого-ресурсной ценностью.

Полученные данные создают основу для дальнейших флористических, ресурсных и охранных исследований, а также для разработки мер по сохранению биоразнообразия региона.

Вклад авторов

С.М. и **М.Ж.** – руководство исследованием, критический пересмотр содержания; **С.М., Д.А., И.С.** и **М.Т.** – концептуализация, участие в полевых экспедициях, сбор и анализ данных, подготовка аннотации и формулирование выводов; **А.М.** и **К.И.** – обработка данных, обсуждение результатов, формальный анализ, подготовка иллюстрированного материала; **С.Б., К.И., С.Д.** – редактирование текста, структурная и библиографическая проверка. Все авторы ознакомились с окончательной версией рукописи и одобрили её к публикации.

Финансирование

Данная работа выполнена при финансовой поддержке Министерства Экологии и Природных ресурсов Республики Казахстан (грант № BR23591088).

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Соблюдение этических норм

Настоящая статья не содержит описания выполненных авторами исследований с участием людей или использованием животных в качестве объектов.

Список литературы

1. Pimenov M, Kljuykov E, Degtjareva G. Note on two Umbelliferae taxa of South-Eastern Kazakhstan, invalidly published by MS Bajtenov. Moscow & St. Petersburg: Bot. Zhurn. 2012.;97(5): 650-658.
2. Heywood V. Flowering plant families of the world. Oxford Univ. Press;1978.

3. Пименов М, Остроумова Т. Зонтичные (Umbelliferae) России. М.: Товарищество научных изданий КМК; 2012.
4. Saenz Lain C. Research on Daucus L. (Umbelliferae). *Anales del Jardin Botánico de Madrid*. 1981;37(2):481–533.
5. Пименов М, Ключков Е. Зонтичные Кыргызстана. Москва; 2002.
6. Breckle S, Hedge I, Rafiqpoor M. Vascular plants of Afghanistan: an augmented checklist. *Bonn: Scientia Bonnensis*. 2013;175: 581–582 <https://doi.org/10.1111/boj.12187>
7. Mozaffarian V. Umbelliferae. In: *Flora of Iran*. Eds. M. Assadi, M. Khatamsaz, A. A Maassoumi. Tehran: Research Institute of Forests and Rangelands; 2007.
8. Kljuykov EV, Ukrainskaja UA. Distribution of the Umbelliferae in Middle Asia and Kazakhstan. *Plant Diversity and Evolution*. 2010; 128:547–559. <https://doi.org/10.1127/1869-6155/2010/0128-0027>
9. Байтенов М. Сельдерейные – Apiaceae J. Lindley. Флора Казахстана. Родовой комплекс флоры. Т. 2. Алматы; 2001.
10. Pimenov MG. Obnovlennyy konspekt zontichnykh (Umbelliferae) Sredney Azii i Kazakhstana: nomenklatura, sinonimiya, tipifikatsiya, rasprostranenie. *Turczaninowia*. 2020;23(4):127–257. <https://doi:10.14258/turczaninowia.23.4.12>
11. Куприянов А. Конспект флоры Казахского мелкосопочника. Новосибирск: Академическое издательство «Гео»; 2020.
12. Ишмуратова М, Мырзалы Г, Ивлев В, Матвеев А. Флора гор Улытау (Центральный Казахстан). Караганда; 2015.
13. Таджиев Ж, Мукумов И. Кумариносодержащие растения семейства Apiaceae Lindl. во флоре Самаркандской области. *Вестник науки*. 2021;10(43):121-129.
14. Чужие: «Чёрная книга» флоры. Том 91, № 1/2 [Internet]. Москва; 2021 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://bibl.ulspu.ru>
15. Павлов Н. и др. Флора Казахстана. Т.6.; 1963.
16. Байтенов М.С. Флора Казахстана. Алматы: «Ғылым»; 2001.
17. Определитель растений Средней Азии. - Т. 7. Ташкент: ФАН; 1972.
18. Plants of the World Online (POWO). Plants of the World Online [Internet]. Kew: Royal Botanic Gardens; 2024 [cited 2024 Apr 09]. Available from: <http://www.plantsoftheworldonline.org>
19. International Plant Names Index (IPNI). International Plant Names Index [Internet]. Kew: Royal Botanic Gardens, Harvard University Herbaria & Libraries, Australian National Botanic Gardens; 2024 [cited 2024 Apr 09]. Available from: <http://www.ipni.org>
20. Шишкин Б. Umbelliferae. Флора СССР. Т. 17. М.-Л.; 1951.
21. Пименов М. Семейство Apiaceae, или Umbelliferae – Сельдерейные, или Зонтичные. Флора Сибири. Т. 10: Geraniaceae-Cornaceae. Новосибирск: Наука, Сибирская издательская фирма РАН; 1996.
22. Серебряков, И.Г., Жизненные формы высших растений и их изучение Полевая геоботаника, 1964. 3: р. 146-208.
23. Соколов, П.Д., Растительные ресурсы СССР: Цветковые растения, их химический состав, использование. 1984–1991. 1-8.
24. Ишмуратова М. Перечень хозяйственно-ценных видов растений флоры Центрального Казахстана. Жезказган: Полиграфия АСАР; 2012.
25. Грудзинская Л, Гемеджиева Н, Нелина Н, Каржаубекова Ж. Аннотированный список лекарственных растений Казахстана. Справочное издание; 2014.
26. Тахтаджян А. Флористические области Земли. Л.: Наука; 1978.
27. Куприянов А, Хрусталева И, Адекенов С, Габдуллин Е. Флора Большого Улытау. – Новосибирск: Акад. Изд-во «Гео»; 2017.

28. Ивлев В. Новые для Западного мелкосопочника флористические находки в окрестностях Жезказгана. Современные тенденции в изучении флоры Казахстана и её охрана (Байтеновские чтения–3). Алматы. 2014; 42–44.
29. Грубов В. Цветковые и папоротники. Растительные сообщества и животное население степей и пустынь Центрального Казахстана. 1969; Ленинград: Наука:230–262.
30. Красная книга Казахстана. - Т.2, Ч. 2. Растения, Астана: LTD «Art-Print XXI»; 2014.
31. Коровин Е.П. Сем. Зонтичные – Umbelliferae Moris. Флора Казахстана. Т. 6. Ред. Н.В. Павлов. Алма-Ата: Изд-во АН КазССР; 1963.
32. Ключиков ЕВ., Украинская УА. Эндемичные зонтичные Казахстана. Ботанические исследования Сибири и Казахстана. 2018;24:3–14.

Ұлытау облысы флорасындағы *Ariaceae* Lindl. тұқымдасы

С.К. Мухтубаева¹, М.Б. Такирова*², А.Б. Мырзагалиева³,
М.Ж. Жумагул⁴, К.С. Избастина*⁵, И.Ю. Селютина⁶, С.М. Байбосынова⁷,
С.А. Джангильдинова⁸

^{1,5,7}Астана ботаникалық бағы, Астана, Қазақстан

^{1,2,3,4}Астана халықаралық университеті, Астана, Қазақстан

¹Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия университеті, Астана, Қазақстан

⁵С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Астана, Қазақстан

⁶Ботаника және фитointродукция институты, Алматы, Қазақстан

⁸Қарағанды медициналық университеті, Қарағанды, Қазақстан

Аңдатпа. Мақалада Ұлытау облысы аумағында *Ariaceae* тұқымдасына қатысты әдеби деректердің, гербарий қорларының және экспедициялық материалдардың кешенді талдау нәтижелері келтірілген. Зерттеу барысында 30 туысқа жататын 66 түр анықталды. Бұл тұқымдас аймақтың негізгі фитоценоздарын қалыптастыруда маңызды рөл атқарады, жетекші он тұқымдастың қатарына кіреді. Түрлік әртүрліліктің жоғары болуы далалық, шөлді және таулы экожүйелердің үйлесімімен, сондай-ақ облыстың Ирано-Тұран флоралық аймағында орналасуымен түсіндіріледі. Түрлік әртүрліліктің ең жоғары көрсеткіші Жаңаарқа ауданында (63 таксон) байқалды, мұнда ксерофиттер мен галофиттер басым. Ең ірі туыстар – *Ferula* (17 түр), *Seseli* (9 түр), *Prangos*, *Sium*, *Palimbia*, *Hyalolaena* (әрқайсысы 3 түрден), *Cuminum*, *Pastinaca*, *Peucedanum* және *Trinia* (әрқайсысы 2 түрден), қалған 20 туыс бір түрмен ғана көрсетілген. Өмірлік формалар бойынша көпжылдық өсімдіктер (84,6%) басым. Экологиялық топтар арасында ксерофиттер (60,5%) көп, негізінен *Ferula*, *Prangos* және *Seseli* туыстарына жатады. Топырақтың тұздануына байланысты 8 галофит және 11 мезогалофит түрі анықталды, олар негізінен сортаң және сор топырақтарда өседі. Облыс аумағында бір Қызыл кітапқа енгізілген түр – *Saposhnikovia divaricata* және бес субэндемик таксон тіркелді: *Palimbia defoliata*, *Prangos ledebourii*, *Sium medium*, *Seseli eriocephalum*, және *S. coronatum*. Бұл түрлер шектеулі таралған және белгілі биотоптарға тән, сондықтан оларды қорғау мен мониторинг жүргізу қажет. Ресурстық әлеуетті талдау нәтижесінде 58 түр (87,8%) дәрілік өсімдіктер болып табылатыны анықталды: *Carum carvi*, *Falcaria vulgaris*, *Ferula soongorica*, *F. tatarica* және тағы басқа спазмолитикалық, қабынуға қарсы және жалпы күшейткіш әсері бар түрлер. Кейбір түрлер мал азықтық, эфир майлы және сәндік өсімдік ретінде пайдалануға болатыны анықталды. Ұлытау облысының Қызыл кітабына енгізуге перспективалы түрлерді анықтау мақсатында сирек немесе кездейсоқ таралған түрлер талданды.

Түйін сөздер: *Ariaceae* тұқымдасы, түр, туыс, таксономия, экология, Ұлытау аймағы

The family Apiaceae Lindl. in the flora of the Ulytau region

S.K. Mukhtubayeva¹, M.B. Takirova*², A.B. Myrzagalieva³,
M.Zh. Zhumagul⁴, S. Izbastina*⁵, I.Yu. Selyutina⁶, S.M. Baibosynova⁷,
S.A. Zhangildinova⁸

^{1,5,7}Astana Botanical Garden, Astana, Kazakhstan

^{1,2,3,4}Astana International University, Astana, Kazakhstan

¹L.N. Gumilyov Eurasian University, Astana, Kazakhstan

⁵S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Astana, Kazakhstan

⁶Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan

⁸Karaganda Medical University, Karaganda, Kazakhstan

Abstract. The article presents the results of a comprehensive analysis of literary sources, herbarium collections, and field studies on the *Apiaceae* family within the Ulytau region. A total of 66 species belonging to 30 genera were identified during the research. The family ranks among the ten leading ones and plays an important role in the formation of the region's main phytocenoses. The high diversity is explained by the combination of steppe, desert, and mountain ecosystems, as well as by the region's location within the Irano-Turanian floristic province. The greatest species richness was observed in the Zhanarka district (63 taxa), where xerophytic and halophytic species predominate. The largest genera are *Ferula* (17 species), *Seseli* (9 species), *Prangos*, *Sium*, *Palimbia*, *Hyalolaena* (3 species each), *Cuminum*, *Pastinaca*, *Peucedanum*, and *Trinia* (2 species each), while the remaining 20 genera are represented by single species. Perennial plants dominate in terms of life forms (84.6%). Among ecological groups, xerophytes (60.5%) prevail, mainly represented by the genera *Ferula*, *Prangos*, and *Seseli*. Regarding salinity tolerance, 8 halophytic and 11 mesohalophytic species were identified, occurring on solonetz and saline soils. Within the region, one Red Book species – *Saposhnikovia divaricata* – and five subendemic taxa were recorded: *Palimbia defoliata*, *Prangos ledebourii*, *Sium medium*, *Seseli eriocephalum*, and *S. coronatum*. These species are locally distributed and confined to specific habitats, which necessitates their protection and monitoring. Analysis of the resource potential showed that the majority – 58 species (87.8%) – are medicinal plants, including *Carum carvi*, *Falcaria vulgaris*, *Ferula soongorica*, *F. tatarica*, and others, which possess antispasmodic, anti-inflammatory, and tonic properties. Some species are promising as forage, essential oil, and ornamental plants. To identify species with potential inclusion in the Red Book of the Ulytau region, taxa with a limited number of habitats and classified as rare or occasionally occurring were analyzed.

Keywords: *Apiaceae* family, species, genus, systematics, ecology, Ulytau region

References

1. Pimenov M, Kljuykov E, Degtjareva G. Note on two Umbelliferae taxa of South-Eastern Kazakhstan, invalidly published by MS Bajtenov. Moscow & St. Petersburg: Bot. Zhurn.; 2012.
2. Heywood V. Flowering plant families of the world. Oxford Univ. Press; 1978.
3. Pimenov M, Ostroumova T. Zontichnye (Umbelliferae) Rossii [Umbellifers (Umbelliferae) of Russia]. Moscow: KMK Scientific Press; 2012. [in Russian]
4. Saenz Lain C. Research on *Daucus* L. (Umbelliferae). Anales del Jardin Botánico de Madrid. 1981;37(2):481–533.
5. Pimenov M, Klyuykov E. Zontichnye Kyrgyzstana [Umbellifers of Kyrgyzstan]. Moscow; 2002. [in Russian]
6. Breckle S, Hedge I, Rafiqpoor M. Vascular plants of Afghanistan: an augmented checklist. Bonn: Scientia Bonnensis. 2013;175: 581–582 <https://doi.org/10.1111/boj.12187>
7. Mozaffarian V. Umbelliferae. In: Flora of Iran. Eds. M. Assadi, M. Khatamsaz, A. A Maassoumi. Tehran: Research Institute of Forests and Rangelands; 2007.

8. Kljuykov EV, Ukrainskaja UA. Distribution of the Umbelliferae in Middle Asia and Kazakhstan. *Plant Diversity and Evolution*. 2010; 128:547–559. <https://doi.org/10.1127/1869-6155/2010/0128-0027>
9. Baitenov M. Sel'derejnye – Apiaceae J. Lindley. *Flora Kazakhstana. Rodovoj kompleks flory* [Celery family – Apiaceae J. Lindley. *Flora of Kazakhstan. Generic complex of flora*. Vol. 2]. Almaty; 2001. [in Russian]
10. Pimenov MG. Obnovlennyy konspekt zontichnykh (Umbelliferae) Sredney Azii i Kazakhstana: nomenklatura, sinonimiya, tipifikatsiya, rasprostranenie. *Turczaninowia*. 2020;23(4):127–257. <https://doi.org/10.14258/turczaninowia.23.4.12>
11. Kupriyanov A. Konspekt flory Kazakhskogo melkosoposhnika [A synopsis of the flora of the Kazakh Uplands]. Novosibirsk: Akademicheskoe izdatel'stvo “Geo”; 2020. [in Russian]
12. Ishmuratova M, Myrzaly G, Ivlev V, Matveev A. Flora gor Ulytau (Tsentral'nyy Kazakhstan) [Flora of the Ulytau Mountains (Central Kazakhstan)]. Karaganda; 2015. [in Russian]
13. Tadzhiev Zh, Mukumov I. Kumarinosoderzhashchie rasteniya semeystva Apiaceae Lindl. vo flore Samarkandskoy oblasti [Coumarin-containing plants of the family Apiaceae Lindl. in the flora of the Samarkand region]. *Vestnik nauki* [Herald of Science]. 2021;5(10)(43):121–129. [in Russian]
14. Chuzhie. “Chyornaya kniga” flory [The “Black Book” of Flora]. Vol. 91, No. 1/2 [Internet]. Moscow; 2021 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://bibl.ulspu.ru>
15. Pavlov N, et al. Flora Kazakhstana [Flora of Kazakhstan. Vol. 6]. 1963. [in Russian]
16. Baitenov M.S. Flora Kazakhstana [Flora of Kazakhstan]. Almaty: “Gylym”; 2001. [in Russian]
17. Opredelitel' rasteniy Sredney Azii. Vol. 7 [Guide to the plants of Central Asia. Vol. 7]. Tashkent: FAN; 1972. [in Russian]
18. Plants of the World Online (POWO). Plants of the World Online [Internet]. Kew: Royal Botanic Gardens; 2024 [cited 2024 Apr 09]. Available from: <http://www.plantsoftheworldonline.org>
19. International Plant Names Index (IPNI). International Plant Names Index [Internet]. Kew: Royal Botanic Gardens, Harvard University Herbaria & Libraries, Australian National Botanic Gardens; 2024 [cited 2024 Apr 09]. Available from: <http://www.ipni.org>
20. Shishkin B. Umbelliferae. Flora SSSR. [Umbelliferae. Flora of the USSR. Vol. 17]. Moscow-Leningrad; 1951. [in Russian]
21. Pimenov M. Semeystvo Apiaceae, ili Umbelliferae – Sel'derejnye, ili Zontichnye. Flora Sibiri [Family Apiaceae, or Umbelliferae – Celery family, or Umbellifers. Flora of Siberia. Vol. 10: Geraniaceae-Cornaceae]. Novosibirsk: Nauka, Sibirskaia izdatel'skaia firma RAN; 1996. [in Russian]
22. Серебряков ИГ. Жизненные формы высших растений и их изучение Полевая геоботаника, 1964. 3: p. 146-208.
23. Соколов ПД. Растительные ресурсы СССР: Цветковые растения, их химический состав, использование. 1984–1991. 1-8.
24. Ishmuratova M. Perechen' khozyaystvenno-tsennykh vidov rasteniy flory Tsentral'nogo Kazakhstana [List of economically valuable plant species of the flora of Central Kazakhstan]. Zhezkazgan: Poligrafiya ASAR; 2012. [in Russian]
25. Grudzinskaya L, Gemedzhieva N, Nelina N, Karzhaubekova Zh. Annotirovannyy spisok lekarstvennykh rasteniy Kazakhstana [Annotated list of medicinal plants of Kazakhstan]. Spravochnoye izdaniye; 2014. [in Russian]
26. Takhtadzhyan A. Floristicheskie oblasti Zemli [Floristic regions of the Earth]. Leningrad: Nauka; 1978. [in Russian]
27. Kupriyanov A, Khrustaleva I, Adekenov S, Gabdullin E. Flora Bol'shogo Ulytau [Flora of the Greater Ulytau]. Novosibirsk: Akademicheskoe izdatel'stvo “Geo”; 2017. [in Russian]
28. Ivlev V. Novye dlya Zapadnogo melkosoposhnika floristicheskie nakhodki v okrestnostyakh Zhezkazgana [New floristic records for the Western Uplands in the vicinity of Zhezkazgan]. *Sovremennyye tendentsii v izuchenii flory Kazakhstana i yeye okhrana* (Baitenovskie chteniya–3) [Current trends in the study and conservation of the flora of Kazakhstan (Baitenov Readings–3)]. Almaty; 2014:42–44. [in Russian]

29. Grubov V. Tsvetkovye i paporotniki. Rastitel'nye soobshchestva i zhivotnoe naselenie stepей i pustyn' Tsentral'nogo Kazakhstana [Flowering plants and ferns. Plant communities and animal populations of the steppes and deserts of Central Kazakhstan]. Leningrad: Nauka; 1969:230–262. [in Russian]

30. Klyuykov EV, Ukrainskaya UA, Kotukhov YuA. Umbelliferae of the East Kazakhstan region. Turczaninowia. 2017. 20(1);149–181.

31. Krasnaya kniga Kazakhstana. Vol. 2, Part 2. Rasteniya [Red Data Book of Kazakhstan. Vol. 2, Part 2. Plants]. Astana: LTD "Art-Print XXI"; 2014. [in Russian]

32. Korovin EP. Sem. Zontichnye – Umbelliferae Moris [Family Umbelliferae – Umbelliferae Moris]. In: Pavlov NV, editor. Flora Kazakhstana. Vol. 6. Alma-Ata: Izdatel'stvo AN KazSSR; 1963. [in Russian]

33. Klyuykov EV, Ukrainskaya UA. Endemichnye zontichnye Kazakhstana [Endemic Umbellifers of Kazakhstan]. Botanicheskie issledovaniya Sibiri i Kazakhstana [Botanical Research of Siberia and Kazakhstan]. 2018;24:3–14. [in Russian]

Сведения об авторах:

Мухтубаева Сауле Какимжановна – кандидат биологических наук, ассоциированный профессор, «Астанинский ботанический сад» филиал РГП на ПХВ «Институт ботаники и фитоинтродукции» Комитета лесного хозяйства и животного мира Министерства экологии и природных ресурсов Республики Казахстан, Международный университет Астана, Оренбург, 14 Б, 010000, Астана, Казахстан.

Такирова Манар Бакыткановна – автор для корреспонденции, магистр, Международный университет Астана, просп. Кабанбай батыра, 8, 010000, Астана, Казахстан.

Мырзагалиева Анар Базаровна – доктор биологических наук, профессор, Астана Международный Университет, просп. Кабанбай батыра, 8, 010000, Астана, Казахстан.

Жумагул Молдир Жакыпжановна – PhD, и.о ассоциированного профессора, Международный университет Астана, просп. Кабанбай батыра, 8, 010000, Астана, Казахстан.

Избастина Клара Сержановна – автор для корреспонденции, PhD, ассоциированный профессор, «Астанинский ботанический сад» филиал РГП на ПХВ «Институт ботаники и фитоинтродукции» Комитета лесного хозяйства и животного мира Министерства экологии и природных ресурсов Республики Казахстан, Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина, просп. Женис, 62, 010000, Астана, Казахстан.

Селютина Инесса Юрьевна – кандидат биологических наук, РГП на ПХВ «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, Тимирязева, 36Д, 050040, Алматы, Казахстан.

Байбосынова Сауле Маликайдаровна – кандидат сельскохозяйственных наук, «Астанинский ботанический сад» филиал РГП на ПХВ «Институт ботаники и фитоинтродукции» Комитета лесного хозяйства и животного мира Министерства экологии и природных ресурсов Республики Казахстан, Международный университет Астана, 010000, Оренбург, 14 Б, Астана, Казахстан.

Джангильдинова Светлана Александровна – кандидат биологических наук, ассоциированный профессор, Карагандинский медицинский университет, ул. Гоголя, 40, 100000, Караганда, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Мухтубаева Сауле Какимжанқызы – биология ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, Қазақстан Республикасы экология және табиғи ресурстар министрлігі, Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитетінің «Ботаника және фитоинтродукция институты» шаруашылық жүргізу құқығындағы республикалық мемлекеттік кәсіпорны «Астана ботаникалық бағы» филиалы, Астана халықаралық университет, Орынбор 14Б, 010000, Астана, Қазақстан.

Такирова Манар Бақытқановна – хат-хабар авторы, магистр, Астана Халықаралық Университеті, Қабанбай батыр даңғылы 8, 010000, Астана, Қазақстан.

Мырзагалиева Анар Базаровна – биология ғылымдарының докторы, профессор, Астана Халықаралық Университеті, Қабанбай батыр даңғылы, 8, 010000, Астана, Қазақстан.

Жұмағұл Мөлдір Жақыпжанқызы – PhD, қауымдастырылған профессор міндетін атқарушы, Астана Халықаралық университеті, Қабанбай батыр даңғылы, 8, 010000, Астана, Қазақстан.

Избастина Клара Сержанқызы – хат-хабар авторы, PhD, қауымдастырылған профессор, Қазақстан Республикасы экология және табиғи ресурстар министрлігі, Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитетінің «Ботаника және фитоинтродукция институты» шаруашылық жүргізу құқығындағы республикалық мемлекеттік кәсіпорны «Астана ботаникалық бағы» филиалы, С. Сейфуллин атындағы Қазақ Агротехникалық Зерттеу Университеті, Жеңіс даңғылы 62, 010000, Астана, Қазақстан.

Селютина Инесса Юрьевна – биология ғылымдарының кандидаты, Қазақстан Республикасы Экология және табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті «Ботаника және фитоинтродукция институты» республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Тимирязев көшесі, 36Д, 050040, Алматы, Қазақстан.

Байбосынова Сауле Малиқайдаровна – ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, Қазақстан Республикасы экология және табиғи ресурстар министрлігі, Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитетінің «Ботаника және фитоинтродукция институты» шаруашылық жүргізу құқығындағы республикалық мемлекеттік кәсіпорны «Астана ботаникалық бағы» филиалы, Орынбор 14Б, 010000, Астана, Қазақстан.

Джангильдинова Светлана Александровна – биология ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, «Қарағанды медицина университеті» КЕАҚ, Гоголь көшесі, 40, 100000, Қарағанды, Қазақстан.

Authors' information:

Mukhtubaeva Saule Kakimzhanovna – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Associate Professor RSE on the REM “Astana Botanical Garden” Committee of Forestry and Animal World of the Ministry of Ecology and Nature Conservation, Astana, Kazakhstan; International University Astana, Orynbor Street, 14 B, 010000, Astana, Kazakhstan.

Takyrova Manar Bakytkanovna – Corresponding author, MSc, International University of Astana, Kabanbay Batyr Avenue, 8, 010000, Astana, Kazakhstan.

Myrzagaliev Ana Bazarovna – Doctor of Biological Sciences, Professor, Astana International University, Kabanbay Batyr Avenue, 8, 010000, Astana, Kazakhstan.

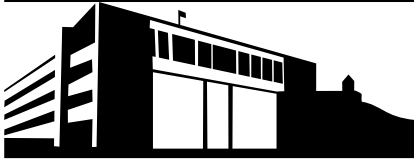
Zhumagul Moldir Zhakypzhanovna – PhD, Acting Associate Professor, International University of Astana, Kabanbay Batyr Avenue, 8, 010000, Astana, Kazakhstan.

Izbastina Klara Serzhankyzy – Corresponding author, PhD, Associate Professor, RSE on the REM “Astana Botanical Garden” Committee of Forestry and Animal World of the Ministry of Ecology and Nature Conservation, S. Seifullin Kazakh AgroTechnical Research University, Zhenis avenue, 62, 010000, Astana, Kazakhstan.

Selyutina Inessa Yuryevna – Candidate of Biological Sciences, RSE “Institute of Botany and Phytointroduction” under the Committee of Forestry and Wildlife, Ministry of Ecology and Natural Resources of the Republic of Kazakhstan, Timiryazev Street, 36D, 050040, Almaty, Kazakhstan.

Baibosynova Saule Malikaydarovna – Candidate of Agricultural Sciences, RSE on the REM “Astana Botanical Garden” Committee of Forestry and Animal World of the Ministry of Ecology and Nature Conservation, S. Seifullin Kazakh AgroTechnical Research University, Orynbor Street, 14 B, 010000, Astana, Kazakhstan.

Dzhangildinova Svetlana Aleksandrovna – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Non-profit Joint Stock Company “Karaganda Medical University”, Gogol Street, 40, 100000, Karaganda, Kazakhstan.



ХҒТАР 34.27.19

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-48-62>

Ғылыми мақала

Сүтқышқылды бактериялардың пробиотикалық әлеуетін бағалау

Т.С. Тасмаганбетова*¹, У.З. Сагындыков²

^{1,2}Л. Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан

E-mails: *tasmaganbetova.tolkyn@mail.ru, outemourate@list.ru

Аңдатпа. Бүгінгі таңда пробиотикалық микроорганизмдер, оның ішінде сүтқышқылды бактериялар, тағам өнеркәсібінде және биотехнологияда ерекше маңызға ие болып келеді. Олар асқазан-ішек жолдарының микрофлорасын қалыптастыруда, патогенді микроорганизмдердің көбеюін тежеуде, қоректік заттардың сіңуін жақсартуда және тұтынушылардың жалпы денсаулығына ықпал етуде маңызды рөл атқарады. Пробиотикалық штамдарды тиімді таңдау олардың физиологиялық тұрақтылығына (қышқылдар мен өт тұздары), адгезия қабілетіне және технологиялық қасиеттеріне негізделген. Осыған байланысты сүтқышқыл бактериялардың пробиотикалық потенциалын кешенді бағалау тағамдық өнімдерге енгізу үшін перспективалы штамдарды таңдаудағы маңызды қадам болып табылады. Бұл зерттеуде *Lactobacillus acidophilus* SLA, *Lacticaseibacillus casei* SLC және *Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus* SSV (бұдан әрі *Lactobacillus* - *L*) қолданылды. Штамдардың негізгі пробиотикалық қасиеттері *in vitro* жағдайында жан-жақты бағаланды. Зерттеу барысында Тернер әдісімен қышқыл түзілу белсенділігі анықталып, асқазан-ішек жолдарының жағдайларын модельдеу үшін қышқылдар мен өт тұздарына төзімділік сынақтары жүргізілді. Эритроциттерге адгезия қабілеті Брилис әдісі бойынша бағаланды. Алынған нәтижелерге сәйкес, *L. acidophilus* SLA штаммы қышқылдар мен өт тұздарына жоғары төзімділікке ие (рН 2,0-де өміршеңдігі - 82,4%, өт тұздарында 0,5 %-да өміршеңдігі - 90,4%) және адгезияның жоғары деңгейін көрсетті (ОАК = 4,3). *L. casei* SLC штаммының орташа деңгейде төзімділігі мен адгезиясы болғанымен, *L. bulgaricus* SSV штаммының қышқыл түзуші белсенділігі жоғары (124 °Т), бірақ стресс факторлары мен адгезияға төзімділігі төмен болды. Жалпы алғанда, деректер сүтқышқылды бактериялардың пробиотикалық потенциалын кешенді бағалау кезінде қышқылдар мен өт тұздарының тұрақтылығы мен адгезиясы сияқты маңызды критерийлерді ескеру қажет екенін көрсетті. Зерттеу нәтижелері *L. acidophilus* SLA штаммын тағамға енгізуге перспективалы үміткер ретінде бағалауға мүмкіндік береді.

Түйін сөздер: сүтқышқылды бактериялар, *Lactobacillus*, пробиотикалық әлеует, қышқылға төзімділік, өт тұздары, адгезия, Тернер әдісі

Түсті: 11.12.2025. Қабылданды: 30.03.2026. Онлайн қол жетімді: 31.03.2026.

Кіріспе

Сүтқышқылды бактериялар (СҚБ) тағамдық және биотехнологиялық өндірісте маңызды рөл атқарады және қазіргі таңда пробиотикалық қасиеттері кеңінен зерттеліп отырған микроорганизмдердің негізгі тобына жатады. FAO/WHO анықтамасына сәйкес, пробиотиктер – «иесіне пайдалы әсер ететін, жеткілікті мөлшерде енгізілген тірі микроорганизмдер» [1-2]. Соңғы онжылдықта пробиотиктерге деген қызығушылық адамның асқазан-ішек жолы микробиотасын оңтайландыру, иммундық жүйені модуляциялау және тағам өнімдерінің функционалды қасиеттерін арттыру мақсаттарымен тығыз байланысты [3-6].

Пробиотикалық штаммдарды іріктеудің негізгі кезеңдерінің бірі – олардың *in vitro* жағдайында пробиотикалық әлеуетін бағалау, яғни физиологиялық және технологиялық стресс факторларына төзімділігін, сонымен қатар ішек эпителийіне адгезия қабілетін анықтау [7-9]. Пробиотиктер адамның асқазан-ішек жолында тірі қалу үшін қышқыл орта мен өт тұздарының әсеріне төтеп бере алуы тиіс. Сондықтан қышқылға және өт тұздарына төзімділік - пробиотикалық қасиеттерді бағалаудағы негізгі критерийлердің бірі болып саналады [10-13].

Асқазан сөлінің рН 2.0-3.0 диапазонында болуы көптеген бактериялар үшін летальды жағдай туғызады. Ал сүтқышқылды бактериялардың кейбір штаммдары бұл жағдайға бейімделіп, тіршілігін сақтай алады [13-16]. Сол сияқты, өт тұздары жасуша мембранасына зақым келтіріп, микробтық ақуыздарды денатурациялайды және метаболизмге кері әсер етеді. Алайда көптеген *Lactobacillus* және *Bifidobacterium* өкілдері бұл стресс жағдайына арнайы бейімделу механизмдері (мысалы, өт тұздарын гидролиздейтін ферменттер - BSH) арқылы жауап береді [17-20].

Пробиотикалық әлеуетті анықтаудың екінші маңызды көрсеткіші - ішек эпителийіне немесе муцинге адгезия қабілеті. Бұл қасиет микроорганизмдердің ішеkte ұзақ уақыт сақталуына, патогендермен бәсекеге түсуіне және биоүлбір түзу қабілетіне тікелей әсер етеді [21-22]. Адгезияны анықтау үшін көбінесе муцинмен қапталған планшеттерге жабысу, Сасо-2 немесе НТ-29 жасушалық желілерін пайдалану, сондай-ақ жасуша бетінің гидрофобтылығын және авто/коагрегация қабілетін бағалау әдістері қолданылады [23-26].

Қазіргі уақытта ішек микробиотасының бұзылуымен байланысты аурулардың көбеюі және табиғи биоконсервация тәсілдеріне қызығушылықтың артуы жаңа тиімді пробиотикалық штаммдарды іздеу қажеттілігін күшейтеді. Сондықтан әртүрлі табиғи көздерден бөлініп алынған сүтқышқылды бактериялардың қасиеттерін зерттеу және олардың пробиотикалық әлеуетін анықтау ерекше ғылыми және практикалық маңызға ие.

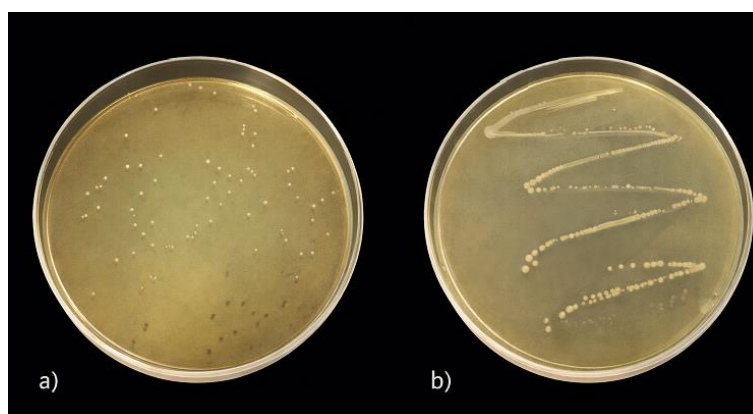
In vitro сынақтардың нәтижесінде алынған деректер пробиотикалық штаммдарды бастапқы скринингке іріктеуге мүмкіндік береді. Ал жоғары төзімділік пен жақсы адгезия көрсеткіштеріне ие изоляттар әрі қарай тағамдық матрицаларда және клиникаға дейінгі модельдерде зерттеліп, тағам өнеркәсібіне енгізуге кандидаттар ретінде қарастырылады [27-30].

Осыған байланысты, бұл зерттеудің мақсаты - таңдалған сүтқышқылды бактериялардың қышқыл және өт тұздарына төзімділігі мен адгезия қабілеттерін *in vitro* жағдайында бағалау арқылы олардың пробиотикалық әлеуетін анықтау.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Зерттеу материалдары ретінде *Lactobacillus* туысына жататын үш штамм пайдаланылды: *L. acidophilus* SLA, *L. casei* SLC және *L. bulgaricus* SSV. Барлық штаммдар MRS қоректік ортасында 37 °C температурада 18-24 сағат инкубацияланды. Штаммдардың түрлік идентификациясы 16S rRNA генінің секвенирлеу әдісі арқылы жүргізілді. 16S rRNA генінің амплификациясы әмбебап праймерлер 27F және 1492R көмегімен ПТР әдісі арқылы орындалды. Алынған ПТР өнімдері секвенирленіп, нәтижелері NCBI GenBank дерекқорындағы нуклеотидтік тізбектермен салыстырылды.

Барлық штаммдар de Man, Rogosa and Sharpe (MRS) қоректік ортасында өсірілді. Қоректік орта Himedia Laboratories Pvt. Ltd. (India) компаниясының дайын құрғақ ортасы негізінде дайындалды. Инкубация 37 °C температурада 18–24 сағат бойы жүргізілді.



Сурет 1. MRS агарда СҚБ штаммдарының өсуі. а) инкубациядан кейін колониялардың қалыптасуы. б) штрих-себу әдісімен таза дақылдарды бөлу

Қышқыл түзу белсенділігін анықтау

Қышқыл түзу белсенділігі Тернер әдісі [31] бойынша анықталды. Зерттеу алдында пайдаланылатын сүттің бастапқы титрленетін қышқылдығы анықталды. Штаммдардың белсенділігін анықтау үшін үлгілер инкубацияға қойылып, белгілі уақыт өткен соң титрленетін қышқылдығы Тернер градусымен (°T) өлшенді.

Эритроциттерге адгезияны анықтау

Штаммдардың адгезия қабілеті В. Брилиса әдісі [32] бойынша *in vitro* жағдайда зерттелді. Талдау үшін 0 (I) тобы, Rh⁺, формалинмен бекітілген адамның эритроциттері қолданылды. Эритроциттер Астана қаласындағы Қан орталығынан алынған донорлық қан үлгілерінен дайындалып, зертханалық жағдайда формалинмен бекітілді. Әр сынамада кем дегенде 5 көру өрісінде 100-ден астам эритроцит есептелді.

Орташа адгезия көрсеткіші (ОАК) бір эритроцит бетіне бекітілген микроб жасушаларының орташа саны бойынша анықталды (кемінде 50 эритроцит негізінде). Адгезия дәрежесі мынадай шкала бойынша бағаланды:

- 0-1,0 - адгезия жоқ,
- 1,01-2,0 - төмен,
- 2,01 - 4,0 - орташа,
- 4,0-тен жоғары - жоғары адгезия.

Сонымен қатар, адгезия коэффициенті және адгезияланған эритроциттердің үлесі (%) есептелді.

Өт тұздарына төзімділікті анықтау

Штаммдардың өт тұздарына төзімділігі Charteris және Begley әдістерімен анықталды [33]. Дақылдар MRS сорпасына енгізілді, 0,3% және 0,5% (w/v) концентрациясында өт тұздары (Sigma) қамтылды. 0, 2 және 4 сағаттық инкубациядан кейін (37 °C, 48 сағат инкубациядан кейін санау жүргізілді) агар ортасындағы өміршең колониялардың саны (КТБ/мл) (Колония түзуші бірліктер/мл) есептелді.

Үлгідегі рН деңгейі 8,0-ге дейін жеткізілді - бұл рН деңгейі өт және аш ішекте бөлінетін ұйқы безі шырынының физиологиялық деңгейіне сәйкес келеді (шамамен 8,0). Бұл әдіс сүтқышқылды бактериялардың табиғи жағдайларға сезімталдығын бағалауға көмектеседі.

Қышқыл мен өт әсеріне дәйекті төзімділікті анықтау

Штаммдардың асқазан (қышқыл) және ішек (өт) факторларының дәйекті әсеріне төзімділігі жоғарыда аталған дәйекті әдістер арқылы бағаланды [34]. Алдымен ол рН 2,0-3,0 буферінде 2 сағат бойы инкубацияланды, содан кейін бірден 1% өт тұзы бар ортаға ауыстырылды және тағы 4 сағат инкубацияланды. Екі кезеңнен кейін КТБ (Колония Түзуші Бірлік) есептелді және өмір сүрудің салыстырмалы пайызы анықталды.

Статистикалық өңдеу әдістері

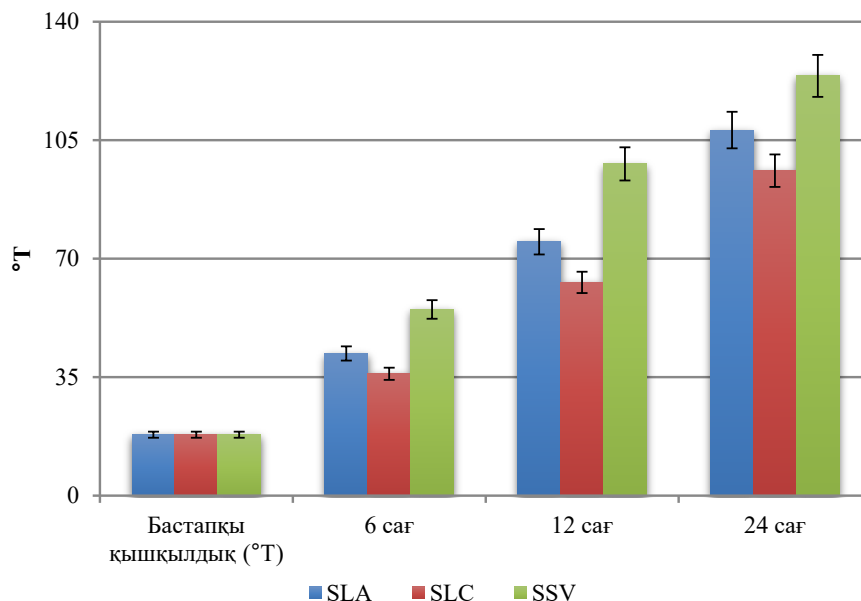
Статистикалық өңдеу Microsoft Excel 2019 және GraphPad Prism 8.0 бағдарламалары арқылы жүргізілді. Барлық тәжірибелер кемінде үш қайталымда орындалды. Нәтижелер орташа мән ± стандартты ауытқу ($M \pm SD$) түрінде көрсетілді. Топтар арасындағы айырмашылықтардың статистикалық маңыздылығы Student t-тесті арқылы бағаланды, $p < 0,05$ мәні статистикалық тұрғыдан маңызды деп қабылданды.

Нәтижелер

Зерттеу барысында *Lactobacillus acidophilus* SLA, *Lactobacillus casei* SLC және *Lactobacillus bulgaricus* SSV штаммдардың негізгі пробиотикалық қасиеттері *in vitro* жағдайында жан-жақты бағаланды. Тәжірибелер зертханалық жағдайда жүргізіліп, сонымен бірге олардың нәтижелері әртүрлі стресстік жағдайларға төзімділігі мен адгезия қабілеттерін сандық салыстыруға мүмкіндік берді.

Микробиологиялық талдаулар стандартты өсу ортасында өсірілген культуралардың колониялар түзуге қабілеттілігін, өт тұздары мен қышқылға әсерінен кейін өміршеңдігін және адгезия дәрежесін анықтады. Асқазан-ішек жолындағы жағдайларды модельдеу үшін өт қышқылдары мен тұздарға төзімділік сынақтары жүргізілді. Эритроциттердің адгезиялық сынақтары штаммдардың ішек эпителийімен байланысу қабілетінің көрсеткіші ретінде танылды.

Зерттелетін штаммдардың қышқыл түзуші белсенділігі сүт ортасында инкубациядан кейін Тернер әдісімен анықталды. Барлық штамдар инкубацияның бастапқы 24 сағатында сүттің титрленетін қышқылдығын едәуір арттырды (Сурет 2).



Сурет 2. Штаммдардың қышқыл түзу белсенділігі (°T, Тернер әдісі)

Ең жоғары қышқыл түзуші белсенділік *L. bulgaricus* SSV штаммында байқалды - 24 сағаттан кейін қышқылдық $124 \pm 3,2$ °T құрады, бұл айқын қышқыл түзуші қасиетке сәйкес келеді. *L. acidophilus* SLA және *L. casei* SLC штаммдары сәйкесінше $108 \pm 2,5$ °T және $96 \pm 3,0$ °T көрсетті.

L. bulgaricus SSV - ең жоғары қышқыл түзуші белсенділікке ие, бұл оның сүтті ашыту процестерінде белсенді рөл атқара алатынын көрсетеді. *L. acidophilus* SLA - жақсы, ал *L. casei* SLC - орташа белсенділік көрсетті. Бұл мәліметтер штаммдардың технологиялық қасиеттерін бағалауда маңызды көрсеткіш болып табылады және пробиотикалық қасиеттермен бірге кешенді түрде қарастырылды.

Қышқыл ортаға төзімділік сынақтары *L. acidophilus* SLA, *L. casei* SLC және *L. bulgaricus* SSV штаммдарының тіршілік ету қабілетінің айырмашылығын көрсетті. pH 2,0 жағдайында 2 сағат инкубациядан кейін *L. acidophilus* SLA штаммының тірі жасушаларының үлесі 82,4 % құрады, ал *L. casei* SLC - 75,6 %, *L. bulgaricus* SSV - 63,2% болды (Кесте 1).

Кесте 1

Қышқылға төзімділік нәтижелері (pH 2.0 және 2.5, 2 сағ)

Штамм	pH 2.0, КТБ 0 сағ	pH 2.0, КТБ 2 сағ	Төзімділік, %	pH 2.5, КТБ 0 сағ	pH 2.5, КТБ 2 сағ	Төзімділік, %
SLA	8,25	8,14	82,4	8,27	8,23	92,1
SLC	8,21	8,03	75,6	8,19	8,12	87,4
SSV	8,18	7,92	63,2	8,22	8,05	78,5

pH 2,5 жағдайында барлық штаммдар жоғарырақ төзімділік көрсетті: SLA - 92,1 %, SLC - 87,4 %, SSV - 78,5 %. Бұл деректер *L. acidophilus* штаммының қышқылға жоғары бейімделу қабілетіне ие екенін көрсетті.

0,3 % және 0,5 % өт тұздары жағдайында 4 сағат инкубациядан кейін *L. acidophilus* SLA ең жоғары төзімділік көрсетті ($95,8$ % және $90,4$ %), ал *L. bulgaricus* SSV төменірек

мән көрсетті (83,1 % және 75,0 %) (Кесте 2). Бұл нәтижелер штамдардың асқазаннан кейінгі ішек ортасына бейімделу қабілетінде айырмашылық бар екенін көрсетеді.

Кесте 2

Өт тұздарына төзімділік нәтижелері (4 сағат, 37 °С)

Штамм	0,3 % өт	Төзімділік, %	0,5 % өт	Төзімділік, %
SLA	8,15→8,12	95,8	8,16→8,07	90,4
SLC	8,10→8,02	89,1	8,11→7,97	83,2
SSV	8,12→7,98	83,1	8,10→7,88	75,0

3-кестеде 0,3% және 0,5% өт тұздары бар ортада 4 сағаттық инкубациядан кейін зерттелген штамдардың өміршеңдігі көрсетілген. *L. acidophilus* штаммы SLA өмір сүру деңгейі ең жоғары болды: 0,3% өт тұздары кезінде өмір сүру деңгейі - 95,8% болса, ал 0,5% өт тұздары кезінде - 90,4%-ды құрады. Бұл көрсеткіштер штаммның ішек ортасына жақсы бейімделу қабілетін растайды.

L. casei SLC штаммы 0,3% концентрацияда өт тұздарының 89,1% және 0,5% концентрацияда 83,2% тұрақтылықты көрсетті, бұл орташа деп бағаланды. Штамм *L. bulgaricus* SSV сәйкесінше - 83,1% және 75,0% мөлшерде ең төменгі нәтижеге ие болды.

Жалпы қарағанда, штамдардың төзімділігі өт тұздарының концентрациясына пропорционалды түрде төмендейтіні байқалды. Бұл сүтқышқыл бактерияларының физиологиялық қасиеттеріне және өт тұздарының жасуша мембранасына әсер ету механизміне байланысты болып табылады. *L. acidophilus* SLA штаммы кейін тағам өнімдеріне енгізуге және ішек транзитіне бейімделу тұрғысынан ең перспективалы болып саналады.

Асқазан (қышқыл) және ішек (өт тұздары) факторларына дәйекті әсер жағдайында штамдардың жалпы өмір сүру деңгейі 60-85 % аралығында болды. SLA штаммы ең жоғары көрсеткішке ие болды (84,7 %), бұл оның асқазан-ішек транзитін сәтті еңсеру мүмкіндігін дәлелдейді.

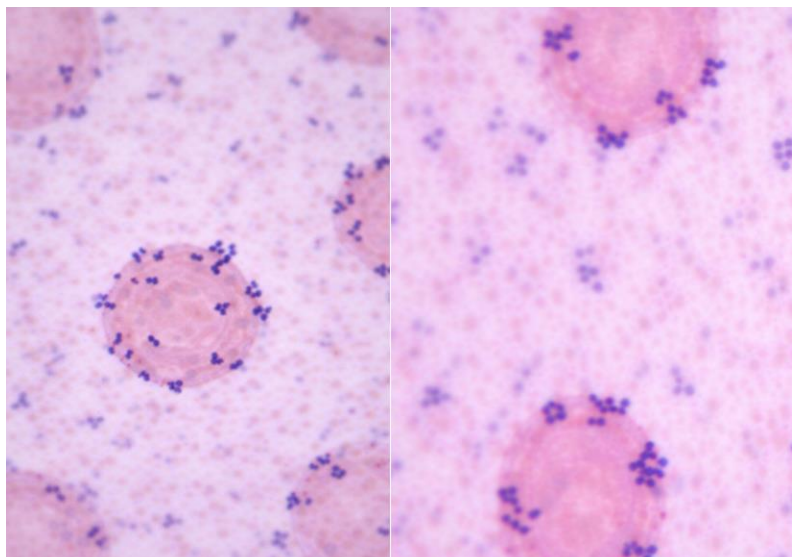
Брилис әдісімен жасалған адгезиялық сынақтар штамдар арасындағы айқын айырмашылықтарды көрсетті (Кесте 3).

Кесте 3

Штамдардың эритроциттерге адгезия белсенділігі (Брилис әдісі)

Штамм	Орташа адгезия көрсеткіші	Адгезия дәрежесі	Адгезияланған эритроциттер, %
SLA	4,3 ± 0,2	Жоғары	68,0 ± 3,1
SLC	2,7 ± 0,3	Орташа	45,2 ± 2,7
SSV	1,4 ± 0,2	Төмен	28,5 ± 2,1

L. acidophilus SLA штаммы ең жоғары адгезиялық белсенділікті көрсетті (ОАК = 4,3), бұл 68% жағдайда 100 эритроциттерде бекінудің байқалғанын көрсетеді. SLC штаммы орташа адгезияны көрсетті (ОАК = 2,7), ал SSV штаммы төмен адгезиялық белсенділікті танытты (ОАК = 1,4) (Сурет 3).



Сурет 3. *Lactobacillus* штамдарының адам эритроциттеріне адгезиясы (Брилис әдісі)

Зерттеу нәтижелері бойынша *L. acidophilus* SLA штаммы өт тұздары мен қышқылдарға жоғары төзімділікке ие және қызыл қан жасушаларына жоғары адгезия деңгейін көрсетеді. *L. casei* SLC штаммы орташа көрсеткіштерге ие болса, онда *L. bulgaricus* SSV штаммы жоғары қышқыл түзетін белсенділігіне қарамастан салыстырмалы түрде стресс пен адгезияға төзімділікке төмен көрсеткішке ие болды. Бұл деректер штаммдардың пробиотикалық потенциалын жан-жақты бағалауға және оларды тағам өнімдерінде одан әрі пайдалануға бағытталған селекцияны жүргізуге мүмкіндік береді.

Талқылау

Бұл жұмыста *Lactobacillus acidophilus* SLA, *Lacticaseibacillus casei* SLC және *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* SSV штамдарының *in vitro* жағдайындағы негізгі пробиотикалық қасиеттері жан-жақты зерттелді. Алынған нәтижелер штаммдар арасында айқын физиологиялық және технологиялық айырмашылықтардың бар екенін көрсетті. Бұл құбылыс пробиотикалық қасиеттердің көбінесе түр деңгейінен гөрі штамм деңгейінде анықталатынын көрсететін бұрынғы зерттеулермен сәйкес келеді. Мысалы, Jacobsen және бірлескен авторлар лактобациллалардың әртүрлі штаммдары арасында пробиотикалық қасиеттер бойынша айтарлықтай айырмашылықтар болатынын көрсеткен [35]. Сонымен қатар, Аууаш және бірлескен авторлар жаңа пробиотикалық штаммдарды бағалауда қышқылға төзімділік, өтке тұрақтылық және адгезия қабілеті негізгі критерийлер екенін атап өткен [36].

L. bulgaricus SSV штаммы қышқыл түзушілігі бойынша ең жоғары көрсеткішті (124 °Т) көрсетті. Бұл оның классикалық сүт өнімдерін ашыту үдерістерінде белсенді технологиялық рөл атқара алатынын көрсетеді. *L. acidophilus* SLA және *L. casei* SLC штамдарының қышқыл түзуші белсенділігі тиісінше жақсы және орташа деңгейде болды. Бұл нәтижелер *Lactobacillus* туысына тән көмірсулардың гомоферментативті ашу метаболизмімен түсіндіріледі, оның негізгі өнімі - сүт қышқылы.

Қышқылға төзімділік сынақтары SLA штаммының төмен рН жағдайында жақсы бейімделетінін көрсетті (рН 2.0 кезінде 82,4% өміршеңдік). Бұл нәтиже *L. acidophilus*

штамдарының асқазан ортасына төзімділігі жоғары болатынын көрсететін зерттеулермен сәйкес келеді. Мысалы, Рап және бірлескен авторлар *L. acidophilus* штамдарының қышқыл және өт ортасына төзімділігін зерттей отырып, олардың асқазан-ішек жолында тіршілік ету қабілеті жоғары екенін көрсеткен [37]. Сонымен қатар, Jacobsen және бірлескен авторлар пробиотикалық штамдардың қышқылға төзімділігі штамға тәуелді екенін және барлық штамдардың бірдей жоғары тұрақтылық көрсетпейтінін атап өткен [35].

Өт тұздарына төзімділікті зерттеу нәтижелері SLA штаммының физиологиялық тұрақтылығы жоғары екенін көрсетті: 0,5% өт тұздары концентрациясында оның өміршеңдігі 90,4% болды. Пробиотикалық микроорганизмдерді іріктеу кезінде мұндай көрсеткіштер маңызды критерийлердің бірі болып табылады. Begley және бірлескен авторлар өт тұздарына төзімділік көбінесе өт тұздарының гидролазасы (BSH) ферментінің белсенділігімен байланысты екенін көрсеткен [38]. Бұл фермент бактерияларға өт тұздарының уытты әсеріне бейімделуге мүмкіндік береді. Сондықтан SLA штаммының жоғары төзімділігі оның физиологиялық бейімделу механизмдерінің тиімді жұмыс істейтінін көрсетеді. Ал SLC штаммы орташа төзімділікті көрсетсе, SSV штаммы ең төменгі нәтижені көрсетті.

Қышқыл мен өт тұздарының дәйекті әсеріне төзімділік сынағы асқазан-ішек жолының жағдайын модельдеуге мүмкіндік береді. SLA штаммының бұл сынақта 84,7% өміршеңдігін сақтауы оның ішекке тірі жету ықтималдығы жоғары екенін көрсетеді. Осындай кешенді *in vitro* бағалау тәсілдері қазіргі пробиотиктерді зерттеуде кеңінен қолданылады.

Эритроциттерге адгезия сынағы нәтижелері SLA штаммының ең жоғары адгезия индексі (ОАК = 4,3) көрсеткенін анықтады. Бұл оның эпителий жасушаларына және муцин қабатына жақсы бекіну қабілетінің бар екенін көрсетеді. Адгезия пробиотиктердің маңызды қасиеттерінің бірі болып табылады, себебі ол микроорганизмдердің ішекте уақытша колонизациялануына мүмкіндік береді. Tuomola және Salminen жүргізген зерттеулерде әртүрлі *Lactobacillus* штамдарының ішек эпителий жасушаларына адгезиясы айқын штамдық айырмашылықтарға ие екені көрсетілген [39]. Сонымен қатар, зерттеушілер адгезияны зерттеудің *in vitro* әдістері пробиотиктерді бастапқы скринингтеу үшін пайдалы болғанымен, олардың нәтижелері әрқашан *in vivo* жағдайды толық сипаттай бермейтінін атап өткен.

Жалпы алғанда, алынған нәтижелер SLA штаммының пробиотикалық әлеуеті жоғары екенін көрсетті. Ол қышқылға және өт тұздарына төзімділік, дәйекті гастроинтестиналдық стресс жағдайында өміршеңдігін сақтау және салыстырмалы түрде жоғары адгезия қабілеті сияқты маңызды қасиеттерді көрсетті. Мұндай нәтижелер SLA штаммын функционалдық тағам өнімдері мен пробиотикалық биопрепараттар өндірісінде қолдануға перспективалы кандидат ретінде қарастыруға мүмкіндік береді.

Зерттеудің белгілі бір шектеулері бар. Біріншіден, барлық тәжірибелер *in vitro* жағдайында жүргізілді, сондықтан нәтижелерді *in vivo* жағдайына толық экстраполяциялау мүмкін емес. Ouwehand және Salminen пробиотикалық штамдардың нақты әсерін анықтау үшін қосымша *in vivo* зерттеулер қажет екенін атап өткен [40]. Екіншіден, адгезия эритроциттер моделі арқылы бағаланды, ал бұл модель ішек эпителийінің нақты құрылымын толық бейнелей алмайды. Сонымен қатар, зерттеуде штамдардың генетикалық ерекшеліктері, антибиотиктерге төзімділігі және антимикробтық белсенділігі қарастырылмады.

Болашақ зерттеулерде SLA, SLC және SSV штамдарының адгезиясын Caco-2 немесе HT-29 жасушалық модельдерінде зерттеу, олардың антимикробтық белсенділігін анықтау, сондай-ақ геномдық қауіпсіздігін бағалау маңызды болып табылады. Сонымен қатар, пробиотикалық әсерін нақты бағалау үшін жануарлық модельдерде немесе клиникалық зерттеулерде қосымша зерттеулер жүргізу қажет. Осы зерттеу нәтижелері *L. acidophilus* SLA штаммының асқазан-ішек жолының стресс факторларына жоғары төзімділігі мен адгезиялық қабілеті бар екенін көрсетті. Бұл оны тағам өнімдерінде қолдануға жарамды перспективалы пробиотикалық штамм ретінде қарастыруға мүмкіндік береді.

Қорытынды

Зерттеу нәтижелеріне сәйкес *L. acidophilus* SLA, *L. casei* SLC және *L. bulgaricus* SSV штамдарының пробиотикалық қасиеттері салыстырмалы түрде зерттелді. *L. acidophilus* SLA - өт тұздары мен қышқылдарға жоғары төзімділікке және жоғары адгезиялық белсенділікке ие екенін көрсетті. Бұл штамм ішек арқылы өту кезінде өмір сүру және ішек эпителийіне бекіну қабілеті бойынша ең тиімді пробиотикалық үміткер болып табылады. *L. casei* SLC - орташа төзімділік пен адгезиялық белсенділікті көрсетті, бұл оның қосымша культура немесе пробиотикалық композициялар құрамында пайдалануға лайық екенін көрсетеді. *L. delbrueckii* subsp. *bulgaricus* SSV штаммы жоғары қышқыл түзетін белсенділігіне қарамастан, стресс жағдайларына төзімділік пен адгезиялық қабілеті бойынша төмен көрсеткіштер көрсетті.

Жалпы алғанда, алынған нәтижелер сүтқышқыл бактерияларының пробиотикалық потенциалын бағалау кезінде бірнеше негізгі параметрлерді (қышқыл мен өтке төзімділік, адгезия қабілеті және қышқыл түзуші белсенділік) кешенді түрде талдаудың маңыздылығын көрсетті.

Зерттеудің ғылыми маңыздылығы сүтқышқыл бактерияларының әртүрлі штамдарының пробиотикалық қасиеттерін *in vitro* модельдер арқылы кешенді бағалау нәтижесінде олардың физиологиялық ерекшеліктері мен функционалдық әлеуетін анықтаумен байланысты. Бұл нәтижелер пробиотикалық микроорганизмдердің штаммдық деңгейдегі айырмашылықтарын түсінуге және оларды мақсатты түрде іріктеуге ғылыми негіз береді.

Зерттеудің практикалық маңыздылығы алынған деректердің функционалдық тағам өнімдерін, пробиотикалық биопрепараттарды және стартерлік мәдениеттерді әзірлеуде қолданылу мүмкіндігімен анықталады. Атап айтқанда, *L. acidophilus* SLA штаммы жоғары тұрақтылығы мен адгезиялық қасиеттеріне байланысты пробиотикалық тағам өнімдерінің құрамына енгізу үшін перспективалы кандидат ретінде қарастырылуы мүмкін. Болашақ зерттеулерде бұл штаммдардың пробиотикалық әсерін *in vivo* жағдайында, сондай-ақ олардың антимикробтық белсенділігі мен генетикалық қауіпсіздігін зерттеу маңызды болып табылады.

Авторлардың қосқан үлесі

Т.С.Т. – зерттеу тұжырымдамасын әзірледі, әдеби шолу жүргізді, зерттеу әдістемесін таңдады, зертханалық жұмысты жүргізіп, нәтижелерді талдады. Сонымен қатар, мақаланың негізгі мәтінін жазып, қорытынды бөлімін дайындады. **У.З.С.** – алынған деректерді өңдеді және кестелерді дайындауға қатысып, материалдарды редакциялауға атсалысты. Екі автор да мақаланың соңғы нұсқасын оқып, мазмұнымен толық келіседі және жұмыстың ғылыми нәтижелері үшін бірдей жауапкершілік алады.

Қаржыландыру

Бұл зерттеу мемлекеттік, коммерциялық немесе коммерциялық емес секторлардағы ешқандай қаржыландыру агенттігінен арнайы грант алған жоқ.

Мүдделер қақтығысы

Авторлар осы зерттеуге байланысты қаржылық, коммерциялық немесе өзге де мүдделер қақтығысының жоқ екенін мәлімдейді.

Этикалық нормаларды сақтау

Авторлар орындаған бұл мақалада адамдарды немесе жануарларды зерттеу объектілері ретінде пайдаланған зерттеулер жүргізілмеген.

Әдебиеттер тізімі

1. Zapasnik A, Sokołowska B, Bryła M. Role of lactic acid bacteria in food preservation and safety. *Foods*. 2022;11(9):1283. <https://doi.org/10.3390/foods11091283>
2. Wang Y, Wu J, Lv M, et al. Metabolism characteristics of lactic acid bacteria and the expanding applications in food industry. *Frontiers in bioengineering and biotechnology*. 2021;9:612285. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2021.612285>
3. Mathur H, Beresford T. P, Cotter P. D. Health benefits of lactic acid bacteria (LAB) fermentates. *Nutrients*. 2020;12(6):1679. <https://doi.org/10.3390/nu12061679>
4. Mora-Villalobos J, Montero-Zamora J, Barboza N, et al. Multi-product lactic acid bacteria fermentations: A review. *Fermentation*. 2020;6(1):23. <https://doi.org/10.3390/fermentation6010023>
5. Raman J, Kim J, Choi K, et al. Application of lactic acid bacteria (LAB) in sustainable agriculture: advantages and limitations. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022;23(14):7784. <https://doi.org/10.3390/ijms23147784>
6. Ayivi R, Gyawali R, Krastanov A, et al. Lactic acid bacteria: Food safety and human health applications. *Dairy*. 2020;1(3):202-232. <https://doi.org/10.3390/dairy1030015>
7. Kieliszek M, Pobiega K, Piwowarek K, et al. Characteristics of the proteolytic enzymes produced by lactic acid bacteria. *Molecules*. 2021;26(7):1858. <https://doi.org/10.3390/molecules26071858>
8. Barcenilla C, Ducic M, López M, et al. Application of lactic acid bacteria for the biopreservation of meat products: A systematic review. *Meat Science*. 2022; 183: 108661. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108661>
9. de Souza E, de Oliveira K, de Oliveira M. Influence of lactic acid bacteria metabolites on physical and chemical food properties. *Current Opinion in Food Science*. 2023; 49:100981. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2022.100981>
10. Yang X, Hong J, Wang L, et al. Effect of lactic acid bacteria fermentation on plant-based products. *Fermentation*. 2024;10(1):48. <https://doi.org/10.3390/fermentation10010048>
11. Zhang H., Cai Y. *Lactic Acid Bacteria: Fundamentals and Practice*. Dordrecht: Springer; 2014. 335-338 p.
12. Albuquerque-Cavalcanti de Albuquerque M.A., de Morene de LeBlanc A., LeBlanc J.G. (eds.) *Lactic Acid Bacteria: A Functional Approach*. London: Routledge; 2023. 122-125 p.
13. Kim S, Lee J, Jeong Y, et al. Antioxidant activity and probiotic properties of lactic acid bacteria. *Fermentation*. 2022;8(1):29. <https://doi.org/10.3390/fermentation8010029>
14. Vougiouklaki D, Tsironi T, Tsantes A, et al. Probiotic properties and antioxidant activity in vitro of lactic acid bacteria. *Microorganisms*. 2023;11(5):1264. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11051264>
15. Reuben R, Roy P, Sarkar S, et al. Characterization and evaluation of lactic acid bacteria from indigenous raw milk for potential probiotic properties. *Journal of dairy science*. 2020;103(2):1223-1237. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17092>

16. Jeong Y, Kim H, Lee J, et al. The antioxidant, anti-diabetic, and anti-adipogenesis potential and probiotic properties of lactic acid bacteria isolated from human and fermented foods. *Fermentation*. 2021;7(3):123. <https://doi.org/10.3390/fermentation7030123>
17. Pachla A, Ptaszyńska A, Wicha M, et al. Insight into probiotic properties of lactic acid bacterial endosymbionts of *Apis mellifera* L. derived from the Polish apiary. *Saudi Journal of Biological Sciences*. 2021;28(3):1890-1899. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.12.040>
18. Bryukhanov A, Klimko A, Netrusov A. Antioxidant properties of lactic acid bacteria. *Microbiology*. 2022;91(5):463-478. <https://doi.org/10.1134/S0026261722601439>
19. Klimko A, Cherdyntseva T, Brioukhanov A, et al. In vitro evaluation of probiotic potential of selected lactic acid bacteria strains. *Probiotics and antimicrobial proteins*. 2020;12(3):1139-1148. <https://doi.org/10.1007/s12602-019-09599-6>
20. Montet D., Ray R.C., Paramithiotis S. (eds.) *Lactic Acid Bacteria as Cell Factories: Synthetic Biology and Metabolic Engineering*. Amsterdam: 2020. 32-41 p.
21. Wang H, Li L. Comprehensive evaluation of probiotic property, hypoglycemic ability and antioxidant activity of lactic acid bacteria. *Foods*. 2022; 11(9): 1363. <https://doi.org/10.3390/foods11091363>
22. Lin J, Xiong T, Peng Z, et al. Novel lactic acid bacteria with anti-hyperuricemia ability: Screening and in vitro probiotic characteristics. *Food Bioscience*. 2022; 49: 101840. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2022.101840>
23. Terzić-Vidojević A, Veljović K, Tolinački M, et al. Diversity of non-starter lactic acid bacteria in autochthonous dairy products from Western Balkan Countries-technological and probiotic properties. *Food Research International*. 2020; 136: 109494. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109494>
24. Szutowska J. Functional properties of lactic acid bacteria in fermented fruit and vegetable juices: A systematic literature review. *European Food Research and Technology*. 2020; 246(3): 357-372. <https://doi.org/10.1007/s00217-019-03425-7>
25. Saboori B, Shahidi F, Hedayati S, et al. Investigating the probiotic properties and antimicrobial activity of lactic acid bacteria isolated from an Iranian fermented dairy product, kashk. *Foods*. 2022; 11(23): 3904. <https://doi.org/10.3390/foods11233904>
26. Ahire J, Jakkamsetty C, Kashikar M, et al. In vitro evaluation of probiotic properties of *Lactobacillus plantarum* UBLP40 isolated from traditional indigenous fermented food. *Probiotics and antimicrobial proteins*. 2021; 13(5): 1413-1424. <https://doi.org/10.1007/s12602-021-09775-7>
27. Nath S, Sikidar J, Roy M, et al. In vitro screening of probiotic properties of *Lactobacillus plantarum* isolated from fermented milk product. *Food Quality and Safety*. 2020; 4(4): 213-223. <https://doi.org/10.1093/fqsafe/fyaa026>
28. Kanauchi, M. *Lactic Acid Bacteria: Methods and Protocols*. Springer; 2019. 125-128 p.
29. Meena K, Taneja N, Jain D, et al. In vitro assessment of probiotic and technological properties of lactic acid bacteria isolated from indigenously fermented cereal-based food products. *Fermentation*. 2022; 8(10): 529. <https://doi.org/10.3390/fermentation8100529>
30. Rai R., Tamang J. P. In vitro and genetic screening of probiotic properties of lactic acid bacteria isolated from naturally fermented cow-milk and yak-milk products of Sikkim, India. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2022; 38(2): 25. <https://doi.org/10.1007/s11274-021-03215-y>
31. Turner KW, Shahani KM. Determination of acidity in dairy cultures by the Turner method. *Journal of Dairy Science*. 1974;57(6):716-720.
32. Брилис ВИ, Брилене ТА, Ленцнер ХП, Ленцнер АА. Методика изучения адгезивных свойств микроорганизмов. *Лабораторное дело*. 1986;4:210-212.
33. Charteris WP, Kelly PM, Morelli L, Collins JK. Development and application of an in vitro methodology to determine the transit tolerance of potentially probiotic *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* species in the upper human gastrointestinal tract. *Journal of Applied Microbiology*. 1998;84:759-768
34. Begley M, Hill C, Gahan CGM. Bile salt hydrolase activity in probiotics. *Applied and Environmental Microbiology*. 2006;72(3):1729-1738. <https://doi.org/10.1128/AEM.72.3.1729-1738.2006>

35. Jacobsen CN, Rosenfeldt Nielsen V, et al. Screening of probiotic activities of forty-seven strains of *Lactobacillus* spp. by in vitro techniques and evaluation of the colonization ability of five selected strains in humans. *Applied and Environmental Microbiology*. 1999;65(11):4949–4956. <https://doi.org/10.1128/AEM.65.11.4949-4956.1999>
36. Ayyash MM, Abdalla AK, AlKalbani NS, et al. Invited review: Characterization of new probiotics from dairy and nondairy products—Insights into acid tolerance, bile metabolism and tolerance, and adhesion capability. *Journal of Dairy Science*. 2021;104(8):8363–8379. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20398>
37. Pan X, Chen F, Wu T, Tang H, Zhao Z. The acid, bile tolerance and antimicrobial property of *Lactobacillus acidophilus* NIT. *Food Control*. 2009;20(6):598–602. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2008.08.019>
39. Tuomola EM, Salminen SJ. Adhesion of some probiotic and dairy *Lactobacillus* strains to Caco-2 cell cultures. *International Journal of Food Microbiology*. 1998;41(1):45–51. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(98\)00033-6](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(98)00033-6)
40. Ouwehand AC, Salminen S. In vitro adhesion assays for probiotics and their in vivo relevance: a review. *Microbial Ecology in Health and Disease*. 2000;15(4):175–184. <https://doi.org/10.1080/08910600310019886>

Оценка пробиотического потенциала молочнокислых бактерий

Т.С. Тасмаганбетова*¹, У.З. Сагындыков²

^{1,2}Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан

Аннотация. Сегодня пробиотические микроорганизмы, в том числе молочнокислые бактерии, приобретают все большее значение в пищевой промышленности и биотехнологии. Они играют важную роль в формировании микрофлоры желудочно-кишечного тракта, подавляют рост патогенных микроорганизмов, улучшают усвоение питательных веществ и способствуют общему здоровью потребителей. Эффективный отбор пробиотических штаммов основан на их физиологической стабильности (кислоты и соли желчных кислот), адгезионной способности и технологических свойствах. В связи с этим комплексная оценка пробиотического потенциала молочнокислых бактерий является важным шагом в выборе перспективных штаммов для включения в пищевые продукты. В этом исследовании использовались *Lactobacillus acidophilus* SLA, *Lacticaseibacillus casei* SLC и *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* SSV (далее *Lactobacillus* – L). Основные пробиотические свойства штаммов были всесторонне оценены in vitro. В ходе исследования методом Тернера определена кислотообразующая активность и проведены тесты на устойчивость к кислотам и солям желчного пузыря для моделирования желудочно-кишечных состояний. Способность адгезии к эритроцитам оценивалась по методу Брилиса. Согласно полученным результатам, штамм *L. acidophilus* SLA обладает высокой устойчивостью к кислотам и солям желчи (жизнеспособность при pH 2,0 – 82,4 %, жизнеспособность при 0,5% – 90,4 %) и показал высокий уровень адгезии (ОАК = 4,3). Хотя штамм *L. casei* SLC обладает средней устойчивостью и адгезионной способностью, штамм *L. bulgaricus* SSV обладал высокой кислотообразующей активностью (124°Т), но низкой устойчивостью к стрессовым факторам и адгезии. В целом, данные показали, что при комплексной оценке пробиотического потенциала молочнокислых бактерий необходимо учитывать такие важные критерии, как стабильность и адгезия кислот и желчных солей. Результаты исследования позволяют оценить штамм *L. acidophilus* SLA как многообещающего кандидата для использования в пищевых продуктах.

Ключевые слова: молочнокислые бактерии, *Lactobacillus*, пробиотический потенциал, устойчивость к кислоте, желчные соли, адгезия, метод Тернера

Assessment of the probiotic potential of lactic acid bacteria

T.S. Tasmaganbetova*¹, U.Z. Sagyndykov²

^{1,2}L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

Abstract. Today, probiotic microorganisms, including lactic acid bacteria, are becoming increasingly important in the food industry and biotechnology. They play an important role in the formation of the microflora of the gastrointestinal tract, inhibit the growth of pathogenic microorganisms, improve the absorption of nutrients, and contribute to the overall health of consumers. Effective selection of probiotic strains is based on their physiological stability (acids and salts of bile acids), adhesive ability, and technological properties. In this regard, a comprehensive assessment of the probiotic potential of lactic acid bacteria is an important step in selecting promising strains for inclusion in food products. In this study, *Lactobacillus acidophilus* SLA, *Lacticaseibacillus casei* SLC және *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* SSV (hereinafter *Lactobacillus* - L) were used. The main probiotic properties of the strains were comprehensively evaluated in vitro. During the study, the Turner method revealed the activity of acid formation and conducted tests for resistance to acids and salts of the gallbladder to simulate gastrointestinal conditions. The ability of adhesion to erythrocytes was evaluated using the Brilis method. According to the results obtained, the *L. acidophilus* SLA strain is highly resistant to acids and bile salts (viability at pH 2.0 - 82.4%, viability at 0.5% - 90.4%) and showed a high level of adhesion (UAC = 4.3). Although the *L. casei* SLC strain has medium resistance and adhesion, the *L. bulgaricus* SSV strain had high acid-forming activity (124 °T), but low resistance to stress factors and adhesion. In general, the data showed that in a comprehensive assessment of the probiotic potential of lactic acid bacteria, it is necessary to take into account such important criteria as stability and adhesion of acids and bile salts. The results of the study allow us to evaluate the *L. acidophilus* SLA strain as a promising candidate for introduction into food.

Keywords: lactic acid bacteria, *Lactobacillus*, probiotic potential, acid resistance, bile salts, adhesion, Turner method

References

1. Zapasnik A, Sokołowska B, Bryła M. Role of lactic acid bacteria in food preservation and safety. *Foods*. 2022;11(9):1283. <https://doi.org/10.3390/foods11091283>
2. Wang Y, Wu J, Lv M, et al. Metabolism characteristics of lactic acid bacteria and the expanding applications in food industry. *Frontiers in bioengineering and biotechnology*. 2021;9:612285. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2021.612285>
3. Mathur H, Beresford T. P, Cotter P. D. Health benefits of lactic acid bacteria (LAB) fermentates. *Nutrients*. 2020;12(6):1679. <https://doi.org/10.3390/nu12061679>
4. Mora-Villalobos J, Montero-Zamora J, Barboza N, et al. Multi-product lactic acid bacteria fermentations: A review. *Fermentation*. 2020;6(1):23. <https://doi.org/10.3390/fermentation6010023>
5. Raman J, Kim J, Choi K, et al. Application of lactic acid bacteria (LAB) in sustainable agriculture: advantages and limitations. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022;23(14):7784. <https://doi.org/10.3390/ijms23147784>
6. Ayivi R, Gyawali R, Krastanov A, et al. Lactic acid bacteria: Food safety and human health applications. *Dairy*. 2020;1(3):202-232. <https://doi.org/10.3390/dairy1030015>
7. Kieliszek M, Pobiega K, Piwowarek K, et al. Characteristics of the proteolytic enzymes produced by lactic acid bacteria. *Molecules*. 2021;26(7):1858. <https://doi.org/10.3390/molecules26071858>
8. Barcenilla C, Ducic M, López M, et al. Application of lactic acid bacteria for the biopreservation of meat products: A systematic review. *Meat Science*. 2022; 183: 108661. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2021.108661>
9. de Souza E, de Oliveira K, de Oliveira M. Influence of lactic acid bacteria metabolites on physical and chemical food properties. *Current Opinion in Food Science*. 2023; 49:100981. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2022.100981>

10. Yang X, Hong J, Wang L, et al. Effect of lactic acid bacteria fermentation on plant-based products. *Fermentation*. 2024;10(1):48. <https://doi.org/10.3390/fermentation10010048>
11. Zhang H., Cai Y. *Lactic Acid Bacteria: Fundamentals and Practice*. Dordrecht: Springer; 2014. 335-338 p.
12. Albuquerque-Cavalcanti de Albuquerque M.A., de Morene de LeBlanc A., LeBlanc J.G. (eds.) *Lactic Acid Bacteria: A Functional Approach*. London: Routledge; 2023. 122-125 p.
13. Kim S, Lee J, Jeong Y, et al. Antioxidant activity and probiotic properties of lactic acid bacteria. *Fermentation*. 2022;8(1):29. <https://doi.org/10.3390/fermentation8010029>
14. Vougiouklaki D, Tsironi T, Tsantes A, et al. Probiotic properties and antioxidant activity in vitro of lactic acid bacteria. *Microorganisms*. 2023;11(5):1264. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11051264>
15. Reuben R, Roy P, Sarkar S, et al. Characterization and evaluation of lactic acid bacteria from indigenous raw milk for potential probiotic properties. *Journal of dairy science*. 2020;103(2):1223-1237. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17092>
16. Jeong Y, Kim H, Lee J, et al. The antioxidant, anti-diabetic, and anti-adipogenesis potential and probiotic properties of lactic acid bacteria isolated from human and fermented foods. *Fermentation*. 2021;7(3):123. <https://doi.org/10.3390/fermentation7030123>
17. Pachla A, Ptaszyńska A, Wicha M, et al. Insight into probiotic properties of lactic acid bacterial endosymbionts of *Apis mellifera* L. derived from the Polish apiary. *Saudi Journal of Biological Sciences*. 2021;28(3):1890-1899. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.12.040>
18. Bryukhanov A, Klimko A, Netrusov A. Antioxidant properties of lactic acid bacteria. *Microbiology*. 2022;91(5):463-478. <https://doi.org/10.1134/S0026261722601439>
19. Klimko A, Cherdyntseva T, Brioukhanov A, et al. In vitro evaluation of probiotic potential of selected lactic acid bacteria strains. *Probiotics and antimicrobial proteins*. 2020;12(3):1139-1148. <https://doi.org/10.1007/s12602-019-09599-6>
20. Montet D., Ray R.C., Paramithiotis S. (eds.) *Lactic Acid Bacteria as Cell Factories: Synthetic Biology and Metabolic Engineering*. Amsterdam: 2020. 32-41 p.
21. Wang H, Li L. Comprehensive evaluation of probiotic property, hypoglycemic ability and antioxidant activity of lactic acid bacteria. *Foods*. 2022; 11(9): 1363. <https://doi.org/10.3390/foods11091363>
22. Lin J, Xiong T, Peng Z, et al. Novel lactic acid bacteria with anti-hyperuricemia ability: Screening and in vitro probiotic characteristics. *Food Bioscience*. 2022; 49: 101840. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2022.101840>
23. Terzić-Vidojević A, Veljović K, Tolinački M, et al. Diversity of non-starter lactic acid bacteria in autochthonous dairy products from Western Balkan Countries-technological and probiotic properties. *Food Research International*. 2020; 136: 109494. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109494>
24. Szutowska J. Functional properties of lactic acid bacteria in fermented fruit and vegetable juices: A systematic literature review. *European Food Research and Technology*. 2020; 246(3): 357-372. <https://doi.org/10.1007/s00217-019-03425-7>
25. Saboori B, Shahidi F, Hedayati S, et al. Investigating the probiotic properties and antimicrobial activity of lactic acid bacteria isolated from an Iranian fermented dairy product, kashk. *Foods*. 2022; 11(23): 3904. <https://doi.org/10.3390/foods11233904>
26. Ahire J, Jakkamsetty C, Kashikar M, et al. In vitro evaluation of probiotic properties of *Lactobacillus plantarum* UBLP40 isolated from traditional indigenous fermented food. *Probiotics and antimicrobial proteins*. 2021; 13(5): 1413-1424. <https://doi.org/10.1007/s12602-021-09775-7>
27. Nath S, Sikidar J, Roy M, et al. In vitro screening of probiotic properties of *Lactobacillus plantarum* isolated from fermented milk product. *Food Quality and Safety*. 2020; 4(4): 213-223. <https://doi.org/10.1093/fqsafe/fyaa026>
28. Kanauchi, M. *Lactic Acid Bacteria: Methods and Protocols*. Springer; 2019. 125-128 p.
29. Meena K, Taneja N, Jain D, et al. In vitro assessment of probiotic and technological properties of lactic acid bacteria isolated from indigenous fermented cereal-based food products. *Fermentation*. 2022; 8(10): 529. <https://doi.org/10.3390/fermentation8100529>

30. Rai R., Tamang J. P. In vitro and genetic screening of probiotic properties of lactic acid bacteria isolated from naturally fermented cow-milk and yak-milk products of Sikkim, India. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2022; 38(2): 25. <https://doi.org/10.1007/s11274-021-03215-y>
31. Turner KW, Shahani KM. Determination of acidity in dairy cultures by the Turner method. *Journal of Dairy Science*. 1974;57(6):716–720.
32. Brilis VI, Brilene TA, Lentsner HP, Lencner AA. Metodika izucheniya adgezivnykh svoystv mikroorganizmov [Technique of studying the microorganisms adhesive process]. *Laboratornoye delo [Laboratory work]* 1986;4:210-212. [In Russian]
33. Charteris WP, Kelly PM, Morelli L, Collins JK. Development and application of an in vitro methodology to determine the transit tolerance of potentially probiotic *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* species in the upper human gastrointestinal tract. *Journal of Applied Microbiology*. 1998;84:759–768
34. Begley M, Hill C, Gahan CGM. Bile salt hydrolase activity in probiotics. *Applied and Environmental Microbiology*. 2006;72(3):1729–1738. <https://doi.org/10.1128/AEM.72.3.1729-1738.2006>
35. Jacobsen CN, Rosenfeldt Nielsen V, et al. Screening of probiotic activities of forty-seven strains of *Lactobacillus* spp. by in vitro techniques and evaluation of the colonization ability of five selected strains in humans. *Applied and Environmental Microbiology*. 1999;65(11):4949–4956. <https://doi.org/10.1128/AEM.65.11.4949-4956.1999>
36. Ayyash MM, Abdalla AK, AlKalbani NS, et al. Invited review: Characterization of new probiotics from dairy and nondairy products—Insights into acid tolerance, bile metabolism and tolerance, and adhesion capability. *Journal of Dairy Science*. 2021;104(8):8363–8379. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20398>
37. Pan X, Chen F, Wu T, Tang H, Zhao Z. The acid, bile tolerance and antimicrobial property of *Lactobacillus acidophilus* NIT. *Food Control*. 2009;20(6):598–602. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2008.08.019>
39. Tuomola EM, Salminen SJ. Adhesion of some probiotic and dairy *Lactobacillus* strains to Caco-2 cell cultures. *International Journal of Food Microbiology*. 1998;41(1):45–51. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(98\)00033-6](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(98)00033-6)
40. Ouwehand AC, Salminen S. In vitro adhesion assays for probiotics and their in vivo relevance: a review. *Microbial Ecology in Health and Disease*. 2000;15(4):175–184. <https://doi.org/10.1080/08910600310019886>

Авторлар туралы мәлімет:

Тасмаганбетова Толкын Сериковна – хат-хабар авторы, докторант, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Қ. Сәтбаев көшесі, 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Сагындыков Утемурат Зулхарнаевич – биология ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, биотехнология және микробиология кафедрасы, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Қ. Сәтбаев көшесі, 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Сведения об авторах:

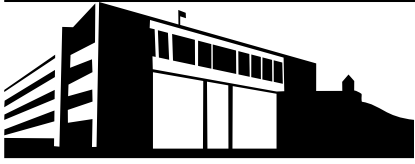
Тасмаганбетова Толкын Сериковна – автор для корреспонденции, докторант, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. К. Сатпаева, 2, 010008, Астана, Казахстан.

Сагындыков Утемурат Зулхарнаевич – кандидат биологических наук, доцент кафедры биотехнологии и микробиологии, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. К. Сатпаева, 2, 010008, Астана, Казахстан.

Authors' information:

Tasmaganbetova Tolkyn Serikovna – Corresponding author, Doctoral student, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 2 Satbayev St., 010008, Astana, Kazakhstan.

Sagyndykov Utemurat Zulkharnaevich – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 2 Satbayev St., 010008, Astana, Kazakhstan.



МРНТИ 69.09.41
Научная статья

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-63-76>

Влияние экологических факторов на иммунный статус карповых рыб и восприимчивость к заболеваниям

Н.М. Сейдалиева*¹ 

¹Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы, Казахстан

E-mail: *¹seidalieva_nagima@mail.ru

Аннотация. В представленной работе исследовано влияние ключевых экологических факторов, включающих температуру воды, концентрацию аммиака и уровень растворённого кислорода, на иммунный статус карпа (*Cyprinus carpio*) и его восприимчивость к бактериальным и паразитарным заболеваниям. Исследование основано на экспериментальном моделировании условий аквакультуры с варьированием параметров среды и последующей оценкой иммунологических показателей, таких как активность лизоцима, содержание иммуноглобулинов, фагоцитарная активность нейтрофилов, активность комплемента и уровень кортизола. Проведённая оценка физико-химических характеристик воды позволила подтвердить стабильность условий эксперимента и выделить влияние именно изучаемых стрессоров. Результаты показали, что повышение температуры до 30°C, увеличение концентрации аммиака до 1,0 мг/л и снижение уровня растворённого кислорода до 3 мг/л приводят к выраженному снижению иммунологических реакций и значительному увеличению поражённости *Aeromonas hydrophila* и *Dactylogyrus spp.* Наиболее существенные нарушения иммунного статуса наблюдались при гипоксических условиях, сопровождавшихся повышенным уровнем кортизола и максимальной интенсивностью инфекционного процесса. Эти данные свидетельствуют о ведущей роли кислородного режима в формировании устойчивости карпа к патогенам и подчёркивают необходимость оптимизации контроля качества воды в системах пресноводной аквакультуры. Полученные результаты позволяют сформулировать вывод о том, что экологические стрессоры существенно повышают восприимчивость карпа к инфекционным заболеваниям и должны рассматриваться как критический фактор в практическом рыбоводстве.

Ключевые слова: карповые рыбы, иммунный статус, экологические факторы, аммиак, гипоксия, температура воды, восприимчивость к заболеваниям

Поступила: 19.12.2025. Одобрена: 25.03.2026. Доступна онлайн: 31.03.2026.

*Автор-корреспондент

Введение

Карповые рыбы (семейство *Cyprinidae*) являются одной из наиболее ценных групп гидробионтов в пресноводной аквакультуре. Высокая экологическая пластичность, темпы роста и устойчивость к условиям содержания делают их объектом интенсивного рыбоводства. При этом современные методы выращивания отличаются высокой плотностью посадки, что увеличивает чувствительность рыб к экологическим стрессорам и инфекционным заболеваниям.

Влияние факторов окружающей среды на иммунный статус карповых рыб изучается на протяжении последних десятилетий. В ранних исследованиях было установлено, что температурные колебания способны изменять активность неспецифических защитных реакций у карпа, приводя к угнетению лизоцимной и фагоцитарной активности [1–4]. Позднее A.L. Smith et al. [5] продемонстрировали выраженное снижение фагоцитарной активности при гипоксических условиях и повышение летальности рыб под воздействием *Aeromonas spp.*

Токсическое влияние азотистых соединений, прежде всего аммиака, также многократно подтверждено экспериментально. Согласно данным Н. В. Ковалёвой [6], концентрации аммиака выше 0,7 мг/л вызывают нарушение барьерных функций эпителия, деструкцию иммунокомпетентных клеток и повышение восприимчивости к бактериальным инфекциям. Исследования последних лет [7–10] подчёркивают значимость комплексного воздействия стрессоров, которое приводит к выраженному снижению эффективности врождённого иммунитета.

Несмотря на обширность исследований, влияние сочетания температуры, кислородного режима и концентраций аммиака на иммунный статус карповых рыб и их восприимчивость к инфекционным агентам остаётся недостаточно изученным.

Целью настоящей работы являлось проведение комплексной оценки влияния ключевых экологических параметров на иммунологические показатели карпа (*Cyprinus carpio*) и определение их роли в повышении восприимчивости рыб к бактериальным и паразитарным инфекциям.

Материалы и методы исследования

Исследование проводилось на молоди карпа средней массой 35 ± 2 г, выращенной в условиях лабораторной аквасистемы. Перед началом эксперимента рыбы проходили двухнедельную адаптацию. Экспериментальная часть включала разделение особей на 10 групп с варьированием температуры воды, концентрации аммиака и уровня растворённого кислорода. Температурные режимы составляли 18, 24 и 30°C; содержание аммиака поддерживалось на уровнях 0,1, 0,5 и 1,0 мг/л; содержание растворённого кислорода – 3, 5 и 8 мг/л. Условия группы 24°C, 0,1 мг/л аммиака и 5–6 мг/л кислорода принимались за контрольные.

Определение иммунологических показателей включало оценку активности лизоцима сыворотки крови по методике R. Parry [11] в модификации А.А. Смирнова [12], содержание общих иммуноглобулинов по методу Lowry, фагоцитарную активность нейтрофилов методом латексных частиц, активность системы комплемента по стандартному гемолитическому тесту CH50, а также концентрацию кортизола методом иммуноферментного анализа.

Для оценки восприимчивости рыб использовались тест-инфекции культурами *Aeromonas hydrophila* и заражение паразитом *Dactylogyrus spp.* Интенсивность поражения определялась на 7-е и 14-е сутки по общепринятым ветеринарным шкалам.

Статистическая обработка данных выполнялась с использованием программы Statistica 13. Проверка нормальности распределения проводилась по методу Колмогорова-Смирнова. Для оценки значимости различий использовали однофакторный дисперсионный анализ (ANOVA) с последующим тестом Тьюки. Значимыми считались различия при $p < 0,05$.

Результаты

В ходе эксперимента установлено, что изменение основных экологических параметров оказывает значимое влияние на иммунологические показатели карпа, а также на их общую физиологическую реактивность. Для обеспечения корректности интерпретации полученных данных на первом этапе исследования была проведена детализированная оценка физико-химических характеристик воды во всех экспериментальных группах (Таблица 1). Такой подход позволил исключить воздействие неконтролируемых сопутствующих факторов и подтвердить стабильность условий содержания, за исключением тех параметров, которые варьировались целенаправленно. Особое внимание уделялось показателям кислотности, жёсткости и содержанию азотистых соединений, поскольку известна их чувствительность к биологическим процессам в аквакультуре и потенциальное влияние на физиологическое состояние рыб.

Таблица 1
Физико-химические параметры воды в экспериментальных группах

Показатель	Контроль	30 °С	Аммиак 1,0 мг/л	O ₂ = 3 мг/л
pH	7,4±0,1	7,3±0,1	7,5±0,1	7,4±0,1
Общая жёсткость, °dH	8,2±0,4	8,3±0,3	8,1±0,4	8,2±0,5
Нитриты, мг/л	0,02±0,001	0,03±0,002	0,04±0,002	0,02±0,001

Примечание: составлено на основании данных автора

Анализ представленных данных свидетельствует о минимальных колебаниях кислотности и жёсткости во всех вариантах опыта, что подтверждает однородность условий среды. Незначительное повышение концентрации нитритов в группе с аммиаком закономерно связано с интенсификацией процессов нитрификации, однако эти изменения не достигали уровней, способных вызвать самостоятельное воздействие на иммунный статус рыб. Таким образом, зафиксированные различия иммунологических показателей в дальнейшем следует рассматривать как прямое следствие температурного воздействия, аммиачной нагрузки или гипоксии, что и являлось задачей исследования.

Проведённые иммунологические тесты показали, что экологические стрессоры значительно влияют на активность как гуморального, так и клеточного звеньев иммунитета. Повышение температуры до 30°C, увеличение концентрации аммиака до 1,0 мг/л и снижение уровня растворённого кислорода до 3 мг/л вызывали выраженное снижение интенсивности иммунных реакций. Это отражалось на снижении уровней лизоцима, иммуноглобулинов и фагоцитарной активности, что характерно для стресс-индуцированной иммуносупрессии у рыб (Таблица 2).

Таблица 2

**Иммунологические показатели карпа
под воздействием экологических стрессоров**

Показатель	Контроль	30°C	Аммиак 1,0 мг/л	O ₂ = 3 мг/л
Лизоцим, мкг/мл	38,2±1,5	29,1±1,2	27,4±1,3	24,8±1,1
Иммуноглобулины, мг/мл	12,6±0,8	9,3±0,7	8,7±0,6	7,9±0,5
Фагоцитарная активность, %	61,4±2,1	48,2±1,9	46,7±2,0	42,5±1,8
АК комплемента, СН50	112±5	89±4	86±3	74±4
Кортизол, нг/мл	32±3	47±4	51±3	58±4

Примечание: составлено на основании данных автора

Полученные данные указывают на выраженное угнетение неспецифического иммунитета. Наиболее существенно снижалась фагоцитарная активность и активность комплемента в условиях гипоксии, что согласуется с данными литературы, свидетельствующими о ключевой роли кислородного обеспечения тканей в функционировании клеток иммунной системы.

Рост концентрации кортизола во всех экспериментальных группах подтверждает развитие системного стрессового ответа, что является типичным проявлением адаптивной реакции карповых рыб при воздействии повреждающих факторов окружающей среды. В условиях повышенной температуры и аммиачного загрязнения также наблюдалось достоверное снижение гуморальных факторов, однако наибольший эффект вновь отмечался при дефиците кислорода, что свидетельствует о доминирующем влиянии гипоксии.

Особое значение имеют результаты, отражающие изменения восприимчивости карпа к инфекционным агентам. Установлено, что снижение иммунного статуса сопровождалось увеличением частоты и интенсивности заражения бактериальными и паразитарными патогенами. В частности, отмечено усиление поражения *Aeromonas hydrophila*, а также рост численности паразитов рода *Dactylogyrus*, что указывает на снижение барьерных функций организма (Таблица 3).

Таблица 3

Интенсивность поражения инфекционными агентами на 14-е сутки эксперимента

Группа	<i>Aeromonas hydrophila</i> , баллы	<i>Dactylogyrus</i> spp., паразитов/особь
Контроль	1,2±0,1	4,1±0,3
30°C	2,6±0,2	7,4±0,5
Аммиак 1,0 мг/л	3,1±0,3	8,6±0,4
O ₂ = 3 мг/л	3,8±0,3	10,2±0,7

Примечание: составлено на основании данных автора

Наиболее высокие показатели поражения зарегистрированы у рыб, содержащихся в условиях гипоксии, что подчёркивает ведущую роль кислородного дефицита в снижении устойчивости организма. Усиление бактериальной нагрузки при уменьшении активности лизоцима и комплемента отражает нарушение механизмов неспецифической защиты. Параллельное увеличение количества паразитарных организмов связано с ослаблением местного иммунитета жабр, что создаёт благоприятные условия для инвазии. Таким

образом, результаты демонстрируют прямую взаимосвязь между физиологическими нарушениями, вызванными экологическими стрессорами, и ростом восприимчивости карпа к инфекционным агентам различной природы.

Обсуждение

Температура воды является одним из важнейших экологических факторов, влияющих на все жизненные процессы водных организмов. Как холоднокровное животное, рыба не способна самостоятельно регулировать температуру тела, поэтому её физиологические функции напрямую зависят от температуры окружающей среды. Колебания температуры воды влияют на обмен веществ, рост, активность, размножение, пищеварение, потребление кислорода и поведенческие реакции (Таблица 4).

Температура напрямую влияет на активность рыбы: в благоприятном диапазоне она проявляет повышенную подвижность, агрессивность к кормовым объектам, что важно для хищного образа жизни. При снижении температуры ниже 10°C метаболические процессы значительно замедляются. Её активность снижается, она прекращает активное питание, преимущественно находится в состоянии покоя на дне или в зарослях. В таких условиях рост прекращается, что характерно для зимнего периода в естественных водоёмах. Чрезмерно низкие температуры могут вызвать физиологический стресс, особенно у молоди или особей, находящихся в воде с недостаточным количеством кислорода [13, 14].

Таблица 4

Влияние температуры воды на физиологические процессы

Температура, °C	Состояние организма / физиологическая реакция	Комментарии по практическому значению
0–4	Летаргия, замедление метаболизма, отсутствие питания	Зимовка, рост не происходит, активность минимальна
5–9	Активация нерестового поведения, начало нереста	Оптимальный диапазон для икрометания
10–14	Развитие икры, выход личинок, низкий темп роста	Необходима стабильность температуры
15–17	Начало активного питания молоди	Важный период для обеспечения живым кормом
18–22 (оптимум)	Максимальная скорость роста, активное питание	Оптимальные условия для выращивания в прудах или УЗВ
23–25	Умеренный стресс, снижение аппетита	Требуется контроль кислорода и плотности посадки
26–28	Риск теплового стресса, гипоксии	Рекомендуется аэрация
> 28	Критическое состояние, высокая смертность	Опасные условия, особенно в замкнутых системах

Примечание: составлено на основании данных автора

Температуры выше 24–26°C считаются для карпа предельными, а при достижении 28–30°C возможно развитие теплового стресса, нарушения процессов терморегуляции, снижение растворимости кислорода в воде, что при недостаточной аэрации приводит к

гипоксии. Такие условия негативно влияют на рост, аппетит и общую сопротивляемость к болезням. Высокие температуры особенно опасны для карпа в условиях интенсивного выращивания в прудах или замкнутых системах, где ограничена возможность терморегуляции.

Температура также определяет сроки и успешность размножения карпа. Нерест обычно происходит весной, когда температура воды поднимается до 6–9°C. Именно в этот период активизируется половая функция, самки откладывают икру на затопленную растительность в прибрежной зоне. Икринки и личинки чувствительны к резким колебаниям температуры, а также к задержке прогревания воды. Повышение температуры воды до 14–16°C ускоряет развитие эмбрионов и способствует более быстрому выходу личинок. Однако при перегреве выше 18°C в период инкубации возможна гибель значительной части икры или появление дефектов развития [15, 16].

На всех стадиях развития температура воды определяет потребность карпа в кислороде. При повышении температуры метаболизм возрастает, и вместе с ним – потребление кислорода, в то время как его растворимость в воде уменьшается. Это создаёт риск возникновения критических условий для гидробионтов, особенно при высокой биомассе летом. Поэтому в тёплый период контроль температуры и кислородного режима является ключевым аспектом технологии выращивания карпа.

Таким образом, температурный режим является фактором, который регулирует не только скорость роста и потребление корма, но и определяет физиологическую устойчивость карпа к другим факторам окружающей среды. Понижение температуры может замедлить метаболизм, снизить активность и подавить иммунную реакцию организма, тогда как перегрев способен вызвать гипоксию, нарушение работы сердечно-сосудистой системы и гибель молоди [17–19].

Регуляция температурного режима в сочетании с другими параметрами – содержанием кислорода, рН, концентрацией азотистых соединений – обеспечивает создание стабильной среды, способствующей интенсивному росту, снижению уровня стресса и повышению выживаемости карпа на всех этапах его онтогенеза. Водная среда является жизненным пространством для рыб, и её физико-химические характеристики напрямую влияют на биологические процессы роста, развития, выживаемости и общего состояния организма. Основными составляющими водного режима, имеющими ключевое значение при выращивании рыб, являются концентрация растворённого кислорода, кислотно-щелочной баланс (рН) и уровень минерализации (солёности). Каждый из этих параметров оказывает своё влияние на обмен веществ, дыхание, поведение рыбы, её иммунный статус и устойчивость к заболеваниям [20, 21].

Растворённый кислород является критически важным фактором, поскольку рыбы получают необходимый для жизнедеятельности кислород непосредственно из воды путём диффузии через жабры. Оптимальная концентрация растворённого кислорода для большинства пресноводных рыб составляет 6–8 мг/л. При таком уровне обеспечивается полноценное функционирование организма, нормальная интенсивность дыхания, активное питание и рост.

Когда содержание кислорода снижается до 4–5 мг/л, у рыб начинает проявляться гипоксия – состояние кислородного голодания. Это сопровождается снижением аппетита, замедлением метаболизма, повышенной восприимчивостью к инфекциям, уменьшением прироста массы. В случае критического падения уровня кислорода до 2–3 мг/л, особенно летом при высокой температуре, возникает риск массовой гибели, особенно среди молоди.

Показатель рН определяет активность ионов водорода в воде и отражает кислотность или щелочность среды. Рыбы чувствительны даже к незначительным изменениям этого параметра. Для карпа оптимальный диапазон рН составляет 6,8–8,0. При таких значениях обеспечивается нормальная работа ферментов, стабильный осмотический обмен, эффективное поглощение кислорода через жабры и оптимальная ионорегуляция.

Снижение рН ниже 6,0 (закисление воды) приводит к нарушению функций жабр, снижению устойчивости к заболеваниям, повышению проницаемости мембран, что нарушает водно-солевой баланс. У молоди это может вызвать задержку развития и повышенную смертность. Чрезмерное повышение рН (> 8,5) также неблагоприятно: в таких условиях аммиак, присутствующий в воде, переходит в токсичную форму (NH₃), что является дополнительным стрессовым фактором для рыбы. Изменения кислотно-щелочного баланса могут быть вызваны чрезмерным развитием фитопланктона, стоком удобрений, разложением органики или недостаточным водообменом. Для регулирования рН используют известкование (для повышения), добавление органических веществ (для снижения), а также поддерживают стабильное гидрохимическое равновесие водоёма [22, 23].

Солёность воды влияет на эффективность газообмена, проницаемость клеточных мембран, работу почек и жабр. Молодь значительно более чувствительна к изменениям минерализации, чем взрослые особи. Поэтому в водохранилищах и прудах, расположенных рядом с морскими побережьями или в условиях засоленных почв, важно контролировать уровень солей в воде. Использование артезианской или частично подземной воды в системах выращивания требует предварительного анализа минерального состава.

Кислородный режим, кислотно-щелочной баланс и солёность (таблица 5) – это взаимосвязанные параметры, которые существенно влияют на жизнедеятельность карпа. Их мониторинг и поддержание в оптимальных пределах являются критически важными для обеспечения высокой продуктивности в рыбоводстве. Внедрение регулярного анализа водной среды, корректирующих мероприятий и адаптация технологических процессов к гидрохимическим условиям являются основой успешного ведения аквакультуры [24, 25].

Результаты проведённого исследования показывают, что экологические факторы, такие как температура воды, концентрация аммиака и уровень растворённого кислорода, являются критически важными регуляторами иммунного статуса карпа (*Cyprinus carpio*) и оказывают комплексное воздействие на физиологические процессы организма. Эти параметры среды влияют на различные звенья иммунитета, включая врождённые и адаптивные механизмы защиты, а также на метаболический и эндокринный статус рыб. Изменения температуры воды в пределах от 18 до 30°C приводили к значительному угнетению гуморального звена иммунитета, выражавшемуся в снижении активности лизоцима и концентрации иммуноглобулинов. Подобное влияние температуры подтверждается исследованиями A.L. Smith et al. [5], которые показали, что тепловой стресс приводит к перераспределению метаболической энергии, повышению расхода аденозинтрифосфата (АТФ) на поддержание гомеостаза и снижению синтеза иммунокомпетентных белков, что ослабляет способность организма к эффективному иммунному ответу. Повышение температуры сопровождается также усилением продукции кортизола и других стресс-гормонов, которые оказывают иммунодепрессивное действие, подавляя функцию лимфоцитов и снижая эффективность антиген-опосредованного ответа [26–28].

Таблица 5

**Влияние гидрохимических параметров на физиологическое состояние карпа
(*Cyprinus carpio*)**

Показатель	Оптимальные значения	Допустимые пределы	Влияние при отклонении от нормы
Кислород (O ₂)	6–8 мг/л	4–10 мг/л	При < 4 мг/л – гипоксия, снижение роста; при < 2 мг/л – летальность
pH	6,8–8,0	6,0–8,5	< 6 – ацидоз, подавление активности ферментов; >8,5 – токсичность аммиака
Солёность	до 1 г/л	до 2 г/л	> 2 г/л – нарушение осморегуляции, снижение аппетита и темпов роста

Примечание: составлено на основании данных автора

Воздействие аммиака оказалось ещё более выраженным и многофакторным. Увеличение концентрации аммиака до 1,0 мг/л вызывало снижение активности лизоцима и системы комплемента, что связано с токсическим действием аммиака на мембраны клеток иммунной системы и повреждением эпителиальных барьеров жабр и кожи. Данные эффекты подтверждаются результатами Н.В. Ковалёвой [6], которая показала, что аммиак нарушает целостность эпителиального покрова и уменьшает функциональную активность макрофагов, нейтрофилов и других иммунокомпетентных клеток. Кроме того, аммиак индуцирует окислительный стресс, усиливая образование свободных радикалов и инициируя повреждение белковых и липидных структур, что дополнительно снижает эффективность врождённого иммунного ответа [7, 8].

Наиболее выраженные нарушения иммунного статуса были зафиксированы при гипоксических условиях. Снижение уровня растворённого кислорода до 3 мг/л приводило к резкому падению фагоцитарной активности, снижению активности комплемента и нарушению функциональной кооперации между клетками иммунной системы. Эти изменения сопровождались значительным повышением уровня кортизола, что указывает на активацию стрессовой оси гипоталамус–гипофиз–надпочечники. Гипоксия оказывает угнетающее действие на митохондриальную функцию клеток, нарушает окислительное фосфорилирование и снижает продукцию АТФ, что ограничивает энергетические ресурсы иммунокомпетентных клеток и препятствует реализации эффективного иммунного ответа [29, 30]. В совокупности эти процессы приводят к значительному ослаблению неспецифической и специфической защиты, увеличению восприимчивости к бактериальным и паразитарным инфекциям и повышению тяжести заболевания.

Особое значение имеет взаимодействие факторов среды между собой. Повышение температуры и концентрации аммиака усиливает негативное влияние гипоксии, создавая эффект синергии стрессоров. В таких условиях наблюдается подавление всех ключевых компонентов иммунной системы одновременно: снижена активность лизоцима, уменьшен уровень иммуноглобулинов, нарушена фагоцитарная способность нейтрофилов и макрофагов, снижена активность комплемента, повышен уровень кортизола. Это приводит к существенному увеличению восприимчивости карпа к инфекционным агентам, что подтверждается экспериментальными данными по

заражению *Aeromonas hydrophila* и паразитами рода *Dactylogyrus*, где интенсивность поражения возростала многократно по сравнению с контролем.

Комплексный анализ механизмов показывает, что экологические стрессоры вызывают нарушение баланса между активацией иммунных механизмов и компенсаторными реакциями, направленными на поддержание гомеостаза. Организм пытается компенсировать угнетение иммунитета за счёт перераспределения энергетических ресурсов и активации стресс-ответа, однако эти механизмы оказываются недостаточными при длительном или комбинированном воздействии факторов. В результате наблюдается системная иммунодепрессия, увеличение вероятности вторичных инфекций и снижение общей устойчивости организма.

Основным выводом исследования является то, что экологические факторы способны значительно снижать иммунный статус карповых рыб, повышая риск возникновения бактериальных и паразитарных заболеваний. Наиболее критическим из изученных факторов является гипоксия, которая оказывает максимальное угнетающее действие на иммунитет. Эти результаты подчёркивают необходимость строгого контроля качества воды в системах аквакультуры, включая мониторинг температуры, концентрации аммиака и уровня растворённого кислорода, а также применения профилактических мероприятий для поддержания здоровья рыб и снижения риска эпизоотий. Поддержание стабильных экологических параметров является ключевым условием обеспечения иммунологического гомеостаза, сохранения продуктивности и повышения устойчивости карповых рыб в условиях интенсивного выращивания.

Заключение

Комплексное исследование влияния экологических факторов на иммунный статус карпа продемонстрировало, что изменения ключевых параметров водной среды оказывают многоуровневое и взаимосвязанное воздействие на физиологические процессы организма. Повышение температуры воды, увеличение концентрации аммиака и снижение уровня кислородного насыщения приводят к системному угнетению иммунологических реакций, затрагивая как гуморальное, так и клеточное звенья иммунитета. Полученные данные подтверждают, что даже умеренные отклонения от оптимальных условий содержания способны инициировать каскад стресс-ассоциированных реакций, сопровождающихся ростом уровня кортизола, нарушением метаболического равновесия и ослаблением защитных механизмов.

Особенно значимым является тот факт, что влияние стрессоров проявляется не только в снижении активности отдельных иммунных показателей, но и в нарушении их комплексного взаимодействия, что делает организм более уязвимым к патогенным воздействиям. Например, уменьшение активности лизоцима и комплемента способствует снижению эффективности первичных барьерных механизмов защиты, а ослабление фагоцитарной способности клеток иммунной системы ограничивает возможности организма по устранению инфекционных агентов на ранних стадиях проникновения. Эти изменения сочетаются с уменьшением уровня иммуноглобулинов, что указывает на подавление адаптивного иммунного ответа, особенно важного при длительном воздействии патогенов окружающей среды.

Сопоставление эффектов различных стрессовых факторов позволило установить, что наиболее критичным для карпа является гипоксия, оказывающая выраженное иммунодепрессивное действие. Дефицит кислорода приводит к энергетическому

голоданию тканей, нарушению окислительно-восстановительного баланса и снижению функциональной активности иммунокомпетентных клеток, что объясняет зафиксированное в ходе эксперимента наиболее резкое уменьшение фагоцитарной активности и активности комплемента именно в группе с низким содержанием растворённого кислорода. Дополнительным следствием гипоксии является повышение уровня стресс-гормонов, которые сами по себе действуют как иммунодепрессанты, усиливая негативные последствия кислородного дефицита.

Немаловажным является рост восприимчивости рыб к бактериальным и паразитарным инфекциям, сопровождающий угнетение иммунного статуса. Установлено, что при увеличении выраженности экологического стресса усиливается интенсивность поражения *Aeromonas hydrophila*, что указывает на снижение эффективности механизмов неспецифической защиты. Аналогично возрастает степень инвазии паразитами рода *Dactylogyrus*, что связано с уменьшением резистентности эпителиальных тканей жабр и нарушением локальных иммунных реакций. Таким образом, негативные изменения иммунного статуса рыб имеют прямые клинические последствия, проявляющиеся в росте частоты заболеваний и тяжести их течения.

Полученные результаты подчёркивают необходимость строгого, систематического и научно обоснованного контроля качества воды в системах аквакультуры. Регуляция температуры, предотвращение аммиачных выбросов и поддержание оптимального уровня растворённого кислорода должны рассматриваться как ключевые элементы профилактики иммунодепрессии и связанных с ней инфекционных осложнений. Применение комплексного мониторинга позволяет не только поддерживать физиологическое благополучие рыб, но и значительно снижать риск возникновения эпизоотий, повышать продуктивность и устойчивость аквакультурных систем. В целом, анализ подтверждает, что поддержание стабильных экологических параметров является критически важным условием обеспечения иммунологического гомеостаза и сохранения здоровья карповых рыб в условиях интенсивного выращивания.

Вклад авторов

С.Н.М. – концепция и руководство работой; проведение экспериментов; обсуждение результатов исследования; написание текста; редактирование текста статьи.

Конфликт интересов

Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

Соблюдение этических норм

Все процедуры, выполненные в исследованиях с участием животных, соответствовали этическим стандартам учреждения, в котором проводились исследования, и утвержденным правовым актам РК и международных организаций.

Список литературы

1. Платонов АЕ, Романов ПП, Селиванов АВ. Иммунологические реакции карпа при температурном стрессе. Вестн рыб хоз-ва. 1998;1:22–28.
2. Magnadóttir B. Innate immunity of fish: a review focusing on carp species. Fish Shellfish Immunol. 2006;20(2):137–151. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2004.09.006>
3. Xu C, Li X, Zhang T. Assessment of heavy metal accumulation and immune suppression in carp from polluted freshwater bodies. Ecotoxicol Environ Saf. 2016;132:140–146. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2016.06.004>

4. Dash P, Samal R, Pattnaik P. Waterborne ammonia toxicity and immune alterations in Indian major carp. *Environ Toxicol Pharmacol.* 2020;75:103312. <https://doi.org/10.1016/j.etap.2020.103312>
5. Smith AL, Jenkins M, Brown C. Effects of hypoxia on immune function in carp. *J Fish Biol.* 2009;75(5):1123–1136. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2009.02349.x>
6. Ковалёва НВ. Влияние аммиака на иммунный статус карповых рыб. *Аквакультура и экология.* 2018;12(3):45–53.
7. Zhou X, Li J, Wang T. Environmental stress and immune suppression in freshwater fish. *Aquac Res.* 2019;50(9):2630–2642. <https://doi.org/10.1111/are.14177>
8. Li J, Hu S, Zheng Q. Interaction of multiple stressors on cyprinid immunity. *Fish Shellfish Immunol.* 2021;113:27–36. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2021.03.019>
9. Szymańska U, Schulz C, Lutz P. Influence of stocking density on immune competence and disease outbreaks in carp aquaculture. *Aquac Int.* 2019;27(6):1729–1742. <https://doi.org/10.1007/s10499-019-00434-1>
10. Hoseinifar SH, Sun Y, Caipang CMA. Dietary prebiotics and their immunomodulatory effects in carp species. *Aquac Nutr.* 2015;21(3):331–340. <https://doi.org/10.1111/anu.12175>
11. Parry R, Richards R. Lysozyme activity in fish serum. *Comp Biochem Physiol.* 1965;14:31–36.
12. Смирнов АА. Оценка активности лизоцима сыворотки крови рыб: методические рекомендации. М.; 2016.
13. Turchini GM, Torstensen BE. Fish oil replacement in aquafeeds. *Rev Aquac.* 2009;1:10–57. <https://doi.org/10.1111/j.1753-5131.2008.01001.x>
14. Lowry OH, Rosebrough NJ, Farr AL. Protein measurement with the Folin reagent. *J Biol Chem.* 1951;193:265–275.
15. Adamek M, Steinhagen D, Irnazarow I. Environmental factors affecting susceptibility of common carp to parasitic diseases. *J Appl Ichthyol.* 2012;28(5):837–844. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0426.2012.02012.x>
16. Wiegertjes GF et al. Immunogenetics of disease resistance in carp. *Aquaculture.* 1996;146(1–2):15–30. [https://doi.org/10.1016/S0044-8486\(96\)01393-7](https://doi.org/10.1016/S0044-8486(96)01393-7)
17. Huang W, Zhao H, Yang Z. Seasonal variation of immune activity in carp. *Aquac Res.* 2020;51(12):5268–5277. <https://doi.org/10.1111/are.14857>
18. Rebl A et al. Transcriptome changes after heat stress in common carp. *Fish Shellfish Immunol.* 2018;76:314–322. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2018.03.025>
19. Barton BA. Stress in fishes. *Comp Biochem Physiol B.* 2002;132(3):417–426. [https://doi.org/10.1016/S1096-4959\(02\)00019-1](https://doi.org/10.1016/S1096-4959(02)00019-1)
20. Cortés R et al. Immune and metabolic responses under low oxygen. *Comp Biochem Physiol A.* 2019;227:75–82. <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2018.11.004>
21. Salah AS et al. Effects of salinity fluctuations on immune gene expression in carp. *Aquaculture.* 2021;540:736719. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2021.736719>
22. Mukhacheva AS. *Aquatic toxicology and fish physiology.* Oxford: Elsevier; 2021. <https://doi.org/10.1016/C2019-0-01234-5>
23. Zhang D, Chen L, Zhou Y. Oxidative stress responses in carp. *Fish Physiol Biochem.* 2017;43(4):1023–1034. <https://doi.org/10.1007/s10695-017-0349-2>
24. Arlinghaus R. Management of pike fisheries in Europe. *Fish Manag Ecol.* 2008;15:173–186. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2400.2008.00606.x>
25. Kumar N et al. Probiotic supplementation enhances disease resistance in carp. *J Appl Microbiol.* 2018;124(5):1325–1338. <https://doi.org/10.1111/jam.13724>
26. Wendelaar Bonga SE. The stress response in fish. *Physiol Rev.* 1997;77(3):591–625. <https://doi.org/10.1152/physrev.1997.77.3.591>
27. Iwama GK et al. Are hsp90 suitable for indicating stressed states in fish? *J Exp Biol.* 2011;214(1):15–24. <https://doi.org/10.1242/jeb.051961>
28. Yang M et al. Impact of agricultural runoff on oxidative stress in carp. *Environ Pollut.* 2022;292:118323. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.118323>

29. Ellis AE. Innate host defense mechanisms of fish. *Dev Comp Immunol.* 2001;25(8-9):827-839. [https://doi.org/10.1016/S0145-305X\(01\)00038-5](https://doi.org/10.1016/S0145-305X(01)00038-5)

30. Tort L. Stress and immune modulation in fish. *Dev Comp Immunol.* 2011;35(12):1366-1375. <https://doi.org/10.1016/j.dci.2011.07.002>

Экологиялық факторлардың тұқы тұқымдас балықтардың иммундық жағдайына және ауруларға сезімталдығына әсері

Н.М. Сейдалиева*¹

¹ *Әл-Фараби атындағы Қазақ Ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан*

Андатпа. Бұл жұмыста су температурасы, аммиак концентрациясы және еріген оттегінің деңгейі сияқты негізгі экологиялық факторлардың тұқы балығының (*Cyprinus carpio*) иммундық жағдайына және бактериалды және паразитарлы ауруларға сезімталдығына әсері зерттелді. Зерттеу су шаруашылығы жағдайларын эксперименттік модельдеу және орта параметрлерін өзгерту арқылы жүргізілді, кейін иммунологиялық көрсеткіштерді бағалау жасалды, оның ішінде лизоцим белсенділігі, иммуноглобулин деңгейі, нейтрофилдердің фагоцитарлы белсенділігі, комплемент жүйесінің белсенділігі және кортизол деңгейі. Судың физико-химиялық сипаттамаларын бағалау эксперименттік жағдайлардың тұрақтылығын растады және зерттелген стресс факторларының әсерін бөліп көрсетуге мүмкіндік берді. Нәтижелер көрсеткендей, температураны 30°C дейін көтеру, аммиак концентрациясын 1,0 мг/л дейін арттыру және еріген оттегінің деңгейін 3 мг/л дейін төмендету иммундық реакциялардың айқын төмендеуіне және *Aeromonas hydrophila* және *Dactylogyrus* spp. әсеріне едәуір ұлғаюына әкелді. Иммундық жағдайдың ең айқын бұзылуы гипоксиялық жағдайларда байқалды, бұл кезде кортизол деңгейінің жоғарылауы және инфекциялық процестің максималды қарқындылығы тіркелді. Бұл деректер тұқы балығының патогендерге төзімділігін қалыптастыруда оттегі режимінің негізгі рөлін көрсетеді және тұщы су аквакультурасы жүйелерінде су сапасын бақылауды оңтайландыру қажеттілігін атап көрсетеді. Алынған нәтижелер экологиялық стресс факторларының тұқы балығының инфекциялық ауруларға сезімталдығын айтарлықтай арттыратынын және оларды практикалық балық өсіруде маңызды фактор ретінде қарастыру керектігін көрсетеді.

Түйін сөздер: тұқы тұқымдас балықтар, иммундық жағдай, экологиялық факторлар, аммиак, гипоксия, су температурасы, ауруларға сезімталдық

Influence of environmental factors on the immune status of cyprinid fish and susceptibility to diseases

N.M. Seidaliyeva*¹

¹ *al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan*

Abstract. This study investigated the influence of key environmental factors, including water temperature, ammonia concentration, and dissolved oxygen levels, on the immune status of common carp (*Cyprinus carpio*) and their susceptibility to bacterial and parasitic diseases. The research was based on experimental modeling of aquaculture conditions with controlled variation of environmental parameters, followed by assessment of immunological indicators such as lysozyme activity, immunoglobulin content, neutrophil phagocytic activity, complement activity, and cortisol levels. Evaluation of the physicochemical characteristics of water confirmed the stability of experimental conditions and allowed isolation of the effects of the studied stressors. The results showed that an increase in temperature to 30°C, ammonia concentration to 1.0 mg/L, and a decrease in dissolved oxygen to 3 mg/L led to a pronounced suppression of immune responses and a significant increase in susceptibility to *Aeromonas hydrophila* and *Dactylogyrus* spp. The most substantial impairment of immune status was observed under hypoxic

conditions, accompanied by elevated cortisol levels and maximal intensity of the infectious process. These findings highlight the key role of oxygen regimes in forming carp resistance to pathogens and emphasize the necessity of optimizing water quality control in freshwater aquaculture systems. The results allow the conclusion that environmental stressors significantly increase carp susceptibility to infectious diseases and should be considered a critical factor in practical fish farming.

Keywords: cyprinid fish, immune status, environmental factors, ammonia, hypoxia, water temperature, susceptibility to diseases

References

1. Platonov AE, Romanov PP, Selivanov AV. Immunologicheskie reakcii karpa pri temperaturnom stresse [Immunological reactions of carp under temperature stress]. Vestnik rybnogo khozjajstva [Bulletin of Fisheries]. 1998;1:22–28. [in Russian]
2. Magnadóttir B. Innate immunity of fish: a review focusing on carp species. Fish Shellfish Immunol. 2006;20(2):137–151. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2004.09.006>
3. Xu C, Li X, Zhang T. Assessment of heavy metal accumulation and immune suppression in carp from polluted freshwater bodies. Ecotoxicol Environ Saf. 2016;132:140–146. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2016.06.004>
4. Dash P, Samal R, Pattnaik P. Waterborne ammonia toxicity and immune alterations in Indian major carp. Environ Toxicol Pharmacol. 2020;75:103312. <https://doi.org/10.1016/j.etap.2020.103312>
5. Smith AL, Jenkins M, Brown C. Effects of hypoxia on immune function in carp. J Fish Biol. 2009;75(5):1123–1136. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2009.02349.x>
6. Kovalyova NV. Vliyanie ammiaka na immunnyj status karpovykh ryb [Effect of ammonia on the immune status of cyprinid fish]. Akvakultura i ekologiya [Aquaculture and Ecology]. 2018;12(3):45–53. [in Russian]
7. Zhou X, Li J, Wang T. Environmental stress and immune suppression in freshwater fish. Aquac Res. 2019;50(9):2630–2642. <https://doi.org/10.1111/are.14177>
8. Li J, Hu S, Zheng Q. Interaction of multiple stressors on cyprinid immunity. Fish Shellfish Immunol. 2021;113:27–36. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2021.03.019>
9. Szymańska U, Schulz C, Lutz P. Influence of stocking density on immune competence and disease outbreaks in carp aquaculture. Aquac Int. 2019;27(6):1729–1742. <https://doi.org/10.1007/s10499-019-00434-1>
10. Hoseinifar SH, Sun Y, Caipang CMA. Dietary prebiotics and their immunomodulatory effects in carp species. Aquac Nutr. 2015;21(3):331–340. <https://doi.org/10.1111/anu.12175>
11. Parry R, Richards R. Lysozyme activity in fish serum. Comp Biochem Physiol. 1965;14:31–36.
12. Smirnov AA. Ocenka aktivnosti lizocimi syvorotki krovi ryb: metodicheskie rekomendacii [Assessment of lysozyme activity in fish blood serum: methodological guidelines]. Moscow: Nauchnoye izdatelstvo “Biologiya”; 2016. 28 p. [in Russian].
13. Turchini GM, Torstensen BE. Fish oil replacement in aquafeeds. Rev Aquac. 2009;1:10–57. <https://doi.org/10.1111/j.1753-5131.2008.01001.x>
14. Lowry OH, Rosebrough NJ, Farr AL. Protein measurement with the Folin reagent. J Biol Chem. 1951;193:265–275.
15. Adamek M, Steinhagen D, Irnazarow I. Environmental factors affecting susceptibility of common carp to parasitic diseases. J Appl Ichthyol. 2012;28(5):837–844. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0426.2012.02012.x>
16. Wiegertjes GF, Stet RJ, Parmentier HK, van Muiswinkel WB. Immunogenetics of disease resistance in carp: a review. Aquaculture. 1996;146(1–2):15–30. [https://doi.org/10.1016/S0044-8486\(96\)01393-7](https://doi.org/10.1016/S0044-8486(96)01393-7)
17. Huang W, Zhao H, Yang Z. Seasonal variation of immune activity in carp under natural environmental fluctuations. Aquac Res. 2020;51(12):5268–5277. <https://doi.org/10.1111/are.14857>

18. Rebl A, Korytář T, Goldammer T. Transcriptome changes after heat stress in common carp indicate modulation of innate immunity. *Fish Shellfish Immunol.* 2018;76:314–322. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2018.03.025>
19. Barton BA. Stress in fishes: a diversity of environmental stressors and their physiological consequences. *Comp Biochem Physiol B.* 2002;132(3):417–426. [https://doi.org/10.1016/S1096-4959\(02\)00019-1](https://doi.org/10.1016/S1096-4959(02)00019-1)
20. Cortés R, Teles M, Trídico R. Immune and metabolic responses in carp subjected to chronic low dissolved oxygen. *Comp Biochem Physiol A.* 2019;227:75–82. <https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2018.11.004>
21. Salah AS, Cabral P, Lin YC, Fernandes JMO. Effects of salinity fluctuations on immune gene expression in common carp. *Aquaculture.* 2021;540:736719. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2021.736719>
22. Mukhacheva AS. *Aquatic toxicology and fish physiology.* Oxford: Elsevier; 2021. 320 p. <https://doi.org/10.1016/C2019-0-01234-5>
23. Zhang D, Chen L, Zhou Y. Oxidative stress responses in carp exposed to variable temperature regimes. *Fish Physiol Biochem.* 2017;43(4):1023–1034. <https://doi.org/10.1007/s10695-017-0349-2>
24. Arlinghaus R. Management of pike fisheries in Europe. *Fish Manag Ecol.* 2008;15:173–186. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2400.2008.00606.x>
25. Kumar N, Baruah K, Bossier P. Probiotic supplementation enhances disease resistance in carp under stress-inducing environmental conditions. *J Appl Microbiol.* 2018;124(5):1325–1338. <https://doi.org/10.1111/jam.13724>
26. Wendelaar Bonga SE. The stress response in fish. *Physiol Rev.* 1997;77(3):591–625. <https://doi.org/10.1152/physrev.1997.77.3.591>
27. Iwama GK, Afonso LOB, Todgham A, Ackerman P, Nakano K. Are hsps suitable for indicating stressed states in fish? *J Exp Biol.* 2011;214(1):15–24. <https://doi.org/10.1242/jeb.051961>
28. Yang M, Zhang L, Liu J. Impact of agricultural runoff on oxidative stress and immune parameters in carp. *Environ Pollut.* 2022;292:118323. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.118323>
29. Ellis AE. Innate host defense mechanisms of fish against viruses and bacteria. *Dev Comp Immunol.* 2001;25(8–9):827–839. [https://doi.org/10.1016/S0145-305X\(01\)00038-5](https://doi.org/10.1016/S0145-305X(01)00038-5)
30. Tort L. Stress and immune modulation in fish. *Dev Comp Immunol.* 2011;35(12):1366–1375. <https://doi.org/10.1016/j.dci.2011.07.002>

Сведения об авторах:

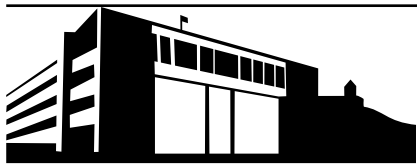
Сейдалиева Нағима Маратбековна – автор для корреспонденции, PhD докторант, старший преподаватель кафедры зоологии, гистологии и цитологии, факультета биологии и биотехнологии, Казахского национального университета имени аль-Фараби. Проспект аль-Фараби, 71, 050040, Алматы, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Сейдалиева Нағима Маратбекқызы – хат-хабар авторы, PhD докторант, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Биология және биотехнология факультеті, Зоология, гистология және цитология кафедрасының аға оқытушысы, әл-Фараби даңғылы, 71, 050040, Алматы, Қазақстан.

Authors' information:

Seidaliyeva Nagima – Corresponding author, PhD student, Senior Lecturer, Department of Zoology, Histology and Cytology, Faculty of Biology and Biotechnology, al-Farabi Kazakh National University. al-Farabi Avenue, 71, 050040, Almaty, Kazakhstan.



МРНТИ 34.15.01

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-77-92>

Обзорная статья

Модификация генома растений с применением ДНК-технологий: прогресс в области доставки экзогенных ДНК

Е.В. Дейнеко*¹, А.Н. Кеңес², Б.Б. Тойлыбай³,
Г.С. Ташкентбаева⁴, Р.М. Турпанова*⁵

¹Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», Новосибирск, Россия.
^{1,2,3,4,5}Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан

E-mail: *¹deineko@bionet.nsc.ru, ²akerke_kenes@mail.ru, ³bigaishatoilybai@gmail.com,
⁴gulzamalsanzar@gmail.com, *⁵rauza_enu@mail.ru

Аннотация. Рассматриваются данные о доставке фрагментов экзогенных ДНК, используемых в ДНК-технологиях в качестве кассет экспрессии гетерологичных генов при создании трансгенных растений, либо в качестве инструментов для модификации геномов растений с применением методов геномного редактирования. Основной акцент сделан на рассмотрении методов доставки *in planta*, позволяющих исследователям миновать стадию культивирования растительных, включающую этап дезинтеграции растительных тканей до каллусных культур с последующим восстановлением в условиях *in vitro* растений-регенерантов. Именно этот этап модификации растительных геномов с применением современных ДНК-технологий в настоящее время привлекает внимание многих исследовательских групп. Приведены данные о перспективности использования вирусных векторов для транзientной доставки инструментов геномного редактирования в растительные клетки. Обсуждаются возможности и некоторые недостатки этой технологии, а также перспективы ее применения для сельскохозяйственных видов растений.

Ключевые слова: генетическая инженерия, геномное редактирование, трансген, методы доставки *in planta*, *floral dip*, вирусный вектор, индуцированное вирусом редактирование генома

Введение

Прошло немногим более тридцати лет с момента получения первого генетически модифицированного растения, предназначенного для коммерческих целей – трансгенного томата, получившего название Flavr Savr (Хранитель вкуса) [1]. В геном этого растения был перенесен фрагмент ДНК, включающий часть гена, кодирующего

Поступила: 22.12.2025. Одобрена: 24.02.2026. Доступна онлайн: 31.03.2026.

*Автор-корреспондент

биосинтез фермента полигалактуроназы, расположенный в составе генетической конструкции в обратной ориентации к собственному (аутентичному) растительному гену. Такое расположение гомологичных генов по отношению друг к другу стимулировало запуск механизма интерференции и приводило к разрушению продуктов его экспрессии на уровне мРНК. Так как фермент полигалактуроназы принимает участие в процессах распада пектина при созревании плодов, то его уменьшение в тканях плодов томатов обеспечивало более длительный срок их хранения.

В последующие несколько лет после регистрации первого сорта генетически модифицированного растения томата, успешно прошли испытания и другие виды растений, рекомендованные для коммерциализации. Так, например, уже к 1996 г. площади посевов, занимаемых устойчивыми к гербицидам сортами сои и канолы, а также сортами кукурузы, хлопчатника и картофеля, устойчивыми к насекомым-вредителям, составили почти 1,7 млн га в США и Канаде [2]. В последующие годы отмечен неуклонный рост площадей, занимаемых генетически модифицированными культурами. К настоящему времени площади, занимаемые под генетически модифицированными культурами, продолжают расти и достигли уже более 200 млн га [3]. Всего на этих площадях в 27 странах возделывается 10 сортов генетически модифицированных видов растений, доминирующими среди которых являются соя, занимающая 98.9 млн га и кукуруза – 66,2 млн га.

Наряду с улучшением хозяйственно-ценных характеристик важных продовольственных культур, модификация генома растений методами генетической инженерии получила широкое применение в биотехнологии, в частности в биофармацевтике, для биосинтеза рекомбинантных белков. На сегодняшний день это один из быстро развивающихся сегментов экономики, называемый иногда молекулярным фермерством. Мощное развитие за последнее десятилетие получило второе направление молекулярного фермерства, связанное с наработкой в растениях рекомбинантных белков на основе транзientной экспрессии. Благодаря максимально сжатым срокам от момента выделения антигенной последовательности до наработки больших количеств антигенов [4] это направление открыло широкие возможности для крупномасштабного производства растительных вакцин, особенно при необходимости экстренного реагирования [5].

В основе методов, позволяющих модифицировать геномы растений, были положены технологии рекомбинантных ДНК, включающие клонирование представляющих интерес для исследователя генов из различных гетерологичных систем (вирусы, бактерии, растения, животные и человек) и перенос их в составе искусственно созданных генетических конструкций в геномы растений. ДНК-технологии были достаточно быстро подхвачены практикой и за последующие 30 лет после создания первого коммерческого сорта мировым сообществом исследователей были получены сорта с улучшенными характеристиками хозяйственно-ценных признаков, а также разработаны технологии наработки рекомбинантных белков, в том числе и медицинского назначения.

Следующим этапом в развитии методов модификации растительных геномов, открывшем новые перспективы для исследователей, послужило открытие механизма, позволяющего бактериям целенаправленно разрушать ДНК бактериофагов, используя при этом ранее сохраненные копии фаговой ДНК в специфическом районе своего

генома, получившего название (CRISPR - Clustered Regularly Interspaced Palindromic Repeats) [6]. Именно эта особенность послужила основой для создания инструмента для целенаправленного внесения двуцепочечных разрывов в выбранном районе-мишени молекулы ДНК и развития технологии направленной модификации геномов, получившей название геномного редактирования. Суть этого подхода состоит в создании генетической конструкции, включающей участок ДНК, комплементарный району гена-мишени в геноме модифицируемого растения, в котором предполагается произвести двуцепочечный разрез. В качестве «молекулярных ножниц» для осуществления таких разрезов выступают нуклеазы, в частности, нуклеаза Cas9 из *Streptococcus pyogenes*. Таким образом, в результате экспрессии, доставленной и интегрированной в геном растения генетической конструкции, нуклеаза Cas9 направляется к сайту-мишени посредством направляющей мРНК (нРНК) и осуществляет в нем двуцепочечный разрез. После восстановления этого разреза репарационными системами клетки, в этом районе могут быть выявлены нарушения в составе последовательности нуклеотидов (делеции, вставки и нуклеотидные замены), приводящие к мутациям соответствующих генов. Следует обратить особое внимание на тот факт, что при нокаутировании целевых генов все фрагменты чужеродной ДНК, объединенные в составе генетической конструкции и обозначаемые иногда как инструменты геномного редактирования, и мутации, индуцированные этими инструментами, могут быть распределены в разные гаметы в результате комбинаторных событий в мейозе. Таким образом, растения с нокаутами, приводящими к улучшению хозяйственно ценных признаков, не несут в геноме дополнительных фрагментов чужеродных ДНК. В настоящее время ДНК-технология с применением CRISPR/Cas привлекает все более пристальное внимание исследователей как революционная технология, позволяющая модифицировать геномы растений в соответствии с необходимостью улучшения их характеристик в связи с изменяющимися условиями окружающей среды [7]. На рисунке 1 схематично представлены основные этапы ДНК-технологий, применяемых исследователями для улучшения тех или иных характеристик у растений, в том числе и у их хозяйственно ценных видов.

В целом, технология создания трансгенных растений с применением генно-инженерных методов включает 4 основных этапа, направленных на поиск целевого гена, его клонирование и создание генетической конструкции (1 этап) с последующим ее переносом на втором этапе в геном растения с применением различных методов доставки – векторная и биобаллистическая трансформация (Рисунок 1, А). Третий этап связан с отбором трансформированных клеток на селективных средах с добавлением селективных агентов (антибиотики, гербициды и др.) и восстановлением из них в условиях *in vitro* полноценных растений-трансформантов. Следует отметить, что этот этап представляется не только как наиболее продолжительный или время затратный по сравнению с двумя предшествующими этапами, но и приложимый не ко всем видам растений, в частности к тем, для которых процедура восстановления полноценных растений из клеточной культуры недостаточно разработана или совсем отсутствует. Четвертый этап получения трансгенных растений применением ДНК-технологий связан с анализом полученных *in vitro* растений-трансформантов и подтверждением их трансгенного статуса с применением методов молекулярно-биологического анализа, а также дальнейшей адаптацией к условиям выращивания в грунте и тестированием улучшенных характеристик с применением соответствующих методов и подходов.

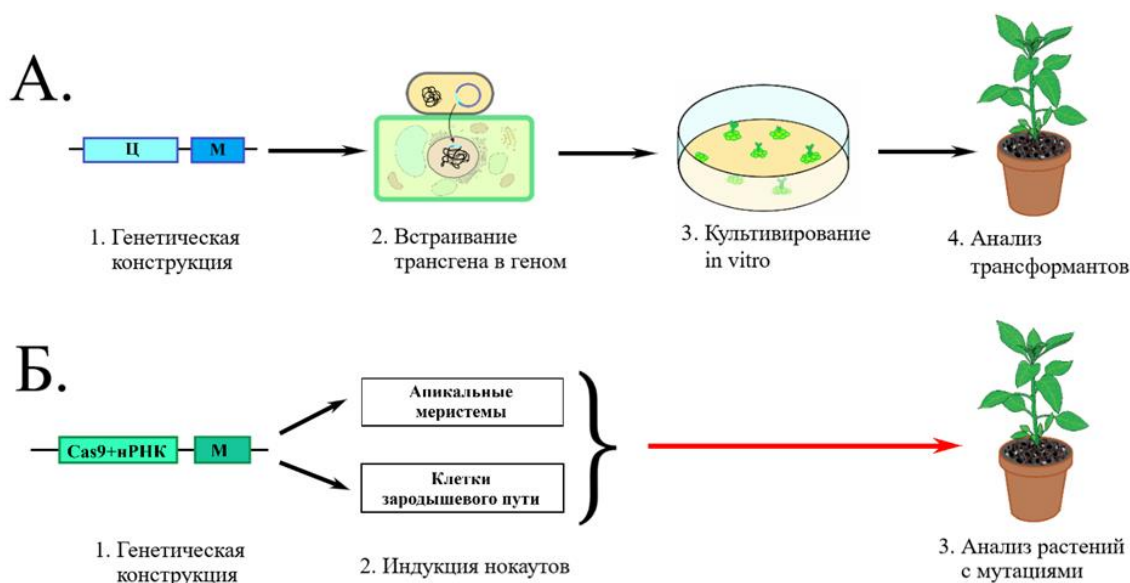


Рисунок 1. Основные этапы модификации генома растений с применением ДНК-технологий. **А)** модификация генома с применением генетической инженерии; **Б)** модификация геномов с применением геномного редактирования; Ц – целевой ген; М – маркерный ген; Cas9-нРНК – инструмент для геномного редактирования

Технология модификации генов растений с применением геномного редактирования (Рисунок 1, Б) включает работы по созданию инструментария для проведения нокаутов целевых генов (этап 1), которые могут быть далее доставлены в геном растения двумя путями – с использованием векторной или биобаллистической доставки. Тот факт, что доставленные инструменты для геномного редактирования представляются необходимыми только на стадии нокаутирования целевого гена, стимулировало исследователей на поиск новых способов доставки инструментов непосредственно к целевым тканям растения, позволяющих исключить стадию их дезинтеграции для последующего отбора клеток с мутациями и восстановлением из них полноценных растений с мутантным фенотипом. Именно этот этап модификации геномов с применением современных ДНК-технологий привлекает внимание многих исследовательских групп, поскольку возможность исключения стадии культивирования *in vitro* существенно упрощает сам процесс модификации растительных геномов, что представляется чрезвычайно важным для модификации геномов хозяйственно-ценных видов растений, а также тех видов растений, для которых протоколы регенерации полноценных растений затруднены или слабо разработаны. Таким образом, на втором этапе создания растений с мутациями по целевым генам-мишеням исследователями могут быть использованы не только уже хорошо зарекомендовавшие себя способы агробактериальной и биобаллистической трансформации, но и методы доставки *in planta*, ориентированные в дальнейшем на исключение стадии 3, связанной с культивированием растительных тканей *in vitro*, и переходом к стадии 4, нацеленной на тестирование индуцированных мутаций у полученных отредактированных растений.

В предлагаемом обзоре основное внимание будет сосредоточено на развитии методов доставки экзогенных ДНК при модификации растений с применением ДНК-технологий, связанных с доставкой *in planta*, т.е. при исключении стадии культивирования *in*

in vitro. Так как доставка инструментов для геномного редактирования и генетических конструкций при создании трансгенных растений с применением метода «floral dip» рассмотрены нами ранее [8], в данном обзоре акцент будет сделан на другие методы и подходы, обеспечивающие доставку экзогенных ДНК в геномы растительных клеток, исключая стадии культивирования модифицированных клеток *in vitro*.

Методы трансформации растений *in planta*

Концепция трансформации *in planta*

Генетическая трансформация многих видов растений, основанная на подходах культивирования трансформируемых растительных клеток и тканей, культивируемых *in vitro*, может быть трудоемким процессом, требующим асептических условий и регенерации растений-трансформантов. Необходимо отметить, что в отличие от традиционных методов, стратегии *in planta* практически не требуют длительного нахождения эксплантов *in vitro*, однако очень сильно различаются между собой по своим механизмам действия, а также по типам целевых органов [9-11]. В связи с этим, концепция трансформации *in planta* была пересмотрена группой исследователей под руководством доктора Луизы Донахью, которые переопределили этот процесс как способ генетической трансформации растений с отсутствием или минимальными этапами культивирования тканей *in vitro* [12]. Рассмотрим некоторые примеры трансформации растительных тканей согласно этой концепции. Общей чертой, объединяющей все нижеприведенные примеры, является тот факт, что ткани-мишени, в которые доставляются генетические конструкции или инструменты геномного редактирования, обладают высоким морфогенетическим потенциалом (меристемы), либо относятся к тканям генеративных путей растений (семяпочки, пыльники, пыльца, яйцеклетка).

Трансформация *in planta* без культивирования *in vitro*

На рисунке 2 представлены примеры использования для трансформации различных тканей-мишеней, позволяющих миновать этап культивирования растительных тканей *in vitro*. К таким типам тканей относятся ткани генеративного пути растений.

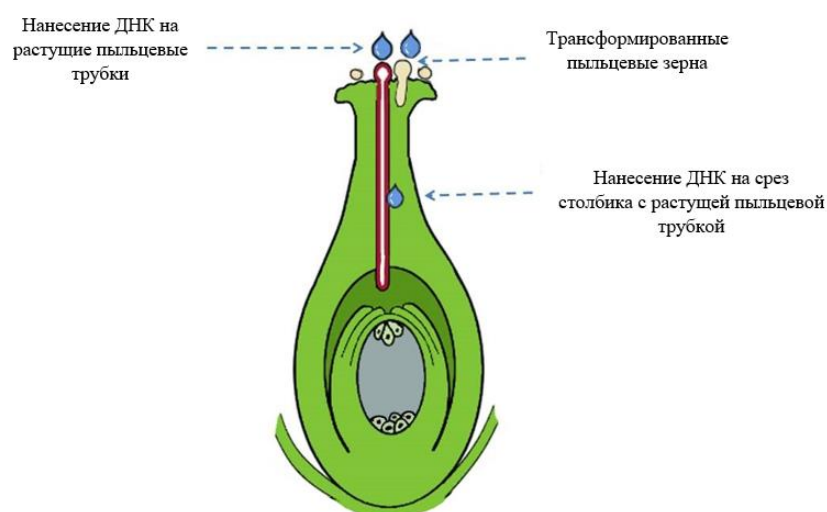


Рисунок 2. Примеры трансформации *in planta*, нацеленной на ткани-мишени генеративного пути растений

Следует отметить, что среди методов, позволяющих доставлять фрагменты экзогенных ДНК непосредственно к тканям генеративного пути, относится хорошо зарекомендовавший себя метод *floral dip* (рис. 2а), с применением которого удалось успешно осуществить перенос генетических конструкций более чем у 10 видов растений [8]. Известны успешные примеры трансформации пыльцы (рис. 2б) с последующим ее нанесением на рыльца пестиков цветков [13-15]. Однако этот метод эффективен не для широкого круга растительных видов, например, для однодольных отмечена его низкая эффективность [16]. Исследователями рассмотрены пути доставки экзогенной ДНК в геном растений через растущие пыльцевые трубки [17]. ДНК, нанесенная на отрезанный (укороченный) столбик растения-реципиента, транспортируется по пыльцевой трубке и вместе со спермиями и вегетативным ядром попадает через микропиле в восьмиядерный зародышевый мешок и далее в зиготу (рис. 2в). Протоколы для этой стратегии опубликованы к настоящему времени для более чем двух десятков видов растений [18-20]. Модификация этого метода, связанная с полным удалением столбика пестика после опыления и последующим нанесением экзогенной ДНК, позволила повысить эффективность трансформации сои до 11 % [21]. Итак, на основании вышеприведенных примеров очевидно, что разработанные к настоящему времени методы и подходы введения экзогенной ДНК непосредственно к тканям генеративного пути растений, позволяют успешно применять их для генетической модификации растительных геномов, в том числе у хозяйственно-ценных видов.

Трансформация in planta с минимальным культивированием in vitro

Способность непрерывно поддерживать активно растущие верхушечные побеги, из которых формируются органы растения, является уникальной особенностью цветковых растений. Ткани таких побегов получили специальное название – апикальные меристемы. Клетки апикальных меристем функционально аналогичны стволовым клеткам животных и служат постоянным источником плюрипотентных стволовых клеток, потомки которых включаются в зачатки органов [22]. Трансформация апикальных меристем универсальна и может быть осуществлена практически на любой жизненной стадии растения, т.е. от семянца до взрослой стадии [23].

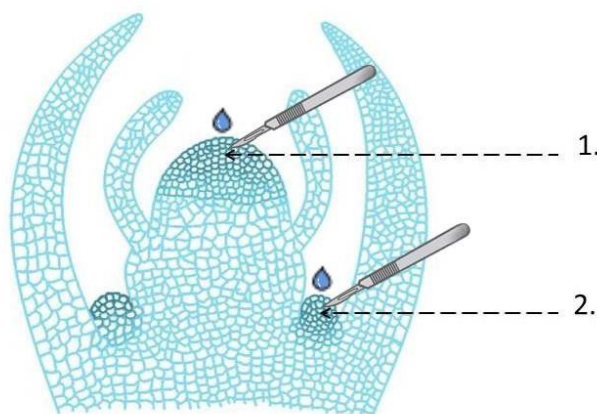


Рисунок 3. Примеры трансформации *in planta*, нацеленной на меристематические ткани побега в качестве мишеней: 1) нанесение ДНК на места поранений апикальной меристемы побега; 2) нанесение ДНК на места поранений меристем боковых побегов

На рисунке 3 представлены различные пути и приемы трансформации *in planta* с использованием в качестве тканей-мишеней апикальных и адвентивных меристем. Трансформацию *in planta* с применением апикальных меристем условно можно разделить на следующие этапы, первый из которых включает механическое поранение апикальной меристемы с помощью иглы или скальпеля (Рисунок 3). Второй этап включает нанесение агробактериальной суспензии на поврежденную область с последующим сбором семян. То на третьем этапе и их тестированием по устойчивости к селективному агенту на четвертом этапе [24]. В литературе описано достаточно много различных модификаций трансформации *in planta* для различных видов растений, как двудольных, так и однодольных. В таблице 1 приведены данные по использованию описываемого метода для получения как трансгенных растений, так и для целей геномного редактирования.

Таблица 1

Системы трансформации/регенерации, основанные на использовании апикальных меристем

Название растения	Ссылка на источник
Огурец посевной (<i>Cucumis sativus</i>)	Baskaran et al., 2016; [25]
Петуния (<i>Petunia hybrida</i>)	Ulian et al., 1990; [26]
Рыжик посевной (<i>Camelina sativa</i>)	Sitther et al., 2019; [27]
Хризантема далматинская (<i>Tanacetum cinerariifolium</i>)	Li et al., 2022; [28]
Хлопчатник (<i>Gossypium hirsutum</i>)	Ganesan et al., 2019; [29]
Пшеница (<i>Triticum aestivum</i>)	Hamada et al., 2018; [30]
Просо пальчатое (<i>Eleusine coracana</i>)	Satish et al., 2017; [31]
Щетинник итальянский (<i>Setaria italica</i>)	Cesar et al., 2017; [32]
Просо африканское (<i>Pennisetum glaucum</i>)	Jha et al., 2011; [33]
Рис посевной (<i>Oryza sativa</i>)	Arockiasamy et al., 2007; [34]

Вирусные векторы

Использование вирусов растений в качестве инструментов для ДНК-технологий давно привлекало внимание многих групп исследователей [35]. Первые примеры использования вирусов для этих целей были связаны с попытками инактивирования генов стрессоустойчивости у важных сельскохозяйственных видов растений [36], а также с их использованием в качестве инструментов доставки для редактирования генов-мишеней в CRISPR/Cas подходах для индукции нокаутов генов-мишеней [37]. С применением обширных данных по аннотированию функций многих вирусов, в том числе и вирусов растений, накоплением новых данных об их особенностях взаимодействия с организмом хозяина, существенно расширилось использование вирусов в биотехнологии [38]. Развитие и совершенствование ДНК-технологий с использованием вирусных векторов для доставки инструментов редактирования стимулировало и интерес к методам трансформации *in planta* [39, 40]. Именно технологии редактирования растительных геномов послужили хорошим толчком к пересмотру и оптимизации способов доставки фрагментов экзогенных ДНК в геномы растений и, в частности, стратегий временной (транзиентной) трансформации. Поскольку редактирования (нокауты генов-мишеней) не требуют наличия самих инструментов (Cas9 и направляющей РНК) в геноме потомков от самоопыления исходного (То) отредактированного растения, векторы на основе

вирусов представляются весьма привлекательными для совершенствования самой технологии в направлении способов доставки.

Несмотря на то, что верхушечные меристемы, как правило, свободны от вирусов, все же некоторые вирусы способны заселять и эти области растительной ткани [37, 41]. Именно эта особенность вируса погремковости табака была использована для создания довольно оригинального инструмента для редактирования растительного генома [42]. Суть этой работы состояла в том, что последовательность гена FT (FLOWERING LOCUS T) была слита с последовательностью РНК, направляющей нуклеазу Cas9 к району-мишени. Так как ген FT кодирует белок, являющийся ключевым системным сигналом, запускающим процесс цветения у растений, то клонировав его в вирусный вектор, исследователи смогли получить мобильный инструмент для редактирования сверхэкспрессирующих белок Cas9 растений, доставляемый в ткани апикальных меристем в варианте доставки *in planta*. Данный пример представляет собой удачное сочетание применения двух ДНК-технологий – генной инженерии и геномного редактирования как инструмента для индукции нокаутов в целевых районах генов-мишеней. Данная технология осуществляется в два этапа – на первом из них ген, кодирующий нуклеазу Cas9, переносится в геном растения, среди потомков от самоопыления которого отбираются линии со сверхэкспрессией этого гена. На втором этапе эти линии используются для доставки мобильного инструмента в апикальные меристемы методом *in planta*. Таким образом, белок, являющийся системным сигналом цветения, доставляется в составе вектора на основе вируса погремковости табака, именно в эти ткани-мишени, так как этот вирус способен колонизировать и апикальные меристемы растений. Впоследствии эта мобильная система редактирования была отнесена к универсальным, так как была подтверждена ее совместимость с другими вирусами [43, 44]. В настоящее время наблюдается повышенный интерес исследователей к разработке методов и подходов доставки экзогенных ДНК в геномы растительных клеток в варианте *in planta* [45–47].

Заключение

Совершенствование современной биологии растений на стадии ее постгеномного развития напрямую связано с технологиями модификации геномов, включающих генетическую инженерию и геномное редактирование. Дальнейший прогресс в этом направлении просматривается в развитии таких этапов ДНК-технологий, которые бы позволили сократить сроки получения предполагаемых целевых модификаций растительных геномов, а также упростить саму процедуру их модификации. В предлагаемом обзоре приведены результаты работ различных коллективов исследователей, связанные с упрощением доставки фрагментов экзогенных ДНК, в том числе прямой доставки, минуя стадию культивирования растительных клеток *in vitro* с последующими процедурами восстановления растений-регенерантов. Обсуждаемые подходы являются основой для дальнейшего прогресса в направлении развития работ по модификации генома растений. Рассмотрены перспективы доставки инструментов геномного редактирования в растительные клетки для улучшения различных хозяйственно-ценных характеристик, в том числе для важных сельскохозяйственных видов растений.

Вклад авторов

Д.Е. – разработка концепции, написание текста; Т.Р. – научное руководство работой; К.А., Т.Б. и Т.Г. – редактирование статьи.

Финансирование

Работа выполнена в рамках программы «Зарубежный ученый» 2024-2025.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Соблюдение этических норм

Настоящая статья не содержит описания выполненных авторами исследований с участием людей или использованием животных в качестве объектов.

Список литературы

1. Herrera-Estrella L, Depicker A, Van Montagu M, Schell J. Expression of chimaeric genes transferred into plant cells using a Ti-plasmid-derived vector. *Nature*. 1983;303:209-210. <https://doi.org/10.1038/303209a0>
2. James C. Global Status of Commercialized Biotech. *GM Crops*. 2010;42:362.
3. Zagorskaya A, Deineko E. Plant-expression systems: a new stage in production of biopharmaceutical preparations. *Russian Journal of Plant Physiology*. 2021;68(1):17-31. <https://doi.org/10.1134/S1021443721010210>
4. D'Aoust M, Couture M, Charland N, et al. The production of hemagglutinin-based virus-like particles in plants: A rapid, efficient and safe response to pandemic influenza. *Plant Biotechnology Journal*. 2010;8(5):607-619. <https://doi.org/10.1111/j.1467-7652.2009.00496>
5. Ward B, Séguin A, Couillard J, Trépanier S, Landry N. Phase III: randomized observer-blind trial to evaluate lot-to-lot consistency of a new plant-derived quadrivalent virus-like particle influenza vaccine in adults 18-49 years of age. *Lancet*. 2021;396:1491-1503. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2021.01.004>
6. Jinek M, Chylinski K, Fonfara I, et al. A programmable dual RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science*. 2012;337:816-821. <https://doi.org/10.1126/science.1225829>
7. Gan W, Ling A. CRISPR/Cas9 in plant biotechnology: applications and challenges. *BioTechnologia*. 2022;103(1):81-93. <https://doi.org/10.5114/bta.2022.113919>
8. Дейнеко Е, Калкабаев А, Жанабаева А, и др. Модификация геномов растений методами генетической инженерии и геномного редактирования: доставка экзогенных ДНК. *Вестник Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева*. 2025;1:101-116. <https://doi.org/10.32523/2616-7034-2025-150-1-101-11>
9. Karthik S, Pavan G, Prasanth A, et al. Improved in planta genetic transformation efficiency in bitter melon (*Momordica charantia* L). *Vitr Cell Dev Biol(Plant)*. 2021;57(2):190-201. <https://doi.org/10.1007/s11627-021-10160-w>
10. Rizwan H, Yang Q, Yousef A, et al. Establishment of a novel and efficient agrobacterium-mediated in planta transformation system for passion fruit (*Passiflora edulis*). *Plants*. 2021;10(11):2459. <https://doi.org/10.3390/plants10112459>
11. Khadgi A, Sagawa C, Vernon C, Mermaz B, Irish V. Optimization of in planta methodology for genome editing and transformation in Citrus. *Frontiers in Plant Science*. 2024;15:1438031. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1438031>
12. Belanger J, Copley T, Hoyos-Villegas V, Charron J, O'Donoghue L. A comprehensive review of in planta stable transformation strategies. *Plant Methods*. 2024;20:79. <https://doi.org/10.1186/s13007-024-01200-8>
13. Eapen S. Pollen grains as a target for introduction of foreign genes into plants: an assessment. *Physiol Mol Biol Plants*. 2011;17(1):1-8. <https://doi.org/10.1007/s12298-010-0042-6>
14. Wang J, Li Y, Liang C. Recovery of transgenic plants by pollen-mediated transformation in *Brassica juncea*. *Transgenic Research*. 2008;17(3):417-424. <https://doi.org/10.1007/s11248-007-9115-x>

15. Zhao X, Meng Z, Wang Y, et al. Pollen magnetofection for genetic modification with magnetic nanoparticles as gene carriers. *Nat Plants* [Электронный ресурс]. 2017;3:956-964. <https://doi.org/10.1038/s41477-017-0063-z>
16. Vejlupekova Z, Warman C, Sharma R, et al. No evidence for transient transformation via pollen magnetofection in several monocot species [Internet]. *Nature Plants*. 2020;6:1323-1324 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-00798-6>
17. Wang M, Sun R, Zhang B, Wang Q. Pollen tube pathway-mediated cotton transformation [Internet]. In: Zhang B, editor. *Methods in Molecular Biology*. New York (NY): Springer; 2019. p.67-73 [cited 2025 Feb 10]. Available from: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8952-2_6
18. Zhang T, Chen T. Cotton pistil drip transformation method [Internet]. In: Dunwell JM, Wetten AC, editors. *Transgenic Plants: Methods and Protocols*. Totowa (NJ): Springer; 2012. p.237-243 [cited 2025 Feb 10]. Available from: https://doi.org/10.1007/978-1-61779-558-9_20
19. Zhang Y, Yin X, Yang A, Li G, Zhang J. Stability of inheritance of transgenes in maize (*Zea mays* L.) lines produced using different transformation methods. *Euphytica*. 2005;144(1-2):11-22. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-4560-1>
20. Xi Y, Lin Y, Zhang Q, Hou W, Lu M. Studies on introduction of leaf senescence-inhibition gene PSAG12-IPT into common wheat through pollen-tube pathway. *Acta Agron Sin*. 2004;30(6):608-612.
21. Liu M, Yang J, Cheng Y, An L. Optimization of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) in planta ovary transformation using a linear minimal gus gene cassette. *J Zhejiang Univ Sci B*. 2009;10(12):870-876. <https://doi.org/10.1631/jzus.B0920204>
22. Fletcher J. Coordination of cell proliferation and cell fate decisions in the angiosperm shoot apical meristem. *BioEssays*. 2002;24(1):27-37. <https://doi.org/10.1002/bies.10020>
23. Zlobin N, Lebedeva M, Taranov V. CRISPR/Cas9 genome editing through in planta transformation. *Crit Rev Biotechnol*. 2020;40(2):153-168. <https://doi.org/10.1080/07388551.2019.1709795>
24. Kesiraju K, Sreevathsa R. Apical meristem-targeted in planta transformation strategy: an overview on its utility in crop improvement. *Agri Res Technol Open Access J*. 2017;8:555734. <https://doi.org/10.19080/ARTOAJ.2017.08.555734>
25. Baskaran P, Soós V, Balázs E, Van Staden J. Shoot apical meristem injection: a novel and efficient method to obtain transformed cucumber plants. *South African Journal of Botany*. 2016;103:210-215. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2015.09.006>
26. Ulian E, Smith R, Gould J, McKnight T. Transformation of plants via the shoot apex. *Vitr Cell Dev Biol*. 1988;24:951-954. <https://doi.org/10.1385/0-89603-161-6:335>
27. Sittther V, Tabatabai B, Enitan O, Fathabad S, Dhekney S. Production of transgenic *Camelina sativa* plants via *Agrobacterium*-mediated transformation of shoot apical meristems. *Am J Plant Sci*. 2019;10(1):1-11. <https://doi.org/10.14440/jbm.2018.208>
28. Li J, Xu Z, Zeng T, et al. Overexpression of TcCHS increases pyrethrin content when using a genotype-independent transformation system in *Pyrethrum* (*Tanacetum cinerariifolium*). *Plants*. 2022;11(12):1575. <https://doi.org/10.3390/plants11121575>
29. Ganesan M, Bhanumathi P, Kumari K, et al. Transgenic Indian cotton (*Gossypium hirsutum*) harboring rice chitinase gene (Chi II) confers resistance to two fungal pathogens. *Am J Biochem Biotechnol*. 2009;5(2):63-74. <https://doi.org/10.3844/ajbbsp.2009.63.74>
30. Hamada H, Liu Y, Nagira Y, et al. Biolistic-delivery-based transient CRISPR/Cas9 expression enables in planta genome editing in wheat. *Sci Rep*. 2018;8(1):6-12. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32714-6>
31. Satish L, Ceasar S, Ramesh M. Improved *Agrobacterium*-mediated transformation and direct plant regeneration in four cultivars of finger millet (*Eleusine coracana* (L.) Gaertn). *Plant Cell Tissue Organ Cult*. 2017;131(3):547-565. <https://doi.org/10.1007/s11240-017-1305-5>
32. Ceasar S, Baker A, Ignacimuthu S. Functional characterization of the PHT1 family transporters of foxtail millet with development of a novel *Agrobacterium*-mediated transformation procedure [Internet]. *Sci Rep*. 2017;7(1):1-17 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-14447-0>

33. Jha P, Rustagi A, Agnihotri P, et al. Efficient Agrobacterium-mediated transformation of Pennisetum glaucum (L.) R. Br. using shoot apices as explant source. Plant Cell Tissue Organ Cult. 2011;107(3):501-512. <https://doi.org/10.1007/s11240-011-0001-0>
34. Arockiasamy S, Ignacimuthu S. Regeneration of transgenic plants from two indica rice (Oryza sativa L.) cultivars using shoot apex explants. Plant Cell Reports. 2007;26(10):1745-1753. <https://doi.org/10.1007/s00299-007-0377-9>
35. Burch-Smith T, Schiff M, Liu Y, Dinesh-Kumar S. Efficient virus-induced gene silencing in Arabidopsis. Plant Physiology. 2006;142(1):21-27. <https://doi.org/10.1104/pp.106.084624>
36. Ramegowda V, Mysore K, Senthil-Kumar M. Virus-induced gene silencing is a versatile tool for unraveling the functional relevance of multiple abiotic-stress-responsive genes in crop plants. Front Plant Sci. 2014;5:1-12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00323>
37. Ali Z, Abul-Faraj A, Li L, et al. Efficient virus-mediated genome editing in plants using the CRISPR/Cas9 system. Molecular Plant. 2015;8(8):1288-1291. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2015.02.011>
38. Wang M, Gao S, Zeng W, et al. Plant virology provides diverse tools for biotechnology. Viruses. 2020;12(11):1338. <https://doi.org/10.3390/v12111338>
39. Oh Y, Kim H, Kim S. Virus-induced plant genome editing. Current Opinion in Plant Biology. 2021;60:101992. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.101992>
40. Abrahamian P, Hammond R, Hammond J. Plant virus-derived vectors: applications in agricultural and medical biotechnology. Annual Review of Virology. 2020;7:513-535. <https://doi.org/10.1146/annurev-virology-010720-054958>
41. Tamilselvan-Nattar-Amutha S, Hiekel S, Hartmann F, et al. Barley stripe mosaic virus-mediated somatic and heritable gene editing in barley (Hordeum vulgare L.) [Internet]. Front Plant Sci. 2023;14 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1201446>
42. Jackson S, Hong Y. Systemic movement of FT mRNA and a possible role in floral induction. Front Plant Sci. 2012;3:127. <https://doi.org/10.3389/fpls.2012.00127>
43. Chen H, Su Z, Tian B, et al. Development and optimization of a barley stripe mosaic virus-mediated gene editing system to improve Fusarium head blight resistance in wheat. Plant Biotechnol J. 2022;20(6):1018-1020. <https://doi.org/10.1111/pbi.13819>
44. Lei J, Li Y, Dai P, et al. Efficient virus-mediated genome editing in cotton using the CRISPR/Cas9 system [Internet]. Front Plant Sci. 2022;13:1-11 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1032799>
45. Correia P, Dong X, Chen M, et al. In planta transformation methods to accelerate the domestication of perennial grain crops [Internet]. Front Plant Sci. 2025;16 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1638144>
46. Han X, Deng Z, Liu H, Ji X. Current advancement and future prospects in simplified transformation-based plant genome editing. Plants. 2025;14:889. <https://doi.org/10.3390/plants14060889>
47. Wang P, Si H, Li C, et al. Plant genetic transformation: achievements, current status and future prospects. Plant Biotechnol J. 2025;23(6):2034-2058. <https://doi.org/10.1111/pbi.70028>

**ДНК технологиясын қолдану арқылы өсімдік геномын модификациялау:
экзогендік ДНК жеткізу саласындағы прогресс**

**Е.В. Дейнеко*¹, А.Н. Кеңес², Б.Б. Тойлыбай³,
Г.С. Ташкентбаева⁴, Р.М. Турпанова*⁵**

¹Ресей Ғылым академиясының Сібір бөлімінің цитология және генетика институты Федералды зерттеу орталығы, Новосибирск, Ресей Федерациясы

^{1,2,3,4,5}Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан

Андатпа. Мақалада ДНК технологияларында трансгенді өсімдіктерді жасау кезінде гетерологиялық гендердің экспрессиясының кассеталары ретінде немесе геномдық өңдеу әдістерін қолдана отырып, өсімдік геномдарын өзгерту құралдары ретінде пайдаланылатын

экзогендік ДНҚ фрагменттерін жеткізу деректері қарастырылады. Негізгі назар өсімдік тіндерін каллустық культураларға дейін дезинтеграциялауды және кейін *in vitro* жағдайында регенерант-өсімдіктерді қалпына келтіруді қамтитын өсімдік жасушаларын культивирлеу сатысын айналып өтуге мүмкіндік беретін *in planta* жеткізу әдістерін қарастыруға бағытталған. Қазіргі заманғы ДНҚ технологияларын қолдана отырып, өсімдік геномдарын өзгертудің дәл осы кезеңі қазіргі уақытта көптеген зерттеу топтарының назарын аударуда. Өсімдік жасушаларына геномдық өңдеу құралдарын транзитпен жеткізу үшін вирустық векторларды пайдалану перспективалары жөнінде деректер берілген. Бұл технологияның мүмкіндіктері мен кейбір кемшіліктері, сондай-ақ оны ауылшаруашылық өсімдік түрлеріне қолдану перспективалары талқыланады.

Түйін сөздер: генетикалық инженерия, геномдық өңдеу, трансген, *in planta* жеткізу әдістері, floral dip, вирустық вектор, вируспен индукцияланған геномды өңдеу

Modification of plant genomes using DNA technologies: progress in the delivery of exogenous DNA

E.V. Deineko*¹, A.N. Kenges², B.B. Toilybai³,
G.S. Tashkentbaeva⁴, R.M. Turpanova*⁵

¹*Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences," Novosibirsk, Russia*

^{1,2,3,4,5}*L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan*

Abstract. The article reviews data on the delivery of exogenous DNA fragments used in DNA technologies as expression cassettes for heterologous genes in the creation of transgenic plants, or as tools for modifying plant genomes using genome editing methods. The main focus is on *in planta* delivery methods that allow researchers to bypass the plant cultivation stage, which includes the disintegration of plant tissues into callus cultures followed by the *in vitro* regeneration of plant regenerants. It is this stage of plant genome modification using modern DNA technologies that is currently attracting the attention of many research groups. Data are presented on the prospects of using viral vectors for the transient delivery of genome editing tools into plant cells. The possibilities and some disadvantages of this technology are discussed, as well as the prospects for its application to agricultural plant species.

Keywords: genetic engineering, genome editing, transgene, *in planta* delivery methods, floral dip, viral vector, virus-induced genome editing

References

1. Herrera-Estrella L, Depicker A, Van Montagu M, Schell J. Expression of chimaeric genes transferred into plant cells using a Ti-plasmid-derived vector. *Nature*. 1983;303:209-210. <https://doi.org/10.1038/303209a0>
2. James C. Global Status of Commercialized Biotech. *GM Crops*. 2010;42:362.
3. Zagorskaya A, Deineko E. Plant-expression systems: a new stage in production of biopharmaceutical preparations. *Russian Journal of Plant Physiology*. 2021;68(1):17-31. <https://doi.org/10.1134/S1021443721010210>
4. D'Aoust M, Couture M, Charland N, et al. The production of hemagglutinin-based virus-like particles in plants: A rapid, efficient and safe response to pandemic influenza. *Plant Biotechnology Journal*. 2010;8(5):607-619. <https://doi.org/10.1111/j.1467-7652.2009.00496>
5. Ward B, Séguin A, Couillard J, Trépanier S, Landry N. Phase III: randomized observer-blind trial to evaluate lot-to-lot consistency of a new plant-derived quadrivalent virus-like particle influenza vaccine in adults 18-49 years of age. *Lancet*. 2021;396:1491-1503. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2021.01.004>
6. Jinek M, Chylinski K, Fonfara I, et al. A programmable dual RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science*. 2012;337:816-821. <https://doi.org/10.1126/science.1225829>

7. Gan W, Ling A. CRISPR/Cas9 in plant biotechnology: applications and challenges. *BioTechnologia*. 2022;103(1):81-93. <https://doi.org/10.5114/bta.2022.113919>
8. Dejneko E, Kalkabaev A, Zhanabaeva A, et al. Modifikaciya genomov rastenij metodami geneticheskoy inzhenerii i genomnogo redaktirovaniya: dostavka ekzogennyh DNK [Modification of plant genomes using genetic engineering and genome editing techniques: delivery of exogenous DNA] // BULLETIN of L.N. Gumilyov Eurasian National University. Bioscience series. 2025;1:101-116. <https://doi.org/10.32523/2616-7034-2025-150-1-101-11> [in Russian]
9. Karthik S, Pavan G, Prasanth A, et al. Improved in planta genetic transformation efficiency in bitter melon (*Momordica charantia* L.). *Vitr Cell Dev Biol(Plant)*. 2021;57(2):190-201. <https://doi.org/10.1007/s11627-021-10160-w>
10. Rizwan H, Yang Q, Yousef A, et al. Establishment of a novel and efficient agrobacterium-mediated in planta transformation system for passion fruit (*Passiflora edulis*). *Plants*. 2021;10(11):2459. <https://doi.org/10.3390/plants10112459>
11. Khadgi A, Sagawa C, Vernon C, Mermaz B, Irish V. Optimization of in planta methodology for genome editing and transformation in Citrus. *Frontiers in Plant Science*. 2024;15:1438031. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1438031>
12. Belanger J, Copley T, Hoyos-Villegas V, Charron J, O'Donoghue L. A comprehensive review of in planta stable transformation strategies. *Plant Methods*. 2024;20:79. <https://doi.org/10.1186/s13007-024-01200-8>
13. Eapen S. Pollen grains as a target for introduction of foreign genes into plants: an assessment. *Physiol Mol Biol Plants*. 2011;17(1):1-8. <https://doi.org/10.1007/s12298-010-0042-6>
14. Wang J, Li Y, Liang C. Recovery of transgenic plants by pollen-mediated transformation in *Brassica juncea*. *Transgenic Research*. 2008;17(3):417-424. <https://doi.org/10.1007/s11248-007-9115-x>
15. Zhao X, Meng Z, Wang Y, et al. Pollen magnetofection for genetic modification with magnetic nanoparticles as gene carriers. *Nat Plants* [Internet]. 2017;3:956-964. <https://doi.org/10.1038/s41477-017-0063-z>
16. Vejrupkova Z, Warman C, Sharma R, et al. No evidence for transient transformation via pollen magnetofection in several monocot species [Internet]. *Nature Plants*. 2020;6:1323-1324 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-00798-6>
17. Wang M, Sun R, Zhang B, Wang Q. Pollen tube pathway-mediated cotton transformation [Internet]. In: Zhang B, editor. *Methods in Molecular Biology*. New York (NY): Springer; 2019. p.67-73 [cited 2025 Feb 10]. Available from: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8952-2_6
18. Zhang T, Chen T. Cotton pistil drip transformation method [Internet]. In: Dunwell JM, Wetten AC, editors. *Transgenic Plants: Methods and Protocols*. Totowa (NJ): Springer; 2012. p.237-243 [cited 2025 Feb 10]. Available from: https://doi.org/10.1007/978-1-61779-558-9_20
19. Zhang Y, Yin X, Yang A, Li G, Zhang J. Stability of inheritance of transgenes in maize (*Zea mays* L.) lines produced using different transformation methods. *Euphytica*. 2005;144(1-2):11-22. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-4560-1>
20. Xi Y, Lin Y, Zhang Q, Hou W, Lu M. Studies on introduction of leaf senescence-inhibition gene PSAG12-IPT into common wheat through pollen-tube pathway. *Acta Agron Sin*. 2004;30(6):608-612.
21. Liu M, Yang J, Cheng Y, An L. Optimization of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) in planta ovary transformation using a linear minimal gus gene cassette. *J Zhejiang Univ Sci B*. 2009;10(12):870-876. <https://doi.org/10.1631/jzus.B0920204>
22. Fletcher J. Coordination of cell proliferation and cell fate decisions in the angiosperm shoot apical meristem. *BioEssays*. 2002;24(1):27-37. <https://doi.org/10.1002/bies.10020>
23. Zlobin N, Lebedeva M, Taranov V. CRISPR/Cas9 genome editing through in planta transformation. *Crit Rev Biotechnol*. 2020;40(2):153-168. <https://doi.org/10.1080/07388551.2019.1709795>
24. Kesiraju K, Sreevathsa R. Apical meristem-targeted in planta transformation strategy: an overview on its utility in crop improvement. *Agri Res Technol Open Access J*. 2017;8:555734. <https://doi.org/10.19080/ARTOAJ.2017.08.555734>

25. Baskaran P, Soós V, Balázs E, Van Staden J. Shoot apical meristem injection: a novel and efficient method to obtain transformed cucumber plants. *South African Journal of Botany*. 2016;103:210-215. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2015.09.006>
26. Ulian E, Smith R, Gould J, McKnight T. Transformation of plants via the shoot apex. *Vitr Cell Dev Biol*. 1988;24:951-954. <https://doi.org/10.1385/0-89603-161-6:335>
27. Sittther V, Tabatabai B, Enitan O, Fathabad S, Dhekney S. Production of transgenic *Camelina sativa* plants via *Agrobacterium*-mediated transformation of shoot apical meristems. *Am J Plant Sci*. 2019;10(1):1-11. <https://doi.org/10.14440/jbm.2018.208>
28. Li J, Xu Z, Zeng T, et al. Overexpression of TcCHS increases pyrethrin content when using a genotype-independent transformation system in *Pyrethrum* (*Tanacetum cinerariifolium*). *Plants*. 2022;11(12):1575. <https://doi.org/10.3390/plants11121575>
29. Ganesan M, Bhanumathi P, Kumari K, et al. Transgenic Indian cotton (*Gossypium hirsutum*) harboring rice chitinase gene (Chi II) confers resistance to two fungal pathogens. *Am J Biochem Biotechnol*. 2009;5(2):63-74. <https://doi.org/10.3844/ajbbsp.2009.63.74>
30. Hamada H, Liu Y, Nagira Y, et al. Biolistic-delivery-based transient CRISPR/Cas9 expression enables in planta genome editing in wheat. *Sci Rep*. 2018;8(1):6-12. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32714-6>
31. Satish L, Ceasar S, Ramesh M. Improved *Agrobacterium*-mediated transformation and direct plant regeneration in four cultivars of finger millet (*Eleusine coracana* (L.) Gaertn). *Plant Cell Tissue Organ Cult*. 2017;131(3):547-565. <https://doi.org/10.1007/s11240-017-1305-5>
32. Ceasar S, Baker A, Ignacimuthu S. Functional characterization of the PHT1 family transporters of foxtail millet with development of a novel *Agrobacterium*-mediated transformation procedure [Internet]. *Sci Rep*. 2017;7(1):1-17 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-14447-0>
33. Jha P, Rustagi A, Agnihotri P, et al. Efficient *Agrobacterium*-mediated transformation of *Pennisetum glaucum* (L.) R. Br. using shoot apices as explant source. *Plant Cell Tissue Organ Cult*. 2011;107(3):501-512. <https://doi.org/10.1007/s11240-011-0001-0>
34. Arockiasamy S, Ignacimuthu S. Regeneration of transgenic plants from two indica rice (*Oryza sativa* L.) cultivars using shoot apex explants. *Plant Cell Reports*. 2007;26(10):1745-1753. <https://doi.org/10.1007/s00299-007-0377-9>
35. Burch-Smith T, Schiff M, Liu Y, Dinesh-Kumar S. Efficient virus-induced gene silencing in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*. 2006;142(1):21-27. <https://doi.org/10.1104/pp.106.084624>
36. Ramegowda V, Mysore K, Senthil-Kumar M. Virus-induced gene silencing is a versatile tool for unraveling the functional relevance of multiple abiotic-stress-responsive genes in crop plants. *Front Plant Sci*. 2014;5:1-12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00323>
37. Ali Z, Abul-Faraj A, Li L, et al. Efficient virus-mediated genome editing in plants using the CRISPR/Cas9 system. *Molecular Plant*. 2015;8(8):1288-1291. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2015.02.011>
38. Wang M, Gao S, Zeng W, et al. Plant virology provides diverse tools for biotechnology. *Viruses*. 2020;12(11):1338. <https://doi.org/10.3390/v12111338>
39. Oh Y, Kim H, Kim S. Virus-induced plant genome editing. *Current Opinion in Plant Biology*. 2021;60:101992. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.101992>
40. Abrahamian P, Hammond R, Hammond J. Plant virus-derived vectors: applications in agricultural and medical biotechnology. *Annual Review of Virology*. 2020;7:513-535. <https://doi.org/10.1146/annurev-virology-010720-054958>
41. Tamilselvan-Nattar-Amutha S, Hiekel S, Hartmann F, et al. Barley stripe mosaic virus-mediated somatic and heritable gene editing in barley (*Hordeum vulgare* L.) [Internet]. *Front Plant Sci*. 2023;14 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1201446>
42. Jackson S, Hong Y. Systemic movement of FT mRNA and a possible role in floral induction. *Front Plant Sci*. 2012;3:127. <https://doi.org/10.3389/fpls.2012.00127>

43. Chen H, Su Z, Tian B, et al. Development and optimization of a barley stripe mosaic virus-mediated gene editing system to improve Fusarium head blight resistance in wheat. *Plant Biotechnol J*. 2022;20(6):1018-1020. <https://doi.org/10.1111/pbi.13819>
44. Lei J, Li Y, Dai P, et al. Efficient virus-mediated genome editing in cotton using the CRISPR/Cas9 system [Internet]. *Front Plant Sci*. 2022;13:1-11 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1032799>
45. Correia P, Dong X, Chen M, et al. In planta transformation methods to accelerate the domestication of perennial grain crops [Internet]. *Front Plant Sci*. 2025;16 [cited 2025 Feb 10]. Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1638144>
46. Han X, Deng Z, Liu H, Ji X. Current advancement and future prospects in simplified transformation-based plant genome editing. *Plants*. 2025;14:889. <https://doi.org/10.3390/plants14060889>
47. Wang P, Si H, Li C, et al. Plant genetic transformation: achievements, current status and future prospects. *Plant Biotechnol J*. 2025;23(6):2034-2058. <https://doi.org/10.1111/pbi.70028>

Сведения об авторах:

Дейнеко Елена Викторовна – автор для корреспонденции, профессор, доктор биологических наук, заведующий лабораторией в Федеральном исследовательском центре «Институт цитологии и генетики» Сибирского отделения Российской академии наук, пр. Академика Лаврентьева, 10, 630090, Новосибирск, Российская Федерация.

Кенес Акерке Ноянқызы – магистрант, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. Мунайтпасова, 13, 010000, Астана, Казахстан.

Тойлыбай Бибиғайша Болатбекқызы – магистрант, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. Мунайтпасова, 13, 010000, Астана, Казахстан.

Ташкентбаева Гулжамал Санжаровна – магистрант, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. Мунайтпасова, 13, 010000, Астана, Казахстан.

Турпанова Рауза Масгутовна – автор для корреспонденции, доцент, кандидат сельскохозяйственных наук, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. Мунайтпасова, 13, 010000, Астана, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Дейнеко Елена Викторовна – хат-хабар авторы, профессор, биология ғылымдарының докторы, Ресей Ғылым академиясы Сібір филиалының цитология және генетика Федералдық ғылыми-зерттеу орталығы институты зертханасының меңгерушісі, Академик Лаврентьев даңғылы, 10, 63009, Новосибирск, Ресей Федерациясы.

Кеңес Акерке Ноянқызы – магистрант, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Мұңайтпасов көш., 13, 010000, Астана, Қазақстан.

Тойлыбай Бибиғайша Болатбекқызы – магистрант, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Мұңайтпасов көш., 13, 010000, Астана, Қазақстан.

Ташкентбаева Гулжамал Санжаровна – магистрант, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Мұңайтпасов көш., 13, 010000, Астана, Қазақстан.

Турпанова Рауза Масгутовна – хат-хабар авторы, доцент, ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Мұңайтпасов көш., 13, 010000, Астана, Қазақстан.

Authors' information:

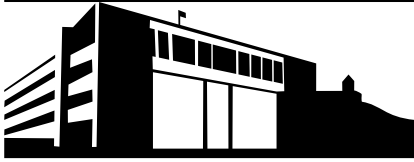
Deineko Elena Viktorovna – Corresponding author, Doctor of Biological Sciences, Head of Laboratory, Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Academician Lavrentyev Ave., 10, 630090, Novosibirsk, Russian Federation.

Kenges Akerke Noyankyzy – master's student, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Munaitpasov Str., 13, 010000, Astana, Kazakhstan.

Toilybay Bibigaisha Bolatbekkyzy – master’s student, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Munitpasov Str., 13, 010000, Astana, Kazakhstan.

Tashkentbaeva Guljamal Sanjarovna – master’s student, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Munitpasov Str., 13, 010000, Astana, Kazakhstan.

Turpanova Rauza Masgutovna – Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Munitpasov Str., 13, 010000, Astana, Kazakhstan.



IRSTI 06.81.23
Research article

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-93-103>

Isolation and characterization of umbilical cord-derived mesenchymal stem cells

A.Ye. Sekenova*¹, A.S. Issabekova², V.B. Ogay³

^{1,2,3}Stem Cell Laboratory, National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan

E-mail: *¹a.sekenova@biocenter.kz, ²issabekova@biocenter.kz, ³ogay@biocenter.kz

Abstract. Mesenchymal stem cells (MSCs) isolated from human umbilical cord have been studied by scientists for more than 10 years due to their regenerative potential. Identification of the phenotype of these cells is very important because it shows the presence of properties of stem cells. This study aims to identify the phenotype of MSCs that were obtained from the human umbilical cord. MSCs were isolated from human umbilical cord and cultured in complete α -MEM medium. The colony-forming capacities of the obtained MSCs were analyzed by colony-forming assay. The phenotype of the obtained MSCs was evaluated using flow cytometry. Isolated MSCs showed the typical morphology of MSCs and demonstrated the ability to form colonies in the CFU assay. Obtained MSCs showed the expression of surface markers of normal MSCs. Thus, the cells that were isolated from the human umbilical cord confirmed the presence of the phenotype of MSCs.

Keywords: mesenchymal stem cells, CFU, flow cytometry, phenotype, surface markers

Introduction

Mesenchymal stem cells are a heterogeneous subpopulation of multipotent cells that are isolated from synovial tissue, umbilical cord blood, perivascular areas, and human organs and tissues [1-3]. To date, interest in the use of MSCs by scientists and clinical researchers has increased, as MSCs have pronounced immunoregulatory and immunomodulatory properties, namely suppress the activity of pro-inflammatory cells of both innate and acquired immunity [4-6]. It was shown that MSCs are able to suppress the activation or induce immune cells with anti-inflammatory phenotypes [4, 5]. It was found that the immunomodulation action of MSCs occurs both through cell-cell contacts and paracrine. It is reported that MSCs secrete molecules and factors capable of activating anti-inflammatory reactions [4]. It is reported that MSCs isolated from the umbilical cord have potential in the treatment of various diseases. Before considering every type of MSCs, it is important to determine their phenotype and stem cell characteristics. Chen et.al. reported that UC-MSCs demonstrate paracrine functions that promote the formation of new vessels, alleviation of apoptosis and fibrosis, reduction of TNF- α and TGF- β levels,

Received: 03.01.2026. Accepted: 18.03.2026. Available online: 31.03.2026.

*Corresponding author

rejuvenation of cardiac properties, particularly, cardiac allografts. The immunoregulatory properties of UC-MSCs due to lowered immunogenicity demonstrated moderate elimination in comparison with BALB/c in immunocompetent mice, and also inhibition of Th1 and Th2 levels. The effect of UC-MSCs in clinical studies is being investigated for the next disease models: stable heart failure, ST-elevation myocardial infarction, acute myocardial infarction, and chronic ischemic cardiomyopathy. The authors indicated the next issues as safety and control of capacity for application in a clinical study [5, 7].

Materials and research methods

Isolation of mesenchymal stem cells from human umbilical cord

Biomaterial of the umbilical cord (UC) was taken from a healthy pregnant woman during a cesarean section at the Maternity and Childhood Center (Astana) (the report of the ethical committee is attached to the project, written informed consent was prepared before the procedure). Isolation of MSCs was carried out as described [8]. The samples were collected in phosphate-salt buffer (PSB) (Gibco, USA) and sent to the laboratory, where they were washed in PBS with 1% Anti-Anti antibiotic (Gibco, USA), cut into segments of 5 cm², and the blood vessels were removed. Segments were placed in T25 cm² vials and cultured in a-MEM medium with the addition of antibiotics, 1% Anti-Anti (Gibco, USA), and 10% fetal serum (Gibco, USA). Flasks with cells were incubated at 37 °C, with 5% CO₂, and left alone for 7 days. Changing of medium was performed every 3–4 days. After 2 weeks, the explant PCs were removed, and the attached cells were cultured for 21 days. Then cells were passaged using 0.05% Triple (Gibco, USA). Then the cells were quantified using the trypan blue method and subcultured on serum-free medium – Stem MACS MSC Expansion (Milteniy). The morphology of MSCs was evaluated using an inverted microscope Axio Observer A1 (Carl Zeiss, Germany).

Analysis of fibroblast-like colony-forming units (CFUs)

MSCs were collected using 0.05% Triple (Gibco, USA), and the total number of cells was determined using an automatic cell counter, Bio-RadTC20. Collected cells were seeded in culture vials T25 with a density of 1000 cells/vial. After 14 days, cell cultures were washed with phosphate-buffered saline (PSB) and stained with 0.5% crystal violet in methanol at room temperature. After staining, vials were washed with FSB, dried, counted, and analyzed for fibroblast-like colonies using a stereomicroscope SZ61 (Olympus, Hamburg, Germany) [9].

Multilineage differentiation assay

For adipogenic differentiation, 1×10⁴ cells/cm² were seeded in a 6-well culture plate and cultured in adipogenic differentiation medium consisting of high-glucose a-MEM supplemented with 15% FBS, 0.2 mM L-glutamine, 100 μM L-ascorbic acid, 200 μM indomethacin, and 100 nM dexamethasone. After 21 days, the cells were fixed with 4% paraformaldehyde (PFA) and stained with Oil red O. For osteogenic differentiation, the cells were cultured at 90% density in osteogenic differentiation medium consisting of low glucose α-MEM supplemented with 15% FBS, 200 μM L-ascorbic acid, 10 mM glycerol phosphate, and 100 nM dexamethasone. The medium was changed twice a week for 3 weeks. Osteogenic differentiation was assessed by Alizarin red staining. For chondrogenic differentiation, cells were resuspended at 1.25×10⁶ cells/mL in chondrogenic differentiation medium consisting of high-glucose DMEM supplemented with 1% ITS+Premix, 100 μM ascorbate-2-phosphate, 0.1 μM dexamethasone, and 10 ng/mL-β-glycerol-phosphate. To generate chondrogenic pellets, 2.5×10⁵ cell micromasses from this cell solution

were placed in a 15 mL polypropylene tube, centrifuged at 500×g, and incubated at 37°C and 5% CO₂. The medium was changed twice a week. After 3 weeks, cell pellets were collected, fixed with 10% neutral buffered formalin, embedded in paraffin, sectioned at 5 μm thickness, and stained with toluidine blue [9].

Flow cytometry analysis

For flow cytometry analysis, 1×10⁶ cells/sample were stained using the appropriate antibody kit (BD Stemflow Human MSCs Analysis Kit, USA): FITC CD90.2, PerCP-Cy 5.5 CD105, APC CD 73, PE CD44. After incubation with antibodies, cells were fixed in fixing buffer (Fix/Perm buffer, BD Biosciences) [9]. All antibodies were purchased from BD Biosciences. Analysis of cells was carried out using a flow cytometer CytoFLEX (Beckman Coulter, USA). The obtained data were processed using the program FlowJo (BD Biosciences).

Statistical data processing

Statistical processing of the results was carried out using the ANOVA test. The results of statistical processing of experimental data are presented in the form of graphs with an indication of the value of the mean square deviation.

Results

Characterization of UC-MSCs

Obtained MSCs from Wharton jelly of umbilical cord were spindle-shaped, expanded rapidly in culture, and reached confluence within 10-14 days (Figure 1B). Further analysis showed that MSCs have the capacity to form fibroblastic colonies (Figure 1C).

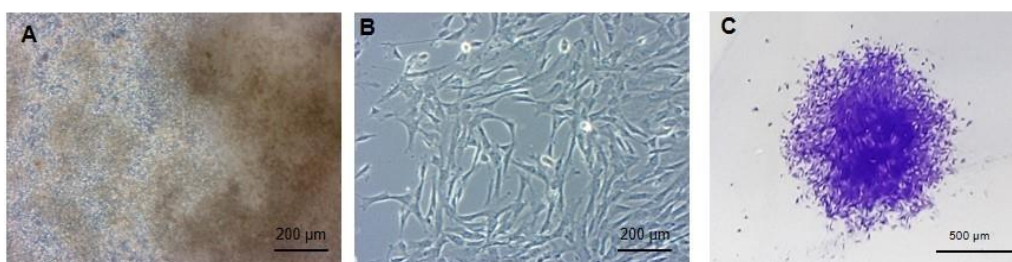


Figure 1. Isolation and characterization of the primary culture of MSCs of the human UC: **(a)** Phase-contrast image of MSCs migrating from the segments of Wharton's jelly of human umbilical cord; **(b)** Phase-contrast image of MSCs monolayer culture (passage 2); **(c)** Representative image of MSCs fibroblast colony after crystal violet staining

Obtained MSCs showed the potential to differentiate into adipocytes, osteoblasts and chondrocytes (Figure 2), indicating that they possess the self-renewal and multipotent abilities.

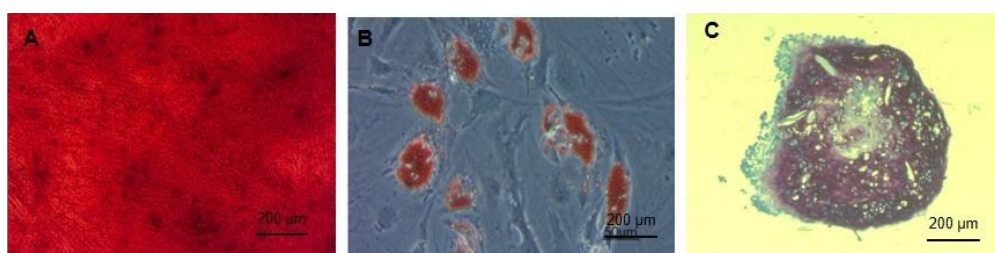


Figure 2. Multilineage differentiation of MSCs: **(a)** Phase contrast image of MSCs after osteogenic differentiation. The cells contain calcium deposits stained with Alizarin Red S. **(b)**

Phase contrast image of MSCs after adipogenic differentiation. The cells contain orange lipid vacuoles stained with Oil Red O. **(c)** Chondrogenic differentiation of MSCs in spheroid culture. Histological section of chondrogenic spherule stained with Toluidine Blue

Isolated UC-MSCs demonstrated the expression of specific markers of MSCs: CD29, CD44, CD90, and CD105 (Figure 3). Thus, these results support that our obtained cells from hUC indeed belong to MSCs.

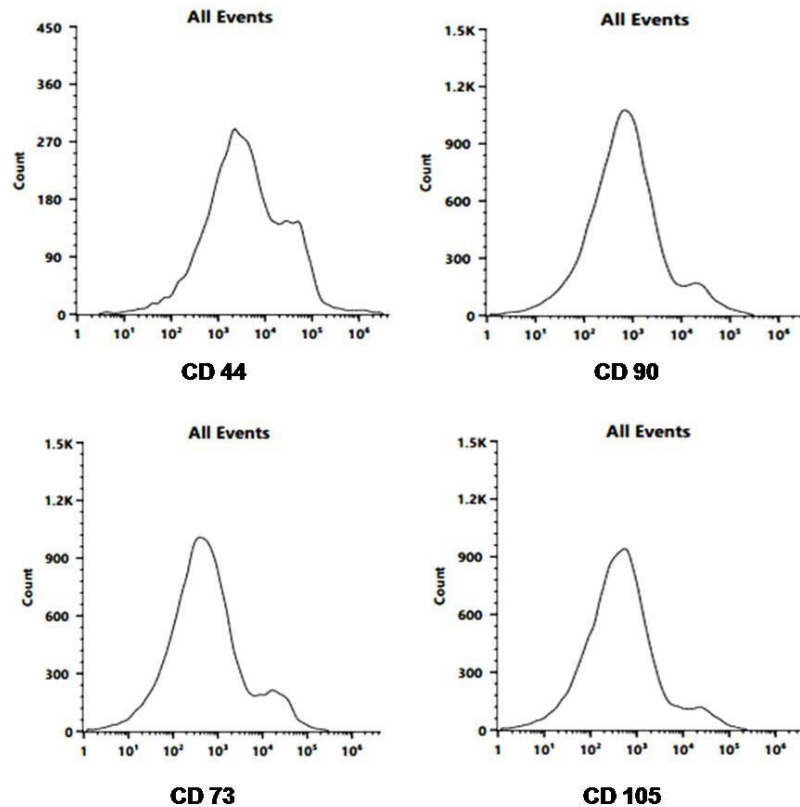


Figure 3. Flow cytometry analysis of MSCs (CD44, CD90, CD73, CD105)

Discussion

The potential of MSCs due to their immunoregulatory properties is being studied in different diseases, including autoimmune and cardiovascular diseases. Authors revealed 6 directions where MSCs' effects were found in applying for alleviation of atherosclerosis [10]. In another study, the effect of cytokine-preconditioned MSCs for decreasing the development of atherosclerosis in an animal model [11]. Before the application of MSCs for in vivo study, we examined them in the CFU assay, the multilineage differentiation assay, and in flow cytometry. The flow cytometry is the standard method for identifying if the cells meet the identity criteria according to the International Society for Cell and Gene Therapy. One of the interesting studies was focused on MSCs derived from umbilical cord (UC MSCs), adipose tissue (AD MSCs), and bone marrow (BM MSCs), and investigated their stability, expansion potential, and suitability for clinical-scale production by comparing culture in commercial media. MSCs at passages 3 and 6, and after thawing (P3), were analyzed in flow cytometry. More than 95% of cells were positive for CD73, 90, 105, and less than 2% expressed negative markers (CD34, CD45, CD11b,

CD19, HLA-DR). UC MSCs demonstrated excellent identity in both media, with positive markers expressed near 100% and negative markers well below 2%. AD MSCs showed in Stem MACS medium high positive and low negative expression, while in Power Stem medium, there was high expression of positive markers, but some samples exceed 2% for negative markers. BM MSCs had a drop in CD90 and CD105 marker expression after culturing in Power Stem medium, with very high negative results (45% approximately). This indicated very poor performance of the cells in this medium. Authors found that Stem MACS MSC Expansion is the most suitable and consistent medium for cell growth. These cells, grown on selected media, were not contaminated with other cell types and fully meet the standard criteria by the International Society for Cell and Gene Therapy (ISCT). The CD73 factor is responsible for regenerative function, conversion of adenosine-monophosphate to adenosine, and contributes to anti-inflammatory signaling in MSCs. The CD90 is responsible for the ability to adhere, migrate, and differentiate, meaning the function of cell-cell and cell-matrix interaction in MSCs. The CD105 participates in vascular regeneration and tissue healing, a co-receptor of TGF beta (transforming growth factor) [9].

Colony-forming unit assay (CFU) is the standard method to determine the cell proliferation capacity and clonogenic potential of MSCs. Authors, by using this assay, found that UC MSCs had a similar number of cells in both Stem MACS and Power Stem with high clonogenic potential. If AD MSCs performed better proliferation in Stem MACS media, with the average CFU counts, however, BM MSCs were slightly higher in Stem MACS, but not statistically significant ($P=0.13$). The colony-forming unit assay was performed on MSCs of passage 2. The seeding density was the next: UC-MSCs - 4 cells/cm², AD-MSCs - 20 cells/cm², and BM-MSCs - 100 cells/cm². Authors found that UC MSCs had a similar number of cells in both StemMACS and PowerStem with high clonogenic potential (the highest CFU count overall: average 366 ± 154 colonies). However, AD MSCs performed better in StemMACS, with average CFU counts of 97 ± 18 colonies. In addition, BM MSCs were slightly higher in StemMACS, but not statistically significant ($P=0.13$), with the lowest colony overall 16 ± 3 CFUs [12, 13]. Other researchers also focused on studying how different sources of mesenchymal stromal cells (MSCs) affect the ex vivo expansion of hematopoietic stem/progenitor cells (HSPCs) derived from umbilical cord blood by comparing the MSCs from three sources (bone marrow, adipose tissue, and umbilical cord matrix). The study also examined whether replacing fetal bovine serum (FBS) with human platelet lysate (HPL) during the expansion of MSCs. BM- and AT-derived MSCs expanded with FBS improved the UCB HSPC expansion and maintenance of primitive subsets, while UCM-derived MSCs and HPL-based cultures may compromise these outcomes [14].

In regenerative medicine, bone marrow-derived mesenchymal stromal cells are becoming increasingly important. Many scientists study the MSCs' therapeutic value, but some issues regarding the expansion were raised. For the cell therapy, fetal bovine serum usage causes challenges, including safety problems and the variety of media compositions. This is why serum-free media (SFM) usage is becoming more diverse, studying the specificity of media for cell growth. To identify the most suitable media, six commercial SFMs were analyzed at two different densities for BM-derived MSCs culturing, where differences in marker expression of MSCs were seen after altering the time, yield, colony formation, differentiation, and immunosuppression. This study showed the possible replacement of animal-derived serum for safer conditions and clearer results. Overall, Rooster Nourish, Rooster Nourish-MSC XF, StemMACS-MSC XF, and MSC NutriStem XF media showed the highest expression of positive markers (>98%) and the lowest expression of negative markers (<1%) in flow cytometry. This demonstrated that these commercial media are consistent across seeding density variations and cryopreservation influence.

BM-MSCs were also examined in CFU analysis. It was found that serum-containing medium had the highest number of colony formation, with dense, large, and numerous colonies. BM-MSCs cultured in the Rooster Nourish media showed a meaningful number of CFU as well, while other SFM/XFM, especially MSC NutriStem, showed significantly reduced colony formation [15, 16]. It was reported that mesenchymal stem cell markers like CD73 and CD90 are usually used to reflect the original state of cells. The authors analyzed cells from periosteum and cartilage, finding that >95% of cultured cells expressed CD73 and CD90, regardless of their original tissue or culture conditions. Nevertheless, it was found that freshly isolated cells do not have these markers, suggesting that the expression of CD73 and CD90 is possible during in vitro culture, but not in vivo. Therefore, the expression of MSCs' markers was not connected to reflecting their natural identity or functional state.

Authors found that after in vitro cultivation, cell populations acquired similar surface phenotypes with high expression of CD73 and CD90, with the loss of CD34 [17, 18]. It was reported that cord blood-derived mesenchymal stromal cells (CB-MSCs) are emerging as a promising option to support immune tolerance and reduce the need for traditional immunosuppressive drugs. Because of their unique anti-inflammatory and anti-apoptotic properties, they can be considered for clinical use. The GMP-compliant (Good Manufacturing Practice) process to produce and bank clinical-grade material for use in advanced therapy medicinal products (ATMPs) was considered. Between 2012 and 2023, 263 CB-MSC doses were safely administered to 40 patients with conditions like Graft-versus-Host Disease, nephrotic syndrome, and neonatal bronchopulmonary dysplasia. The authors found no serious side effects, and most patients showed positive outcomes. CB-MSCs were analyzed in flow cytometry for expression of 3 positive and 1 negative marker. From the results, CB-MSCs were characterized by strong expression of CD90 and CD105 and absence of CD45, which was used to identify any contaminating non-MSC cells. Also, the cells showed strong purity, with an average of $97.3 \pm 2.7\%$ expressing key MSC markers CD90, CD105, and lacking the blood cell marker CD45. Contaminating cells were nearly absent, and viability was high, with over $92.7 \pm 4.6\%$ of the cells alive and healthy at the time of testing. Even after thawing, the cells maintained good viability.

Additional tests confirmed that the cells consistently expressed other important markers like CD73, and all safety checks, like sterility, absence of mycoplasma or viruses, and normal karyotype, were successfully passed. These results highlight the reliability and clinical readiness of the MSC(CB) produced under strict GMP standards. Also, the colony-forming units' assay showed that CB-MSCs formed 17.9 ± 17.4 colonies [19, 20]. It was revealed that the potential of MSCs derived from the umbilical cord blood can be considered for skin diseases like psoriasis. Authors exhibited in vitro and in vivo studies on the application of MSCs and derived exosomes for psoriasis disease [21]. Another work of the same author presented the findings on the use of cytokine preconditioned MSCs that were isolated from human umbilical cord blood for the alleviation of psoriasis in a mouse model.

The flow cytometry analysis of hUCB-MSCs also showed positive expression of CD90, CD73, and CD105 markers [22]. Another study compared the osteogenic capabilities of MSCs of adipose tissue and Wharton's jelly of the umbilical cord, which were cultured under identical differentiation conditions to determine which MSC source is more effective for bone regeneration. Authors evaluated the osteogenic differentiation using established biomarkers, including calcium deposition (Alizarin Red S staining), alkaline phosphatase (ALP) activity, and the secretion of osteoprotegerin (OPG) and osteocalcin (OC). The low OPG and high OC levels in both cell types indicated the progression to an advanced osteogenic differentiation stage.

However, WJ-MSCs demonstrated greater OC secretion than AT-MSCs. These findings confirmed that both AT-MSCs and WJ-MSCs possess the osteogenic potential, though the differences in biomarker expression suggested that AT-MSCs may have reached a more mature differentiation stage by day 21 [23, 24]. Also, drawing on a wide range of previous studies, offers a comprehensive overview of how various cell types, including macrophages, endothelial cells (ECs), nerve cells, and periodontal cells, affect the osteogenic differentiation of mesenchymal stem cells (MSCs).

In addition to serving as a valuable reference for developing multicellular co-culture strategies in osteogenesis research, the article also provides a solid foundation of basic knowledge on the mechanisms and factors involved in MSCs' osteogenic differentiation. The osteogenic differentiation of MSCs progresses through distinct stages: proliferation, commitment to the osteoblast lineage, and matrix mineralization. This complex process is orchestrated by a network of transcription factors, including Runx2, Osterix (OSX), DLX5, and ATF4, and is regulated by key signaling pathways such as Wnt/ β -catenin, BMP, Notch, FGF, and Hedgehog. Among these, Runx2 is particularly critical, serving as a central hub that integrates signals from multiple pathways to drive osteoblastic differentiation [25, 26]. In this review authors reported on chondrogenic differentiation in mesenchymal stem cells, in comparison with the differentiation potential of cancer stem cells (CSCs). The complex biological mechanisms are involved in this process, such as signaling pathways: TGF- β /Smad, BMPs, Hedgehog, Notch, Wnt, and FGF, all of which are converged in the regulation of the SOX9, the master transcription factor in chondrogenesis. It was indicated that a comprehensive multi-dimensional scope—addressing not only canonical molecular pathways but also non-coding RNAs (miRNAs, lncRNAs, circRNAs) and biophysical factors like oxygen tension, mechanical stress, and substrate stiffness, which can shape the fate of MSCs [27, 28]. It was reported that MSCs can be considered as a promising tool in tissue engineering, but their tendency to lose potency in the creation of cartilage that isn't fully comparable to native tissue [29, 30].

Our obtained results of all experimental analyses confirmed that the cells isolated from the Wharton's jelly of human umbilical cord supported the characteristics of mesenchymal stem cells: showed a fibroblast-like morphology, demonstrated the differentiation potential into three cell types (osteocytes, adipocytes, and chondrocytes), and reliably expressed the positive surface markers - CD44, CD90, CD73, and CD105.

Conclusion

Thus, the cells that were isolated from the human umbilical cord confirmed the presence of the phenotype of MSCs.

Author Contributions

V.O., A.S. - Conception and design; A.S., A.I. - Collection and assembly of data; A.S., A.I., V.O. - Data analysis and interpretation; A.S. - Manuscript writing; V.O. - Final approval of manuscript.

Funding

This work was financially supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant № AP27509399).

Acknowledgments

Authors thanks to junior researcher A. Nurkina (NCB) for managing the provision of the biomaterial of the umbilical cord from the medical center after informed consent.

Conflicts of Interest

All authors have completed the ICMJE uniform disclosure form. All authors have no conflict of interest to declare.

Compliance with ethical standards

The authors are accountable for all aspects of the work in ensuring that questions related to the accuracy or integrity of any part of the work are appropriately investigated and resolved.

References

1. Hass R, Kasper C, Bohm S, et al. Different populations and sources of human mesenchymal stem cells (MSC): a comparison of adult and neonatal tissue-derived MSC. *Cell Commun Signal*. 2011;9:12. <https://doi.org/10.1186/1478-811X-9-12>
2. Wang Y, Chen X, Cao W, et al. Plasticity of mesenchymal stem cells in immunomodulation: pathological and therapeutic implications. *Nat Immunol*. 2014;15(11):1009-1016. <https://doi.org/10.1038/ni.3002>
3. Pittenger MF, Mackay AM, Beck SC, et al. Multilineage potential of adult human mesenchymal stem cells. *Science*. 1999;284:143-147. <https://doi.org/10.1126/science.284.5411.143>
4. Sekenova A, Ogay V. Role of mesenchymal stem cells in the regulation of immune response. *Bull Gumilyov Eurasian Natl Univ, Biosci Ser*. 2018;2(123):69–83.
5. Reis M, Mavin E, Nicholson L, et al. Mesenchymal stromal cell-derived extracellular vesicles attenuate dendritic cell maturation and function. *Front Immunol*. 2018;9:2538-1-2538-15. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2018.02538>
6. Kokabu S, Lowery JW, Jimi E. Cell fate and differentiation of bone marrow mesenchymal stem cells. *Stem Cells Int*. 2016;2016:3753581-1-3753581-10. <https://doi.org/10.1155/2016/3753581>
7. Chen Y, Shen H, Ding Y, et al. The application of umbilical cord-derived MSCs in cardiovascular diseases. *J Cell Mol Med*. 2021;25(17):8103-8114. <https://doi.org/10.1111/jcmm.16830>
8. Todtenhaupt P, Franken LA, Groene SG, et al. A robust and standardized method to isolate and expand mesenchymal stromal cells from human umbilical cord. *Cytotherapy*. 2023;25(10):1057-1068. <https://doi.org/10.1016/j.jcyt.2023.07.004>
9. Prockop, Darwin J, Phinney DG, Bruce A. *Mesenchymal Stem Cells: Methods and Protocols*. Bunnell: Humana Press; 2008.
10. Ogay V, Sekenova A, Li Y, et al. The Therapeutic Potential of Mesenchymal Stem Cells in the Treatment of Atherosclerosis. *Curr Stem Cell Res Ther*. 2021;16(7):897-913. <https://doi.org/10.2174/1574888X16999210128193549>
11. Sekenova A, Li Y, Issabekova A, et al. TNF- α Preconditioning Improves the Therapeutic Efficacy of Mesenchymal Stem Cells in an Experimental Model of Atherosclerosis. *Cells*. 2023;12(18):2262. <https://doi.org/10.3390/cells12182262>
12. Hoang VT, Trinh QM, Phuong DTM, et al. Standardized xeno- and serum-free culture platform enables large-scale expansion of high-quality mesenchymal stem/stromal cells from perinatal and adult tissue sources. *Cytotherapy*. 2021;23(1):88-99. <https://doi.org/10.1016/j.jcyt.2020.09.004>
13. Pittenger MF, Discher DE, Péault BM, et al. Mesenchymal stem cell perspective: cell biology to clinical progress. *NPJ Regen Med*. 2019;4:22. <https://doi.org/10.1038/s41536-019-0083-6>
14. Bucar S, Branco ADM, Mata MF, et al. Influence of the mesenchymal stromal cell source on the hematopoietic supportive capacity of umbilical cord blood-derived CD34+-enriched cells. *Stem Cell Res Ther*. 2021;13;12(1):399. <https://doi.org/10.1186/s13287-021-02474-8>
15. Bhat S, Viswanathan P, Chandanala S, et al. Expansion and characterization of bone marrow derived human mesenchymal stromal cells in serum-free conditions. *Sci Rep*. 2021;11(1):3403. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-83088-1>

16. Ullah I, Subbarao RB, Rho GJ. Human mesenchymal stem cells - current trends and future prospective. *Biosci Rep.* 2015;35(2):e00191. <https://doi.org/10.1042/BSR20150025>
17. Cao Y, Boss AL, Bolam SM, et al. In Vitro Cell Surface Marker Expression on Mesenchymal Stem Cell Cultures does not Reflect Their Ex Vivo Phenotype. *Stem Cell Rev Rep.* 2024;20(6):1656-1666. <https://doi.org/10.1007/s12015-024-10743-1>
18. Dominici M, Le Blanc K, Mueller I, et al. Minimal criteria for defining multipotent mesenchymal stromal cells. The International Society for Cellular Therapy position statement. *Cytotherapy.* 2006;8(4):315-7. <https://doi.org/10.1080/14653240600855905>
19. Montemurro T, Lavazza C, Montelatici E, et al. Off-the-Shelf Cord-Blood Mesenchymal Stromal Cells: Production, Quality Control, and Clinical Use. *Cells.* 2024;13(12):1066. <https://doi.org/10.3390/cells13121066>
20. Erices A, Conget P, Minguell JJ. Mesenchymal progenitor cells in human umbilical cord blood. *Br J Haematol.* 2000;109(1):235-42. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2141.2000.01986.x>
21. Dairov A, Sekenova A, Alimbek S, et al. Psoriasis: The Versatility of Mesenchymal Stem Cell and Exosome Therapies. *Biomolecules.* 2024;14(11):1351. <https://doi.org/10.3390/biom14111351>
22. Dairov A, Issabekova A, Sarsenova M, et al. Study of the Therapeutic Effect of Cytokine-Preconditioned Mesenchymal Stem Cells and Their Exosomes in a Mouse Model of Psoriasis. *Biology.* 2025;14(8):1033. <https://doi.org/10.3390/biology14081033>
23. Zajdel A, Kałucka M, Kokoszka-Mikołaj E, et al. Osteogenic differentiation of human mesenchymal stem cells from adipose tissue and Wharton's jelly of the umbilical cord. *Acta Biochim Pol.* 2017;64(2):365-369. https://doi.org/10.18388/abp.2016_1488
24. Jin HJ, Bae YK, Kim M, et al. Comparative analysis of human mesenchymal stem cells from bone marrow, adipose tissue, and umbilical cord blood as sources of cell therapy. *Int J Mol Sci.* 2013;14(9):17986-8001. <https://doi.org/10.3390/ijms140917986>
25. Wang Z, Ren L, Li Z, et al. Impact of Different Cell Types on the Osteogenic Differentiation Process of Mesenchymal Stem Cells. *Stem Cells Int.* 2025;2025:5551222. <https://doi.org/10.1155/sci/5551222>
26. Pittenger MF, Mackay AM, Beck SC, et al. Multilineage potential of adult human mesenchymal stem cells. *Science.* 1999;284(5411):143-7. <https://doi.org/10.1126/science.284.5411.143>
27. Yang X, Tian S, Fan L, et al. Integrated regulation of chondrogenic differentiation in mesenchymal stem cells and differentiation of cancer cells. *Cancer Cell Int.* 2022;22(1):169. <https://doi.org/10.1186/s12935-022-02598-8>
28. Goldring MB, Tsuchimochi K, Ijiri K. The control of chondrogenesis. *J Cell Biochem.* 2006;97(1):33-44. <https://doi.org/10.1002/jcb.20652>
29. Zha K, Sun Z, Yang Y, et al. Recent Developed Strategies for Enhancing Chondrogenic Differentiation of MSC: Impact on MSC-Based Therapy for Cartilage Regeneration. *Stem Cells Int.* 2021;2021:8830834. <https://doi.org/10.1155/2021/8830834>
30. Colombini A, Perucca Orfei C, Kouroupis D, et al. Mesenchymal stem cells in the treatment of articular cartilage degeneration: New biological insights for an old-timer cell. *Cytotherapy.* 2019;21(12):1179-1197. <https://doi.org/10.1016/j.jcyt.2019.10.004>

Кіндік бауынан мезенхималды бағаналы жасушаларды алу және сипаттау

А.Е. Секенова*¹, А.С. Исабекова², В.Б. Огай³

^{1,2,3}Діңгек жасушалар зертханасы, Ұлттық биотехнология орталығы, Астана, Қазақстан

Андатпа. Ғалымдар адамның кіндік бауынан бөлінген мезенхималық бағаналы жасушаларының (МБЖ) регенеративті потенциалын 10 жылдан астам зерттеп келеді. Бұл жасушалардың фенотипін анықтау өте маңызды, өйткені ол бағаналы жасушаларының қасиеттерінің болуын көрсетеді. Бұл зерттеудің мақсаты адамның кіндік бауынан алынған МБЖ-ның фенотипін анықтауы болып табылады. МБЖ адамның кіндік бауынан бөлініп, толық

α -MEM ортада өсірілді. Алынған МБЖ-ның колония түзу қабілеті колония түзуші талдау арқылы талданды. Алынған МБЖ фенотипі ағындық цитометрия көмегімен бағаланды. Алынған МБЖ типтік морфологиясын көрсетті және CFU талдауында колониялар құру мүмкіндігін көрсетті. Алынған МБЖ қалыпты МБЖ беттік маркерлерінің экспрессиясын көрсетті. Осылайша, адамның кіндік бауынан алынған жасушалар МБЖ-ның фенотипінің болуын растады.

Түйін сөздер: мезенхималды бағаналы жасушалар, CFU, ағындық цитометрия, фенотип, беттік белгілер

Выделение и характеристика мезенхимальных стволовых клеток из пупочного канатика

А.Е. Секенова*¹, А.С. Исабекова², В.Б. Огай³

^{1,2,3}Лаборатория стволовых клеток, Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан

Аннотация. Регенеративный потенциал мезенхимальных стволовых клеток (МСК), выделенных из пуповинной крови человека, изучается уже более 10 лет. Определение фенотипа этих клеток имеет важное значение, поскольку указывает на наличие свойств стволовых клеток. Целью данного исследования было определение фенотипа МСК, полученных из пуповинной крови человека. МСК были выделены из пуповинной крови человека и культивированы в полной среде α -MEM. Способность к колониеобразованию полученных МСК была проанализирована с помощью анализа CFU. Фенотип полученных МСК был оценен с помощью проточной цитометрии. Полученные МСК имели типичную морфологию и продемонстрировали способность образовывать колонии в анализе CFU. Полученные МСК экспрессировали поверхностные маркеры МСК. Таким образом, клетки, выделенные из пуповинной крови человека, подтвердили принадлежность к МСК.

Ключевые слова: мезенхимальные стволовые клетки, CFU, проточная цитометрия, фенотип, поверхностные маркеры

Сведения об авторах:

Секенова Алия Ержановна – автор для корреспонденции, Ph.D по специальности «Биология», старший научный сотрудник лаборатории стволовых клеток, ТОО «Национальный центр биотехнологии», пр. Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, Астана, Казахстан.

Исабекова Асель Саниярбековна – Ph.D., ведущий научный сотрудник лаборатории стволовых клеток, ТОО «Национальный центр биотехнологии», пр. Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, Астана, Казахстан.

Огай Вячеслав Борисович – кандидат биологических наук, профессор кафедры «Общей биологии и геномики», ЕНУ имени Л.Н. Гумилева, заведующий лаборатории стволовых клеток, ТОО «Национальный центр биотехнологии», пр. Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, Астана, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Секенова Алия Ержановна – хат-хабар авторы, PhD, діңгек жасушалары зертханасының аға ғылыми қызметкері, «Ұлттық биотехнология орталығы» жауапкершілігі шектеулі серіктестігі, Қорғалжын жолы, 13, 010000, Астана, Қазақстан.

Исабекова Асель Саниярбековна – PhD, діңгек жасушалары зертханасының жетекші ғылыми қызметкері, «Ұлттық биотехнология орталығы» жауапкершілігі шектеулі серіктестігі, Қорғалжын жолы, 13, 010000, Астана, Қазақстан.

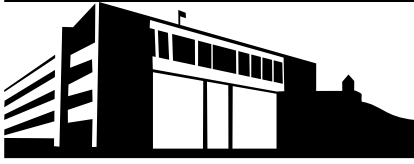
Огай Вячеслав Борисович – биология ғылымдарының кандидаты, профессор, «Жалпы биология және геномика» кафедрасы, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, діңгек жасушалары зертханасының меңгерушісі, «Ұлттық биотехнология орталығы» жауапкершілігі шектеулі серіктестігі, Қорғалжын жолы, 13, 010000, Астана, Қазақстан.

Authors' information:

Sekenova Aliya – Corresponding author, Ph.D. in Biology, senior researcher, Stem cell laboratory, RSE “National center for biotechnology”, Korgalzhynskoye road, 13/5, 010000, Astana, Kazakhstan.

Issabekova Assel – Ph.D., leading scientist, Stem cell laboratory, RSE “National center of biotechnology” Korgalzhynskoye road, 13/5, 010000, Astana, Kazakhstan.

Ogay Vyacheslav – Candidate of Biological Sciences, Professor, Department “General biology and Genomics”, head of the Stem cell laboratory, RSE “National center of biotechnology” Korgalzhynskoye road, 13/5, 010000, Astana, Kazakhstan.



IRSTI 34.29.25; 68.37.31; 29.31.26

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-104-119>

Research article

Spectral signatures of wheat rust from hyperspectral data: the potential of machine learning methods

R.M. Ualiyeva¹, A.V. Osipova², M.M. Kaverina^{*3},
S.B. Zhangazin⁴, N.N. Iksat⁵

^{1,2,3}Toraighyrov University, Pavlodar, Kazakhstan

^{4,5}L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

E-mail: ¹ualiyeva.r@gmail.com, ²aanastasiyaaa@internet.ru, ^{*3}k.ma96@mail.ru,
⁴sayanzhangazin@gmail.com, ⁵nurguliksats@gmail.com

Abstract. The study presents an approach for detecting rust and differentiating lesions using hyperspectral imaging and machine learning methods. Analysis of the differences in the spectral characteristics of lesions on the wheat ear, leaf, and stem revealed patterns between light reflectance and the structure of plants and pathogens. Healthy areas have a high reflectance coefficient due to their normal cellular structure and chlorophyll content. Lower intensity was detected in desiccated areas, which is associated with moisture loss and disrupted plant structure. Areas affected by rust exhibit low reflectance coefficients, which are related to tissue degradation and the accumulation of dark pigments by the pathogens, contributing to their resistance to external stresses. This forms a distinct spectral profile, allowing for clear visual identification of the disease. As a result, with the aim of identifying the presence of lesions caused by *Puccinia graminis* and *Puccinia triticina*, a classification model based on the Random Forest algorithm was developed to recognise rust-affected zones, achieving an overall classification accuracy of 94%. The obtained values indicate the model's high potential for detecting rust lesions, confirming the promise of synergistic analysis of hyperspectral data combined with ensemble machine learning algorithms for the non-invasive detection of wheat rust diseases.

Keywords: hyperspectral imaging, spectral characteristics, plant rust, wheat agroecosis, classification model

Introduction

Wheat rust, caused by fungi of the genus *Puccinia*, is a severe pathology of cereal crops. The disease causes significant damage to yield [1] and grain quality. Crop losses can reach up to 50-60% [2]. Therefore, early and accurate identification is a crucial component of phytosanitary monitoring, as even a moderate disease stage reduces the photosynthetic activity of leaves and

Received: 11.02.2026. Accepted: 13.03.2026. Available online: 31.03.2026.

accelerates their aging, leading to deterioration in grain quality. Furthermore, different types of rust develop differently and require timely, appropriately selected control measures. Untimely detection leads to rapid expansion of disease foci and increased fungicide costs.

Hyperspectral imaging has become one of the most promising tools for disease monitoring. Using hyperspectral imaging, infected and healthy plants can be distinguished with high accuracy, enabling early detection of stripe [3-7] and leaf [5, 8, 9] rust at early stages. This technology facilitates the creation of disease recognition models that can determine the severity of infection for stripe and leaf [10, 11] rust; models based on Random Forest algorithms [12], CNN architectures, and UAV-hyperspectral data [13] show high accuracy in detecting the severity of stripe rust, while an ML model was used to recognise stem rust [14]. UAV-based hyperspectral imaging provides a reliable assessment of the spread of stem [15, 16], stripe [17-21], and leaf [21] rust in field conditions over large areas. Although multispectral imaging can identify stripe rust [22, 23], hyperspectral imaging proves to be more sensitive to the pathology compared to multispectral imaging [24] and allows for determining the stages of disease development, predicting its severity, and tracking its dynamics. In rust identification, the biophysical parameters of vegetation indices [25] and spectra [26] are important, especially narrow spectral bands in the red and near-infrared regions.

In this work, we aim to analyse the spectral characteristics of wheat samples affected by rust and to build a classification model using machine learning methods to assess the potential of hyperspectral imaging for reliable disease identification.

Materials and research methods

Spring wheat (*Triticum aestivum* L., 1753) plants affected by rust diseases caused by *Puccinia graminis* and *Puccinia triticina* were used as objects of this study (Figure 1).

We collected plant material during the 2025 growing season in the major grain-producing regions of Northeastern Kazakhstan. To obtain representative samples, plants showing rust symptoms were selected during the key phenological stages of the crop (BBCH 39-59 and 61-75), where these stages correspond to the development of the pathogens and their spread across different parts of the plant. The sampling area comprised 10 monitoring plots. Plant counts on these plots were based on 10 specimens per plot. To comprehensively cover all potential variations in symptom expression, the distance between adjacent plots ranged from 25 to 50 paces; the distance from the field edge varied between 25 and 50 meters, with further progression into the crop reaching 200-300 meters. Rectangular/triangular and diagonal (checkerboard) sampling patterns were employed to assess the spatial distribution of symptoms. Accordingly, the first pattern helped evaluate the uniformity of infection, while the second was applied for patchy or heterogeneous pathogen spread [27]. Subsequently, phytopathological diagnostics were performed on the collected samples at the Laboratory of Biological Research of Toraighyrov University (Pavlodar, Kazakhstan) in accordance with the State Standard 12044-93 "Methods for determination of disease infestation" [28].

Following this, the selected plant specimens were prepared for hyperspectral imaging. This procedure involved calibration using white and black references to convert raw sensor data into reflectance values, removal of background noise through ROI masking, and normalisation of the resulting spectral data. Hyperspectral imaging was carried out using a FigSpec FS-13 VNIR scanning camera (400-1000 nm; Hangzhou, China). The system provided 1200 spectral channels with a spectral resolution of 2.5 nm and a spatial resolution of 1920 pixels, where each

pixel size was 5.86 μm , and the frame rate was 128 frames per second using a CMOS detector [29, 30].

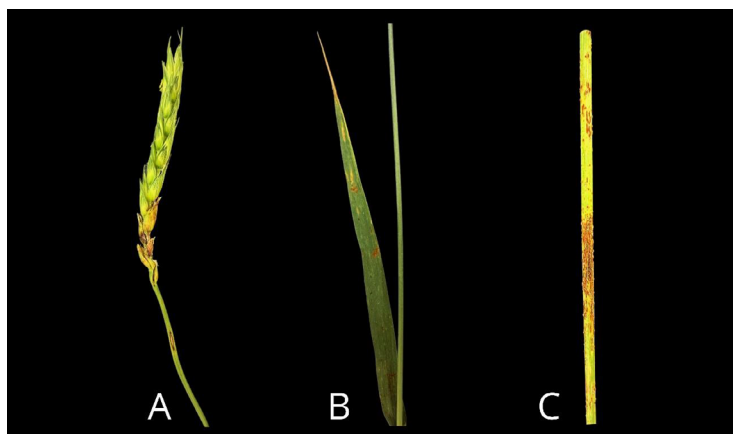


Figure 1. Study objects (a - wheat ear, b - wheat leaf, c - wheat stem)

The initial hyperspectral data, presented as hypercubes, were processed using Breeze software (version 2024.2.0). For spectral analysis, a PCA model and the Pixel Explore tool were applied. This allowed the use of original spectral plots to visualise spectral curves for individual plant samples across the VNIR range. Scatter plots were used to analyse pixel distribution across PCs, where colour intensity reflects point density - red indicating the highest density (PC1 representing the most pronounced spectral differences; PC2 representing spectral variability within a lesion).

To visualise the spectral channels with the greatest variance, hyperspectral cubes were projected onto two-dimensional images by creating maximum variance images. In this study, PCA served as an exploratory method to assess the spectral separability and heterogeneity of rust lesions. The Random Forest algorithm was used as a supervised classification method. The input features for each ROI consisted of spectral reflectance values across the VNIR range (400-1000 nm), as well as derived indices including mean reflectance, standard deviation, relative bandwidth, and wavelength contrast. Hyperparameter tuning was performed via mesh search, with parameters for the Random Forest set as number of trees (n estimators = 100), maximum tree depth (max depth = 10), and splitting criterion (Gini impurity). This approach was chosen to enhance model reliability and reduce the risk of overfitting, as it processes independent decision trees in parallel and aggregates their predictions to produce a final classification result [31].

Statistical analysis of the spectral data was performed using ANOVA and descriptive statistics. For each organ and tissue condition, statistical significance was assessed by calculating p-values, and effect sizes were quantified using η^2 (eta squared) and Cohen's d, emphasising organs exhibiting the most pronounced spectral differences. Model performance was evaluated using five-fold cross-validation. The 143 ROIs were selected to isolate tissue areas with lesions. To better approximate independent evaluation and reduce potential bias, the ROIs were split plant-wise, so that ROIs from the same plant did not appear in both the training and validation folds. In each iteration of the five-fold cross-validation, approximately 70% of the ROIs were used for training, and 30% for validation, and performance metrics (F1-score, Precision, Recall) were averaged across all folds to assess internal stability. The approach used reduces the likelihood of overfitting and allows for a reliable evaluation of the model.

Results

The figures present hyperspectral images of wheat ear, leaf, and stem affected by rust, accompanied by the Raw Spectrum graphs showing curves that reflect the spectral characteristics of plant areas, and a Variance Scatter diagram. The hyperspectral image is characterised by being coloured in conditional colours that correspond to the level of light reflectance intensity. Here, warm colours (red, yellow) denote areas with high reflectance, while cold colours (light blue, blue) indicate zones of low reflectance. The Raw Spectrum graph contains curves reflecting the spectral characteristics of specific regions of the hyperspectral image. On the other hand, the Variance Scatter diagram represents the distribution of spectral data after dimensionality reduction, where each point corresponds to a single pixel of the hyperspectral image, which is transformed into principal component coordinates. Considering the object localisation in the image, it can be noted that the colours of the areas corresponding to the curves of different colours are indicated on its right side: for example, the red curve corresponds to the blue colour on the hyperspectral image, as follows from the colour scale.

Figure 2 depicts an ear affected by the rust pathogen. It is worth noting that the red curve corresponds to the rust-affected area of the ear at its base with a reflectance of 23%. The remaining curves belong to healthy areas of the ear, where the reflectance varies within 15-30%. The spectral peaks belonging to the ear were in the wavelength range of 550-780 nm, which is standard for all examined samples. Notably, this range includes the red edge region, known for its sensitivity to the physiological state of plants. In the Variance Scatter, the first component $t[1]$ (73.2%) reflects the majority of data variation and differences between spectra, while the second component $t[2]$ (6.15%) shows additional variations. The high $t[1]$ values within the explained variance indicate the dominance of spectral values characteristic of healthy ear areas, whereas $t[2]$ primarily explains spectral deviations associated with local lesion areas. Overall, the points were grouped into one cluster, indicating that a large number of pixels have similar spectral characteristics. The presence of individual outliers is represented by the image of rare points, which reflect rust areas with distinct spectral properties, confirming the possibility of identifying regions with altered optical characteristics (Figure 2).

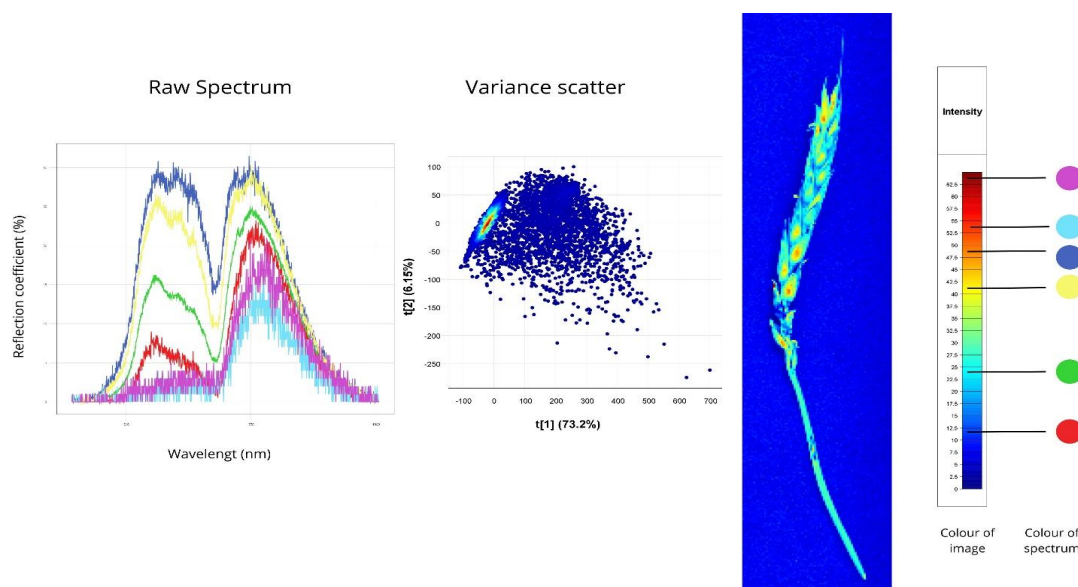


Figure 2. Spectral characteristics of a wheat ear affected by rust

Figure 3 depicts a rust-affected leaf, where the red curve reflects individual rust foci with an average reflectance of 15%. Here, the yellow curve describes areas surrounding the disease foci with a reflectance identical to the previous one - 15%. The similarity of spectra inherent to the infection foci may predominantly indicate that the disease was characterised by the onset of infection symptom development, or it may point to underlying physiological changes that were relatively difficult to distinguish visually. The purple curve belongs to desiccated areas of the leaf, where reflectance values of 25% were noted, which, in most cases, is explained precisely by the degradation of cellular structure and disruption of water balance. Alongside this, the remaining curves correspond to healthy tissue and have a reflectance in the range of 20-35%, the primary reason for which may be the relative variability of lighting conditions and the anatomical heterogeneity of the foliar organ's structure. It is important to note that the maximum spectral peaks were in the 550-780 nm range, corresponding to the region sensitive to stress impacts. The Variance Scatter diagram is characterised by an elongated shape, where the actual percentage of scattered points, reflecting pixels differing in spectral properties, is 4.56%, indicating a relative predominance of homogeneous spectral characteristics with locally pronounced areas of deviations (lesions by the rust pathogen) (Figure 3).

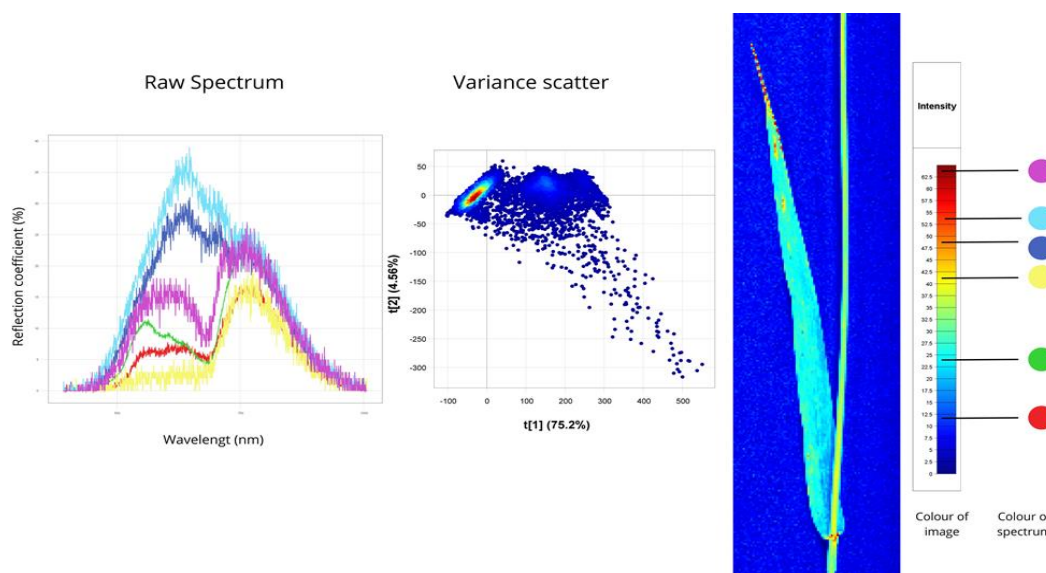


Figure 3. Spectral characteristics of a wheat leaf affected by rust

Colour differences between various areas of the stem essentially indicate a disruption of physiological processes or may be a result of tissue degradation. Figure 4 depicts a diseased stem, where the red and green curves belong to diseased areas; here, the red reflects the most severely affected areas with a reflectance of 8%, while the green curve has a reflectance within 15%. These low values may be associated with the accumulation of pathogenic biomass or the destruction of cell structure. The yellow curve corresponds to desiccated areas of the stem (28%), whereas the remaining curves represent regions retaining a healthy green colour (30-35%), primarily due to the preservation of pigments and lower moisture content. The wavelength range of the spectral peaks, as with other areas, was noted within 550-780 nm, which is a result of the physiological sensitivity of plant tissues to pathological impacts. The Variance Scatter contains numerous points, accounting for 6.24%, reflecting the heterogeneity of the stem surface due to the spectral features of disease lesions.

A comparative analysis conducted on the spectral profiles of different plant organs enables the investigation of optical properties of individual areas depending on the physiological state and anatomical structure of the studied samples. Figure 5 demonstrates the spectral profiles of different parts of wheat: ear, leaf, and stem. It has been established that the red curve reflects the spectral characteristics of the ear with a reflectance of 11-18%, the green curve belongs to the leaf and has a reflectance of 10-21%, while the blue curve describes the stem, where reflectance was within 14-21%. These differences were primarily determined by chlorophyll content, structural features of tissues, and an indicator such as moisture content. The identified spectral indicators were determined within the 550-780 nm range, which primarily correspond to regions of maximum sensitivity. This fact is associated with various pathological changes occurring in the tissues of plant organisms and is used as an informative identifier for differentiating lesions.

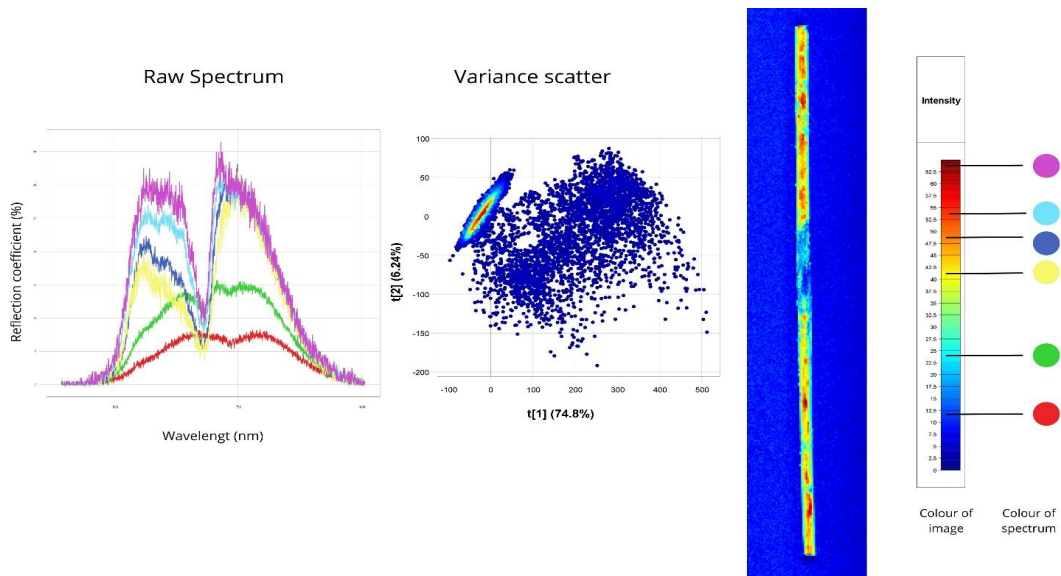


Figure 4. Spectral characteristics of a wheat stem affected by rust

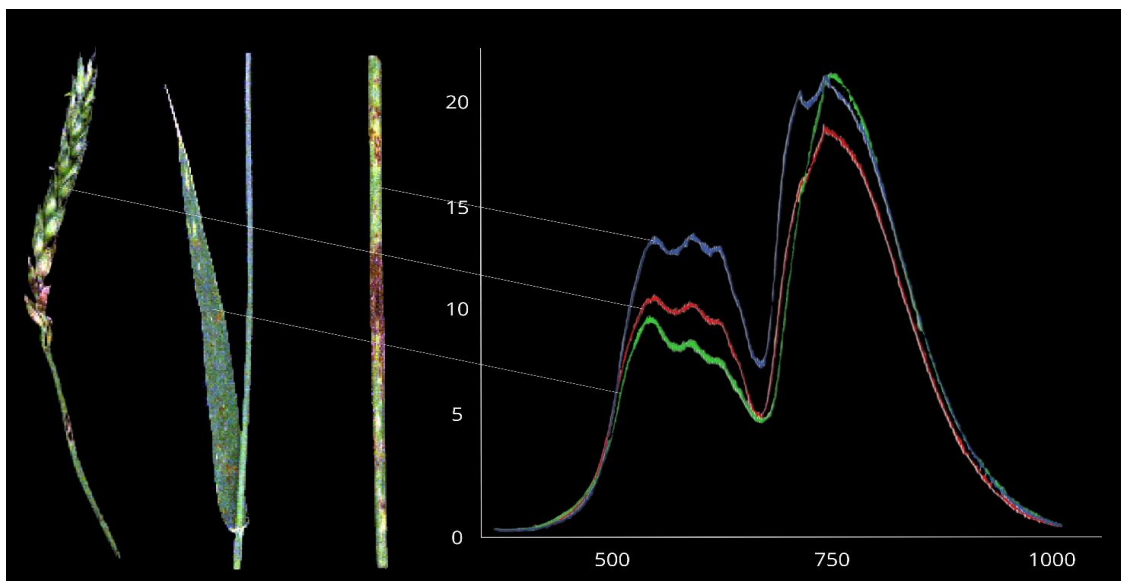


Figure 5. Comparative spectral profiles of wheat ear, leaf, and stem

Descriptive statistical indicators and the results of the analysis of variance for the reflectance and wavelength range are presented in Tables 1 and 2, respectively. The data in Table 1 show quite pronounced indicators of the reflectance associated with different functional states. It should be noted that, in several cases, the statistical analysis yielded a standard deviation of zero. This result arises because the calculations were based on the reflectance coefficient, which exhibited a single pronounced peak. Under these conditions, the absence of variability in the parameter leads to a zero-standard deviation. Therefore, in the present case, the magnitude of the standard deviation is determined not by the distribution of values across the entire spectral range, but by the presence and number of pronounced peaks in the spectrum. Spectra containing two or more distinct peaks exhibited non-zero variance, reflecting differences in their amplitude characteristics. The average value of the coefficient for the affected areas was approximately 23%, while for the entire sample as a whole, it was only 14.5%, which is 60% lower than the first indicator. Healthy ear areas are characterized by a wide wavelength range, which accompanies increased variability indicators (CV=8.47%) and indicates the actual heterogeneity of the optical properties of undamaged tissue.

Desiccated leaf areas have an average reflectance (25-28%) distinguished by its stability, which corresponds to reduced moisture content, as well as degradation of tissue structure, and is confirmed by zero values of standard deviation and variation indicators. The stem exhibits more pronounced differentiation of spectral characteristics. Differences in reflectance indicators are manifested precisely in the fact that affected areas exhibit minimal reflectance values, whereas healthy areas show maximum values (11.5% and 32.5%, respectively). Moreover, the main reflectance difference (Δ) with the maximum value was recorded within 10.58%, which corresponds to a healthy leaf and ear, and is a result of the sensitivity of this parameter, reflecting primarily the physiological state of the plants.

Table 1

Spectral characteristics of wheat samples: Reflectance

№	Plant part	Body part	Reflectance (coefficient) (%)	Mean Reflectance, Median	Standard Deviation	CV	Rate of Change	Δ Reflectance
1	Ear	Body	11-18	14.5	0.89	6.13	14.50	4.94
		Affected areas	23	23.0	0.00	0.00	23.00	0.00
		Healthy areas	15-30	22.5	1.91	8.47	22.50	10.58
2	Leaf	Body	10-21	15.5	1.40	9.01	15.50	7.76
		Affected areas	15	15.0	0.00	0.00	15.00	0.00
		Dried areas	25	25.0	0.00	0.00	25.00	0.00
		Healthy areas	20-35	27.5	1.91	6.93	27.50	10.58
3	Stem	Body	14-21	17.5	0.89	5.08	17.50	4.94
		Affected areas	8-15	11.5	0.89	7.73	11.50	4.94
		Dried areas	28	28.0	0.00	0.00	28.00	0.00
		Healthy areas	30-35	32.5	0.64	1.95	32.50	3.53

The results presented in Table 2 demonstrate that, regardless of the condition of the plant tissue or organ, all main spectral characteristics were noted in the wavelength range of 550-780 nm. Thus, the following indicators were obtained: constancy of the spectral range width within 230 nm, contrast ratio of 1.42, relative bandwidth - 0.173, and normalized contrast - 0.295.

This indicates that the key differences between the samples were related to changes in light reflectance rather than to shifts in spectral range width or peaks.

Table 2**Spectral characteristics of wheat: Wavelength**

№	Plant part	Wavelength (nm)	Spectral Bandwidth	Contrast ratio	Relative bandwidth	Normalised contrast
1	Ear	550-780	230	1.42	0.173	0.295
2	Leaf	550-780	230	1.42	0.173	0.295
3	Stem	550-780	230	1.42	0.173	0.295

These observations were confirmed by statistical analysis (Table 3). The factor studied had a highly significant effect on stem and leaf reflectance ($p < 0.001$) with large effect sizes ($\eta^2 = 0.41$ and 0.38 ; Cohen's $d = 1.25$ and 1.10 , respectively), reflecting the fact that rust pathogens predominantly affect leaves and stems. In contrast, the effect on ear reflectance was not statistically significant ($p = 0.16$) and corresponded to a small effect size ($\eta^2 = 0.02$; Cohen's $d = 0.18$). These results indicate that stem and leaf reflectance are the most informative parameters for differentiating tissue conditions, confirming their utility as indicators in diagnosing phytopathological conditions of wheat.

Overall, it was found that the most informative among the statistical data were the reflectance indicators, which allow for more accurate differentiation of desiccated, affected, and healthy tissue areas on plant samples, confirming their expediency for use as indicators in diagnosing phytopathological conditions of wheat.

After processing the spectral data, categories were added for different zones of the hyperspectral images of wheat parts. Figure 6 shows key information about the classification model built using the Random Forest machine learning algorithm. The core of the Random Forest method in this context involves generating many independent decision variants and then aggregating their outputs; this is, done by creating random samples from the original data, each used to train an individual decision tree. The results from all these trees are then averaged to produce the final rust classification model with high accuracy.

Table 3**Spectral characteristics of wheat: Wavelength**

№	Plant part	p-value	η^2	Cohen's d
1	Ear	0.16	0.02	0.18
2	Leaf	<0.001	0.38	1.10
3	Stem	<0.001	0.41	1.25

The statistical data of the algorithm are presented under the letter D. Macro Accuracy, equal to 0.74074, indicates a fairly good balanced accuracy across all examined classes. Micro Accuracy shows the proportion of all correctly classified zones and is about 89%. Log loss is less than 0.3, which is a sign of a stable model and indicates a low probability error, and Log Loss Reduction within 0.69 is an indicator of the model's quality improvement compared to the baseline. The cross-validation value confirms model stability when applied to various subsamples, but at the same time it may indicate potential for further improvement by retraining on additional data.

The confusion matrix (C) presents classification performance metrics such as Recall, Precision, and the F1-score. Precision shows how accurate the model's predictions are and ranges from 92.9% to 97.6%; Recall, meanwhile, reflects how well the model finds all diseased areas, and as a result, ranges from 86.7% to 100%. The F1-score is the harmonic mean between Precision and Recall and shows how balanced the model is, where experimentally obtained data were noted within the range of 89.7% to 96.5%. Thus, rust-affected leaf areas were classified with the highest accuracy (100%), good classification performance was observed for stem zones (95.4%), whereas only 86.7% of leaf zones were correctly classified. In Figure 6, under letters A and B, the area parameter is visible, which shows the size of the affected areas, allowing for a visual comparison of the scale of the lesions.

Discussion

Rust pathogens are obligate fungi of the genus *Puccinia*. Brown leaf rust is caused by *P. triticina*, black stem rust by *P. graminis f. sp. tritici*, and yellow stripe rust by *P. striiformis f. sp. tritici* [32]. Their spores land on the plant, penetrate tissues via haustoria, and as a result, secrete effector proteins that suppress plant immunity [33, 34].

Sa... /	Group	Image	Category	Random Forest	Random Forest	Area
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	776 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	480 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	799 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	873 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	873 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	555 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	33 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	242 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	45 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	733 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	776 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	776 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	728 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	585 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	482 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	344 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	528 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	798 px
12.5.6. ...	Group		Stem rust		Stem rust	689 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	144 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	144 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	144 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	72 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	48 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	108 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	8 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	8 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	8 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	8 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	8 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	8 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	36 px
7.1.2. П...	Group		Ear rust		Ear rust	137 px

Our experimental data confirm that healthy areas have greater reflectance intensity compared to affected and desiccated ones, with the rust-affected areas having the lowest reflectance values. It is also important to note that among all plant parts, the ear possesses the lowest reflectance intensity, although the actual difference between the reflectances is practically insignificant.

Figure 7 shows the dependence between pigment content and the degree of light reflectance. As follows from the figure, red arrows indicate the degree of actual light reflectance. Thus, healthy plant tissue has a high reflectance, which is due to the green pigment chlorophyll, reflecting light in the green range of the visible spectrum (500-600 nm) and in the near-infrared range (from 700 nm). Furthermore, it has been established that the decrease in reflectance intensity of affected areas is primarily associated with the dark pigmentation of the disease. Equally important is the fact that rust pathogens contain DHN-melanins [35], for example, in black stem rust, and carotenoids (phytoene, lycopene, γ -carotene, and β -carotene), for example, in yellow stripe rust [36]. These are primarily used to provide direct protection for the pathogen against ultraviolet light, as well as to shield it from oxidative stress.

Our analysis also revealed that different types of rust can exhibit varied spectral indicators, which may depend on pigment content. The main reasons for this may be disruption of the epidermis structure, the presence of the pathogen's dark pigment, destruction of the mesophyll, and inhibition of chlorophyll synthesis, which consequently leads to reduced light reflectance in diseased areas and the plant as a whole. Accordingly, the decrease in reflectance is one of the key diagnostic indicators for rust identification in direct spectral analysis.

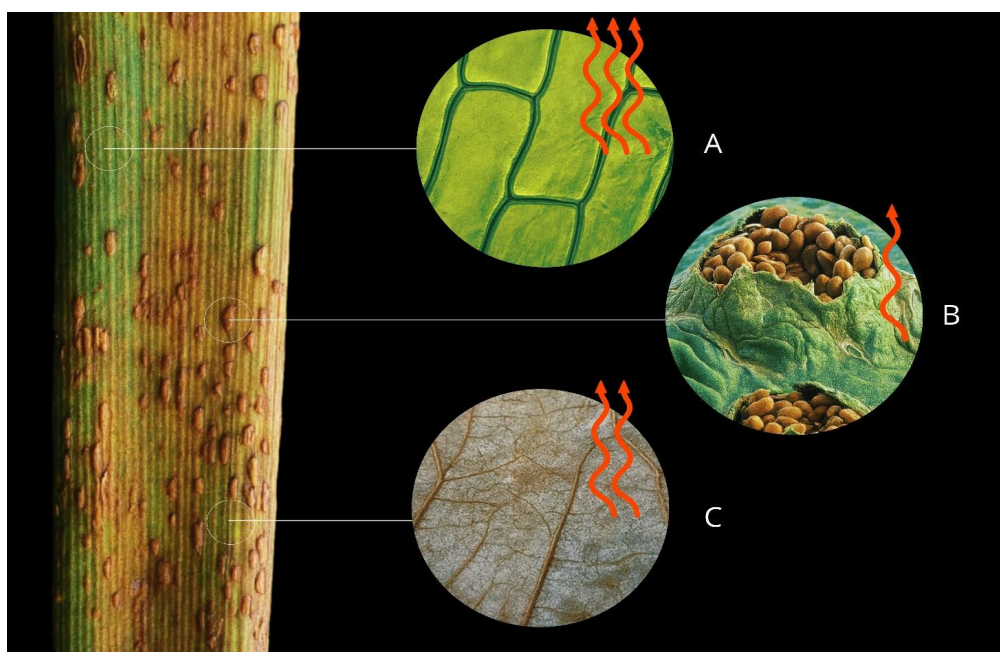


Figure 7. Wheat leaf (A - healthy areas, B - affected areas, C - dried areas)

Conclusion

The obtained data confirm that hyperspectral imaging is a highly effective tool for the detection of wheat rust and the assessment of its overall phytosanitary status. The use of hyperspectral data allowed for the analysis of differences in the spectral characteristics of lesions on the wheat ear, leaf, and stem, as well as the identification of the most significant patterns.

It has been established that healthy areas have a high level of light reflectance, which is due to normal cellular structure and its chlorophyll content. Meanwhile, the intensity in desiccated areas is noted to be at a lower level, which may be associated with moisture loss and disruptions occurring in the plant structure. It has been revealed that rust-affected zones possess low reflectances, related to tissue degradation and the accumulation of dark pigments in the pathogens, which allow them to ensure resistance to external stresses. These combined factors create a distinct spectral profile that enables reliable disease identification.

As a result, based on the analysis of spectral characteristics using the Random Forest algorithm, a classification model was built for recognising rust-affected zones, with an actual average classification accuracy of up to 94%.

Thus, this research demonstrates that the integration of hyperspectral imaging with machine learning methods enables the detection of rust and differentiation of the degree of infection by its pathogen across various plant parts, including early stages. This approach can be integrated into remote monitoring systems for wheat agroecosystems, thereby ensuring timely diagnosis of various phytopathologies.

Author Contributions

U.R.M. - concept and supervision of the work; O.A.V. - conducting the experiments; K.M.M. - discussion of the research results; F.A.A. - writing the text; Zh.S.B. - editing the text of the article.

Funding

This research is funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP22784689 «Development of an integrated system for remote monitoring of spring wheat agrocenoses based on spectral imaging technology for the creation of precision agriculture»).

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

Compliance with ethical standards

This article does not contain a description of studies performed by the authors involving people or using animals as objects.

References

1. Sekerova T, Tileubayeva Zh, Ydyrys A, Aitzhanova M, Bakirova K, Mutlu M, Admanova G. Assessing Kazakhstani wheat varieties by yield indicators and resistance to rust. *International Journal of Biology and Chemistry*. 2021;14(1):64-73. <https://doi.org/10.26577/ijbch.2021.v14.i1.06>
2. Genievskaya Y, Turuspekov Y, Rsaliyev A, Abugaliev S. Genome-wide association mapping for resistance to leaf, stem, and yellow rusts of common wheat under field conditions of South Kazakhstan. *PeerJ*. 2020. doi.org/10.7717/peerj.9820
3. Huang W, Lamb DW, Niu Z, Zhang Y, Liu L, Wang J, Wang L. Identification of yellow rust in wheat using in-situ spectral reflectance measurements and airborne hyperspectral imaging. *Precision Agriculture*. 2007;8:187-197. <https://doi.org/10.1007/s11119-007-9038-9>
4. Yao Z, Lei Y, He D. Early visual detection of wheat stripe rust using visible/near-infrared hyperspectral imaging. *Sensors*. 2019;19(4):952. <https://doi.org/10.3390/s19040952>

5. Ma H, Ye H, Huang W, Dong Y, Shi Y, Ruan C. Identification and severity determination of wheat stripe rust and wheat leaf rust based on hyperspectral data acquired using a black-paper-based measuring method. PLOS ONE. 2016;11(5):e0154648. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0154648>
6. Zhao J, Huang L, Huang W, Yuan L, Ye H. Hyperspectral measurements of severity of stripe rust on individual wheat leaves. European Journal of Plant Pathology. 2014;139:407-417. <https://doi.org/10.1007/s10658-014-0397-6>
7. Devadas R, Lamb DW, Backhouse D, et al. Sequential application of hyperspectral indices for delineation of stripe rust infection and nitrogen deficiency in wheat. Precision Agriculture. 2015;16:477-491. <https://doi.org/10.1007/s11119-015-9390-0>
8. Mutafa A, Al-Sadi A, et al. Hyperspectral signal decomposition and symptom detection of wheat rust disease at the leaf scale using pure fungal spore spectra as reference. Plant Pathology. 2021. <https://doi.org/10.1111/ppa.13020>
9. Terentev A, Badenko V, Shaydayuk E, Emelyanov D, Eremenko D, Klabukov D, Fedotov A, Dolzhenko V. Hyperspectral remote sensing for early detection of wheat leaf rust caused by Puccinia triticina. Agriculture. 2023;13(6):1186. <https://doi.org/10.3390/agriculture13061186>
10. Chossegros M, Hubbard A, Burt M, et al. Hyperspectral image analysis for classification of multiple infections in wheat. Plant Methods. 2025;21:144. <https://doi.org/10.1186/s13007-025-01461-x>
11. Guo A, Huang W, Ye H, Dong Y, Ma H, Ren Y, Ruan C. Identification of wheat yellow rust using spectral and texture features of hyperspectral images. Remote Sensing. 2020;12(9):1419. <https://doi.org/10.3390/rs12091419>
12. Wójtowicz A, Piekarczyk J, Wójtowicz M, Królewicz S, Świerczyńska I, Pieczul K, Jasiewicz J, Ceglarek J. Integrating RGB image processing and random forest algorithm to estimate stripe rust disease severity in wheat. Remote Sensing. 2025;17(17):2981. <https://doi.org/10.3390/rs17172981>
13. Zhang X, Han L, Dong Y, Shi Y, Huang W, Han L, González-Moreno P, Ma H, Ye H, Sobeih T. A deep learning-based approach for automated yellow rust disease detection from high-resolution hyperspectral UAV images. Remote Sensing. 2019;11(13):1554. <https://doi.org/10.3390/rs11131554>
14. Terentev A, Kuznetsova D, Fedotov A, Baranova O, Eremenko D. Cross-crop transferability of machine learning models for early stem rust detection in wheat and barley using hyperspectral imaging. Plants. 2025;14(21):3265. <https://doi.org/10.3390/plants14213265>
15. Abdulridha J, Min A, Rouse MN, Kianian S, Isler V, Yang C. Evaluation of stem rust disease in wheat fields by drone hyperspectral imaging. Sensors. 2023;23(8):4154. <https://doi.org/10.3390/s23084154>
16. Deng J, Wang X, Zhang J, Li H, Xue X. Quantitative estimation of wheat stripe rust disease index using unmanned aerial vehicle hyperspectral imagery and innovative vegetation indices. IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing. 2023;61:4406111. <https://doi.org/10.1109/TGRS.2023.3292130>
17. Guo A, Huang W, Dong Y, Ye H, Ma H, Liu B, Wu W, Ren Y, Ruan C, Geng Y. Wheat yellow rust detection using UAV-based hyperspectral technology. Remote Sensing. 2021;13(1):123. <https://doi.org/10.3390/rs13010123>
18. Zheng Q, Huang W, Ye H, Dong Y, Shi Y, Chen S. Using continuous wavelet analysis for monitoring wheat yellow rust in different infestation stages based on unmanned aerial vehicle hyperspectral images. Applied Optics. 2020;59(24):8003-8013.
19. Atanasov AZ, Evstatiev BI, Atanasov AI, Nikolova PD. Assessment of yellow rust (Puccinia striiformis) infestations in wheat using UAV-based RGB imaging and deep learning. Applied Sciences. 2025;15(15):8512. <https://doi.org/10.3390/app15158512>
20. Fang S, Zhang J, Li H, Huang W. Pixel-level regression for UAV hyperspectral images: Deep learning-based quantitative inverse of wheat stripe rust disease index. Computers and Electronics in Agriculture. 2023;208:108434. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2023.108434>
21. Heidarian Dehkordi R, El Jarroudi M, Kouadio L, Meersmans J, Beyer M. Monitoring wheat leaf rust and stripe rust in winter wheat using high-resolution UAV-based red-green-blue imagery. Remote Sensing. 2020;12(22):3696. <https://doi.org/10.3390/rs12223696>
22. Perez E, Smith L, Sun D. Wheat yellow rust monitoring by learning from multispectral UAV aerial imagery. Computers and Electronics in Agriculture. 2018;155:237-247. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2018.10.017>

23. Atanasov AI, Atanasov AZ, Evstatiev BI. Application of NDVI for early detection of yellow rust (*Puccinia striiformis*). *AgriEngineering*. 2025;7(5):160. <https://doi.org/10.3390/agriengineering7050160>
24. Behmann J, Mahlein A-K, Rumpf T, Römer C, Plümer L. Comparison of multi- and hyperspectral imaging data of leaf rust infected wheat plants. *Proceedings of SPIE*. 2006. <https://doi.org/10.1117/12.626531>
25. Ashourloo D, Mobasheri MR, Huete A. Evaluating the effect of different wheat rust disease symptoms on vegetation indices using hyperspectral measurements. *Remote Sensing*. 2014;6(6):5107-5123. <https://doi.org/10.3390/rs6065107>
26. Li J, Zhao Y, Huang W. Inversion of plant functional traits from hyperspectral imagery enhances the distinction of wheat stripe rust severity. *AI in Agriculture*. 2025. <https://doi.org/10.1016/j.aiia.2025.10.006>
27. Polyakov IYa, Persov MP, Smirnov VA. Forecasting the development of agricultural crop pests and diseases (with practical exercises). Leningrad: Kolos; 1984. p. 318.
28. State Standard 12044-93. Methods for determination of disease infestation. Moscow: Standartinform; 2011. p. 57.
29. Chen W, Liu L, Gao R. Reconstructing hyperspectral images from RGB images by multi-scale spectral-spatial sequence learning. *Entropy*. 2025;27:959. <https://doi.org/10.3390/e27090959>
30. Rogers M, Blanc-Talon J, Urschler M, et al. Wavelength and texture feature selection for hyperspectral imaging: A systematic literature review. *Food Measure*. 2023;17:6039-6064. <https://doi.org/10.1007/s11694-023-02044-x>
31. Xia J, Falco N, Benediktsson JA, Du P, Chanussot J. Hyperspectral image classification with rotation random forest via KPCA. *IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing*. 2017;10:1601-1609. <https://doi.org/10.1109/JSTARS.2016.2636877>
32. Rehman SU, Qiao L, Shen T, Hua L, Li H, Ahmad Z, Chen S. Exploring the frontier of wheat rust resistance: Latest approaches, mechanisms, and novel insights. *Plants*. 2024;13:2502. <https://doi.org/10.3390/plants13172502>
33. Annan EN, Huang L. Molecular mechanisms of the co-evolution of wheat and rust pathogens. *Plants*. 2023;12:1809. <https://doi.org/10.3390/plants12091809>
34. Wang J, Chen T, Tang Y, Zhang S, Xu M, Liu M, Zhang J, Loake GJ, Jiang J. The biological roles of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* effectors during infection of wheat. *Biomolecules*. 2023;13(6):889. <https://doi.org/10.3390/biom13060889>
35. Qin Y, Xia Y. Melanin in fungi: Advances in structure, biosynthesis, regulation, and metabolic engineering. *Microbial Cell Factories*. 2024;23(1):334. <https://doi.org/10.1186/s12934-024-02614-8>
36. Wang E, Dong C, Park RF, Roberts TH. Carotenoid pigments in rust fungi: Extraction, separation, quantification and characterisation. *Fungal Biology Reviews*. 2018;32(3):166-180. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2018.02.002>

Гиперспектралды мәліметтер бойынша бидай татының спектрлік сигнатуралары: машиналық оқыту әдістерінің әлеуеті

Р.М. Уалиева¹, А.В. Осипова², М.М. Каверина*³, С.Б. Жангазин⁴, Н.Н. Иқсат⁵

^{1,2,3}*Торайғыров университеті, Павлодар, Қазақстан*

^{4,5}*Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан*

Аңдатпа. Зерттеу гиперспектралды визуализация және машиналық оқыту әдістерін қолдана отырып, татты анықтау және зақымдануды саралау тәсілін ұсынады. Бидай масағының, жапырағының және сабағының зақымдануының спектрлік сипаттамаларындағы айырмашылықтарды талдау жарықтың шағылысуы және өсімдіктер мен қоздырғыштардың құрылымы арасындағы заңдылықтарды көрсетті. Сау аймақтарда қалыпты жасушалық

құрылымға және оның құрамындағы хлорофиллге байланысты жоғары шағылысу коэффициенті анықталды. Төмен қарқындылық ылғалдың жоғалуына және өсімдік құрылымының бұзылуына байланысты өсімдіктің құрғақ аймақтарында анықталды. Таттан зардап шеккен аймақтардың шағылысу коэффициенттерінің төмен көрсеткіштері тіндердің деградациясына және сыртқы стресстерге төзімділікке ықпал ететін қоздырғыштарда қара пигменттердің жиналуына байланысты. Бұл ауруға тән, оны нақты анықтауға мүмкіндік беретін спектрлік профильді құрайды. Нәтижесінде *Puccinia graminis*, *Puccinia triticina* қоздырғыштарының зақымдануының болуын анықтау мақсатында жалпы жіктеу дәлдігі 94% болатын таттан зардап шеккен аймақтарды тану үшін Random Forest алгоритмі негізінде жіктеу моделі құрылды. Алынған мәндер үлгінің татпен зақымданған аймақтарды анықтау қабілетінің жоғары екенін көрсетеді де, бұл бидайдың тат ауруларын инвазивті емес түрде анықтау үшін гиперспектралды деректерді ансамбльдік машиналық оқыту алгоритмдерімен біріктірілген синергетикалық талдаудың перспективасын растайды.

Түйін сөздер: гиперспектралды визуализация, спектрлік сипаттамалар, тат, бидай агроценозы, жіктеу моделі

Спектральные сигнатуры ржавчины пшеницы по гиперспектральным данным: потенциал методов машинного обучения

Р.М. Уалиева¹, А.В. Осипова², М.М. Каверина^{*3}, С.Б. Жангазин⁴, Н.Н. Иксат⁵

^{1,2,3}*Торайғыров университет, Павлодар, Казахстан*

^{4,5}*Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан*

Аннотация. В исследовании представлен подход к выявлению ржавчины и дифференциации поражений с применением гиперспектральной визуализации и методов машинного обучения. Анализ различий в спектральных характеристиках поражений колоса, листа и стебля пшеницы показал закономерности между светоотражением и структурой растений и возбудителей заболеваний. Здоровые участки имеют высокий коэффициент отражения за счет нормальной клеточной структуры и содержания в ней хлорофилла. Более низкая интенсивность выявлена у засохших участков, связанных с потерей влаги и нарушением структуры растения. Пораженные ржавчиной зоны обладают низкими коэффициентами отражения, что связано с деградацией тканей и накоплением темных пигментов у возбудителей, способствующих устойчивости к внешним стрессам. Это формирует характерный спектральный профиль, позволяющий наглядно идентифицировать болезнь. В результате с целью идентификации присутствия поражений возбудителями *Puccinia graminis*, *Puccinia triticina* была построена классификационная модель на основе алгоритма Random Forest для распознавания зон, пораженных ржавчиной, с общей точностью классификации 94 %. Полученные значения указывают на высокую способность модели выявлять поражения ржавчиной, что подтверждает перспективность синергетического анализа гиперспектральных данных в сочетании с алгоритмами ансамблевого машинного обучения для неинвазивного выявления ржавчинных заболеваний пшеницы.

Ключевые слова: гиперспектральная визуализация, спектральные характеристики, ржавчина, агроценоз пшеницы, классификационная модель

Authors' information:

Ualiyeva Rimma Meyramovna – PhD, Professor, Department of Biology and Ecology, Toraihyrov University, 64 Lomov St., 140008, Pavlodar, Kazakhstan.

Osipova Anastasiya Vyacheslavovna – Master's degree student, Department of Biology and Ecology, Toraihyrov University, 64 Lomov St., 140008, Pavlodar, Kazakhstan.

Kaverina Mariya Mikhailovna – Corresponding author, Junior Researcher at the Department of Biology and Ecology, Toraihyrov University, 64 Lomov St., 140008, Pavlodar, Kazakhstan.

Zhangazin Sayan Berikovich – PhD, Associate Professor, Deputy Dean for Research of the Faculty of Natural Sciences, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 2 Satpayev St., 010008, Astana, Kazakhstan.

Iksat Nurgul Nurkanatkyzy – PhD, Acting Associate Professor, Department of Biotechnology and Microbiology, postdoctoral researcher, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 2 Satpayev St., 010008, Astana, Kazakhstan.

Авторлар туралы мәлімет:

Уалиева Римма Мейрамовна – PhD, профессор, «Биология және экология» кафедрасы, Торайғыров университеті КеАҚ, Ломов көшесі, 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Осипова Анастасия Вячеславовна – магистрант, «Биология және экология» кафедрасы, Торайғыров университеті КеАҚ, Ломов көшесі, 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Каверина Мария Михайловна – хат-хабар авторы, кіші ғылыми қызметкер, «Биология және экология» кафедрасы, Торайғыров университеті КеАҚ, Ломов көшесі, 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Жангазин Саян Берикович – PhD, қауымдастырылған профессор, деканының ғылыми жұмыс жөніндегі орынбасары, Жаратылыстану ғылымдары факультеті, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті КеАҚ, Сәтбаев көшесі 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Иқсат Нұргүл Нұрқанатқызы – PhD, доцент м.а., постдокторант, «Биотехнология және микробиология» кафедрасы, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті КеАҚ, Сәтбаев көшесі 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Сведения об авторах:

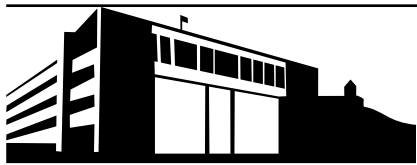
Уалиева Римма Мейрамовна – PhD, профессор кафедрасы Биология и экология, Торайғыров университет, ул. Ломова 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Осипова Анастасия Вячеславовна – магистрант кафедрасы Биология и экология, Торайғыров университет, ул. Ломова 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Каверина Мария Михайловна – автор для корреспонденции, младший научный сотрудник кафедрасы Биология и экология, Торайғыров университет, ул. Ломова 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Жангазин Саян Берикович – PhD, ассоциированный профессор, заместитель декана по научной работе факультета Естественных наук, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. Сатпаева 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Иқсат Нұргүл Нұрқанатқызы – PhD, и.о. доцента кафедрасы Биотехнология и микробиология, постдокторант, Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, ул. Сатпаева 2, 010008, Астана, Қазақстан.



IRSTI 34.31, 34.31.27

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-120-136>

Research article

Biochemical mechanisms of the effects of heavy metals on barley (Hordeum vulgare L.)

M.K. Beisekova^{†1}, A.S. Satu^{†2}, K.D. Kumargazy^{†3}, M. Mambetova⁴,
A. Samat⁵, A.Zh. Bekturova⁶, M.T. Myrzabayeva⁷, A.Zh. Akbassova⁸,
Zh.K. Masalimov^{*9}, A.B. Kurmanbayeva^{*10}

^{1,2,3,4,5,6,7,8,9,10}L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

E-mail: ¹mk.beisekova@gmail.com, ²alekasatu@gmail.com,

³karinakumargazy5@gmail.com, ⁴mambetova022@gmail.com, ⁵abay.samatuli07@gmail.com,

⁶bekturova_az@enu.kz, ⁷malikamyra@gmail.com, ⁸akbassova_azh@enu.kz,

^{*9}masalimov@gmail.com, ^{*10}kurmanbayeva.assylay@gmail.com

Abstract. Heavy metal pollution poses a major threat to ecosystems and the health of living organisms. In the present study, we investigated the effects of zinc and copper by applying ZnSO₄ and CuSO₄·6H₂O solution on the physiological and biochemical processes in barley (*Hordeum vulgare* L.) cv. Astana-2000 seedlings, 1 mM solutions of ZnSO₄ and CuSO₄·6H₂O were used. Sulfite oxidase (SO) is an enzyme that contains molybdenum and that contributes to sulfite detoxification and the regulation of redox reactions. The present research focuses on the impact of Zn and Cu on the enzyme SO activity. Zn and Cu treatments apparently induce moderate stress by stimulating SO activity, thereby enhancing sulfite detoxification and maintaining cellular redox balance. These results suggest that Zn and Cu differently affect the SO regulatory mechanism, also showing the participation of SO in the early regulation of redox balance and defense mechanism in barley under heavy metal stress. These findings support the importance of studying heavy metal interactions to develop strategies for enhancing plant tolerance to Zn, Cu, and similar stress conditions.

Keywords: zinc, Copper, barley, sulfite oxidase, catalase, heavy metals

Introduction

The heavy metal pollution has been identified as a global threat since the beginning of the Industrial Revolution. Heavy metal exposure due to its toxicity poses serious health and environmental problems [1]. Its toxicity adversely impacts physiological and morphological characteristics by reducing the absorption of essential nutrients and disrupting metabolism, thus inhibiting growth and biomass accumulation [2]. Common morphological symptoms are

Received: 12.02.2026. Accepted: 30.03.2026. Available online: 31.03.2026.

reduced root and shoot growth, which decrease respiration and photosynthetic processes, along with typical symptoms of heavy metal exposure in plants, such as chlorosis and necrosis [3]. Moreover, heavy metals such as Fe, Mn, Cu, Ni, Co, Cd Zn and Hg stimulate the production of reactive oxygen species (ROS) such as superoxide radical ($O_2^{\cdot-}$), hydroxyl radical (OH) and hydrogen peroxide (H_2O_2), which causes lipid peroxidation, resulting damage of cell membrane and enzymatic activity at the cellular level [4]. However, many heavy metals at low concentrations function as enzyme cofactors and promote antioxidative defense that ultimately increases plant growth and its resistance to stress [5].

This dual nature of heavy metals plays a critical role in sustainable agriculture and in environmental protection. Some of the heavy metals, such as Cu, Fe, Mn, Mo, Ni, and Zn, function as essential micronutrients for plant growth when present in small amounts [6]. Among these, Cu and Zn often act as cofactors or activators in numerous enzymatic reactions. Zinc ions (Zn^{2+}) play a crucial role in various metabolic pathways, supporting the activity of enzymes such as RNA polymerase, superoxide dismutase, alcohol dehydrogenase, and carbonic anhydrase, as well as contributing to protein synthesis and the metabolism of lipids, carbohydrates, and nucleic acids. Also, Zn is a structural component of Zn-finger chain transcription factors, which regulate cell proliferation and differentiation [7]. Similarly, copper is crucial for photosynthesis, respiration, and lignin biosynthesis. However, at high concentration it impairs nutrient homeostasis, photosynthesis, and inhibits plant growth and productivity by causing oxidative stress [8]. Thus, a balance between deficiency and toxicity determines whether heavy metals act as growth promoters or stress inducers.

Copper and zinc illustrate this duality among various heavy metals. As reported by Azooz et al. (2012), Cu in wheat (*Triticum aestivum* cv. Hasaawi) promoted plant growth by enhancing the biosynthesis of free amino acids, proline, and antioxidant enzyme activity [9]. However, excessive Cu stress was shown to reduce photosynthesis, chlorophyll, leaf area, and grain yield [10], demonstrating its delicate boundary between beneficial and harmful levels. In spring barley (*Hordeum vulgare*), co-treatment with Cd and Zn suppressed plant growth, disrupted root and leaf morphology, and induced ultrastructural impairment in chloroplasts and mitochondria [11]. Similarly, excessive Zn concentration in cereals can inhibit growth and induce chlorosis, which is a sign of impaired chlorophyll synthesis often associated with impaired iron uptake and cellular damage [12]. In rice (*Oryza sativa*), high Cu exposure inhibited root and shoot growth, and accumulated excessive Cu, but when Zn was combined with Cu, the plant was improved, oxidative stress was reduced, antioxidant enzyme activity was increased and Cu uptake was limited [13]. Although, despite its beneficial role in trace amounts, copper becomes toxic at elevated concentrations, causing growth inhibition and morphological changes in various plant species. Copper reduces root growth, plant mortality, biomass, and seed production in Rhodes grass (*Chloris gayana*), black bindweed (*Polygonum convolvulus*), and bean (*Phaseolus vulgaris*) [14].

Given the specificity of crop responses to Zn and Cu, barley (*Hordeum vulgare*) was chosen as the model species for this study. Barley is the fourth-most widely grown cereal crop worldwide, after maize, rice, and wheat, and this cereal is widely used as feed and malt. For the experiment, we used the Astana-2000 cultivar of *Hordeum vulgare* L., which was previously used as a reference variety in field trials of Kazakhstan and demonstrated good adaptation to steppe and continental climates [15, 16].

Sulfite oxidase (SO) is a molybdenum cofactor-containing enzyme that catalyzes the oxidation of sulfite to sulfate. Because sulfite is a toxic nucleophile, its concentration must be strictly

managed [17]. It has been isolated from several plant species, including *Spinacia oleracea*, *Malva sylvestris*, *Nicotiana tabacum*, and *Arabidopsis thaliana* [18]. SO plays a vital role in the detoxification of sulfite formed during the degradation of sulfur-containing amino acids in plants, as well as excess sulfite derived from atmospheric SO₂. Thus, SO contributes to both sulfur metabolism and protection against sulfite-induced oxidative stress. Recent evidence suggests that SO is not only responsible for sulfite detoxification but also influences wider metabolic and stress pathways. For example, Oshanova et al. (2021) demonstrated that variations in SO activity affect sulfur, carbon, and nitrogen metabolism, while modulating oxidative stress resistance [19]. Similarly, overexpression of SO in maize enhanced drought tolerance by reducing oxidative damage, highlighting the enzyme's role in maintaining cellular redox homeostasis under stress conditions [20]. These findings suggest that SO activity is sensitive to disturbances in cellular redox balance, which is also a characteristic feature of heavy metal stress.

Heavy metals such as Zn, Cu, and Cd are known to disrupt cellular homeostasis by inducing excessive formation of ROS and interfering with enzymatic redox regulation [21]. At the biochemical level, heavy metals can affect molybdoenzymes, including SO, through two main mechanisms: firstly, altering the redox signaling pathways that regulate their transcription and activity, and secondly, inhibiting enzyme function directly through inappropriate metalation or replacement of essential cofactors [21-23]. Neumann et al. (2008) demonstrated that heavy metal ions can inhibit molybdoenzymes by binding to sulfur ligands or directly interfering with Moco incorporation, offering a feasible mechanism responsible for SO inhibition during metal toxicity [23].

Therefore, although direct studies of SO under heavy metal stress remain limited, data from studies of oxidative stress and molybdoenzymes support the hypothesis that the effect of Zn and Cu on SO activity may vary according to their concentrations. At physiological trace metal levels, these metals can indirectly stimulate SO activity through redox signaling and the induction of antioxidant defenses. However, heavy metals can inhibit SO at elevated concentrations by disrupting Moco biosynthesis or directly interacting with its catalytic center. This dual mechanism of action highlights the importance of studying the role of SO in plant responses to heavy metal stress conditions, particularly Zn and Cu, which are both essential trace elements and potential toxicants at high concentrations.

The production of H₂O₂ directly links sulfite metabolism to the generation of ROS [24], establishing SO as both a detoxifying agent and an oxidative stressor in the plant mechanism. Furthermore, SO activity indirectly influences ROS and increases catalase (CAT) activity, thereby enhancing the antioxidant defense network. ROS, which are byproducts of various metabolic processes, play dual roles in plants as signaling molecules and potential agents of oxidative damage [25]. CAT normally detoxifies the H₂O₂ that comes from SO at low sulfite levels, but at higher concentrations, the accumulated H₂O₂ may non-enzymatically oxidize extra sulfite. The class III peroxidases might be a backup detoxification system in SO-deficient plants [24, 26]. Moreover, Xia et al. (2012) provided evidence that sulfite alone is capable of generating ROS and causing oxidative stress. As a result, SO contributes to the protection of plants by not allowing the peroxisomal CAT that is involved in the detoxification to be inhibited during excess sulfite in plants [20]. Hence, SO is a pivotal factor that not only connects sulfite metabolism but also redox signaling and defense pathways in conditions of oxidative stress.

The interconnection between antioxidant enzymes and SO activity in plants under heavy metal stress is crucial for the preservation of cellular redox homeostasis and for the alleviation of ROS-induced oxidative damage. Heavy metal stress is the major cause of oxidative stress

in plants, leading to the accumulation of ROS, which in turn requires an effective antioxidant response to be able to protect cellular structures and functions. Moreover, this increase often contributes to the activation of different antioxidant enzymes such as superoxide dismutase (SOD), catalase (CAT), and ascorbate peroxidase (APX), which have a very important role in detoxification of ROS and protection of biological macromolecules against oxidative damage [9]. These antioxidant enzymes not only detoxify ROS production, but also stabilize the redox environment, which is necessary for maintaining SO activity. Increased antioxidant activity limits oxidative modifications that can degrade SO, while SO itself promotes detoxification of ROS by converting sulfite to sulfate and also supporting glutathione (GSH) biosynthesis. Studies show that overexpression of SO in plants improves drought tolerance by increasing GSH levels, which enhances the SO-dependent antioxidant system and reduces H₂O₂ accumulation, thereby scavenging ROS and minimizing oxidative damage [20]. Furthermore, Yadav (2010) demonstrated that modulation of key enzyme activity participated in sulfur acquisition, the ascorbate-glutathione cycle (ASA-GSH), and phytochelatin (PC) synthesis promotes Cu detoxification [27]. This tightly coordinated interaction reflects a complex yet effective plant response to oxidative stress.

This study demonstrates that SO functions at the intersection of sulfur metabolism, ROS regulation, and antioxidant defense, making it susceptible to damage during heavy metal stress. By studying the responses of barley (*Hordeum vulgare* L.) cv. Astana 2000 to Zn and Cu, we aim to determine whether SO activity varies within coordination, stimulating defense at the micronutrient level but inhibiting it under toxic conditions.

Materials and research methods

Growth conditions

Barley seeds (*Hordeum vulgare* L.) were sterilized on the surface by immersing in a 3% hydrogen peroxide solution and constantly stirring for 5 minutes. After sterilization, the seeds were washed three times with double-distilled water (DDW) to completely remove the hydrogen peroxide. The seeds were placed in Petri dishes lined with filter paper soaked in 10 ml of 1 mM ZnSO₄ or CuSO₄ · 6H₂O solutions for germination. The dishes were kept in the dark for 72 hours and then transferred to the light. Seedlings were grown in a controlled chamber under long-day conditions (16 h light/8 h dark) at a relative humidity of 75-80% and an air temperature of 22 to 27 °C. Lamps with spectral outputs of 2700 K and 6400 K, arranged alternately to stimulate optimal growth conditions, provided artificial lighting. The plants were watered with 15-20 ml of DDW at the same time each day. Seven-day-old seedlings were used for further experiments.

Preparation of samples for the experiment

To prepare samples, fresh leaves of seven-day-old seedlings were harvested and immediately processed to prevent enzymatic degradation. Leaf material was thoroughly homogenized using a pre-cooled mortar and pestle with the addition of extraction buffer. The extraction buffer was freshly prepared and contained 250 mM sucrose, 3 mM EDTA (pH 8.3), 250 mM Tris-HCl, L-cysteine, molybdenum solution, dithiothreitol (DTT), and DDW. This composition was chosen to stabilize proteins and enzymes, prevent oxidation, and maintain the structural integrity of biomolecules during homogenization. The homogenate was transferred to pre-cooled centrifuge tubes and centrifuged at 10,000 rpm for 25 minutes at 4°C. Centrifugation at low temperature was used to reduce the risk of protein denaturation and enzymatic activity. After centrifugation,

the supernatant, which contained soluble proteins and metabolites, was gently separated from the pellet, which consisted mainly of cellular debris and intact tissue. The obtained supernatants were immediately used for further biochemical analysis. Protein concentration was measured using the Bradford method [28].

Determination of chlorophyll content

Chlorophyll pigments were determined by taking about 20 mg of fresh leaf tissue from each sample and homogenized in 1 ml of 90% (v/v) ethanol using a pre-cooled mortar and pestle. The homogenates were put in centrifuge tubes and spun at 10,000 rpm for 10 minutes at 4°C to separate cellular debris. The supernatant, containing the extracted pigments, was carefully collected for subsequent analysis. Chlorophyll concentrations were analyzed with a spectrophotometer through absorbance measurement at a specific wavelength. Chlorophyll a content was measured at 664 nm, and chlorophyll b at 649 nm. 90% ethanol served as a blank standard during the measurements. Chlorophyll concentrations were calculated using the following equations based on the studies of Lichtenthaler and Wellburn et. al. (1983) [29].

Determination of ROS generation

Barley seedling leaves were analyzed to establish ROS components, particularly H₂O₂. To quantify H₂O₂, samples were homogenized in 50 mM phosphate buffer (pH 7.5) at a 1:8 (w/v) ratio and centrifuged twice at 10,000 rpm for 10 minutes at 4°C. The resulting supernatants were used for analysis. The reaction mixture for H₂O₂ detection consisted of 0.85 mM 4-aminoantipyrine (AAP), 3.4 mM 3,5-dichloro-2-hydroxybenzene sulfonate (BHS), and 4.5 U/ml horseradish peroxidase (HRP) dissolved in 2 ml of 50 mM phosphate buffer (pH 7.5), prepared based on the method of Yesbergenova et. al. (2005) [30]. Samples were incubated in the reaction mixture and after 5 minutes, the absorbance at 515 nm was recorded using a spectrophotometer. The H₂O₂ concentration was identified by comparison with a standard calibration curve.

Determination of CAT activity

CAT activity was assessed according to the method originally described by Aebi et. al. (1984) with minor modifications. After electrophoresis, CAT isoenzyme bands were visualized by incubating the gel in 0.03% H₂O₂ solution for 10 minutes. Then, enzyme activity was detected by staining the gel with a freshly prepared solution containing 1% potassium ferricyanide [K₃Fe(CN)₆] and 1% ferric chloride (FeCl₃) [31].

SO activity measurement

SO activity was evaluated according to the method of Kurmanbayeva et. al. (2017) [37]. To separate proteins, 500 µl of the plant extract supernatant was introduced to a Sephadex G25 column pre-equilibrated with sulfate buffer (0.5 M Na₂SO₄ in 0.1 M Tris-HCl, pH 8.0). The samples were applied to completely absorb onto the G25 matrix. To separate proteins from low-molecular-weight metabolites, 1 ml of sulfate buffer was then added to the column and completely absorbed into the matrix. The first 1 ml of eluate, containing the protein fraction, was collected and used for subsequent SO activity measurements.

Statistical analysis

All experiments were repeated at least three times to confirm the reliability of the results. Seedling shoot height was measured for each treatment, and the data were analyzed using GraphPad Prism software (version 8.02). Comparative analysis of arithmetic means was

performed, and the statistical significance of the differences between treatments was determined using one-way analysis of variance (ANOVA) followed by Turkey's multiple comparison test. Data from three independent replicates were converted to numerical values (\pm SD), and ImageJ was used to quantify enzyme activity intensity.

Results

Effect of Zn and Cu on seed germination and morphological parameters

To quantify the morphological responses to applied metal stress, shoots and root lengths of barley seedlings were measured by using a standard ruler (cm) under identical growth conditions. The data have shown the effect of Zn and Cu on barley growth and development. Figure 1 revealed a noticeable enhancement in seedling growth under Zn treatment compared with the control plant. It is characterized by a slight increase in shoot length and developed leaf structure. Overall, seedlings exposed to Zn treatment have maintained normal development. On the other hand, Cu treated ones showed a significant decline in growth, the shoot length decreased remarkably, and leaves became thinner compared with Zn-treated and control plants. Those leaves have shown several symptoms of stress, including pale green color and slightly curly morphology. Overall, seedlings were smaller, and the difference in height was clearly visible.

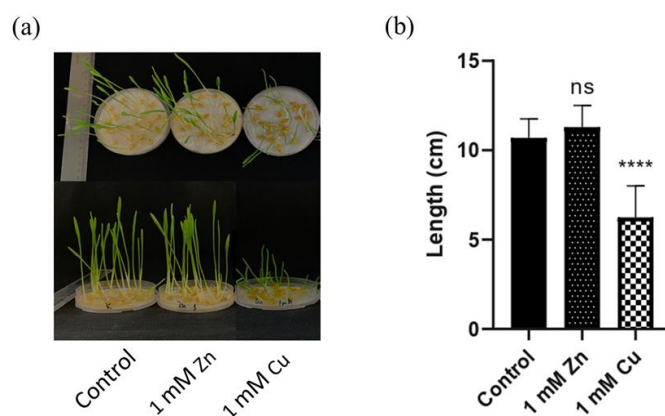


Figure 1. Heavy metal-induced changes in growth and development of barley leaves. (a) Effect of Zn and Cu on the morphology of barley; (b) Effect of Zn and Cu treatments on barley shoot length. The graph shows the average shoot length (cm) of barley seedlings grown under control, 1 mM Zn, and 1 mM Cu conditions. Asterisks in the graph “****” indicate a very significant ($P < 0.01$); “ns” – an insignificant ($P < 0.05$) difference in the presented data. Statistical analysis (Student's test) was performed using GraphPad Prism software (v.8.02). Data are presented in relative units.

Quantitative measurements confirmed these visual observations. As illustrated in Figure 1 (b), compared to the control, one Zn treatment resulted in a slight increase in shoot length, reaching approximately 6%, but this difference was not statistically significant. In contrast, shoot length significantly reduced to approximately 39% of the control value. Our results demonstrate the opposite effect of Zn and Cu on barley morphology; Zn treatment showed a moderate stimulating effect, whereas Cu significantly inhibited growth and elongation processes. Overall, morphological analysis has demonstrated contrasting physiological effects on barley seedlings. Zn acts as a micronutrient and moderately stimulates shoot growth, whereas Cu showed a phytotoxic effect even during relatively low concentrations.

The change in chlorophyll content under Zn and Cu treatment

Chlorophyll a and b contents were measured in barley seedlings to assess the effects of Zn and Cu exposure. The chlorophyll content of seedlings was differently affected by Zn and Cu treatments, as shown in Figure 2.

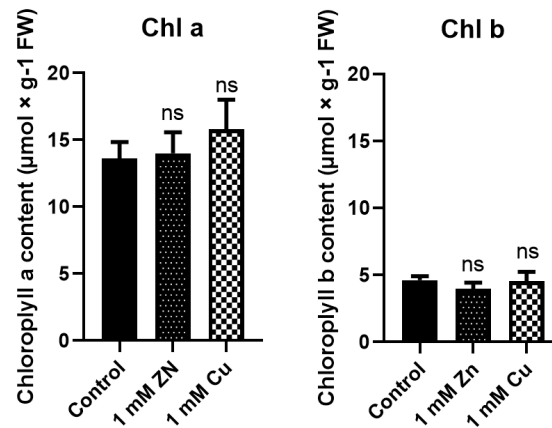


Figure 2. Determination of chlorophyll a and b contents. Asterisks in the graph “***” indicate a very significant ($P < 0.01$); “ns” – an insignificant ($P < 0.05$) difference in the presented data. Statistical analysis (Student’s test) was performed using GraphPad Prism software (v.8.02). Data are presented in relative units

Compared with the control, exposure to 1 mM Zn resulted in a slight increase in chlorophyll a content by 3%; however, the effect of 1 mM Zn solution on chlorophyll b content was opposite, resulting in a 14% decrease. In contrast, seedlings treated with 1mM Cu exhibited a marked increase in chlorophyll a by 16%, showing the most pronounced enhancement. The effect of a 1 mM Cu solution on the chlorophyll b content was not remarkable. These findings indicate that Zn stress negatively influences pigment accumulation, whereas Cu at high concentration appears to stimulate chlorophyll a biosynthesis under the tested conditions.

Reactive oxygen species (ROS) accumulation under heavy metal stress

To evaluate the oxidative response of barley under heavy metal stress, ROS activity was quantified after exposure to 1 mM Zn and 1 mM Cu. As shown in Figure 3, the results clearly indicate that the two metals have distinct and opposing effects on ROS, reflecting the different mechanisms by which they influence plant oxidative balance.

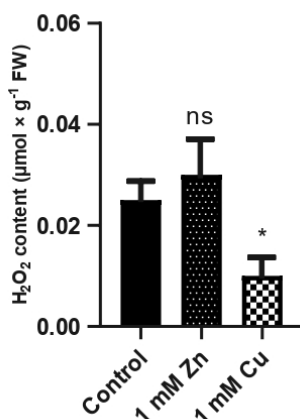


Figure 3. ROS content in leaves of barley seedlings treated with 1 mM Zn and 1 mM Cu. Asterisks in the graph “***” indicate a very significant ($P < 0.01$); “ns” – an insignificant ($P < 0.05$) difference in the presented data. Statistical analysis (Student’s test) was performed using GraphPad Prism software (v.8.02). Data are presented in relative units.

Significant differences were observed between the experimental groups. In control seedlings, ROS formation was maintained at a stable baseline level, consistent with the normal oxidative state of untreated plants. Compared with untreated or control ones, seedlings exposed to Zn treatment increased ROS generation. It was approximately 20% of the control group, revealing a tendency for the ROS level to increase under these stress conditions. Although the increase was not statistically significant, the data consistency showed slightly higher ROS values in Zn-treated plants across all replicates. In contrast, Cu treatment significantly reduced ROS accumulation compared to both the control and Zn-treated groups. Cu treatment led to a decrease in ROS accumulation to 40% of that in the control group, which reveals a statistically significant change. This result was repeated in all biological replicates, confirming the inhibitory effect of Cu treatment on ROS generation. Comparing Zn, Cu treated and untreated groups, the lowest accumulation of ROS was detected in Cu-exposed plants, whereas Zn-treated ones showed the lowest values. Barley plants under Cu treatment showed significantly lower ROS levels compared with those during Zn stress conditions, which indicates a remarkable difference between treatment with Zn and Cu.

These results demonstrate a remarkable contrast in oxidative responses under the influence of the two metals. Zn and Cu treatments have led to different oxidative responses in barley seedlings. Zn exposure caused a small increase in ROS level, whereas Cu exposure significantly increased ROS production, demonstrating greater potential to disrupt cellular redox balance and lead to oxidative damage.

The role of the CAT enzyme in plants under zinc and copper stress

To better understand the antioxidant defense responses of barley seedlings under metal stress, CAT activity was reported, as CAT is one of the key enzymes responsible for the breakdown of H₂O₂ and protecting cells from oxidative damage. The dynamics of CAT activity, visualized as band intensities on the gel, are shown in Figure 4.

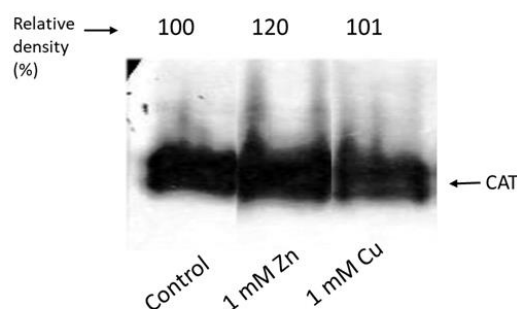


Figure 4. Catalase activity in barley leaves

The control group has determined a distinct band, indicating basal CAT activity during normal physiological conditions. Under Zn treatment, the CAT band intensity remarkably increased compared to the control plant. It reveals increased enzyme activity. Quantitative analysis of the relative band density revealed a significant increase compared to the control value. This increase shows that Zn moderately stimulated the antioxidant defense system, which is correlated to the adaptive reaction in order to maintain redox balance under moderate oxidative stress induced by Zn ions. On the other hand, Cu exposure led to a similar band intensity as in the control plant; it showed no significant increase, as shown in Figure 4. It implies that stress related to the Cu

exposure may exceed the antioxidant capacity or dysregulate the CAT enzyme activity, resulting in an imbalance between ROS generation and detoxification.

Overall, the results obtained showed that Zn treatment led to a moderate increase in enzymatic CAT activity as a defense response, whereas Cu treatment caused in minimal enzymatic change, indicating weaker or possibly suppressed antioxidant defense against Cu-induced oxidative stress in barley leaves.

Role of Sulfite oxidase (SO) stimulation under heavy metal stress

To subsequently investigate the enzymatic antioxidant responses of barley seedlings to Zn and Cu, SO activity was measured, as this enzyme plays a key role in sulfur metabolism and the detoxification of sulfite to sulfate, thereby reducing oxidative stress. Relative SO activity levels are shown in Figure 5.

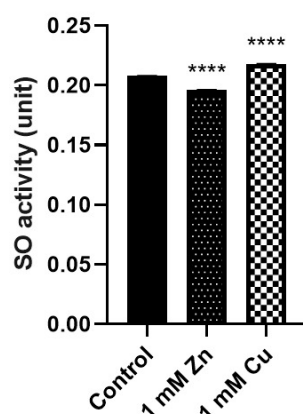


Figure 5. SO activity in barley grown with 1 mM Zn and 1mM Cu treatments. Asterisks in the graph “****” indicate a very significant ($P < 0.01$); “ns” – an insignificant ($P < 0.05$) difference in the presented data. Statistical analysis (Student’s test) was performed using GraphPad Prism software (v.8.02). Data are presented in relative units

Figure 5 demonstrates that SO activity occurs in untreated barley seedlings. During 1mM Zn treatment, the enzymatic activity of SO has slightly decreased and is reduced to 6% compared to the control plant. Stress related to Zn exposure didn’t significantly affect sulfur-related oxidative metabolism, since no huge decrease in SO activity was detected, indicating a weak inhibitory effect. On the other hand, during Cu treatment, seedlings showed a moderate increase in SO activity, approximately 15% of the control plant. It indicates a moderate activation of SO, possibly related to a compensatory response to the increased oxidative pressure generated by Cu ions. Neither Zn nor Cu treatments have led to a significant change compared to the control plant in SO activity; in other words, it was relatively stable. Whereas, a slight decline in activity under Zn and an increase under Cu treatment reveal that So is a stable enzyme and has a crucial role in preserving the redox and sulfur balance in barley leaves during early metal stress.

Discussion

This study shows the different influences of Zn and Cu on barley growth and development. According to the morphological data, in seedlings exposed to a 1mM Zn solution, shoot length hasn’t demonstrated a remarkable change; on the other hand, 1mM Cu-treated ones demonstrated a significant decline. This demonstrates that the applied concentration, Zn, did

not significantly impair growth, while Cu caused substantial growth inhibition. These findings align with previous observations on the effect of high concentrations of Cu on barley that showed a notable decline in biomass accumulation and overall plant growth. The study by Leite et al. (2024) found that Cu treatment during early development and barley seed germination declined seedling length and biomass, confirming strong growth inhibition [33]. Similarly, the study by Gao et al. (2008) reported that an increase in Cu concentrations in *Jatropha curcas* seedlings significantly reduced growth and biomass while changing antioxidant enzyme activities, inducing oxidative stress, and activating the defense mechanisms [34]. In contrast, Zn treatment on barley plants in the study by Mazurek et al. (2024) showed a clear inhibitory effect on shoot elongation and overall growth, demonstrating the negative effect of excessive Zn concentrations on morphological development [35]. Our findings of a non-significant decline under Zn suggest that the Zn level used may lie near the threshold between slight stimulation and inhibition, or that barley seedlings tolerate 1mM Zn under our experimental conditions. The much stronger morphological inhibition by Cu underscores the greater toxicity potential of Cu compared to Zn in barley early development.

Cu and Zn are elements with an important role in plant growth and development at low concentrations; however, they are toxic at high concentrations [36]. Cu treatment increased the content of chlorophyll a and b, since it was used at low concentrations. However, a significant decrease in chlorophyll content and photosynthesis rate was observed in other studies using higher concentrations of Cu. In the study by Panou-Filotheou et al. (2001), the effect of high Cu concentrations on oregano (*Origanum vulgare* subsp. *hirtum*) leaves was studied, and many structural and ultrastructural damages in chloroplast and mesophyll tissues were detected [37]. In another study, Cambrollé et al. evaluated the tolerance of wild grapevine (*Vitis vinifera* L. subsp. *sylvestris*) to copper toxicity by assessing physiological and biochemical responses to excess Cu exposure [38]. On the other hand, Essa et al. (2021) explored the effects of biogenic copper nanoparticles synthesized from *Avicennia marina* leaves on wheat seedlings, demonstrating that these nanoparticles influenced seed germination, chlorophyll content, detoxification enzyme activity, and copper uptake [39]. Zn had slightly different effects on chlorophyll a and b, since it was used at low concentrations (1mM). In the study by Singh, on *Cajanus cajan* (L) Millsp., at 500 and 1000 mg kg⁻¹ concentrations of Zn, resulted in a dramatic decline in chlorophyll pigments [40]. In another study on *Triticum aestivum* L. at 900 mg kg⁻¹ concentration, inhibition in chlorophyll and total sugar contents was detected [41].

Results of ROS generation showed that Zn treatment increased ROS accumulation compared to the control, whereas Cu treatment markedly decreased ROS activity. This is somewhat unexpected because many studies report increased ROS under heavy metal stress, particularly with Cu. According to Juknys et al. (2012), both Zn and Cu exposure in spring barley increased oxidative stress markers, with Cu causing a stronger accumulation of ROS and greater lipid peroxidation than Zn, indicating that Cu exerts a more severe oxidative effect on plant tissues [42]. The decrease in ROS under Cu exposure in our experiment may result from a few possible mechanisms: (1) Cu stress may have suppressed ROS-producing processes (e.g., inhibited electron transport or metabolic activity), (2) there may have been a strong up-regulation of ROS scavenging systems (even if we did not detect large increases in CAT or SO), or (3) severe damage may have reduced overall metabolic activity and thus ROS generation. In contrast, the mild increase under Zn aligns with the idea that Zn may generate a mild oxidative damage. Interestingly, a barley metal toxicity study found that Zn acted antagonistically in Cu + Zn mixtures and reduced oxidative stress biomarkers in some combinations [43]. Our data thus suggest that under the conditions of our experiment, Cu caused strong growth inhibition but

without the expected ROS elevation, possibly because ROS generation was suppressed or rapidly scavenged, whereas Zn provoked a minor ROS increase consistent with a low-level stress or signalling response. In leaves of barley seedlings, CAT activity under Zn treatment slightly increased compared to the control, while under Cu treatment it remained nearly unchanged. According to Song et al. (2014), exposure of barley seedlings to heavy metal stresses led to an increase in CAT activity, indicating activation of the antioxidant defense system in response to metal-induced oxidative stress [44]. Another barley study under copper stress (200 $\mu\text{mol CuCl}_2$) found an increase in CAT activity compared with the control, demonstrating strong induction under Cu toxicity [45]. The modest increase in our Zn treatment is thus consistent with a mild protective response, whereas the near-control level under Cu suggests that, in our experimental conditions, catalase induction was minimal, perhaps due to enzyme inhibition or oxidative damage overwhelming the CAT-mediated detoxification. This may help explain why morphological growth was so severely reduced under Cu stress despite only moderate CAT induction.

In the present study, the activity of sulfite oxidase (SO) in barley leaves showed differential responses under Zn and Cu stress, being slightly lower under Zn and slightly higher under Cu compared to the control. The slight reduction in SO under Zn treatment suggests that moderate Zn exposure may not strongly disrupt sulfur metabolism, while the increase under Cu indicates a stress-induced activation of SO as part of the plant's defense system. This detoxifying role is the most studied in Arabidopsis plants, where SO enzymatic activity results in disruption of sulfur and carbon metabolism; moreover, it leads to the decline in biomass and increased oxidative stress [19]. In the same manner, a transgenic tobacco plant with overexpression of SO was shown to elevate sulfate and glutathione (GSH) levels; furthermore, it results in reduced ROS accumulation and improvement of stress tolerance [20]. These findings support the interpretation that the increase in SO activity observed under Cu stress in barley reflects a protective adaptation to elevated oxidative load. Brychkova et al. (2007) showed that SO-deficient Arabidopsis and tomato plants accumulate toxic levels of sulfite and suffer from growth inhibition and metabolic disturbances, indicating that SO has a key detoxification function under stress conditions [46]. Furthermore, according to Sun et al. (2023), exposure to heavy metals such as Cu and Zn alters sulfur metabolism in plants by regulating key enzymes, including sulfite oxidase (SO), whose enhanced activity contributed to detoxification of sulfite and improved tolerance to metal-induced oxidative stress [47]. Thus, the metal-specific modulation of SO observed in this study likely represents an adaptive mechanism to sustain sulfur metabolism and mitigate ROS accumulation under Cu and Zn toxicity. These findings align with reports that heavy metals can modulate sulfur assimilation pathways and SO-related defense mechanisms [46,47], highlighting that SO activation plays a crucial role in mitigating sulfite toxicity and maintaining redox homeostasis under metal stress.

Although this study revealed that Cu and Zn differently influence sulfite oxidase activity in barley seedlings, it was limited to short-term exposure and basic biochemical parameters. Future research should include longer exposure periods, different plant stages, and a wider range of metal concentrations to better understand how SO activity contributes to plant tolerance under metal stress.

Conclusion

This study demonstrated that copper and zinc differently affect the growth, chlorophyll content, and enzyme activity of barley seedlings, especially SO. Zinc treatment slightly increased

SO and catalase activities and maintained chlorophyll levels, suggesting that plants can activate these protective mechanisms under mild stress. In contrast, copper caused stronger growth inhibition with only a small change in SO and other physiological parameters, indicating that the enzyme and associated processes were partly suppressed under Cu stress. Overall, these results show that SO, along with other cellular and physiological responses, plays an important role in mitigating the harmful effects of heavy metals, with the response depending on metal type and concentration. Considering that Kazakhstan has regions with elevated Cu and Zn levels in agricultural soils due to industrial activity, understanding how barley responds to these metals is especially relevant for improving crop tolerance and maintaining soil health. Further studies on SO regulation and overall physiological responses under different metal stress conditions will be useful for developing strategies to enhance stress resistance in crops grown in Kazakhstan and other countries or regions facing comparable agricultural and environmental challenges.

Author Contributions

M.B., Zh.M., and A.K. – conceptualization; **A.S., K.K., A.S., A.A.** – data curation; **M.B., A.S., and A.K.** – formal analysis; **M.B., M.M., and A.Zh.** – investigation; **M.B., A.K., A.S.** and **Zh.M.** – methodology; **M.B.** – visualization; **M.B., A.S.** and **A.K.** - writing – original draft; **M.B., A.S., A.K., A.B., A. Zh., M.M., and Zh.M.** – writing – review & editing; **M.M., and Zh.M.** – project administration; **M.B., A.K.** and **Zh.M.** – supervision; **A.K., Zh.M.** - funding acquisition and resources. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding

This work was supported by the AP19676731 “Investigation of the role of signaling molecules to create new strategies for increasing the stress tolerance of grain crops”.

Conflicts of Interest

The authors declare no conflicts of interest.

Compliance with ethical standards

This article does not contain a description of studies performed by the authors involving people or using animals as objects.

References

1. Jacob JM, Karthik C, Saratale RG, et al. Biological approaches to tackle heavy metal pollution: A survey of literature. *Journal of Environmental Management*. 2018;217:56-70. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2018.03.077>
2. Nazir A, Rafique F, Ahmed K, et al. Evaluation of heavy metals effects on morpho-anatomical alterations of wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings. *Microscopy Research and Technique*. 2021;84:2517-2529. <https://doi.org/10.1002/jemt.23801>
3. Hu Z, Zhao C, Li Q, et al. Heavy Metals Can Affect Plant Morphology and Limit Plant Growth and Photosynthesis Processes. *Agronomy*. 2023;13:1-15. doi.org/10.3390/agronomy13102601
4. Ghorri N.H, Ghorri T, Hayat MQ, et al. Heavy metal stress and responses in plants. *International Journal of Environmental Science and Technology*. 2019; 16, 1807-1828. <https://doi.org/10.1007/s13762-019-02215-8>
5. Arif N, Yadav V, Singh S, et al. Influence of high and low levels of plant-beneficial heavy metal ions on plant growth and development. *Frontiers in Environmental Science*. 2016;4:1-11. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2016.00069>

6. Gamalero E, Lingua G, Berta G, Glick B.R. Beneficial role of plant growth promoting bacteria and arbuscular mycorrhizal fungi on plant responses to heavy metal stress. *Canadian Journal of Microbiology*. 2009;55:501-514. <https://doi.org/10.1139/W09-010>
7. Han G, Lu C, Guo J, Qiao Z, Sui N, Qiu N, Wang B. C2H2 Zinc Finger Proteins: Master Regulators of Abiotic Stress Responses in Plants. *Frontiers in Plant Science*. 2020;11:1-13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00115>
8. Mansoor S, Ali A, Kour N, et al. Heavy Metal Induced Oxidative Stress Mitigation and ROS Scavenging in Plants. *Plants*. 2023;12:1-17. <https://doi.org/10.3390/plants12163003>
9. Azooz MM, Abou-Elhamd MF, Al-Fredan MA. Biphasic effect of copper on growth, proline, lipid peroxidation and antioxidant enzyme activities of wheat (*Triticum aestivum* cv. Hasaawi) at early growing stage. *Australian Journal of Crop Science*. 2012;6:688-694. <https://doi.org/10.3316/informit.362717660717131>
10. Alhammad B.A, Seleiman M.F, Harrison M.T. Hydrogen Peroxide Mitigates Cu Stress in Wheat. *Agriculture (Switzerland)*. 2023;13:1-15. <https://doi.org/10.3390/agriculture13040862>
11. Mandzhieva S, Chaplygin V, Chernikova N, et al. Responses of Spring Barley to Zn- and Cd-Induced Stress: Morphometric Analysis and Cytotoxicity Assay. *Plants*. 2022;11:1-16. <https://doi.org/10.3390/plants11233332>
12. Balafrej H, Bogusz D, Abidine Triqui Z. el, Guedira A, Bendaou N, Smouni A, Fahr M. Zinc hyperaccumulation in plants: A review. *Plants*. 2020;9:1-22. <https://doi.org/10.3390/plants9050562>
13. Thounaojam T.C, Panda P, Choudhury S, Patra H.K, Panda S.K. Zinc ameliorates copper-induced oxidative stress in developing rice (*Oryza sativa* L.) seedlings. *Protoplasma*. 2014;251:61-69. <https://doi.org/10.1007/s00709-013-0525-8>
14. Hassan MU, Aamer M, Chattha MU, et al. The critical role of zinc in plants facing the drought stress. *Agriculture (Switzerland)*. 2020;10:1-20. <https://doi.org/10.3390/agriculture10090396>
15. Langridge P. Economic and Academic Importance of Barley. 2018;1-10. https://doi.org/10.1007/978-3-319-92528-8_1
16. Syzdykova GT, Aidarbekova T, Malitskaya NV, et al. Morpho-physiological characteristics of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) in the steppe zone of Akmolinskaya region, Kazakhstan. *Sabrao Journal of Breeding & Genetics*. 2024;56:1872-1882. <https://doi.org/10.54910/sabrao2024.56.5.11>
17. Pundir CS, Rawal R, Gumel AM, et al. Determination of sulfite with emphasis on biosensing methods: A review. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*. 2013; 405:3049-3062. <https://doi.org/10.1007/s00216-013-6753-0>
18. Rawal R, Pundir C.S, et al. Purification and properties of sulfite oxidase from different sources: A mini review. *Journal of Applied Biotechnology & Bioengineering*. 2019;6:16-20. <https://doi.org/10.15406/jabb.2019.06.00169>
19. Oshanova D, Kurmanbayeva A, Bekturova A, et al. Level of Sulfite Oxidase Activity Affects Sulfur and Carbon Metabolism in Arabidopsis. *Frontiers in Plant Science*. 2021;12:1-17. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.690830>
20. Xia Z, Xu Z, Wei Y, Wang M. Overexpression of the maize sulfite oxidase increases sulfate and GSH levels and enhances drought tolerance in transgenic tobacco. *Frontiers in Plant Science*. 2018; 9:1-11. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00298>
21. Shahid M, Khalid S, Abbas G, et al. Heavy metal stress and crop productivity. *Crop Production and Global Environmental Issues*. 2015;1-25. https://doi.org/10.1007/978-3-319-23162-4_1
22. Yruela I. Copper in plants. *Brazilian Journal of Plant Physiology*. 2005; 17, 409-430. <https://doi.org/10.1590/s1677-04202005000100012>
23. Neumann M, Leimkühler S. Heavy metal ions inhibit molybdoenzyme activity by binding to the dithiolene moiety of molybdopterin in *Escherichia coli*. *FEBS Journal*. 2008; 275:5678-5767. <https://doi.org/10.1111/j.1742-4658.2008.06694.x>
24. Hänsch R, Lang C, Riebeseel E, Lindigkeit R, Gessler A, Rennenberg H & Mendel R.R. Plant Sulfite Oxidase as Novel Producer of H₂O₂. *Journal of Biological Chemistry*, 2006; 281:6884-6888. <https://doi.org/10.1074/jbc.m513054200>
25. Tripathy BC, Oelmüller R. Reactive oxygen species generation and signaling in plants. *Plant Signaling and Behavior*. 2012;7:1621-1633. <https://doi.org/10.4161/psb.22455>

26. Bekturova A, Sagi M. The Crucial Role of Sulfite in Enhancing Plant Stress Response. Bulletin of the LN Gumilyov Eurasian National University. Bioscience Series. 2024;147:137–148. <https://doi.org/10.32523/2616-7034-2024-147-2-137-148>
27. Yadav SK. Heavy metals toxicity in plants: An overview on the role of glutathione and phytochelatins in heavy metal stress tolerance of plants. South African Journal of Botany. 2010;76:167-179. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2009.10.007>
28. Bradford MM. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. Analytical Biochemistry. 1976;72:248–254. [https://doi.org/10.1016/0003-2697\(76\)90527-3](https://doi.org/10.1016/0003-2697(76)90527-3)
29. Lichtenthaler H.K, Wellburn A.R. Determinations of total carotenoids and chlorophylls a and b of leaf extracts in different solvents. Biochemical Society Transactions. 1983;11:591–592. <https://doi.org/10.1042/bst0110591>
30. Yesbergenova Z, Yang G, Oron E., et al. The Plant Mo-Hydroxylases Aldehyde Oxidase and Xanthine Dehydrogenase Have Distinct Reactive Oxygen Species Signatures and Are Induced by Drought and Abscisic Acid. The Plant Journal. 2005;42:862–876. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113X.2005.02422.x>
31. Aebi H. Catalase in vitro. Methods in Enzymology. 1984;105:121–126. [https://doi.org/10.1016/s0076-6879\(84\)05016-3](https://doi.org/10.1016/s0076-6879(84)05016-3)
32. Kurmanbayeva A, Brychkova G, Bekturova A, et al. Determination of total sulfur, sulfate, sulfite, thiosulfate, and sulfolipids in plants. Methods in Molecular Biology. 2017;1631:253-271. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-7136-7_15
33. Leite R.R, Menezes Filho ACP, Carlos L, et al. Toxic effect of elements on the germination and initial development of barley seeds (*Hordeum vulgare* L.). Brazilian Journal of Science. 2024; 3, 123-131. <https://doi.org/10.14295/bjs.v3i2.520>
34. Gao S, Yan R, Cao M, Yang W, Wang S, Chen F. Effects of copper on growth, antioxidant enzymes and phenylalanine ammonia-lyase activities in *Jatropha curcas* L. seedlings. Plant, Soil and Environment. 2008;54:117-122. <https://doi.org/10.17221/2688-pse>
35. Mazurek M, Tobiasz-Salach R, Stadnik B, Migut D. Silicon-Mitigated Effect on Zinc-Induced Stress Conditions: Epigenetic, Morphological, and Physiological Screening of Barley Plants. International Journal of Molecular Sciences. 2024;26:1-20. <https://doi.org/10.3390/ijms26010104>
36. Angulo-Bejarano P.I, Puente-Rivera J, Cruz-Ortega R. Metal and metalloid toxicity in plants: An overview on molecular aspects. Plants. 2021;10:1-28. <https://doi.org/10.3390/plants10040635>
37. Panou-Filotheou H, Bosabalidis A.M, Karataglis S. Effects of Copper Toxicity on Leaves of Oregano (*Origanum vulgare* subsp. *hirtum*). Annals of Botany. 2001;88:207–214. <https://doi.org/10.1006/anbo.2001.1441>
38. Cambrollé J, García JL, Figueroa ME, Cantos M. Evaluating wild grapevine tolerance to copper toxicity. Chemosphere. 2015;120:171–178. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2014.06.044>
39. Essa HL, Abdelfattah MS, Marzouk AS, et al. Biogenic copper nanoparticles from *Avicennia marina* leaves: Impact on seed germination, detoxification enzymes, chlorophyll content and uptake by wheat seedlings. PLoS One. 2021;16:1-20. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0249764>
40. Garg N, Singh S. Arbuscular mycorrhiza *Rhizophagus irregularis* and silicon modulate growth, proline biosynthesis and yield in *Cajanus cajan* L. Millsp. genotypes under cadmium and zinc stress. Journal of Plant Growth Regulation. 2018;37:46–63. <https://doi.org/10.1007/s00344-017-9708-4>
41. Kanwal S, Bano A, Malik RN. Role of arbuscular mycorrhizal fungi in phytoremediation of heavy metals and effects on growth and biochemical activities of wheat (*Triticum aestivum* L.) plants in Zn contaminated soils. African Journal of Biotechnology. 2016;15:872–883. <https://doi.org/10.5897/AJB2016.15292>
42. Juknys R, Vitkauskaitė G, Račaitė M, Vencloviene J. The impacts of heavy metals on oxidative stress and growth of spring barley. Central European Journal of Biology. 2012; 7:299–306. <https://doi.org/10.2478/s11535-012-0012-9>
43. Versieren L, Evers S, AbdElgawad H, Asard H, Smolders E. Mixture toxicity of copper, cadmium, and zinc to barley seedlings is not explained by antioxidant and oxidative stress biomarkers. Environmental Toxicology and Chemistry. 2017; 36:220-230. <https://doi.org/10.1002/etc.3529>

44. Song WY, Yang HC, Shao HB, Zheng AZ, Brestic M. The alleviative effects of salicylic acid on the activities of catalase and superoxide dismutase in malting barley (*Hordeum vulgare* L.) seedling leaves stressed by heavy metals. *Clean – Soil, Air, Water*. 2014;42:88-97. <https://doi.org/10.1002/clean.201200310>

45. Ben Massoud M, Kharbech O, Mahjoubi Y, Chaoui A, Wingler A. Effect of exogenous treatment with nitric oxide (NO) on redox homeostasis in barley seedlings (*Hordeum vulgare* L.) under copper stress. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*. 2022; 22:1604–1617. <https://doi.org/10.1007/s42729-021-00757-w>

46. Brychkova G, Xia Z, Yang G, et al. Sulfite oxidase protects plants against sulfur dioxide toxicity. *Plant Journal*. 2007; 50, 696-709. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2007.03080.x>

47. Sun SK, Chen J, Zhao FJ. Regulatory mechanisms of sulfur metabolism affecting tolerance and accumulation of toxic trace metals and metalloids in plants. *Journal of Experimental Botany*. 2023;74:3286–3299. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad074>

Ауыр металлдардың арпаға (*Hordeum vulgare* L.) тигізген әсерінің биохимиялық механизмдері

**М.К. Бейсекова¹, А.С. Сату², К.Д. Кумарғазы³, М.Мамбетова⁴,
А. Самат⁵, А.Ж. Бектурова⁶, М.Т. Мырзабаева⁷, А.Ж. Акбасова⁸,
Ж.К. Масалимов⁹, А.Б. Курманбаева¹⁰**

1,2,3,4,5,6,7,8,9,10 Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан

Аңдатпа. Экожүйенің тұтастығына және тірі организмдердің денсаулығына төнетін негізгі қауіптердің бірі – ауыр металлдардың ластануының улы әсері. 1 мМ ZnSO₄ және CuSO₄·6H₂O ерітінділері түрінде қолданылатын мырыш және мыс арпаның (*Hordeum vulgare* L.) Астана-2000 сорты өскіндеріндегі физиологиялық-биохимиялық процестерге дифференциалды әсер етеді. Сульфитоксидаза (СО) құрамында молибден бар фермент, ол сульфитті детоксикациялау мен тотығу-тотықсыздану процестерін реттеуге қатысады, алайда ауыр металл стрессіне оның реакциясы әлі де жеткілікті зерттелмеген. Бұл зерттеудің мақсаты сульфитоксидаза белсенділігінің модуляциясына Zn және Cu әсерін зерттеу болды. Zn және Cu әсерлері орташа стресс тудырып, СО белсенділігін арттыратыны байқалды, бұл сульфиттің детоксикациясын күшейтіп, жасушалардың тотығу-тотықсыздану тепе-теңдігін сақтауға ықпал етуі мүмкін. Бұл нәтижелер Zn және Cu СО реттелуіне әртүрлі әсер ететінін және СО ферментінің ауыр металл стрессі кезінде арпадағы ерте тотығу-тотықсыздану реттелуіне және қорғаныш реакцияларында қатысатыны дәлелдейді. Алынған деректер Zn және Cu өсімдіктермен өзара әрекеттесуін зерттеудің маңыздылығын көрсетіп, ауылшаруашылық дақылдарының Zn және Cu және басқа да стресс факторларына төзімділігін арттыру стратегияларын әзірлеу үшін негіз бола алады.

Түйін сөздер: мырыш, мыс, арпа, сульфитоксидаза, ауыр металлдар

Биохимические механизмы воздействия тяжелых металлов на ячмень (*Hordeum vulgare* L.)

**М.К. Бейсекова¹, А.С. Сату², К.Д. Кумарғазы³, М. Мамбетова⁴,
А. Самат⁵, А.Ж. Бектурова⁶, М.Т. Мырзабаева⁷, А.Ж. Акбасова⁸,
Ж.К. Масалимов⁹, А.Б. Курманбаева¹⁰**

1,2,3,4,5,6,7,8,9,10 Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан

Аннотация. Одна из главных угроз целостности экосистем и здоровью живых организмов связана с токсическим воздействием загрязнения тяжелыми металлами. В данном исследовании для изучения влияния Zn и Cu на физиологические и биохимические процессы в ростках ячменя (*Hordeum vulgare* L.) сорт «Астана-2000» использовались 1 мМ растворы ZnSO₄ и CuSO₄·6H₂O. Сульфитоксидаза (СО), молибденсодержащий фермент, играющий ключевую роль в детоксикации сульфитов и регуляции окислительно-восстановительных процессов, недостаточно изучена в

условиях стресса, вызванного тяжелыми металлами. Поэтому целью данного исследования было изучение влияния Zn и Cu на активность сульфитоксидазы. Обработка Zn и Cu, по-видимому, вызывает умеренный стресс, стимулирующий активность СО, что потенциально усиливает детоксикацию сульфита и поддерживает окислительно-восстановительный баланс клеток. Эти результаты свидетельствуют о том, что Zn и Cu оказывают различное воздействие на регуляцию СО, что, в свою очередь, указывает на участие СО в ранней окислительно-восстановительной регуляции и защитных реакциях ячменя при стрессе, вызванном тяжёлыми металлами. Полученные данные подчёркивают важность изучения взаимодействия тяжёлых металлов с растениями для разработки стратегий повышения устойчивости сельскохозяйственных культур к воздействию Zn и Cu и других аналогичных стрессовых условий.

Ключевые слова: цинк, медь, ячмень, сульфитоксидаза, тяжёлые металлы

Сведения об авторах:

Бейсекова Молдир Кудиярбековна – магистр технических наук, постдокторант, старший преподаватель кафедры биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Сату Альбина Саматқызы – студент 4 курса бакалавриата кафедры биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Кумаргазы Карина Дауренқызы – студент 4 курса бакалавриата кафедры биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Мамбетова Мадина – бакалавр естественных наук, магистрант 2 курса кафедры биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н.Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Самат Абай – магистр естественных наук, PhD студент кафедры общей биологии и геномики Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Бектурова Асемгуль Жамбуловна – PhD, доцент кафедры биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Мырзабаева Малика Төлөндіқызы – PhD, старший преподаватель кафедры общей биологии и геномики Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Акбасова Алуа Жолдасбаевна – PhD, ассоциированный профессор кафедры биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Масалимов Жаксылық Каирбекович – автор для корреспонденции, кандидат биологических наук, PhD, ассоциированный профессор, заведующий кафедрой биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Курманбаева Асылай Бактыбаевна – автор для корреспонденции, PhD, ассоциированный профессор кафедры биотехнологии и микробиологии Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, 010000, Астана, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Бейсекова Молдир Кудиярбековна – техника ғылымдарының магистрі, постдокторант Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің биотехнология және микробиология кафедрасының аға оқытушысы, 010000, Астана, Қазақстан.

Сату Альбина Саматқызы – Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің биотехнология және микробиология кафедрасының 4 курс бакалавр студенті, 010000, Астана, Қазақстан.

Кумаргазы Карина Дауренқызы – Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің биотехнология және микробиология кафедрасының 4 курс бакалавр студенті, 010000, Астана, Қазақстан.

Мамбетова Мадина – жаратылыстану ғылымдарының бакалавры, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің биотехнология және микробиология кафедрасының 2 курс магистр студенті, 010000, Астана, Қазақстан.

Самат Абай – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің жалпы биология және геномика кафедрасының PhD студенті, 010000, Астана, Қазақстан.

Бектүрова Асемгуль Жамбуловна – философия ғылымдарының докторы (PhD), Л.Н. Гумилев Атындағы Еуразия Ұлттық Университетінің Биотехнология және Микробиология Кафедрасының доценті, 010000, Астана, Қазақстан.

Мырзабаева Малика Төлентіқызы – PhD, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің жалпы биология және геномика кафедрасының аға оқытушысы, 010000, Астана, Қазақстан.

Акбасова Алуа Жолдасбаевна – PhD, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің биотехнология және микробиология кафедрасының доценті, 010000, Астана, Қазақстан.

Масалимов Жаксылық Каирбекович – хат-хабар авторы, биология ғылымдарының кандидаты, PhD, қауымдастырылған профессоры, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің биотехнология және микробиология кафедрасының меңгерушісі, 010000, Астана, Қазақстан.

Қурманбаева Асылай Бактыбаевна – хат-хабар авторы, PhD, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің биотехнология және микробиология кафедрасының қауымдастырылған профессоры, 010000, Астана, Қазақстан.

Authors' information:

Beisekova Moldir Kudiyarbekovna – MSc, postdoctoral student, senior lecturer, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Satu Albina Samatkyzy – 4th year undergraduate student, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Kumargazy Karina Daurenkyzy – 4th year undergraduate student, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Mambetova Madina – Bachelor of Natural Sciences, 2nd year master's student, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Samat Abay – MSc, PhD student, Department of General Biology and Genomics, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

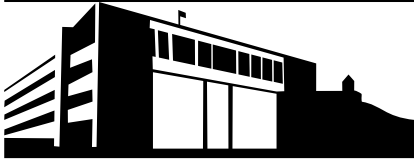
Bekturova Assemgul Zhambulovna – PhD, Associate Professor, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Malika Myrzabayeva – PhD, senior lecturer, Department of General Biology and Genomics, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Akbassova Alua Zholdasbaevna – PhD, Associate Professor, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Masalimov Zhaksylyk Kairbekovich – Corresponding author, Candidate of biological sciences, PhD, Associate Professor, head of the Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.

Kurmanbayeva Assylay Baktybaevna – Corresponding author, PhD, Associate Professor, Department of Biotechnology and Microbiology, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 010000, Astana, Kazakhstan.



IRSTI 34.29.35
Research article

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-137-146>

Ontogenetic spectrum of rare *Linaria cretacea* Fisch ex Spreng coenopopulations in the Aktobe region

M.S. Bakytzhanova*¹, K.H. Makhmudova², B.U. Sharipova³,
N.P. Akhmetova⁴, A.A. Bitkeyeva⁵, T. Atici⁶

^{1,2,3}Abai Kazakh National Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan

⁴Shokan Ualikhanov Kokshetau University, Kokshetau, Kazakhstan

⁵Toraigyrov University, Pavlodar, Kazakhstan

⁶Gazi University, Ankara, Turkey

E-mail: *¹maral.bakytzhanova@mail.ru, ²carinamakh@mail.ru, ³oralovna82@mail.ru,
⁴NAhmetova1@shokan.edu.kz, ⁵aliya_bit@mail.ru, ⁶tatici@gmail.com

Abstract. The article is devoted to the assessment of the state of coenopopulations of the plant *Linaria cretacea*, a rare species that needs special protection, by botanical methods. To study the age structure and ontogenetic state of rare species in the Aktobe region. *L. cretacea* coenopopulations, test sites were built for Akkudyksai, Kopaly, and Utek coenopopulations in the populations of the Ishkargantau chalk massif. The age structure and ontogenetic state of the registered individuals of the species were determined, and the demographic situation in the coenopopulations, the values of the age index and the energy efficiency index, i.e., "delta-omega", and the indicators of recovery, exchange, and aging were calculated. In the results obtained, the average density of the species around coenopopulations and the average number of plants in different age states in the sample sites were calculated. According to coenopopulations, indicators were determined to determine changes in the demographic situation. The soil cover of the coenopopulation consists of gravelly chalk formed by sedimentary rocks of the Cretaceous period. In the soil where *L. cretacea* plant populations are found, facultative calcefitas are twice as dominant as obligate calcefitas. Studied rarely, the base spectra of *L. cretacea* coenopopulations are of a single and mature type. In the future, based on the results obtained, it will be possible to make recommendations for the conservation and protection of this rare species.

Keywords: *L. cretacea*, botanical methods, coenopopulations, ontogenetic state, age structure

Received: 06.03.2026. Accepted: 27.03.2026. Available online: 31.03.2026.

*Corresponding authors

Introduction

The destruction of a certain biological species on Earth disrupts the stability of ecosystems and the integrity of the biosphere. This is one of the dangerous changes that are currently developing at a rapid pace in nature [1]. In most cases, anthropogenic factors are the cause of the decline and disappearance of plant populations within the ecosystem [2]. In the last edition of the Red Book of our republic (2014), 387 species with a reduced number are under state protection. In the Aktobe region, located at the crossroads of Europe and Asia, Mountain suffixes of the Cretaceous and Mesozoic were formed [3]. One of the oldest species preserved in the landscape and climatic zones is the Volga - West Kazakhstan endemic *Linaria cretacea* Fisch ex Spreng, which is listed in the Red Book of Kazakhstan.

In order to preserve these species, populations are monitored and, if possible, conservation and restoration work is established. Nevertheless, the list of rare plant species is constantly updated, because today's methods for accurately determining the number and distribution area of a particular species still require in-depth study. Therefore, the issue of improving various methods of assessing and preserving rare species at the population level in different regions of the country is relevant [4,5].

One of the pressing issues in the preservation of rare plant species is the question of the number in the coenopopulation sufficient for life in the protected area. The study of coenopopulation plays an important role in determining the organization and dynamics of phytocenoses [6-8]. The properties of coenopopulations are determined by the number, age, and vital conditions of the plants included in their composition, their ecological and genetic heterogeneity [9,10].

In some cases, the deterioration of abiotic living conditions of plants in coenopopulations is associated not with climatic characteristics, but with changes in local conditions caused by human activity, including economic changes, albeit at a considerable distance from the research site [11-13].

It is important to note that in plants of the same coenopopulation, the requirements for environmental conditions may differ in different ontogenetic States. In the pregenerative period (juvenile and immature states), plants are sensitive to fluctuations in temperature and humidity, which is caused by the fact that powerful root and shoot systems do not have time to form.

Other reasons for the deterioration of the coenopopulation of protected plant species may be related to the generative sphere. This includes, for example, a decrease in the viability of plants, which is a consequence of hybridization, which is closely related to the spatial isolation of small areas and coenopopulations. Regardless of the factors leading to the destruction of the coenopopulation, it is important to determine the question of the number of plants sufficient for successful development in these specific conditions in order to plan possible steps to restore it [14].

Plant coenopopulation refers to a dynamic phenomenon that is constantly changing and evolving. The habitat of plants is distinguished by factors affecting coenopopulations. Depending on the climatic conditions of the environment and soil moisture, changes and signs in the external structure of plants are formed. The influence of abiotic factors, along with anthropogenic factors, on the reduction of the species number of the *Linaria cretacea* plant, which is the subject of research, may be present. For this reason, the study of the age status, density and demographic status of the rare *Linaria cretacea* cenopopulations is relevant.

Materials and research methods

According to the population of Ishkargantau in the Aktobe region of the rare species *Linaria cretacea*, 3 coenopopulations were studied: Akkudyksai, Kopaly and Utek populations. Test sites were built every 10-20 meters for each of the three coenopopulations taken in the study, that is, a total of 30 individuals of *Linaria cretacea* from the test sites were calculated, and life States were determined [15-18]. The age status of 459 individuals of the *Linaria cretacea* plant found in 3 cenopopulation (CP) zones found in the Ishkargantau chalk massif was determined by the classification of T. A. Rabotnov (1950) in Table 1 and a set of criteria proposed by A. A. Uranov (1975) [19,20] (Table 1).

Table 1

Classification of the state of life according to T. A. Rabotnov (1950)

Stages of ontogenesis	State of plants	Age index
Latent	Seed in a state of rest	sm
Pregenerative	Sprouted	pl
	Juvenile	j
	Immaturly	im
	Virginil	v
Generative	Young	g1
	Mature	g2
	Old age	g3
Postgenerative	Subsenil	ss
	Senile	s
	Withered	sc

The density of coenopopulations of *Linaria cretacea* was calculated by the number of individuals in the test sites [21-23]. The age structure and ontogenetic state of individuals of the species, calculated from the sample sites of 3 coenopopulations (CP) in the populations of the *Linaria cretacea* plant in the Ishkargantau chalk massif in the Aktobe region, were determined. To determine the demographic situation of the studied coenopopulations, the values of the age index (Δ) and the energy efficiency index (ω), i.e., "delta-omega", and the indicators of recovery, exchange, and aging were calculated [24-27]. Statistical processing was performed using the MS EXCEL 2010 program and Statistica 5.0 statistical software package.

Results

It is known that the soils of the Akshatau and Ishkargantau mountains, where populations of the *Linaria cretacea* plant are the subject of research, are mainly chalky. As a general substrate, chalk has its own characteristics. The specific microclimate regime, physical and chemical properties of chalky soils, a low content of humus and an excessive excess of calcium affect plants. Several species have been formed that have adapted to such soils of the mentioned chalk mountains. Plants in such an unusual chalky substrate are divided into obligatory and

facultative calcefites.

In the mountains of Akshatau and Ishkargantau, where populations of the *Linaria cretacea* plant are found, there is mainly chalk soil. The specific order of the microclimate, physicochemical properties of the soil of the region studied as a substrate for growth, the low content of humus, the peculiarities of chalk and an excessive excess of calcium cannot help but affect the plants themselves. The flora of obligate and facultative calcefites, adapted to the chalky soils of the Ishkargantau chalk massif, is formed.

The *Linaria cretacea* plant has a high dependence on a chalky substrate. Among the plants included in the studied populations, we can note the real calcefites *Anthemis trotzkiana*, *Limonium cretaceum*, *Crambe tataria*, *Anabasis cretacea*, *Achillea nobilis*, *Echinops meyeri*, *Zygophyllum pinnatum*, which are found exclusively in cretaceous soils of carbonate rocks. Facultative calcefites include the rest of the species, which are better adapted to other soils than chalky ones [19,21,28].

Facultative calcefites predominate over obligate calcefites in the Ishkargantau chalk soil studied by us, where populations of the *Linaria cretacea* plant are found: 23.4% of obligate calcefites are adapted only to chalky soils and 76.6% of facultative calcefites are registered, typical of desert areas that can grow on other soils (Figure 1).

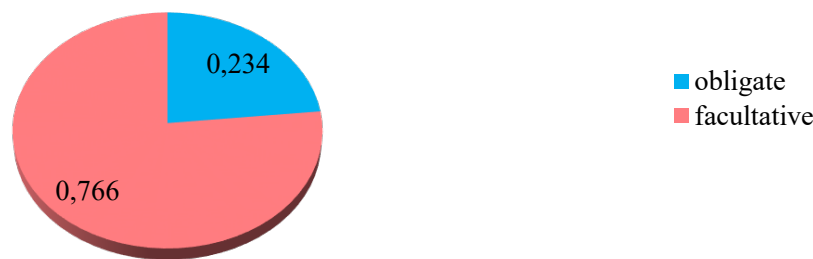


Figure 1. Flora of obligate and facultative calcefites in the Ishkargantau chalk massif, %

In the study, the average density of the species in the area of coenopopulations (PCs/m²) and the average number of individuals in different age states in the sample areas (PCs/M²) were calculated (Figure 2).

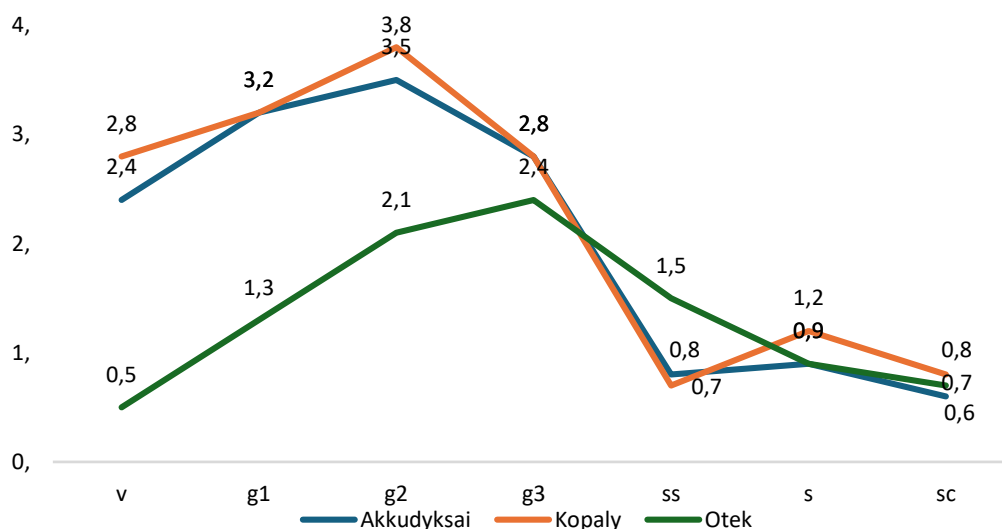


Figure 2. Ontogenetic state of *L. cretacea* cenopopulations

On the territory of Akkudyksai of the Ishkargantau chalk massif, the average density of *L. cretacea* individuals is 11.3 PCs/M2. In the coenopopulation, individuals of the pre-generative period v-18.9%, the generative period g - 74.8% and the post-generative period ss -6% were recorded (Figure 3).

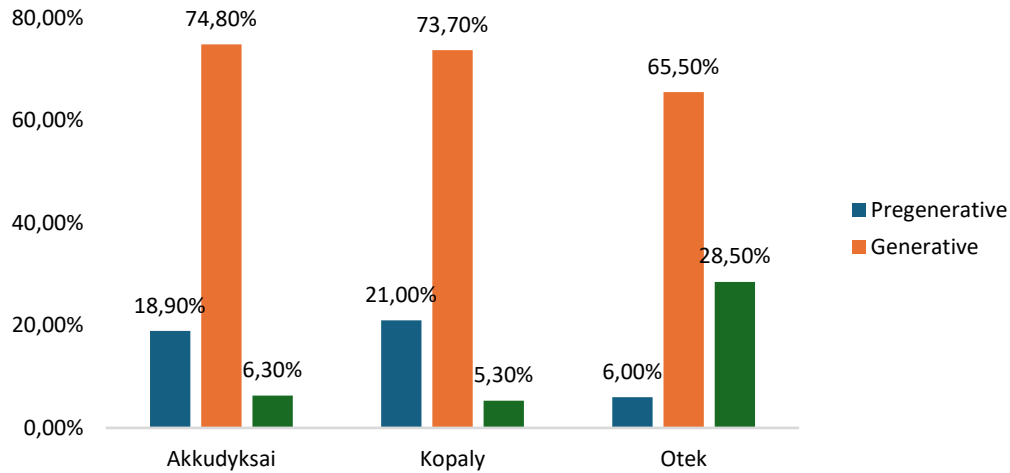


Figure 3. Ontogenetic stages of *Linaria cretacea* coenopopulations, (%)

The average density of individuals of the species in the area of copular coenopopulation was 10.2 pieces/M2, individuals of the pre-generative period V-21% of the plant, g-73.7% of the generative period and subsenile individuals of the postgenerative period ss - 5.3%.

The average density of individuals of the species on the territory of the Otek coenopopulation is 7.1 PCs/M2. Individuals of the pre-generative period (v) consist of 6%, individuals of the generative period G-65.5% and subsenile individuals of the post generative period (ss) 28.5%. In addition, our study revealed indicators of the demographic situation according to the listed coenopopulations (Table 2).

Table 2
Demographic status of mature *Linaria cretacea* coenopopulations

Cenopopulation	Akkudyksai	Kopaly	Otek
Age index, Δ	0,56± 1.4	0,44± 0.5	0,42± 1.3
Energy efficiency index, ω	0,71± 0.9	0,62± 1.0	0,58 ±1.1
Recovery index, I_r , %	31,3± 1.0	28,5± 0.5	20,2 ±0.9
Exchange index, I_e , %	42,1± 1.3	38,3±0.7	17,4± 0.6
Aging index, I_a %	0,25± 0.2	0,05± 0.5	0,06 ±1.1

The Kopaly and Otek populations were approximate in terms of Δ and ω , forming the values $\Delta = 0.44$, $\omega = 0.62$ and $\Delta = 0.42$, $\omega = 0.58$, respectively.

Discussion

We see that these values are much higher in the Akkuduksai coenopopulation ($\Delta = 0.56$, $\omega = 0.71$). In the bile, virginal individuals are smaller in comparison with Otek and Kopaly coenopopulations. However, the number of generative individuals in the Akkudyksai and

Kopaly coenopopulations was approximately the same, and the number of generative individuals was recorded in the bile. At the same time, 15 senile plants were observed in this Otek coenopopulation, and 7-8 senile plants were observed around the Akkudyksai and Kopaly coenopopulations.

In these populations, Δ and ω have almost the same indicator, and the higher of these indicators in the Whitefish is due to the fact that the two previous coenopopulations contain more than the number of middle-aged generative individuals. As for the indicators of the age index (ω) and energy efficiency index (ω) of the studied coenopopulations, the registration of individuals in the senile (s) state together with subsenile (ss) individuals in the post generative period of all coenopopulations affects the low indicator of the age index Δ .

Population-based studies are based not only on visual assessments. The success of the analysis of the obtained data is also determined by the use of quantitative indicators that assess the number, density, fitness, ontogenetic spectra and other characteristics of coenopopulations.

In this study, the $\Delta\omega$ classification made it possible to additionally identify coenopopulations of the “transitional” type, and from the “young” cenopopulations, it was possible to identify “maturing” ones, i.e., cenopopulations with a high proportion of generative individuals. These classifications are based on different criteria, so they can evaluate the age status of *Linaria cretacea* cenopopulations in different ways. Thus, the indicators presented in the article make it possible to quantify the state of *Linaria cretacea* cenopopulations based on data on ontogenetic spectra and identify their temporal and spatial dynamics in different environmental conditions.

Conclusion

In the coenopopulations of Akkudyksai, Kopaly and Otek, the state of growth and germination of the *L. cretacea* plant is normal. There are a few young virginil individuals in the testicular coenopopulation. The whitefly coenopopulation was distinguished by the predominance of the number of generative individuals of a rare species over other coenopopulations, and the presence of a small number of post generative individuals. Plants in the subsenile (ss) and senile (s) state predominate in the Otek coenopopulation. Thus, the quantitative indicators of aging and recovery indices presented in the results of the study showed that all studied coenopopulations have the potential to expand the distribution areas of the species. The basic spectra of the studied coenopopulations are of a single and mature type. The main ontogenetic spectrum of coenopopulations is concentrated in the middle of the spectrum, from the abundance of young and middle-aged generative individuals. In coenopopulations, differences are observed only in the density of individuals. The highest average density of individuals at the test sites was recorded in the Akkudyksai coenopopulation of 11.3 (PCs / M2), the lowest in the Otek coenopopulation of 7.1 (PCs/m2). We attribute the reason for the low Exchange index and aging rate in the Otek coenopopulation to the predominance of plants in the subsenile and senile states here.

Author Contributions

M.K., B.Sh. – concept and supervision of the work; **M.B.** – conducting the experiments; **N.A.** – discussion of the research results; **M.B.** – writing the text; **A.B.** and **T.A.** – editing the text of the article.

Funding

This research received no specific grant from any funding agency in the public, commercial, or not-for-profit sectors.

Conflicts of Interest

The authors declare no conflicts of interest.

Compliance with ethical standards

This article does not contain a description of studies performed by the authors involving people or using animals as objects.

References

1. Aipeisova S, Utarbayeva N, Kazkeyev Y, et al. Species diversity of the Chenopodiaceae Vent. family in the flora of the Aktobe floristic district (Kazakhstan). *Pak J Bot.* 2025; 57(2): 661–65. [https://doi.org/10.30848/PJB2025-2\(35\)](https://doi.org/10.30848/PJB2025-2(35))
2. Aipeisova S, Utarbayeva N, Kazkeev E, et al. Species diversity and structure of the saxicolous floral complex in the Aktobe floristic district. *Sabrao J Breed & Genet.* 2023; 55 (5):1486-95. <https://doi.org/10.54910/sabrao2023.55.5.4>
3. Aipeisova S, Utarbayeva N, Maui A, et al. Fabaceae Lindl. Species in the Floristic composition of the Aktobe Floristic District. *Int J Env Stud.* 2023; 80(4):1076–87. <https://doi.org/10.1080/00207233.2022.2136851>
4. Westoby M, Falster DS, Moles AT, et al. Plant ecology strategies: some leading dimensions of variation between species. *Ann Rev Ecol & Syst.* 2002; 33(1):125-59. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.33.010802.150452>
5. Schnabel A, Krutovskii KV. Conservation genetics and evolutionary history of *Gleditsia caspica*: inferences from allozyme diversity in populations from Azerbaijan. *Conser Genet.* 2004; 5(2): 195–204. <https://doi.org/10.1023/B:-COGE.0000030003.77703.c0>
6. Popov SV, Akhmetiev MA, Bugrova EM, et al. Biogeography of the Northern Peri-Tethys from the Late Eocene to the Early Miocene. 1. Early Eocene. *J Paleontol.* 2001; 35(1): 1-68.
7. Idrissova GZ, Sergeeva IV, Shevchenko EN, et al. Bioecological Characteristics of the Flora of the Territories Adjacent to the Springs of Western Kazakhstan. *Pov Ekol Zh.* 2019; 4: 419-31. <https://doi.org/10.35885/1684-7318-2019-4-419-431>
8. Kamp J, Koshkin MA, Bragina TM, et al. Persistent and novel threats to the biodiversity of Kazakhstan's steppes and semi-deserts. *Biodiv. & Conserv.* 2016; 25(12):2521-41. <https://doi.org/10.1007/s10531-016-1083-0>
9. Mukhambetov B, Nasiyev B, Abdinov R, et al. Influence of soil and climatic conditions on the chemical composition and nutritional value of *Kochia prostrata* feed in the arid zone of Western Kazakhstan. *Casp J Env Sci.* 2023; 21 (4): 853-63. <https://doi.org/10.22124/CJES.2023.7134>
10. Matveeva TV, Otten L. Widespread occurrence of natural genetic transformation of plants by *Agrobacterium*. *Plant Mol. Biol.* 2019;101(4–5):415–37. <https://doi.org/10.1007/s11103-019-00913-y>
11. Matveeva T. New naturally transgenic plants: 2020 update. T. Matveeva. *Bio. Comm.* 2021;66(1):36–46. <https://doi.org/10.21638/spbu03.2021.105>
12. Widhalm JR, Rhodes D. Biosynthesis and molecular actions of specialized 1,4 naphthoquinone natural products produced by horticultural plants. *Hort Res.* 2016;3:160-46. <https://doi.org/10.1038/hortres.2016.46>
13. Myrzagaliyeva A, Seilkhan A, Takirova M, et al. Morphological variability of the rare species *Linaria cretacea* in the conditions of the chalk hills in North-Western Kazakhstan. *Casp J Env Sci.* 2023;21:1273-78. <https://doi.org/10.22124/cjes.2023.7429>
14. Sergaliev NK, Sarsenova BB, Idrisova GZ, et al. Assessment of the Vegetation Condition of Lakes and Springs of the West Kazakhstan Region. *Inl Wat Biol.* 2023; 16:229–236. <https://doi.org/10.1134/S1995082923020190>
15. Shoman N, Solomonova E, Akimov A. Application of structural, functional, fluorescent, and cytometric indicators for assessing physiological state of marine diatoms under different light growth conditions. *Turk J Bot.* 2021; 45:511–521. <https://doi.org/10.3906/bot-2102-39>

16. Shustov MV, Mamontov AK, Zueva MA, et al. Plants of the calcifilic flora exposition of the NV Tsitsin Main Botanical Garden of the Russian Academy of Sciences listed in Red Data Books of Central Russia. WOS Conf: EDP Sci. 2023; 411: 20-52. <https://doi.org/10.1051/e3sconf/202341102052>
17. Shustov MV, Shvetsov AN, Mamontov AK, et al. Preserving Rare and Endangered Calcific Steppe-Dwelling East-European Species ex situ. IOP Conf Ser: Earth & Env Sci. 2021;817:12-21. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/817/1/012100>
18. Karimova OA, Abramova LM, Golovanov YM. Analysis of the current status of populations of rare plant species of nature monument Troicki chalk mountains (Orenburg region). Arid Ecosys. 2017; 7:41–48. <https://doi.org/10.1134/S2079096117010073>
19. Izbastina KS, Kurmanbayeva MS, Bazargaliyeva AA, et al. Floristic composition of plant communities with the populations of a rare species *Anthemis trotzkiana* Claus in the Aktobe region. Exp Biol. 2018; 74(1):4–19. <https://doi.org/10.26577/EB-2018-1-1311>
20. Golovanov YM, Abramova LM. Chalky highlands in Orenburg Oblast, a unique habitat for rare plant species and plant communities. Arid Ecosys. 2019; 9:89–96. <https://doi.org/10.1134/S2079096119020069>
21. Darbaeva TI. Ecological and historical assemblages of the flora of the Cretaceous Uplands of Northwestern Kazakhstan. Bot J. 2023; 9: 66-80.
22. Matveeva TV, Kosachev PA. Sequences homologous to *Agrobacterium rhizogenes* rolC in the genome of *Linaria acutiloba*. Int.conf. front. of env., en. & biosci. (ICFEEB 2013). Lancaster: DES tech Publications Inc., 2013.
23. Ercil D, Sakar MK. Chemical constituents of *Linaria aucheri*. Turk J Chem. 2004; 28: 133–39. <https://doi.org/journals.tubitak.gov.tr/chem/vol28/iss1/15>
24. Kuptsova LP, Ban'kovskii AI. A new flavonoid from some species of toadflax. Chem Nat Compd. 1970; 6:121–22. <https://doi.org/10.1007/BF00564177>
25. El-Naggar LJ, Beal JL. Iridoids. An updated review. Part I. J Nat Prod. 1980; 43: 649–57. <https://doi.org/10.1021/np50012a001>
26. Boros CA, Stermitz FR. Iridoids. An updated review. Part II. J Nat Prod. 1990; 53: 1055–47. <https://doi.org/1021/np50077a001>
27. White FF. Sequence homologous to *Agrobacterium rhizogenes* T-DNA in the genomes of uninfected plants. Nat. 1983; 301: 348–50. <https://doi.org/10.1038/301348a0>
28. Bakytzhanova M, Aipeisova S, Kazkeev E, et al. Distribution and morphometric indicators of cenopulations of the rare species *Linaria cretacea* Fisch. ex Spreng. under the conditions of Aktobe Region, Kazakhstan. Casp J Env Sci. 2024; 22 (3):785-90. <https://doi.org/10.22124/CJES.2024.7920>

Ақтөбе облысындағы сирек кездесетін *Linaria cretacea* Fisch ex Spreng ценопопуляцияларының онтогенетикалық спектрі

**М.С. Бақытжанова^{1*}, К.Х. Махмудова², Б.У. Шарипова³,
Н.П. Ахметова⁴, А.А. Биткеева⁵, Т. Атичи⁶**

^{1,2,3}Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Алматы, Қазақстан

⁴Ш. Уалиханов атындағы Көкшетау университеті, Көкшетау, Қазақстан

⁵Торайғыров университеті, Павлодар, Қазақстан

⁶Гази университеті, Анкара, Түркия

Андатпа. Мақалада ерекше қорғауды қажет ететін сирек түр *Linaria cretacea* өсімдігінің ценопопуляциялары жағдайын ботаникалық әдістермен бағалауға арналған. Ақтөбе облысындағы сирек кездесетін *L. cretacea* ценопопуляцияларының жастық құрылымы мен онтогенетикалық күйін зерттеу үшін Ешқырғантау борлы массиві популяциялары ішіндегі Аққұдықсай, Қопалы және Өтек ценопопуляцияларына сынақ алаңдары салынды. Тіркелген түр дараларының жастық құрылымы мен онтогенетикалық күйі анықталып,

ценопопуляциялардағы демографиялық жағдайды анықтау үшін жастық индексі мен энергетикалық тиімділік индексі, яғни «дельта-омега» мәндері және қалпына келу, алмасу, қартаю көрсеткіштері есептелді. Алынған нәтижелерде ценопопуляциялар ауданындағы түрдің орташа тығыздығы мен үлгі алаңдарындағы әртүрлі жастық күйлеріндегі өсімдіктердің орташа саны есептелді. Ценопопуляциялар бойынша демографиялық жағдайдың өзгерістерін анықтайтын көрсеткіштер анықталды. Ценопопуляцияның топырақ жамылғысы бор дәуірінің шөгінді жыныстарынан түзілген қиыршықты бордан тұрады. *L. cretacea* өсімдігі популяциялары кездесетін топырақта облигатты кальцефиттерге қарағанда факультативті кальцефиттер екі есе басым екенін көрсетті. Зерттелген сирек кездесетін *L. cretacea* ценопопуляцияларының базалық спектрлері бір шынды және жетілген типке жатады. Келешекте, алынған нәтижелерге сүйеніп осы сирек түрді сақтау мен қорғауға ұсыныстар жасауға болады.

Түйін сөздер: *L. cretacea*, ботаникалық әдістер, ценопопуляциялар, онтогенетикалық күйі, жастық құрылымы

Онтогенетический спектр редких ценопопуляций *Linaria cretacea* Fisch ex Spreng в Актюбинской области

**М.С. Бакытжанова*¹, К.Х. Махмудова², Б.У. Шарипова³,
Н.П. Ахметова⁴, А.А. Биткеева⁵, Т. Атичи⁶**

^{1,2,3}Казахский национальный педагогический университет имени Абая, Алматы, Казахстан

⁴Кокшетауский университет имени Ш. Уалиханова, Кокшетау, Казахстан

⁵Торайгыров университет, Павлодар, Казахстан

⁶Университет Гази, Анкара, Турция

Аннотация. Статья посвящена оценке состояния ценопопуляций редкого вида растения *Linaria cretacea*, требующего особой защиты, ботаническими методами. Для изучения возрастной структуры и онтогенетического состояния ценопопуляций редкого вида *L. cretacea* в Актюбинской области были построены испытательные площадки для ценопопуляций Аккудыксай, Копалы и Отек в популяциях мелового массива Ишкаргантау. Были определены возрастная структура и онтогенетическое состояние зарегистрированных особей вида, а для определения демографической ситуации в ценопопуляциях были рассчитаны значения индекса молодости и индекса энергетической эффективности, то есть «дельта-омега», а также показатели восстановления, обмена, старения. По полученным результатам была рассчитана средняя плотность вида в районе ценопопуляций и среднее количество растений в различных возрастных состояниях на участках образцов. Определены показатели, определяющие изменения демографической ситуации по ценопопуляциям. Почвенный покров ценопопуляций состоит из гравийного мела, образованного осадочными породами мелового периода. В почве, где встречаются популяции растений *L. cretacea*, факультативные кальцефиты преобладают над облигатными кальцефитами в 2 раза. Базовые спектры ценопопуляций исследуемого редкого растения *L. cretacea* относятся к одиночному и зрелому типу. На основании полученных результатов, в будущем можно дать рекомендации по сохранению и защите этого редкого вида.

Ключевые слова: *L. cretacea*, ботанические методы, ценопопуляции, онтогенетическое состояние, возрастная структура

Сведения об авторах:

Бакытжанова Марал Сагындыковна – автор для корреспонденции, докторант Казахского национального педагогического университета имени Абая, Достык, 13, 050010, Алматы, Казахстан.

Махмудова Карина Хамидовна – кандидат биологических наук, старший преподаватель Казахского национального педагогического университета имени Абая, Достык, 13, 050010, Алматы, Казахстан.

Шарипова Ботагөз Ураловна – PhD, ассоциированный профессор Кокшетауского университета имени Ш. Уалиханова, Абая, 76, 020000, Кокшетау, Казахстан.

Ахметова Нұргүл Пернебекқызы – PhD, старший преподаватель Кокшетауского университета имени Ш. Уалиханова, Абая, 76, 020000, Кокшетау, Казахстан.

Биткеева Алия Айтжановна – PhD, ассоциированный профессор Торайгыров университета, Ломова, 64, 140008, Павлодар, Казахстан.

Тахир Атичи – доктор биологических наук, профессор Университета Гази, факультет биологического образования. 06500, Текникокуллар, Анкара, Турция.

Авторлар туралы мәлімет:

Бақытжанова Марал Сағындықызы – хат-хабар авторы, докторант, Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Достық, 13, 050010, Алматы, Қазақстан.

Махмудова Карина Хамидовна – биология ғылымдарының кандидаты, аға оқытушы, Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Достық, 13, 050010, Алматы, Қазақстан.

Шарипова Ботагөз Оралқызы – PhD, қауымдастырылған профессор, Ш. Уәлиханов атындағы Көкшетау университеті, Абай, 76, 020000, Көкшетау, Қазақстан.

Ахметова Нұргүл Пернебекқызы – PhD, аға оқытушы, Ш. Уәлиханов атындағы Көкшетау университеті, Абай, 76, 020000, Көкшетау, Қазақстан.

Биткеева Әлия Айтжанқызы – PhD, қауымдастырылған профессор, Торайгыров университеті, Ломов көшесі, 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Тахир Атичи – доктор, профессор, биологиялық білім бөлімі, Гази университеті, Текникокуллар, 06500, Анкара, Түркия.

Authors' information:

Bakytzhanova Maral – Corresponding author, doctoral student, Abai Kazakh National Pedagogical University, Dostyk, 13, 050010, Almaty, Kazakhstan.

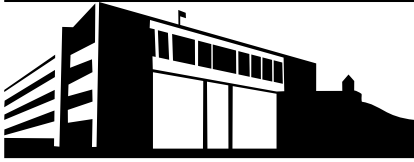
Makhmudova Karina – Candidate of Biological Sciences, Senior lecturer, Abai Kazakh National Pedagogical University, Dostyk, 13, 050010, Almaty, Kazakhstan.

Sharipova Botagoz – PhD, Associate Professor, Shokan Ualikhanov Kokshetau University, 76 Abay, 020000, Kokshetau, Kazakhstan.

Akhmetova Nurgul – PhD, senior lecturer, Shokan Ualikhanov Kokshetau University, 76 Abay, 020000, Kokshetau, Kazakhstan.

Bitkeyeva Aliya – PhD, Associate Professor, Toraiyrov University, 64 Lomov st., 140008, Pavlodar, Kazakhstan.

Tahir Atici – Dr. Professor, Gazi University, Department of Biology Education. 06500, Teknikokullar, Ankara, Turkey.



IRSTI 34.33.23
Research article

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-147-159>

The influence of ticks on the spread of vector-borne and arbovirus diseases in the West Kazakhstan region

R.N. Toleuova*¹, B.K. Essimov², A.U. Tuyakbayeva³, G.K. Mussayeva⁴,
K.I. Akmetov⁵, M.A. Berdikulov⁶, K.T. Maikhin⁷, B. Kazybay⁸, G. Assylbekova⁹

^{1,2}Abai Kazakh National Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan

³L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

^{4,6,7}Almaty branch «National veterinary reference center», Almaty, Kazakhstan

⁵Toraigyrov University, Pavlodar, Kazakhstan

⁸Kyrgyz National Agrarian University, Bishkek, Kyrgyzstan

⁹Margulan University, Pavlodar, Kazakhstan

E-mail: *¹raushan_gul_85@mail.ru, ²esimov.bolat@mail.ru, ³akmaral.t@inbox.ru,
⁴musaeva_1984@mail.ru, ⁵kairat_akhmetov@mail.ru, ⁶berdikulov.ma@mail.ru,
⁷maikhin67@mail.ru, ⁸botakoz28091983@gmail.com, ⁹assylbekovage@ppu.edu.kz

Abstract. The article discusses the findings of a study investigating the impact of ticks on the transmission of vector-borne and arboviral diseases among livestock in the West Kazakhstan region. The epizootic situation with blood-sucking ticks in farm animals has also been studied. The results presented in this article show a potential solution to many problems associated with the spread of tick-borne infections. The analysis of epizootic indicators used for monitoring and zoning the territory of Western Kazakhstan according to the degree of intensity of the epizootic situation and a number of infections among farm animals has been carried out. To monitor and zone the territory of Western Kazakhstan according to the degree of intensity of the epizootic situation for the following viral infections among farm animals (bluetongue, Schmallenberg's disease, nodular dermatitis of cattle, Crimean-Congo haemorrhagic fever, etc.). The methods developed and adapted for the detection and strain differentiation of the virus were used, based on PCR and nucleotide sequencing, followed by analysis of the amplified nucleotide sequences of the genome of isolates of identified animal viruses in Western Kazakhstan. The results are of scientific and practical interest to researchers from neighboring countries: Central Asia, Russia, China, etc.

Keywords: ticks, species composition, vector-borne diseases, arbovirus infections, epizootic situation

Received: 07.03.2026. Accepted: 30.03.2026. Available online: 31.03.2026.

*Corresponding authors

Introduction

Due to the expansion of logistics ties, animal migration, and climate change, the economy and biological security of many countries are threatened. A significant contribution to the destabilization of the epidemiological situation is made by such exotic viral infections as bluetongue, Schmallenberg's disease, nodular dermatitis of cattle, and Crimean-Congo haemorrhagic fever among people and farm animals.

Several European nations face significant risks related to the introduction and dissemination of viral diseases such as nodular dermatitis in cattle, bluetongue, and Schmallenberg disease. This concern is exacerbated by the unfavorable conditions in animal husbandry and the anticipated importation of livestock from these countries into the Republic of Kazakhstan. Evidence of the existing danger is the fact that cases of importation of seropositive animals for Schmallenberg and bluetongue disease are known in our country. Diagnostic studies on these infections are carried out within the framework of the rules for quarantining animals imported from third countries [1-5].

Despite all the measures taken by various international organizations, the epizootic situation of infectious diseases of animals and birds in the world remains tense. Of particular concern are diseases of Group A, which, according to the classification of the Office International des Epizooties (OIE, World Organisation for Animal Health), are dangerous. It is known that outbreaks of diseases of this group cause enormous socio-economic damage to the state. The Republic of Kazakhstan is clean about these diseases of animals, but every year in some part of our country, as a result of the introduction of infections from unfavorable countries, outbreaks of particularly dangerous diseases are recorded. Many authors consider ticks as the main factor in the source of threats to the livestock of our country, particularly dangerous animal diseases [6-9].

The peculiarity of some transmissible diseases is that their pathogens can remain in the bodies of certain carrier vectors for a long time. The most obvious natural focus of vector diseases is where the spread of infection occurs with blood-sucking arthropods (ticks, fleas, mosquitoes, etc.). The causative agent of the disease constantly circulates along this chain: the carrier animal is a person or an animal. Disease-sensitive animals, pathogens, vectors, or intermediate hosts are the links of the biocenosis associated with a particular biotope. Therefore, natural focal diseases are characterized by strict seasonality, territorial distribution, and clear designation of a specific type of landscape (for example, for the deserts of Central Asia - leishmaniasis of the skin and spirochetosis of ticks, etc.), in contrast to anthroponoses. A natural hearth can contain pathogens of several diseases, as well as various types of animals susceptible to these diseases [10-15].

Active natural foci of Crimean-Congolese hemorrhagic fever are located in Zhambyl, South Kazakhstan, and Kyzylorda regions. The incidence of CCHF is recorded annually in these regions. The main carriers of CCHF in this territory are *Hyalomma anatolicum anatolicum* and *Hyalomma detrium*, Ixod mites that parasitize mainly farm animals. *Boophilus calcaratus* plays an important role in infecting the population. An important role in epidemiology is played by ticks of the genus *Dermacentor niveus*, which are found mainly in the northern part of the hearth - in the lower reaches of the Shu River, in the northern part of the Sarysu and Moyinkum districts of the region [16-18].

The West Kazakhstan region (WKR) borders on the territory of Russia, where there are natural foci of Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) and diseases are periodically recorded. In 2007, specific antibodies to the CCHF virus in cattle were detected for the first time in the

western part of the West Kazakhstan region using the complement fixation reaction. 1,871 cattle were studied in this area for three years. Antibodies specific to the virus are found in 25 cows (1.3%). The annual stable circulation of the CCHF virus has been established.

In 2011, 2180 ticks were collected from cattle in the territory of three administrative districts in the west of the West Kazakhstan region and examined in the CCHF. In this area, high budding of *Hyalomma marginatum* cattle was found. This type of tick is the main carrier of CCHF in neighboring regions of Russia. As a result of comprehensive research, a new natural focus of Crimean-Congo hemorrhagic fever was identified in Kazakhstan in the west of the West Kazakhstan region [19].

Research on the causative agent of bluetongue's disease among animals in the Republic of Kazakhstan has so far been unambiguous, and as for the Schmallenberg disease virus, it has not yet been isolated and is not available for research work. In our country, the role of blood-sucking mites in relation to the spread of bluetongue and Schmallenberg diseases and the epizootic situation in these diseases in general have not been monitored, in connection with which there is almost no scientifically based national strategy and measures to combat these diseases [20].

Taking into account the epizootic situation with the participation of blood-sucking mites as a source of infection among farm animals and regional features, the research work planned to be carried out on the scale of West Kazakhstan was not fully carried out.

This study aims to perform monitoring investigations to identify infectious vector-borne diseases affecting both livestock and humans in western Kazakhstan. To achieve this goal, monitoring studies were conducted to assess the species composition and primary host feeders of ticks that pose a risk for transmitting viral vector diseases to farm animals and humans, including bluetongue, Schmallenberg's disease, cattle nodular dermatitis, and Crimean-Congo hemorrhagic fever, among others, in the region.

Materials and research methods

When conducting the study, standard methods recommended by the OIE for the diagnosis of infectious diseases were used. The material for the study was samples of biological material collected by generally accepted parasitological methods from farm animals – ticks. The collection of ticks was carried out by generally accepted methods in places of public gathering (parks, etc.), private farmsteads, herds, and flocks [29,30]. Bacteriological, virological, molecular biological, and serological studies of the collected ticks were carried out.

Ticks collected from animals were placed in empty, dry, hermetically resealable plastic containers. For research, live and dead ticks were delivered to the Almaty branch of the "National Veterinary Reference Center". Several ticks collected from the same animal were analyzed together in a single sample. The processing of collected ticks in the chamber, along with their identification by genus and species, was conducted using specialized keys designed for identifying ticks belonging to the *Ixodidae* family [31].

The identification of the dominant host of ixod ticks was carried out by examining 10% of the total livestock of the selected herd in a particular locality - animals, taking into account the number of ticks and determining the average number of ticks per animal using the following formula:

$$B = (K \times 100) : C, (1)$$

where B is the type of animal, K is the number of ticks found in animals of this species, and C is the sum of ticks of this species found in all animal species.

Epizootological monitoring of livestock in West Kazakhstan was conducted through the analysis of statistical data derived from our research reports, along with the findings from virological monitoring studies utilizing PCR techniques.

The mite suspension was frozen and thawed three times, then processed by centrifugation at 600 g for 10 minutes. To isolate the virus, a pool was prepared from several individuals of the same species of ticks. The mites use 2.0 ml tubes containing zirconium-Silicon beads (6 mm SSB60) and DMEM cultivation medium (CAPRICORN Lot No: CP23-6146) (DNA/RNA free Eppendorf). crushed with a homogenizer (LabSafer TS-48/64).

Special PureLink Microbiome DNA Purification Kit "Invitrogen", Catalog Number a29790, Pub to extract (isolate) DNA and RNA from clinical material to extract nucleic acids from tick homogenates. No. MAN0014332 Rev. A.0. a set of reagents was used.

Amplification of tick viruses. The presence of CCHFV, SBV, BTV and LSDV RNA/DNA in ixod ticks was molecularly tested using a single-stage RT-PCR or built-in RT-PCR using a set of special primers for each virus according to the instructions described in real-time commercial RT-PCR kits ("Amplisens® Moscow, Russia). Real-time PCR was performed using a thermocycler Rotor-Gene Q (Qiagen, Hilden, Germany).

According to the level of equipment of the material and technical base, the National Veterinary Reference Center laboratory has a Biosafety Level 3 (BSL-3), which is an advanced institution in the Republic of Kazakhstan that ensures full sanitary, epidemiological, and environmental safety and meets all requirements when working with pathogens of particularly dangerous infections of Agriculture, wild animals, and birds.

Research was conducted using RT-PCR-RV to detect pathogens in ticks by analyzing the DNA/RNA of the bluetongue virus, Schmallenberg virus, bovine nodular dermatitis virus, and Crimean-Congo hemorrhagic fever virus.

Nucleic acids isolated from tick homogenates were used to perform real-time reverse transcription and polymerase chain reaction (RV-RT-PCR) analysis in the course of research conducted at the national veterinary reference center by RV-RT-PCR for the presence of DNA/RNA of ticks Bluetongue, Schmallenberg, bovine nodular dermatitis, Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. The reactions were carried out on the Rotor-Gene Q MDX 6plex amplifier (QIAGEN, Germany), which provides high sensitivity and real-time fluorescent signal recording.

To detect viruses and bacteria, a set of PCR reagents with real-time (RV-RT-PCR) hybridization-fluorescent detection was used. The assessment of the genetic material from viral pathogens affecting animals, including Crimean-Congo hemorrhagic fever, Schmallenberg virus, bluetongue, bovine nodular dermatitis, and brucellosis virus RNA, was conducted utilizing the following assays: "Amplisens® CCHFV-fl," "PCR-Schmallenberg-factor," "PCR-Bluetongue-factor," "PCR-nodular dermatitis - cattle-factor," and "PCR - *Brucella spp.* - Dermatitis-cattle-factor." This analysis was performed in accordance with the protocols established by the manufacturers, specifically the federal state budgetary institution "CSP" and LLC "Vet Factor" (Russia) (Table 1).

Table 1
Commercial kits used for the diagnosis of infectious diseases by the RV-RT-PCR method

Tested pathogen	Reagent kit	Manufacturer
Crimean-Congo hemorrhagic fever virus RNA (CCHFV)	AmpliSense® CCHFV-FL	FSBI "CSP", Russia
Schmallenberg virus RNA (SBV)	PCR-SCHMALLEMBERG FACTOR	VET FACTOR LLC, Russia

Bluetongue virus RNA (BTV)	THE BLUETONGUE PCR FACTOR	VET FACTOR LLC, Russia
Bovine nodular dermatitis virus (LSDV) DNA	PCR-NODULAR-DERMATITIS-CATTLE-FACTOR	VET FACTOR LLC, Russia
Brucella spp DNA	PCR-Brucellaspp.-DERMATITIS-CATTLE FACTOR	VET FACTOR LLC, Russia

Samples were distinguished, obtained and tested in accordance with the methodological instructions of the manufacturers. PCR analysis was carried out in real time using modern thermocyclers.

Research was carried out on 258 adult male and female Ixodes ticks obtained from farm animals to determine the RNA/DNA of bacteria and viruses CCHF, Schmallenberg, bluetongue, nodular dermatitis, as well as *Brucella* spp. The results were processed mathematically in Microsoft Excel.

Results

As a result of identification, ticks were classified as 2 relatives and 6 species of ticks belonging to the Ixodidae family: *Dermacentor pictus* Herm., *Dermacentor marginatus* Sulzer, 1776, *Dermacentor niveus* Neum., 1897, *Hyalomma marginatum* Koch, 1844, *Hyalomma scupense* Schulze, 1918, *Hyalomma anatolicum* Koch, 1844 (Figure 1).

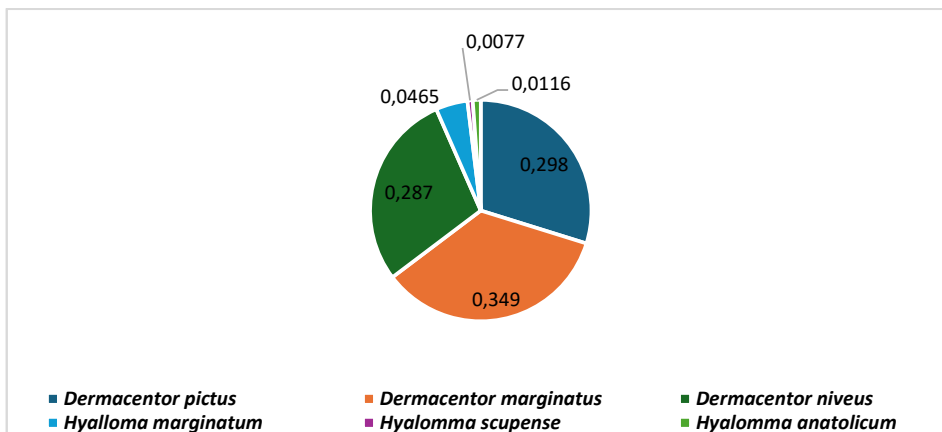


Figure 1. Species composition of ticks detected in the West Kazakhstan region

Ticks of the genus *Dermacentor* are the most common and numerous: of the 258 ticks studied, 241 (93.4%) belong to this genus. The species *Dermacentor marginatus* (34.9%) and *Dermacentor pictus* (29.8%) are found in all territories of the 13 districts of the West Kazakhstan region, where the study was conducted. The smallest were the species of the genus *Hyalomma* (Figure 1).

The smallest type of ixod tick for the fauna of the studied area was the *Hyalomma scupense* species in our research: 2 pieces (0.77%) in a collection.

The distribution of Ixodidae mites in landscape provinces is characterized by a mosaic pattern.

During the entire period of observation, a predominance of females over males was observed (62.8% and 37.2%, respectively), but in July, this ratio was stronger than in late August and early September, which was especially evident in the species *Dermacentor pictus*, *Dermacentor*

niveus, and very high *Dermacentor marginatus*. The differences are statistically reliable. The decrease in the proportion of females at the end of summer is explained by the later appearance of nymphs at an early age (Table 2).

Table 2

Sexual composition of ticks in western Kazakhstan

Species	Males and females (sample size)	
	♂	♀
<i>Dermacentor pictus</i>	26	51
<i>Dermacentor marginatus</i>	36	54
<i>Dermacentor niveus</i>	29	45
<i>Hyalomma marginatum</i>	3	9
<i>Hyalomma scupense</i>	2	-
<i>Hyalomma anatolicum</i>	-	3
Total	96	162

In areas near settlements, the main feeders for adult ticks among domestic animals are cattle and small cattle. Also, dogs and horses have a high number of ixodids (Figure 2).

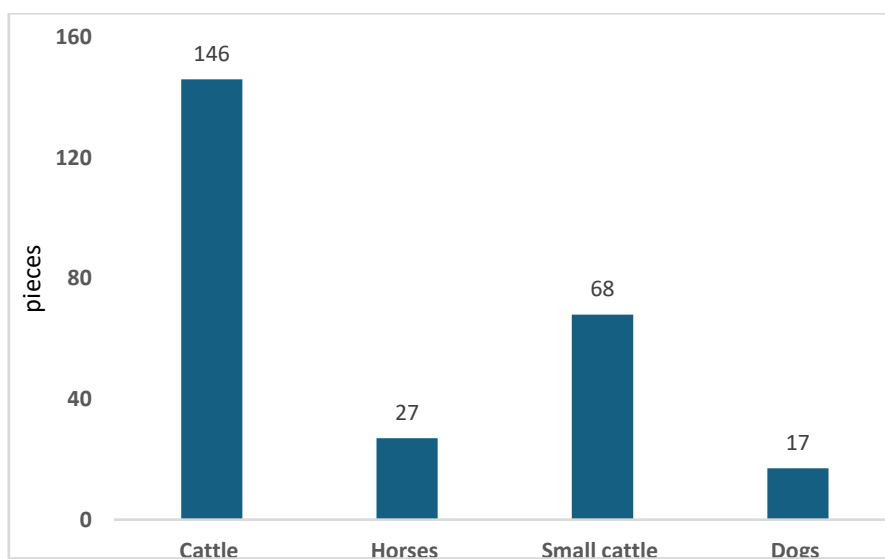


Figure 2. Ticks collected from domestic animals in western Kazakhstan, pieces

Ixodid ticks are known to parasitize a variety of forest-dwelling animals and livestock, as well as numerous species of ground-feeding birds. The primary hosts include large wild mammals such as ungulates and predators, exemplified by deer and foxes, as well as both large and small rodents like hares, squirrels, chipmunks, mice, and ground squirrels. Moreover, adult ticks are also known to actively seek out humans. Due to their inability to move over long distances when hungry, these ticks remain patient, positioned on the tips of grasses or within small bushes, waiting for a potential host to come within reach. Then these parasites act very deftly: tightly cling to wool or clothing, choose a place to suck blood and actively move around the body. In

animals, ticks often attach themselves to the head, especially behind the ears, neck, chest, and groin. In humans, attached parasites are usually found in the armpits, groin, and scalp.

All samples showed a negative result for the presence of infectious agents under study (Table 3).

Table 3

**PCR detection of pathogens in blood-sucking insects
for infectious diseases of farm animals**

Vector	Quantity	CCHF (+)	Schmallenberg (+)	Bluetongue (+)	Nodular dermatitis (+)	Brucella spp. (+)
Ticks (<i>Hyalomma</i> and <i>Dermacentor</i> spp.)	258	0	0	0	0	0

Note: data on positive samples, % - share of the total

As a result of the conducted studies, it was found that all the studied areas of the West Kazakhstan region are free from the studied infections, which confirms the absence of circulation of pathogens of vector-borne diseases and arbovirus infections.

However, the results confirm the need to constantly monitor the number and infection of ticks, as well as carry out preventive work among the population, and recommend the following recommendations to prevent the spread of diseases:

- continuation of epizootiological surveillance of ticks and other arthropods in regions of western Kazakhstan that are potentially endemic.
- development and implementation of measures for medical and veterinary control and prevention of vector-borne infections.
- use modern methods of molecular diagnostics for early detection of foci of infection and assessment of epizootic risk.

Discussion

The epidemiological uniqueness of *Ixodidae* ticks is that one carrier can contain several pathogens of different species (of a viral or bacterial nature). Currently, tick infections are an important issue that is increasing in importance as new, previously unknown natural-focal diseases are identified in which ixod mites serve as carriers [25]. The practical importance of ticks as pathogens of many natural-focal infections of humans and animals has long attracted the attention of scientists. Numerous studies conducted by domestic and foreign authors have proven the ability of ixodids to store in their own bodies and transfer pathogenic protozoa, bacteria, viruses and other pathogens to feeders [3].

In the modern world, an important task of medical and veterinary science is the study of ticks of the *Ixodidae* family, which are carriers and keepers of vector diseases. According to research by foreign scientists, it was found that the contamination of *Ixodidae* ticks with certain pathogens of natural focal infections is influenced by the species factor [21,22,23,24,25].

Many authors argue that ticks of the *Ixodidae* family are the main carriers of viral pathogens due to their virophoricity and at the same time a reservoir of infections [26,27,28].

In recent decades, there have been significant changes in the conditions of agricultural production in our country, which have led to an increase in biotopes of ixodid ticks suitable for

their presence and an increase in the number of ixodid ones, which has affected the deterioration of the epidemic and epizootic situation for tick-borne diseases.

Studies conducted to study blood-sucking insects, their species composition found in western Kazakhstan and the viral diseases they carry have shown that polymerase-chain reaction is of great importance for species differentiation of insects, as well as the isolation of DNA/RNA of virus pathogens from biological material for sequencing and analysis of genomes is very important.

Monitoring of infectious diseases among sensitive animals allows you to monitor and develop an anti-epizootic action plan. In addition, it is necessary to take into account the natural reservoirs of pathogens, which, in turn, affect the spread of infection. To identify and control such diseases in animals, it is necessary to change the way of determining the source of the pathogen. The identification of new sources of diseases will allow the introduction of effective methods and measures to combat vector diseases of farm animals.

Conclusion

In western Kazakhstan, the main risk of infection with studied infections among the population and farm animals is associated with ticks of the genus *Hyalomma*, which previously revealed positive reactions to viruses and bacteria that pose a threat to livestock and public health. The negative results obtained in the course of this study indicate the absence of active circulation of pathogens of transmission infections during the examination, but do not exclude the possibility of their subsequent occurrence when the epizootic situation changes. The epizootic situation in the West Kazakhstan region remains stable and calm, and cases of vector-borne diseases and arbovirus infections were not recorded in our study. In agriculture, especially in regions with the activity of ticks of the genus *Hyalomma* and *Dermacentor*, it is necessary to regularly monitor and prevent vector-borne diseases and arbovirus infections.

Author Contributions

B.E., M.B., K.M.– concept and supervision of the work; **R.T., G.M., B.K.**– conducting the experiments; **A.T., K.A.** – discussion of the research results; **R.T. and G.M.** – writing the text; **G.E. and K.A.**– editing the text of the article.

Funding

The work was carried out within the framework of the grant project of the Ministry of Science and higher education of the Republic of Kazakhstan for 2024-2026 AP23489181"Study of the role of blood-sucking insects in the spread of arbovirus infection of farm animals in the southern regions of the Republic of Kazakhstan".

Conflicts of Interest

The authors declare no conflicts of interest.

Compliance with ethical standards

This article does not contain a description of studies performed by the authors involving people or using animals as objects.

References

1. Abdiyeva K, Turebekov N, Yegemberdiyeva R, et al. Vectors, molecular epidemiology and phylogeny of TBEV in Kazakhstan and Central Asia. *Paras. & Vect.* 2020; 13(1): 504. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04362-110.1016/j.actatropica.2017.09.010>
2. Tomassone L, Grego E, Callà G, et al. Ticks and tick-borne pathogens in livestock from nomadic herds in the Somali Region, Ethiopia. *Exper. and appl. acarol.* 2012; 56(4):391-401. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2007.12.006>
3. Anderson JF, Louis AM, Ph Gray JS. Biology of Ticks. The development and seasonal activity of the tick *Ixodes ricinus*: a vector of Lyme borreliosis. *Rev Med & Vet Entom.* 1991; 79:323-33.
4. Dworkin MS, Shoemaker PC, Fritz CL, et al. The epidemiology of tick-borne relapsing fever in the United States. *Am J Trop Med Hyg.* 2002;66(6):753-8.
5. Thompson RS, Burgdorfer W, Russell R, et al. Outbreak of tick-borne relapsing fever in Spokane County, Washington. *J Am Med Assoc* 1969;210(6):1045-50.
6. Angwech H, Kaddu JB, Nyeko J. Tick-borne parasites of domestic ruminants in Gulu districts, Uganda: Prevalence varied with the intensity of management. *Vet Res.* 2011;4: 28-33. <https://doi.org/10.3923/vr.2011.28.33>
7. Ayalew T, Hailu Y, Kumsa B. Ixodid ticks infesting cattle in three agroecological zones in central Oromia: species composition, seasonal variation, and control practices. *Comp., Clin. Path.* 2014; 23:1103-110. <https://doi.org/10.1007/s00580-013-1748-y>
8. Brar RS, Sandhu HS, Singh A. *Veterinary Clinical Diagnosis by laboratory Methods*, 1st Ed. India: Kaylani Publishers, 2011:29-150.
9. Jabbar A, Abbas T, Saddiqi HA, et al. Tick-borne diseases of bovines in Pakistan: major scope for future research and improved control. *Parasi. and vect.* 2015; 8:283. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0894-2>
10. Kumsa B, Signorini M, Teshale S, et al. Molecular detection of piroplasms in ixodid ticks infesting cattle and sheep in western Oromia, Ethiopia. *Trop. Anim. Heal. and prod.* 2014; 46(1): 27-31. <https://doi.org/10.1007/s11250-013-0442-z>
11. Solomon G, Kaaya GP, Gebreab F, et al. Ticks and tick-borne parasites associated with indigenous cattle in Didtuyura ranch, Southern Ethiopia. *Intern. J. of Trop. Insec. Sci.* 1998; 18(1): 59-66.
12. Estrada-Pena A, Jongejan F. Ticks feeding on humans: a review of records on human-biting Ixodoidea with special reference to pathogen transmission. *Exp Appl Acarol.* 1999;23: 685-715.
13. Edlow JA. *The Medical Clinics of North America. Tick-borne diseases.* Philadelphia: W.B. Saunders Company; 2002. No. 86.
14. Stafford KC III. *Tick management handbook: an integrated guide for homeowners, pest control operators, and public health officials on the prevention of tick-associated disease.* Conn Agric Exp St Bull. 2007; 1010:1-77.
15. Garvie MB, McKiel JA, Sonenshine DE, et al. Seasonal dynamics of American dog tick, *Dermacentor variabilis* (Say), populations in southwestern Nova Scotia. *Can J Zool.* 1978; 56(1):28-39.
16. Maukayeva S, Karimova S. Tick-Borne Encephalitis in Kazakhstan: A case report. *Erciyes Med J.* 2020;42(2):226-8. <https://doi.org/10.14744/etd.2019.70431>
17. Turebekov N, Abdiyeva K, Yegemberdiyeva R, et al. Prevalence of Rickettsia species in ticks including identification of unknown species in two regions in Kazakhstan. *Paras. & Vect.* 2019;12(1):197. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3440-9>
18. Myrzhieva AB, Shabdarbaeva GS, Turganbaeva G, et al. Ixodid Ticks: Epizootic Status and Methods for Tick Population Size Reduction. *Online Journal of Biological Sciences.* 2020;20: 166-75. <https://doi.org/10.3844/ojbsci.2020.166.175>
19. Berdikulov M, Maikhin K, Karibayev T, et al. Genetic evidence of regional circulation of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ixodid ticks from southern Kazakhstan. *Front. Vet. Sci.* 2025; 12:1623822. <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1623822>

20. Zaniilabdin M, Ilgekabayeva G, Otarbayev B, et al. Integrated molecular and serological survey of *Rhodococcus equi* in horses from three regions of Kazakhstan. *Front. Vet. Sci.* 2025; 12:1650186. <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1650186>
21. Ribeiro JM. Role of saliva in tick/host interactions. *Exp Appl Acarol.* 1989;7(1):15–20.
22. Doss MA, Farr MM, Roach KF, et al. Index-catalogue of medical and veterinary zoology. Special Publication No. 3. Ticks and tick-borne disease II. Hosts. Part 2. Washington, DC: U.S. Government Printing Office; 1974: 489–976.
23. Muller-Doblies UU, Wikel SK. The human reaction to ticks. In: Goodman JL, Dennis DT, Sonenshine DE, editors. Tick-borne diseases of humans. Washington, DC: ASM Press; 2005:102–22.
24. Balashov YS. Bloodsucking ticks (Ixodoidea) vectors of diseases of man and animals. *Misc Entom Soc Am.* 1972;8:161–376.
25. Pfäffle, M., Littwin, N., Muders, S.V., Petney, T.N. The ecology of tick-borne diseases. *International Journal for Parasitology.* 2013; 43 (12-13):1059-77. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2013.06.009>
26. Yashina L, Petrova I, Seregin S, et al. Genetic variability of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in Russia and Central Asia. *J Gen Virol.* 2003;84(Pt 5):1199-206.
27. Eisen RJ, Eisen L. The Blacklegged Tick, *Ixodes scapularis*: An Increasing Public Health Concern. *Trends Parasitol.* 2018; 34:295–309. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2017.12.006>
28. Mansfield KL, Jizho L, Phipps LP, et al. Emerging tick-borne viruses in the twenty-first century. *Front. Cell. & Inf. Microb.,* 2017; 7: 298. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00298>
29. Toleuova RN, Kassymbekova LN, Karagoishin Z, et al. Control of ixodid ticks by means of pheromones and acaricidal preparation. *Casp J Env Sci.* 2025; 23 (2):561-65. <https://doi.org/10.22124/cjes.2025.8728>
30. de la Fuente J, Antunes S, Bonnet S, et al. Tick-Pathogen Interactions and Vector Competence: Identification of Molecular Drivers for Tick-Borne Diseases. *Front. Cell. & Inf. Microb.,* 2017; 7: 114. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00114>
31. Ismail N, McBride JW. Tick-Borne Emerging Infections: Ehrlichiosis and Anaplasmosis. *Clin. Lab. Med.* 2017; 37(2): 317-40. <https://doi.org/10.1016/j.cll.2017.01.006>

Кенелердің Батыс Қазақстан облысында трансмиссивті және арбовирустық аурулардың таралуына әсері

Р.Н. Төлеуова^{*1}, Б.К. Есімов², А.У. Тұяқбаева³, Г.К. Мусаева⁴, Қ.И. Ахметов⁵,
М.А. Бердіқұлов⁶, Қ.Т. Майхин⁷, Б.Ә. Қазыбай⁸, Г.Е. Асылбекова⁹

^{1,2}Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Алматы, Қазақстан

³Л.Н. Гумилев атындағы Еуразиялық ұлттық университеті, Астана, Қазақстан

^{4,6,7}«Ветеринария бойынша ұлттық референттік орталықтың» Алматы филиалы,
Алматы, Қазақстан

⁵Торайғыров университеті, Павлодар, Қазақстан

⁸К. И. Скрябин атындағы Қырғыз ұлттық аграрлық университеті.

⁹Ә. Марғұлан университеті, Павлодар, Қазақстан

Аңдатпа. Мақалада кенелердің Батыс Қазақстан облысында ауыл шаруашылығы жануарларының векторлық және арбовирустық ауруларының таралуына әсерін зерттеу нәтижелері келтірілген. Ауыл шаруашылығы жануарларындағы қан соратын кенелердің эпизоотиялық жағдайы да зерттелді. Зерттеу нәтижелері осы мақалада келтірілген кене инфекцияларының таралуына байланысты көптеген мәселелердің ықтимал шешімі болып табылады. Батыс Қазақстан аумағын эпизоотиялық жағдайдың шиеленіс дәрежесі бойынша ауыл шаруашылығы жануарлары арасындағы бірқатар инфекциялар бойынша мониторинг жүргізу және аймақтарға бөлу үшін пайдаланылатын эпизоотологиялық көрсеткіштерге талдау жүргізілді. Ауыл шаруашылығы жануарлары арасында төменде зерттелген (блютанг,

Шмалленберг ауруы, ІҚМ нодулярлық дерматиті, Конго-Қырым геморогиялық қызбасы және т.б.) Батыс Қазақстан аумағына мониторинг жүргізу және аймақтарға бөлу үшін вирустық инфекциялар бойынша эпизоотиялық жағдайдың шиеленісу дәрежесі талданды. Мақалада келтірілген зерттеулерді жүргізуде ПТР және нуклеотидтер секвенциясы негізінде вирусты анықтау және штаммдық саралау үшін әзірленген және бейімделген, кейіннен Батыс Қазақстан аумағында анықталған жануарлар вирустары изоляттары геномының күшейтілген нуклеотидтер тізбегін талдау әдістері пайдаланылды. Нәтижелер көршілес Орта Азия, Ресей, Қытай және т.б. елдердің зерттеушілері үшін ғылыми және практикалық қызығушылық тудырады.

Түйін сөздер: кенелер, түр құрамы, трансмиссивті аурулар, арбовирустық инфекциялар, эпидемиологиялық жағдай

Влияние клещей на распространение трансмиссивных и арбовирусных заболеваний в Западно-Казахстанской области

**Р.Н. Толеуова*¹, Б.К. Есимов², А.У. Туякбаева³, Г.К. Мусаева⁴, К.И. Ахметов⁵,
М.А. Бердикулов⁶, К.Т. Майхин⁷, Б.А. Казыбай⁸, Г.Е. Асылбекова⁹**

^{1,2}Казахский национальный педагогический университет имени Абая, Алматы, Казахстан

³Евразийский национальный университет имени Л. Н. Гумилева, Астана, Казахстан

^{4,6,7}Алматинский филиал «Национальный референтный центр по ветеринарии», Алматы, Казахстан

⁵Торайгыров университет, Павлодар, Казахстан

⁸Кыргызский национальный аграрный университет имени К.И. Скрябина, Бишкек, Кыргызстан

⁹Павлодарский педагогический университет имени Ә. Марғұлан, Павлодар, Казахстан

Аннотация. В статье приведены результаты исследования влияния клещей на распространение трансмиссивных и арбовирусных заболеваний сельскохозяйственных животных в Западно-Казахстанской области. Также изучена эпизоотическая ситуация с кровососущими клещами у сельскохозяйственных животных. Результаты исследований, приведенные в данной статье, представляют собой потенциальное решение для множества проблем, связанных с распространением клещевых инфекций. Проведен анализ эпизоотологических показателей, используемых для проведения мониторинга и зонирования территории Западного Казахстана по степени напряженности эпизоотической ситуации, порядку инфекций среди сельскохозяйственных животных. Для проведения мониторинга и зонирования территории Западного Казахстана по степени напряженности эпизоотической ситуации по нижеперечисленным (блютанг, болезнь Шмалленберга, нодулярный дерматит КРС, конго-крымская геморрагическая лихорадка человека и др.) вирусным инфекциям среди сельскохозяйственных животных. Используются методы, которые разработаны и адаптированы для выявления и штаммовой дифференциации вируса, на основе ПЦР и нуклеотидного секвенирования, с последующим анализом амплифицированных нуклеотидных последовательностей генома изолятов вирусов, выявленных животных на территории Западного Казахстана. Результаты представляют научный и практический интерес для исследователей сопредельных стран: Средней Азии, России, Китая и др.

Ключевые слова: клещи, видовой состав, трансмиссивные заболевания, арбовирусные инфекции, эпизоотическая ситуация

Сведения об авторах:

Толлеуова Раушангул Нурлановна – автор для корреспонденции, докторант Казахского национального педагогического университета имени Абая, Достык, 13, 050010, Алматы, Казахстан.

Есимов Болат Кабдушевич – кандидат биологических наук, доцент Казахского национального педагогического университета имени Абая, Достык, 13, 050010, Алматы, Казахстан.

Туякбаева Акмарал Усерхановна – кандидат биологических наук, и.о. доцента Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева, Сатпаева, 2, 010008, Астана, Казахстан.

Мусаева Гульжан Каленовна – PhD, Алматинский филиал «Национальный референтный центр по ветеринарии», проспект Райымбека, 221 В, 050000, Алматы, Казахстан.

Ахметов Кайрат Имангалиевич – PhD, ассоциированный профессор Торайгыров университета, Ломова, 64, 140008, Павлодар, Казахстан.

Бердикулов Максат Аманбекович – кандидат ветеринарных наук, профессор, Алматинский филиал «Национальный референтный центр по ветеринарии», проспект Райымбека, 221 В, 050000, Алматы, Казахстан.

Майхин Кыдырбай Тажибиевич – кандидат ветеринарных наук, Алматинский филиал «Национальный референтный центр по ветеринарии», проспект Райымбека, 221 В, 050000, Алматы, Казахстан.

Казыбай Ботагөз Акимхановна – аспирант Кыргызского национального аграрного университета им. К.И. Скрябина, ул. Медерова, 68, 720001, Бишкек, Кыргызстан.

Асылбекова Гульмира Ермуқановна – кандидат биологических наук, ассоциированный профессор Высшей школы Естествознания Павлодарского педагогического университета, Олжабай батыр, 60, 140000, Павлодар, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Төлеуова Раушангүл Нұрланқызы – хат-хабар авторы, докторант, Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Достық даңғылы, 13, 050010, Алматы, Қазақстан.

Есімов Болат Кабдушевич – биология ғылымдарының кандидаты, доцент, Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті, Достық даңғылы, 13, 050010, Алматы, Қазақстан.

Туяқбаева Ақмарал Усерханқызы – биология ғылымдарының кандидаты, доцент м.а., Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Қ. Сәтбаев көшесі, 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Мұсаева Гүлжан Каленқызы – PhD, «Ветеринария бойынша ұлттық референттік орталық» Алматы филиалы, Райымбек даңғылы, 221 В, 050000, Алматы, Қазақстан.

Ахметов Кайрат Имангалиұлы – PhD, қауымдастырылған профессор, Торайгыров университеті, Ломов көшесі, 64, 140008, Павлодар, Қазақстан.

Бердіқұлов Мақсат Аманбекұлы – ветеринария ғылымдарының кандидаты, профессор, «Ветеринария бойынша ұлттық референттік орталық» Алматы филиалы, Райымбек даңғылы, 221 В, 050000, Алматы, Қазақстан.

Майхин Қыдырбай Тәжібайұлы – ветеринария ғылымдарының кандидаты, «Ветеринария бойынша ұлттық референттік орталық» Алматы филиалы, Райымбек даңғылы, 221 В, 050000, Алматы, Қазақстан.

Казыбай Ботагөз Әкімханқызы – аспирант, Қ. Скрябин атындағы Қырғыз ұлттық аграрлық университеті, Медеров көшесі, 68, 720001, Бішкек, Қырғызстан.

Асылбекова Гүлмира Ермұқанқызы – биология ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, Павлодар педагогикалық университетінің Жаратылыстану ғылымдары жоғары мектебі, Олжабай батыр көшесі, 60, 140000, Павлодар, Қазақстан.

Authors' information:

Toleuova Raushangul – Corresponding author, doctoral student, Abai Kazakh National Pedagogical University, Dostyk, 13, 050010, Almaty, Kazakhstan.

Essimov Bolat – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Abai Kazakh National Pedagogical University, Dostyk, 13, 050010, Almaty, Kazakhstan.

Tuyakbayeva Akmaral – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 2 Satpayev st., 010008, Astana, Kazakhstan.

Mussayeva Gulzhan – PhD, Almaty branch «National veterinary reference center», 221b Rayymbek Avenue, 050000, Almaty, Kazakhstan.

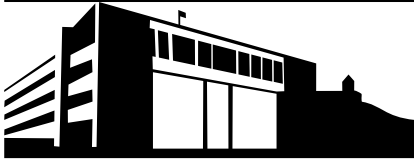
Akhetov Kairat – PhD, Associate Professor, Toraigyrov University, 64 Lomov st., 140008, Pavlodar, Kazakhstan.

Berdikulov Maksat – Candidate of veterinary sciences, Professor, Almaty branch «National veterinary reference center», 221b Rayymbek Avenue, 050000, Almaty, Kazakhstan.

Maikhin Kydyrbai – Candidate of veterinary sciences, Almaty branch «National veterinary reference center», 221b Rayymbek Avenue, 050000, Almaty, Kazakhstan.

Kazybay Botagoz – Postgraduate student of the Kyrgyz National Agrarian University named after K. Scriabin, 68 Mederova St., 720001, Bishkek, Kyrgyzstan.

Assylbekova Gulmira – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, A. Margulan Pavlodar pedagogical University, Olzhabay batyr street, 60, 140000 Pavlodar, Kazakhstan.



IRSTI 34.33.23
Research article

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-160-176>

The prevalence of some parasitic insects and helminths in the natural biocenoses of the West Kazakhstan region

A.K. Darzhigitova*¹, A.M. Orazbayeva², D.O. Ibrayev³,
B.K. Zhumabekova⁴, M. Öztürk⁵

¹Mahambet Utemisov West Kazakhstan university, Uralsk, Kazakhstan

²Astana Medical University, Astana, Kazakhstan

^{3,4}Margulan University, Pavlodar, Kazakhstan

⁵Recep Tayyip Erdoğan University, Rize, Turkey

E-mail: *¹albinok_di@mail.ru, ²aygul.orazbaeva@list.ru, ³dau-bori@mail.ru,
⁴zhumabekovab@ppu.edu.kz, ⁵murat_ozturk25@erdogan.edu.tr

Abstract. The article presents the results of a study of the epidemic and epizootic well-being of the West Kazakhstan region on parasitic diseases. In the course of the work, biological and parasitological studies were carried out. Data on the epizootic situation of the spread of ticks, mosquitoes and some helminthiasis in a number of areas of the studied region have been obtained. 6 species of blood-sucking mosquitoes and 6 species of ixodes ticks, 3 types of trematodes: opisthorchiasis, fascioliasis and dicroceliosis, and 1 cestodosis: echinococcosis were studied as having epidemiological significance, their distribution zones were studied, as well as indicators of animal infection with ticks and the level of helminth invasion detected in summer and autumn. The degree of infection of the population of the studied region with echinococcosis and opisthorchiasis was also considered. The work is aimed at scientific provision of epidemic and epizootic well-being for infectious parasitic diseases, development and implementation of databases for modeling and forecasting of parasitic diseases. Studying the dynamics of parasitic insects and helminths in the natural biocenoses of the West Kazakhstan region makes it possible to understand the stability of local ecosystems and identify the main factors of their circulation, helping to prevent the transmission of parasites to pets and humans. The conducted studies have confirmed the high diversity of parasitic organisms in the natural biocenoses of the West Kazakhstan region.

Keywords: West Kazakhstan region, parasitic diseases, blood-sucking mosquitoes, ixodes ticks, helminthofauna, monitoring, biocenoses

Received: 20.03.2026. Accepted: 30.03.2026. Available online: 31.03.2026.

*Corresponding author

Introduction

Creating a stable well-being of the territory of the Republic of Kazakhstan for especially dangerous infections and ensuring biological safety is an important task for improving the socio-economic situation and strengthening national security. Currently, the situation of particularly dangerous human and animal infections has become an urgent problem for many countries around the world, including our country. Outbreaks of particularly dangerous infections cause great socio-economic damage [1-3]. Parasitic fish diseases in Kazakhstan have a significant impact on the productivity and quality of fishery products, as well as pose a potential danger to humans [4,5].

The epizootic and epidemiological situation in Kazakhstan and neighboring countries is quite complicated. The epizootological and epidemiological situation of zoonotic helminthiasis is difficult in the republic. Studies have shown that the soil and reservoirs are intensively seeded with helminthiasis pathogens. Natural foci in the republic are not systematized, and their condition is not monitored. Without a well-founded analysis, it is impossible to implement an adequate system of antiepidemiological measures. An effective solution to the problem requires appropriate information support for the epizootological monitoring system [6-11].

Parasitic insects and helminths perform the most important regulatory functions in natural biocenoses, influencing the dynamics of host populations and participating in the energy exchange of ecosystems [12-14]. Their study in arid regions, such as the West Kazakhstan region, is of particular importance due to the unique combination of natural and climatic factors. The specifics of the steppe and floodplain landscapes of the region create prerequisites for the formation of special parasite-host systems that require detailed analysis. The ecological plasticity of parasites in conditions of insufficient moisture and sudden temperature fluctuations determines their adaptive potential and epidemiological significance. The study of these mechanisms in the context of Western Kazakh biocenoses will reveal key patterns of stability of parasitic systems, which is especially important for predicting their dynamics in a changing climate.

The lack of systematic data on the parasitofauna of the West Kazakhstan region creates significant gaps in the understanding of epizootic processes. This limits the possibilities of timely control of the number of vectors and helminths, increasing the risks of mass invasion among wild ungulates and rodents. Such epizootics pose a direct threat to farm animals in border areas and are potentially dangerous to humans through zoonotic transmission mechanisms [15-18].

Ixodidosis is one of the most significant vector-borne diseases of cattle in Kazakhstan, causing serious economic losses due to reduced productivity and animal deaths. Their spread is associated with the high number and activity of ixodes ticks, whose role is increasing against the background of climate change. The study of the fauna of ixodid ticks and the blood-parasitic diseases they carry is necessary to develop effective methods of diagnosis, prevention and control of them, which is of key importance for the sustainable development of livestock production in the country [19].

The complex of modern environmental challenges contribute to changes in the ranges of parasites and modification of their life cycles, which requires constant updating of parasitological monitoring. This is especially important in regions with intensive animal husbandry, where contact between wild and domestic fauna is especially close. The development of scientifically based measures for the prevention of parasitic invasions is impossible without understanding the seasonal dynamics and spatial distribution of pathogens in natural reservoirs. Modern

climatic trends dictate the need to update data on parasitocenoses in order to create adaptive epidemiological surveillance systems that minimize the risks of foci of zoonotic infections [20,21].

The purpose of the work is a comprehensive study of the species composition, quantitative indicators, and spatiotemporal patterns of the spread of parasitic insects (ixodes mites, mosquitoes) and helminths (trematodes, cestodes) in key biocenoses of the West Kazakhstan region.

Materials and research methods

Parasitic insect samples were collected using standard entomological techniques, including manual trapping, the use of entomological nets and Barber traps. For helminthological studies, autopsies of captured arthropods-intermediate hosts and wild animals were performed, followed by the extraction of parasites from tissues and body cavities. All procedures were performed with the observance of sterility to prevent contamination of samples.

Special attention was paid to the selection of sampling sites in accordance with the zonal features of the biocenoses. The seasonal dynamics of the parasitofauna were taken into account by regular sampling during the growing season from April to October 2020-2025. For the correct spatial representativeness of the study, stratified sampling was used with differentiation by types of biotopes: steppe, floodplain and near-water areas. The frequency of collection was 10-14 days, which made it possible to record changes in the population dynamics of the parasites. The localization of sampling was strictly tied to the concentration sites of the host feeders.

The primary processing of the collected material included fixation of entomological samples in 70% ethyl alcohol with the addition of glycerin to prevent deformation of chitinous structures. The worms were preserved in a 4% solution of neutral formalin, followed by conversion to 70% alcohol for long-term storage. For detailed morphological analysis, vital staining with trypan blue and carmine using the Hesse method was used. All samples were labeled with the date of collection, geographical coordinates and type of host.

Morphological analysis was performed using light and electron microscopy according to generally accepted diagnostic keys. Microscopic studies provided visualization of diagnostic structures on different scales and served as a basis for comparison with descriptions in taxonomic manuals [22,23]. Methods of variation statistics are used to analyze the situation in the West Kazakhstan region. When processing veterinary monitoring data for 2021-2025, the following indicators are highlighted: the extent of invasion (EI, the number of infected animals out of the total number of examined). Invasion intensity (AI) (average number of parasites per head). The representativeness error was calculated to refine the sampling accuracy during deworming. To analyze the relationship between human morbidity and epizootic in animals (the data of which we considered earlier) The Pearson correlation coefficient (r) was applied.

Results

The natural biocenoses of the West Kazakhstan region are characterized by pronounced landscape differentiation. The predominant ecosystems of the region are dry steppes and semi-deserts, occupying about 70% of the territory. Steppe biotopes are characterized by grass-type associations on chestnut soils with a low humus layer. Semi-desert areas are characterized by sparse vegetation, dominated by sagebrush and salt flats on light chestnut saline soils. A special ecological niche is occupied by floodplain biotopes along the Ural River and its tributaries. These

territories are characterized by alluvial meadow soils with high groundwater levels and rich hydrophilic vegetation. Floodplain biocenoses serve as important seasonal stations for many animal species, creating favorable conditions for the development of parasites. The hydrological regime of these sites is subject to significant seasonal fluctuations, which affects the dynamics of parasitic communities.

The distribution of parasitic organisms in the region is determined by a complex of abiotic and biotic factors. Microclimatic conditions, including temperature and humidity, are of key importance, which regulate the life cycles of parasites. The composition of the vegetation indirectly affects the presence of intermediate hosts and feeders. The density of populations of vertebrates acting as final hosts is a limiting factor for the circulation of many species of helminths and ectoparasites.

As a result of the integrated approach, it was possible to identify 12 species of parasitic insects representing the ecological diversity of the region. The identified species are distributed into 2 families, which indicates a significant taxonomic diversity of ectoparasitic fauna [24]. Such differences emphasize the regional specificity of parasitic complexes.

Among the identified taxa, the dominant position is occupied by blood-sucking mosquitoes (Culicidae), as well as ixodid mites (Ixodidae). These groups exhibit pronounced trophic specialization associated with their mammalian hosts. The features of their ecology are determined by the availability of food resources and the microclimatic conditions of biotopes. The seasonal dynamics of the number of detected ectoparasites correlates with the temperature and humidity of the environment. The peaks of activity of blood-sucking diptera are observed in the spring and summer period, whereas ixodic ticks exhibit two—phase activity in spring and early autumn. Such patterns reflect the adaptation of parasites to the climatic features of the region.

Autopsies revealed the specific localization of parasites in the organs and tissues of the hosts, including the intestinal tract, liver and body cavities. Pathological and morphological changes ranged from local inflammation and mucosal hypertrophy to focal necrosis and degenerative tissue changes. The described lesions were accompanied by signs of systemic intoxication and a decrease in the physiological stability of the affected individuals, which indicates the clinical significance of the invasions.

Among the identified species, potentially zoonotic helminths are noted, which are of epidemiological importance for the region. The presence of such species in natural biotopes increases the risk of transmission of infections to humans and pets through contact with infected hosts or their secretions. The findings highlight the need for systematic monitoring, risk assessment, and the development of preventive measures to reduce transmission between wild and synanthropic populations.

The comparative analysis revealed statistically significant differences in the species richness of parasite complexes between the floodplain, steppe and semi-desert biotopes of the region. Floodplain biocenoses were characterized by the greatest species diversity due to the higher structural heterogeneity of the environment and the presence of permanent or seasonal water sources. Steppe areas showed intermediate values of species richness, while semi-desert biotopes had the lowest diversity, which correlates with the limited resource base and extreme abiotic conditions. Factors explaining the differences include vegetation structure, microclimatic conditions, and the range of potential hosts. In floodplain biocenoses, a more diverse flora and a high density of hosts contribute to the maintenance of complex parasitic communities. In steppe and semi-desert biotopes, limited resources and seasonal fluctuations lead to a decrease in species composition and the predominance of specialized species (Figure 1).

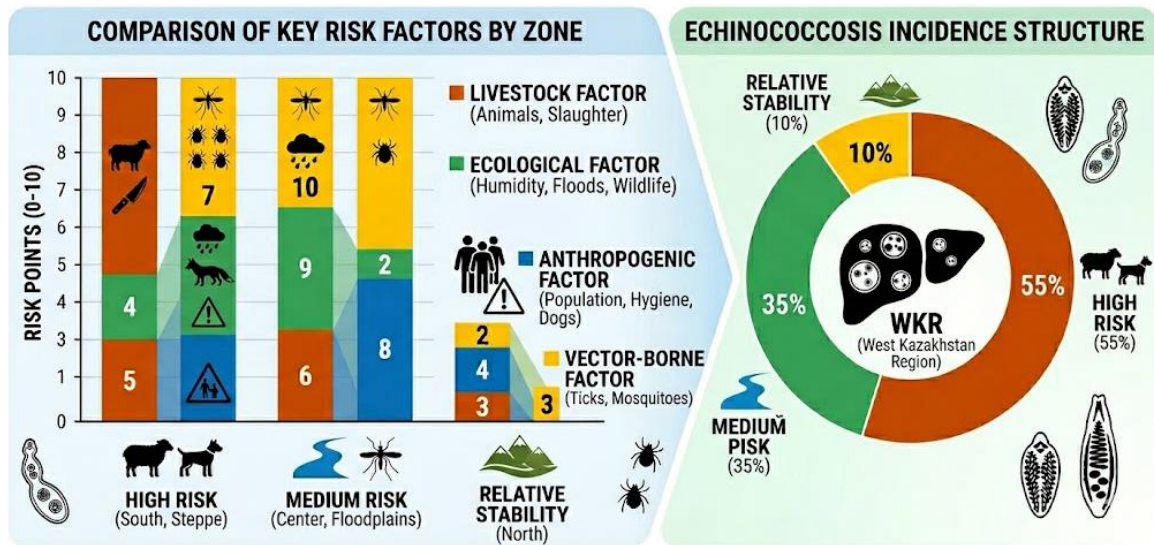


Figure 1. Zonal distribution of parasitoses in the West Kazakhstan region for 2021-2025

The presented infographic clearly divides the West Kazakhstan Region (West Kazakhstan Region) into three risk zones, which is extremely important for epizootic monitoring. Based on your visual data and statistics from 2020-2025, you can conduct an in-depth analysis of risk factors:

1. High-risk zone (Southern steppe regions): As can be seen on the graph, the livestock factor is dominant in this zone. Features: These are the areas with the highest concentration of sheep and camels (Bokeyordinsky, Zhanagalsky). Connection with diseases: It is here that the highest rates of echinococcosis are recorded (55% in the structure) due to the close contact of dogs with livestock and the traditions of domestic slaughter. A high score of the transmission factor correlates with the abundance of ticks of the genus *Hyalomma*.

2. Medium risk zone (Center and floodplains): The environmental factor plays a key role here (9 points). Features: Floodplain meadows of the Ural and Chagan rivers. Connection with diseases: High humidity and floods create ideal conditions for the development of larval stages of fascioles. The transmission factor (10 points) indicates the maximum density of mosquitoes and the risk of spreading West Nile fever.

3. Zone of relative stability (North): The northern districts (Burlinsky, Bayterek) show a more balanced picture. Anthropogenic factor (8 points): The high score here is due to the population density and the development of large agricultural holdings. Disease-related: Due to better veterinary control at large enterprises, the incidence of helminth infestations is statistically lower here than in the south of the region.

Generalized structure of echinococcosis incidence in West Kazakhstan region. According to the pie chart inside the infographic (Figure 1), the structure of the invasion is distributed as follows: 1. High risk (55%): Endemic foci in the south. 2. Average risk (35%): Areas with moderate prevalence. 3. Relative stability (10%): Prosperous farms. A positive correlation has been established between the biodiversity of parasites and the density of host populations in different ecosystems. Increased host density increases the likelihood of contact and supports a wider range of parasite life cycles, which contributes to an increase in the number of species. The presence of key hosts and their spatial aggregation enhance the stability of complex parasitic communities.

The incidence of echinococcosis and opisthorchiasis in the West Kazakhstan region in the context of districts in retrospect for 2021-2025 showed the dynamics of the increase in the incidence of the West Kazakhstan region population, which in recent years has acquired a pronounced upward trend. It is noteworthy that the data on the graph shows higher values compared to the national average, which underlines the region's status as an endemic focus. An analysis of the territory of the West Kazakhstan region according to the degree of risk of infection with opisthorchiasis was carried out. Akzhaiksky, Taskelinsky, Zelenovsky, Terektinsky, Burlinsky, Chingirlau districts and the city of Uralsk are classified as areas of high risk of infection of the population. The remaining 6 districts are classified as areas with a low risk of infection.

For a retrospective analysis of the incidence of the population (people) in the West Kazakhstan region, it is important to take into account that echinococcosis and opisthorchiasis have different types of infection in this region: the first is associated with animal husbandry (steppe zones), the second with fishing (Ural River basin) (Figure 2).

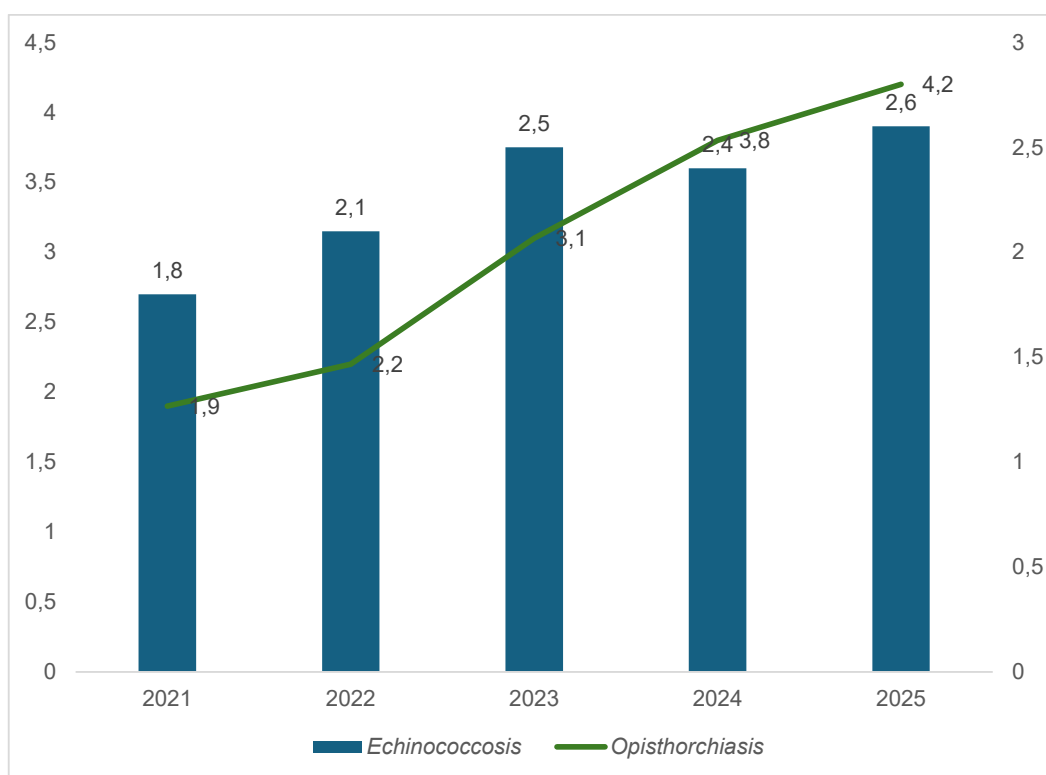


Figure 2. Incidence of echinococcosis and opisthorchiasis in the West Kazakhstan region for 2021-2025, per 100 thousand population

There is a steady increase in echinococcosis 1.8 in 2021 to 2.6 (forecast) in 2025. The total increase in the indicator over 5 years was 44.4%. The peak in 2023 (2.5) and subsequent stabilization in 2024 (2.4) may indicate the introduction of mass screening measures during this period, which made it possible to identify "accumulated" cases.

Opisthorchiasis is showing more aggressive growth, from 1.9 in 2021 to 4.2 in 2025 per 100,000 population. The steep rise in the graph line after 2022 (the transition from 2.2 to 3.1 and above) directly correlates with hydrological changes in the Ural River basin and an increase in the consumption of home-salted fish without proper heat treatment. The infection rate increased 2.2 times (+121%).

The graph clearly demonstrates the dynamics of the increase in the incidence of the West Kazakhstan region population, which in recent years has acquired a pronounced upward trend. It is noteworthy that the data on the graph shows higher values compared to the national average, which underlines the region's status as an endemic focus.

In the West Kazakhstan region, human echinococcosis remains a serious surgical problem. Risk groups: shepherds, pet dog owners, slaughterhouse workers. In 75-80% of cases, the liver is affected, and in 15%, the lungs are affected. There is a correlation with the growth of livestock in the private sector. The peak in 2023 is explained by improved diagnostics (the use of CT and ELISA tests) in regional centers.

The West Kazakhstan Region is a natural focus of opisthorchiasis due to the basin of the Ural River. The source of infection is fish of the carp family (ide, bream, roach). The highest rates are recorded in Uralsk, Bayterek district, and Akzhaik district. The outbreak of the disease in 2023 was caused by heavy flooding. River flooding has contributed to the migration of infected fish to floodplain lakes, which are actively used by the population for recreational fishing. The average indicator for the West Kazakhstan Region is 1.5–2 times higher than the republican one, which makes opisthorchiasis a socially significant disease for the region.

A strong direct relationship of echinococcosis ($r = +0.82$) between dog infection was revealed/livestock and cases among the population. This confirms that unauthorized slaughter of livestock remains the main risk factor in the West Kazakhstan Region. The dependence of opisthorchiasis is more ecological ($r = +0.65$ with the flood water level) than anthropogenic.

Despite the efforts of veterinary and sanitary services, the indicators remain stable. An error in the range of 7-10% indicates a high reliability of the monitoring data. The main problem remains late diagnosis: echinococcosis is often detected at the stage of large cysts requiring complex surgical intervention.

These statistics complement our risk map, showing how environmental factors (floodplains) and animal husbandry are directly transformed into the health indicators of the region.

Below is an overview of the epizootic situation for 2021-2025 (taking into account forecast data for the current year) based on veterinary reports and scientific monitoring.

In recent years, there has been a tendency towards a wave-like change in morbidity in the West Kazakhstan region. The peak of invasions usually occurs during wet years (for fascioliasis) and periods of uncontrolled grazing (Table 1).

Table 1

The spread of helminthiasis of animals in some areas of the West Kazakhstan region

Year	Fascioliasis (P±m,%)	Dicrocoeliosis (P±m,%)	Echinococcosis (P±m,%)	The main foci in the West Kazakhstan region
2020	13.2±1.07	19.5±1.25	4.8±0.67	Akzhaiksky, Terektinsky districts
2021	12.5±1.04	18.2±1.22	4.1±0.62	Kaztalovsky, Zhangalinsky districts
2022	10.8±0.98	15.4±1.14	3.8±0.60	Floodplain of the Ural river, Syrymsky district
2023	14.2±1.10	20.1±1.26	4.5±0.65	Burlinsky, Bayterek district
2024	11.5±1.01	17.6±1.20	3.9±0.61	Consistently disadvantaged areas

Note: EI - the extent of the invasion (percentage of infected animals from the total population)

Fascioliasis and dicroceliosis (Trematodes) are prevalent in areas with a developed hydrographic network (basins of the Ural, Chagan, and Dercul rivers). The increase in the incidence of fascioliasis in 2023 was associated with abundant spring floods, which contributed to the reproduction of intermediate hosts — small pond mollusks. Dicroceliosis is the most widespread invasion in the West Kazakhstan region. In dry steppe areas (Kaztalovka, Zhanibek), the incidence of sheep invasion can reach 35-40% due to the resistance of ants (intermediate hosts) to the climate.

Echinococcosis (Cestodosis) remains a serious problem not only in veterinary medicine, but also in medicine (zoonosis). In the West Kazakhstan region, the average human morbidity rate is about 1.85 per 100,000 population, which directly correlates with the incidence of livestock. The main source is priotarny dogs. In cattle, organ damage (liver, lungs) during slaughter at meat processing plants in the region varies from 3.7% to 17.2%. Studies have revealed an uneven distribution of parasitic insects across the territory of the West Kazakhstan region. The highest concentration of ectoparasites was observed in the floodplain biocenoses of the Ural River and its tributaries. Less pronounced foci are recorded in steppe areas with developed animal husbandry. Semi-desert zones were characterized by sporadic distribution of species. Predictive models indicate a tendency to expand the ranges of blood-sucking insects.

As follows from these figures, according to the scenario of moderate anthropogenic impact on the Earth's climate system RCP4.5, the nozoareal CCHF will expand northward during the 21st century, as well as into the mountainous regions of the Caucasus and Central Asia [25,26]. This indicates the dynamics of the spatial distribution of parasites under the influence of climatic changes.

The formation of zones of increased abundance of parasitic insects is determined by a complex of factors. Anthropogenic transformation of landscapes contributes to the creation of favorable microbiotopes for the development of preimaginal stages. Natural conditions, such as the hydrological regime and vegetation cover, modulate the availability of food and shelters. RCP4.5 climate scenarios predict an increase in these processes in the northern latitudes of the region.

The table below is based on data from long-term monitoring of sanitary and epidemiological services in the region. The West Kazakhstan region is an active natural focus of West Nile fever. The peak of mosquito activity occurs in May–July. In years with heavy flooding of the Ural River, the population density of *Aedes* mosquitoes can reach 150-200 individuals per 20-minute count (the "on-your-own" method). West Kazakhstan region is at risk for Congo - Crimean hemorrhagic fever (CCHF), although the activity here is lower than in the southern regions of Kazakhstan. The main feeders of ticks in the region are cattle (cattle, small cattle), rodents and, in significant numbers, wild fauna (including migrating saiga populations). Ticks of the genus *Dermacentor* predominate in the north of the region, while *Hyalomma* (the most dangerous in terms of CCHF) dominate in the sandy and sagebrush steppes of the south.

Anti-mite treatments are carried out annually in the West Kazakhstan region: spraying of pastures and disinsection of livestock (especially in March-April). Larvicidal treatments for the destruction of mosquito larvae in reservoirs within the city of Uralsk and regional centers. When analyzing data, it is important to take into account that climate change (warming) promotes the promotion of southern tick species (*Hyalomma*) to more northern areas of the region (Table 2).

Table 2

Species composition and distribution of blood-sucking arthropods in the West Kazakhstan Region

Group of insects	Main species (Genus/Species)	Distribution in West Kazakhstan Region	Epidemiological significance
Mosquitoes (Culicidae)	Aedes caspius, Aedes vexans	Everywhere. Peak — floodplains of the Ural, Chagan, and Derkul rivers (especially after floods)	Carriers of tularemia, West Nile fever (WNF)
	Culex pipiens, Culex modestus	Localities (Uralsk, Aksai), anthropogenic reservoirs	The main carriers of WNF in urban conditions
	Anopheles hyrcanus, An. maculipennis	Wetlands, southern areas (Kaztalovsky, Zhanгалinsky)	Potential malaria vectors
Ixode ticks (Ixodidae)	Dermacentor marginatus, D. reticulatus	Steppe and forest-steppe zones (northern and central regions: Bayterek, Terektinsky)	The main carriers of Congo-Crimean hemorrhagic fever (CCHF) and tick-borne typhus
	Hyalomma asiaticum, H. scupense	Southern semi-desert regions (Bokeyordinsky, Zhanгалinsky)	The main reservoirs of the CCHF virus are in arid zones
	Rhipicephalus rossicus	They are ubiquitous and often parasitic on farm animals	Carriers of tularemia and pyroplasmosis (in animals)
	Ixodes ricinus (rarely)	Forests of the Ural River floodplain	A vector of tick-borne encephalitis and borreliosis

Comparative analysis has shown significant differences in the species composition of parasitic insects between the main biocenoses. Steppe ecosystems were dominated by the abundance of ixodes ticks and blood-sucking diptera. Specialized species adapted to arid conditions prevailed in semi-desert biotopes. Floodplain complexes were characterized by the greatest biodiversity due to hematophages associated with near-aquatic birds and mammals.

Discussion

The above data on the incidence of animals and the population, as well as the nosological profile of helminthiasis registered in the West Kazakhstan region, are alarming to epidemiologists. For example, over 400 people are operated on for echinococcosis in the south every year, which is more than 70% of all registered cases in the republic. The rate of postoperative mortality in patients is 2.2%, and in 6.5% of cases there are relapses. There are cases of human infection with alveococcosis, which is called "invasive cancer", resulting in a 100% mortality rate.

Thus, an analysis of the epidemiological situation of zoonotic helminthiasis in recent years has shown a significant incidence of helminthiasis among the population of the republic, especially in regions and regions where stationary natural foci of particularly dangerous zoonotic helminthiasis, such as opisthorchiasis, echinococcosis and others, are registered. Therefore, deep knowledge of the ways of formation of natural foci of helminthiasis on the territory of the republic, knowledge of its components, knowledge of the main reservoirs of helminths in nature will serve as the main auxiliary materials in the regionalization of natural foci. Regionalization of natural foci of helminthiasis according to this classification is important for epizootological and epidemiological services. An important factor influencing the epizootic situation of zoonotic

helminthiasis are epidemiologically significant regions that require constant monitoring and supervision due to the fact that disruption and deterioration of the epizootic situation in them can lead to the spread of diseases with significant consequences (Figure 3).

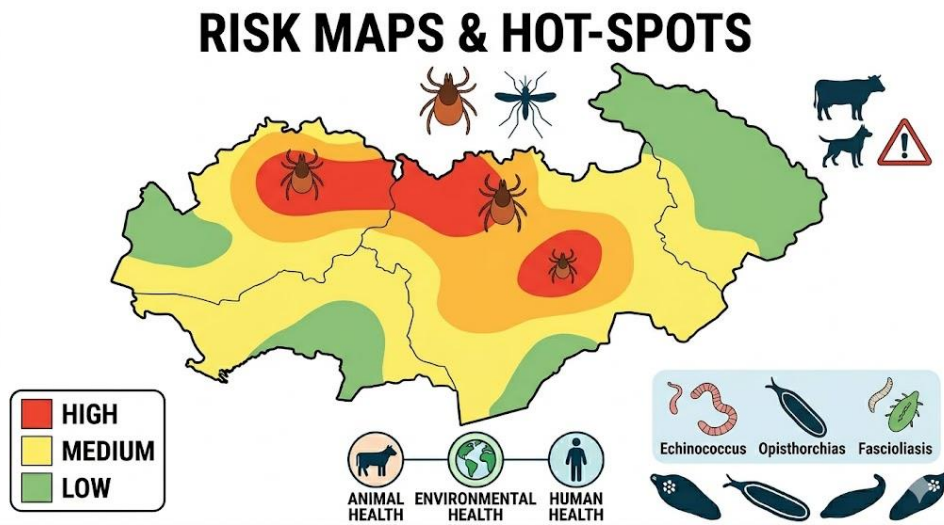


Figure 3. Identification of zones, taking into account nosological units and the main mechanisms of parasite transmission

Studies have established that the most common zoonotic helminthiasis in the republic are: echinococcosis of carnivores, agricultural animals and humans; opisthorchiasis of carnivores and humans.

CCHF is a severe natural focal arbovirus human disease transmitted by ixodic ticks and characterized by fever, severe intoxication, and hemorrhagic syndrome. The presence of the outbreak is explained by the arid climate, high average daily temperature (necessary for the reproduction of viruses in ticks), certain types of ticks and vertebrate hosts, which leads to the ecological circulation of the virus. In the regions under consideration, there is a large proportion of cattle, which serves as the main feeder for imago *H. marginatum*, which is why there is a stable circulation of the CCHF virus here.

There is a natural outbreak of West Nile fever in Western Kazakhstan [27]. WNF is a zoonotic natural and anthropurgical viral infectious disease with a transmissible mechanism of transmission of the pathogen. The mosquitoes *An. maculipennis*, and *C. modestus* of this region have been found to contain WNF virus RNAs. Antibodies to WNF were also detected in the population of Western Kazakhstan, therefore, their presence indicates that people have been in contact with the infection. The high number of biological hosts and vectors of the WNF virus causes the formation of a natural outbreak in this area.

To reduce the risk of infection with diseases carried by ticks, it is necessary to avoid staying in areas where there are a large number of them, and during those seasons when they are most active. In Kazakhstan, infection occurs in spring and in the first half of summer, when the largest seasonal number of adult ticks is observed.

Studies have revealed an uneven distribution of parasitic insects across the territory of the West Kazakhstan region. The highest concentration of ectoparasites was observed in the floodplain biocenoses of the Ural River and its tributaries. Less pronounced foci are recorded in steppe areas with developed animal husbandry. Semi-desert zones were characterized by

sporadic distribution of species. Predictive models indicate a tendency to expand the ranges of blood-sucking insects [28]. This indicates the dynamics of the spatial distribution of parasites under the influence of climatic changes.

The spread of helminths in the region is determined by the type of ecosystems and soil and climatic conditions that form the environment for the development of free-living stages and the degree of contact of hosts. Humidity and temperature conditions significantly affect the survival of eggs and larvae in the soil and vegetation. The type of soils and their water regime determine the duration of the invasion period and the spatial stability of the foci. Spatial heterogeneity of landscapes leads to the formation of local foci with high or low intensity of parasite circulation, which is reflected in the distribution of infection among animals. Maps of soil and climatic gradients make it possible to identify high-risk areas and optimize surveillance. Identifying these dependencies is of practical importance for developing priority monitoring and control measures (Figure 4).

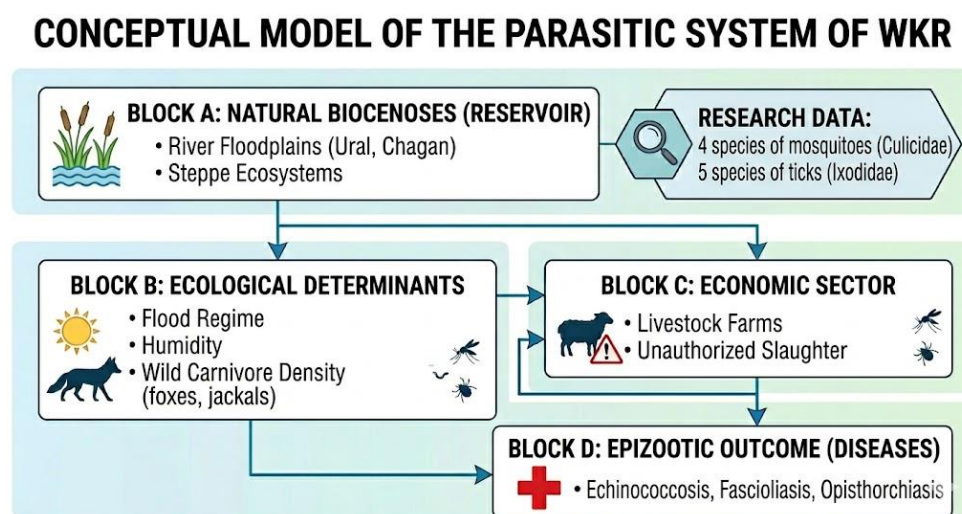


Figure 4. River banks, floodplains and reservoirs as biocenoses provide increased density of contacts between wild and synanthropic animals, which enhances the transmission of parasites

Hydrological connectivity also contributes to the spread of parasites along river systems and the formation of extensive foci.

Different taxonomic groups of helminths exhibit distinctive spatial patterns due to their life cycles and environmental requirements. Trematodes are mainly associated with aquatic and coastal biotopes through dependence on aquatic intermediate hosts, whereas are more common in terrestrial habitats and depend on soil parameters and microclimate. Cestodes tend to be spatially bound, determined by trophic connections between hosts, reflecting the role of food chains in their circulation.

The seasonal dynamics of the number of parasitic insects in the West Kazakhstan region demonstrates a pronounced correlation with the phenological cycles of their hosts. The greatest activity of ixodes ticks is observed in the spring and summer period, which coincides with the peak of reproduction of small mammals and birds. Fleas and mosquitoes reach their maximum numbers in the summer months, synchronizing with the period of high activity of warm-blooded animals. This synchronization ensures optimal conditions for feeding and reproduction of ectoparasites. Studies confirm that the temperature conditions of the winter and spring seasons

significantly affect the timing of the onset of parasite activity. Migration processes of rodents and migratory birds in the spring additionally contribute to the expansion of parasite ranges. These factors form stable seasonal population peaks characteristic of specific biocenoses of the region.

The temperature regime is a determining factor for the development of parasitic organisms in the conditions of the West Kazakhstan region. Optimal temperature ranges affect the rate of embryogenesis of helminth eggs and insect metamorphosis. In a region with a sharply continental climate, seasonal temperature fluctuations create differentiated conditions for different types of parasites. The greatest activity is observed in the spring and summer period at average daily temperatures of 15-25 °C. Extreme summer temperatures above 35 °C in the western regions of the region limit the spread of moisture-loving parasite species. Winter lows below -20 °C reduce the survival rate of free-living larval stages of helminths. However, some nematodes show adaptations to low temperatures due to the formation of protective cuticle capsules. This allows them to remain viable in the soil even after prolonged frosts.

The lack of precipitation (less than 300 mm/year) in the region determines the specifics of the spread of parasites by limiting the availability of aquatic environments for the development of their intermediate stages.

Interactions in the parasite-host system play a key role in shaping the dynamics of populations of parasitic organisms in the natural biocenoses of the West Kazakhstan region. The specificity of interspecific relationships is determined by the degree of adaptation of parasites to specific host species, which affects their survival and reproductive success. In the ecosystems studied, there is a pronounced coevolutionary relationship between helminths and their definitive hosts, which contributes to the maintenance of stable parasitic systems. These interactions form complex trophic networks that determine the circulation of parasites in natural foci.

In the natural biocenoses of the West Kazakhstan region, the main routes of transmission of parasites between wild animals are direct contacts, trophic relationships and shared environmental resources. The greatest intensity of infection is observed among ungulates and rodents using the same watering holes and pasture areas. Intermediate hosts, including blood-sucking insects and mollusks, play a special role in the circulation, providing helminth transmission. Local foci of invasion form in places of increased concentration of animals during seasonal migrations. Analysis of the spatial distribution of parasites revealed the dependence of transmission routes on the type of biotope. In steppe ecosystems, the contact mechanism through soil and water contaminated with faeces dominates, while in floodplain biocenoses, the role of insect vectors increases. It has been established that synanthropic rodent species and predators perform the function of reservoir hosts, contributing to the penetration of parasites into anthropogenic landscapes. This factor creates prerequisites for contact of wild fauna with domestic animals.

The potential risks of infection of farm animals are associated with their grazing in territories bordering natural foci of parasitosis. *Dirofilariasis* and *Echinococcosis*, circulating in the wild carnivorous – mosquitoes – domestic animals' system, are of the greatest epidemiological importance. In order to avoid an increase in the circulation of dirofilariasis, it is necessary to carry out comprehensive preventive measures, such as exterminating mosquitoes and reducing the number of obligate definitive hosts (stray dogs, cats), treating domestic cats and dogs, as well as informing the population about personal preventive measures.

Climate change, primarily an increase in average annual temperatures and changes in humidity conditions, can shift the boundaries of the habitats of parasitic insects and helminths

in the region. Such shifts lead to the appearance of parasites in previously unfavorable biotopes and change the structure of host–parasite interactions, which can disrupt the stability of local biocenoses.

Conclusion

The analysis revealed clear spatial and temporal patterns in the distribution of parasites. The maximum number of ixodes ticks was recorded in the spring and summer period in floodplain biotopes. The dynamics of helminthiasis demonstrated pronounced seasonality, correlating with the hydrological regime of reservoirs and the migration cycles of host animals.

It has been established that the circulation of parasites is determined by a complex of abiotic and biotic factors. Temperature and humidity proved to be key determinants for ectoparasites, while the density of host populations played a crucial role in the spread of helminths. These relationships create significant risks of cross-border transmission of zoonotic infections into anthropogenic landscapes.

Based on the data obtained, practical recommendations have been developed for regional services. These include the organization of monitoring in epizootically significant biotopes, seasonal treatment of farm animals, and educational programs for the population. The implementation of these measures will minimize the risks of parasitosis in conditions of anthropogenic impact on ecosystems.

Therefore, when monitoring parasitic diseases, joint cooperation of medical and veterinary specialists is necessary to obtain a complete picture of the situation with zoonotic helminthiasis.

Author Contributions

B.K., M.O. – concept and supervision of the work; **A.D., A.O.** – conducting the experiments; **D.I.** – discussion of the research results; **A.D.** – writing the text; **A.O.** and **B.K.** – editing the text of the article.

Conflicts of Interest

The authors declare no conflicts of interest.

Compliance with ethical standards

This article does not contain a description of studies performed by the authors involving people or using animals as objects.

References

1. Kirimbayeva Zh, Abutalip A, Mussayeva A, et al. Epizootological monitoring of some bacterial infectious diseases of animals on the territory of the Republic of Kazakhstan. *Comp. Imm., Micr. & Inf. Dis.* 2023;2:1-8. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2023.102061>.
2. Abdybekova AM, Yalysheva SV, Zhaksylykova AA, et al. Gastrointestinal helminthiasis of dogs with molecular genetic identification of echinococcosis. *Eur. Jour. App. Biot.* 2022; 3: 51 - 57. <https://doi.org/10.11134/btp.3.2022.6>.
3. Rojas A, et al. Global genetic diversity of *Echinococcus granulosus sensu stricto*: Implications for control programs in endemic steppe regions. *Inf., Gen. & Evol.* 2024;118:105552. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2023.105552>.

4. Abdybekova AM, Zhaksylykova AA, Kushaliyev KZh, et al. A survey of the parasites of Ural saiga antelopes and Turkmenian kulans of Kazakhstan. *Int. Jour. Paras.* 2023; 21:232-236. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2023.06.006>.
5. Aubakirov MZh, Abdybekova AM, Khassanova MA, et al. Epizootology and epidemiology of opisthorchiasis in Northern Kazakhstan. *OnL. Jour. Biol. Sci.* 2022; 22: 340-346. <https://doi.org/10.3844/ojbsci.2022.340.346>.
6. Abdiyeva K, Turebekov N, Yegemberdiyeva R, et al. Vectors, molecular epidemiology and phylogeny of TBEV in Kazakhstan and Central Asia. *Paras. & Vect.* 2020;13(1):504. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04362-110.1016/j.actatropica.2017.09.010>
7. Turebekov N, Abdiyeva K, Yegemberdiyeva R, et al. Prevalence of Rickettsia species in ticks including identification of unknown species in two regions in Kazakhstan. *Paras. & Vect.* 2019;12(1):197. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3440-9>
8. Charlier J., et al. Changing weather patterns and the distribution of Fasciola hepatica: New tools for precision monitoring. *Tr. Paras.* 2022;38(10): 864-875. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2022.07.005>
9. Maukayeva S, Karimova S. Tick-Borne Encephalitis in Kazakhstan: A case report. *Erciyes Med J.* 2020;42(2):226-8. <https://doi.org/10.14744/etd.2019.70431>
10. Myrzhieva AB, Shabdarbaeva GS, Turganbaeva G, et al. Ixodid Ticks: Epizootic Status and Methods for Tick Population Size Reduction. *Online Journal. Biol. Sci.* 2020;20: 166-75. <https://doi.org/10.3844/ojbsci.2020.166.175>
11. Berdikulov M, Maikhin K, Karibayev T, et al. Genetic evidence of regional circulation of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ixodid ticks from southern Kazakhstan. *Front. Vet. Sci.* 2025;12:1623822. <https://doi.org/10.3389/fvets.2025.1623822>
12. Johnson PT, et al. Biodiversity and disease transmission: how conservation of natural biocenoses affects parasitic loads. *Ecol. Lett.* 2021;24:9. <https://doi.org/10.1111/ele.13824>
13. Van Kesteren F, et al. (2022). The role of wildlife in the transmission of Echinococcus granulosus: A surveillance study in the Eurasian steppe. *Int. Jour. Paras.* 2022;18:114-121. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2022.04.008>
14. Cezar RD, et al. The impact of illegal slaughtering and waste management on the persistence of cystic echinococcosis in rural communities. *Prev. Vet. Med.* 2023; 211:105825. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2022.105825>
15. Lu X, et al. Environmental drivers of intermediate host population dynamics in trematode transmission hotspots. *Biol. Rev.* 2023;98(4):1432-50. <https://doi.org/10.1111/brv.12961>
16. Kutz, S. J., et al. Parasites on the move: environmental and anthropogenic changes driving the spread of zoonoses in migratory ungulate habitats. *Ann. Rev. An. Biosc.* 2022; 10: 315-337. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-013020-032057>
17. Atkinson S, et al. Anthropogenic landscape transformation and its impact on the sylvatic cycle of Echinococcus. *Lands. Ecol.* 2024; 39(2): 112-28. <https://doi.org/10.1007/s10980-023-01745-y>
18. Casulli A. New insights on echinococcosis epidemiology at a global level. *Front. Cell. & Inf. Micr.* 2021;11: 656-739. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.656739>
19. Weaver SC, Charlier C, Vasilakis N, et al. Zika, Chikungunya, and Other Emerging Vector-Borne Viral Diseases. *Annu Rev Med.* 2018;69:395-408. <https://doi.org/10.1146/annurev-med-050715-105122>
20. Merle H, Donnio A, Jean-Charles A, Guyomarch J, et al. Ocular manifestations of emerging arboviruses: Dengue fever, Chikungunya, Zika virus, West Nile virus, and yellow fever. *J Fr Ophtalmol.* 2018;41(6):e235-e243. <https://doi.org/10.1016/j.jfo.2018.05.002>.
21. Sureshbabu A, Smirnova E, Karthikeyan A, Moniruzzaman M, Kalaiselvi S, Nam K, Goff GL, Min T. The impact of curcumin on livestock and poultry animal's performance and management of insect pests. *Front Vet Sci.* 2023;10:1048067. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1048067>

22. Sripa B., et al. Liver fluke infection and cholangiocarcinoma: Global lessons for endemic regions in Eurasia. *The Lanc. Gastr. & Hepatol.* 2024;9(2). [https://doi.org/10.1016/S2468-1253\(23\)00302-3](https://doi.org/10.1016/S2468-1253(23)00302-3)
23. Hegglin D, et al. Advances in the diagnosis and surveillance of cystic echinococcosis in endemic regions. *Curr. Opin. Inf. Dis.* 2023; 36(5). <https://doi.org/10.1097/QCO.0000000000000951>
24. Gubler DJ. The ongoing threat of emerging and re-emerging vector-borne diseases. *The Lanc. Inf. Dis.* 2021; 21: 15–24. https://doi.org/10.1007/978-90-481-2458-9_4
25. Torgerson PR. Economic effects of echinococcosis in Central Asia. *A. Trop.* 2020; 204: 105340. [https://doi.org/10.1016/s0001-706x\(02\)00228-0](https://doi.org/10.1016/s0001-706x(02)00228-0)
26. Knapp J, et al. The evolutionary ecology of Echinococcus: How parasites adapt to extreme steppe environments. *Paras.* 2022; 149(12):1567-80. <https://doi.org/10.1017/S003118202200114X>
27. Soldatova NV, et al. Snail-borne parasitic diseases in changing river basins: Environmental monitoring in the Steppe zones. *EcoHealth*, 2023; 20:45-58. <https://doi.org/10.1007/s10393-023-01634-w>
28. Savi S, Vidic B, Grgi Z, et al. Emerging vector-borne diseases incidence through vectors. *Front Public Health.* 2014; 2:267. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2014.00267>

Батыс Қазақстан облысының табиғи биоценоздарында кейбір паразиттік жәндіктер мен гельминттердің таралуы

**А.Қ. Даржігітова¹, А.М. Оразбаева², Д.О. Ибраев³,
Б.Қ. Жұмабекова⁴, М. Өзтүрік⁵**

¹*М. Өтемісов атындағы Батыс Қазақстан университеті, Орал, Қазақстан*

²*Астана медицина университеті, Астана, Қазақстан*

^{3,4}*Ә. Марғұлан университеті, Павлодар, Қазақстан*

⁵*Режеп Тайып Ердоған Университеті, Ризе, Түркия*

Аңдатпа. Мақалада Батыс Қазақстан облысының паразиттік аурулар бойынша эпидемиялық және эпизоотиялық салауаттылығын зерттеу нәтижелері келтірілген. Жұмысты орындау барысында биологиялық және паразитологиялық зерттеулер жүргізілді. Зерттелетін аймақтың бірқатар аудандарында кенелердің, масалардың және кейбір гельминтоздардың таралуы бойынша эпизоотиялық жағдай туралы деректер алынды. Қан соратын масалардың 6 түрі және иксод кенелерінің 6 түрі, трематодоздардың 3 түрі: описторхоз, фасциолез және дикроцелиоз және 1 цестодоз: эхинококкоз эпидемиологиялық маңызы болғандықтан зерттелді, олардың таралу аймақтары, сондай-ақ жануарлардың кенелермен жұқтыру көрсеткіштері және анықталған гельминттермен жазда және күзде инвазиялану деңгейі зерттелді. Сондай-ақ, зерттелетін аймақ тұрғындарының эхинококкоз және описторхозбен жұқтыру дәрежесі қарастырылды. Жұмыс жұқпалы паразиттік аурулар бойынша эпидемиялық және эпизоотиялық салауаттылықты ғылыми қамтамасыз етуге, паразиттік ауруларды модельдеу және болжау үшін мәліметтер базасын әзірлеуге және енгізуге бағытталған. Батыс Қазақстан облысының табиғи биоценоздарындағы паразиттік жәндіктер мен гельминттердің динамикасын зерттеу жергілікті экожүйелердің тұрақтылығын түсінуге және олардың айналымының негізгі факторларын анықтауға мүмкіндік береді, бұл паразиттердің үй жануарлары мен адамдарға берілуін болдырмауға көмектеседі. Жүргізілген зерттеулер Батыс Қазақстан облысының табиғи биоценоздарындағы паразиттік организмдердің алуан түрлілігін растады.

Түйін сөздер: Батыс Қазақстан облысы, паразиттік аурулар, қан соратын масалар, иксод кенелері, гельминтофауна, мониторинг, биоценоздар

**Распространённость некоторых паразитических насекомых и гельминтов
в природных биоценозах Западно-Казахстанской области**

**А.К. Даржигитова¹, А.М. Оразбаева², Д.О. Ибраев³,
Б.К. Жумабекова⁴, М. Озтюрк⁵**

¹*Западно-Казахстанский университет имени М.Утемисова, Уральск, Казахстан*

²*Медицинский университет Астана, Астана, Казахстан*

^{3,4}*Павлодарский педагогический университет имени Ә.Марғұлан», Павлодар, Казахстан*

⁵*Университет Реджепа Тайипа Эрдогана, Ризе, Турция*

Аннотация. В статье представлены результаты исследования эпидемического и эпизоотического благополучия Западно-Казахстанской области по паразитарным заболеваниям. В ходе выполнения работы были проведены биологические и паразитологические исследования. Получены данные об эпизоотической ситуации по распространению клещей, комаров и некоторых гельминтозов в ряде районов исследуемого региона. Исследованы как имеющие эпидемиологическое значение 6 видов кровососущих комаров и 6 видов иксодовых клещей, 3 вида трематодозов: описторхоз, фасциолез и дикроцелиоз и 1 цестодоза: эхинококкоз, изучены зоны их распространения, а также показатели заражения животных клещами и уровень инвазии гельминтов, выявленных летом и осенью. Также была рассмотрена степень заражения населения исследуемого региона эхинококкозом и описторхозом. Работа направлена на научное обеспечение эпидемического и эпизоотического благополучия по инфекционным паразитарным заболеваниям, разработку и внедрение баз данных для моделирования и прогнозирования паразитарных заболеваний. Изучение динамики паразитических насекомых и гельминтов в природных биоценозах Западно-Казахстанской области позволяет понять устойчивость местных экосистем и выявить основные факторы их циркуляции, способствуя предотвращению передачи паразитов домашним животным и людям. Проведенные исследования подтвердили высокое разнообразие паразитических организмов в природных биоценозах Западно-Казахстанской области.

Ключевые слова: Западно-Казахстанская область, паразитарные болезни, кровососущие комары, иксодовые клещи, гельминтофауна, мониторинг, биоценозы

Сведения об авторах:

Даржигитова Альбина Кошановна – автор для корреспонденции, магистр биологии, старший преподаватель Западно-Казахстанского университета имени М. Утемисова, Студенческая 4, 090006, Уральск, Казахстан.

Оразбаева Айгуль Муталиевна – магистр биологии, специалист Медицинского университета Астана, Бейбитшилик, 49А, 010000, Астана, Казахстан.

Ибраев Даулет Оралбаевич – магистр биологии, преподаватель-эксперт Павлодарского педагогического университета, Олжабай батыр, 60, 140000, Павлодар, Казахстан.

Жумабекова Бибигуль Кабылбековна – доктор биологических наук, профессор Павлодарского педагогического университета, Олжабай батыр, 60, 140000, Павлодар, Казахстан.

Озтюрк Мурат – PhD, Университет Реджепа Тайипа Эрдогана, Ататюрк, 16, 53100, провинция Ризе, Турция.

Авторлар туралы мәлімет

Даржігітова Альбина Қошанқызы – хат-хабар авторы, биология магистрі, М. Өтемісов атындағы Батыс Қазақстан университетінің аға оқытушысы, Студенттік 4, 090006, Орал, Қазақстан.

Оразбаева Айгүл Мүтәліқызы – биология магистрі, Астана медицина университетінің маманы, Бейбітшілік, 49а, 010000, Астана, Қазақстан.

Ибраев Дәулет Оралбайұлы – биология магистрі, Павлодар педагогикалық университетінің оқытушы-сарапшысы, Олжабай батыр, 60, 140000, Павлодар, Қазақстан.

Жұмабекова Бибігүл Қабылбекқызы – биология ғылымдарының докторы, Павлодар педагогикалық университетінің профессоры, Олжабай батыр, 60, 140000, Павлодар, Қазақстан.

Өзтүрік Мұрат – PhD, Режеп Тайып Ердоған университеті, Ататүрік, 16, 53100, Ризе провинциясы, Түркия.

Authors' information:

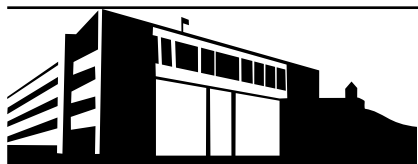
Darzhigitova Albina – corresponding author, Master of Biology, Senior lecturer, M. Utemisov West Kazakhstan University, Studencheskaya 4, 090006, Uralsk, Kazakhstan.

Orazbayeva Aigul – Master of Biology, specialist, Astana Medical University, Beibitshilik, 49A, 010000, Astana, Kazakhstan.

Ibraev Daulet – Master of Biology, lecturer-expert, Pavlodar Pedagogical University, Olzhabai Batyr, 60, 140,000, Pavlodar, Kazakhstan.

Zhumabekova Bibigul – Doctor of Biological Sciences, Professor, Pavlodar Pedagogical University, Olzhabai Batyr, 60, 140,000, Pavlodar, Kazakhstan.

Ozturk Murat – PhD, Recep Tayyip Erdogan University, Ataturk, 16, 53100, Rize, Turkey.



МРНТИ 34.41.02

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-154-1-177-192>

Научная статья

Гистоморфометрические показатели миокарда крыс при доксорубицин-индуцированной кардиомиопатии

Е.В. Фёдорова*¹, С.В. Маньковская²

^{1,2}Институт физиологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Беларусь

E-mail: *¹katerina.minsk@mail.ru, ²mankovskaya_svet@mail.ru

Аннотация. Установлены морфологические изменения структурных компонентов миокарда в экспериментальной модели кардиомиопатии, индуцированной доксорубицином. Наиболее информативными маркерами прогрессирования заболевания оказались: α -актинин-2 (ACTN2; $\lambda = 0,0051$, $p = 0,005$), сердечный тропонин Т (TNNT2; $\lambda = 0,0085$, $p = 0,008$), сукцинатдегидрогеназа (СДГ; $\lambda = 0,0097$, $p = 0,010$), лактатдегидрогеназа (ЛДГ; $\lambda = 0,0135$, $p = 0,014$) и показатель паренхиматозно-стромального отношения (ПСО; $\lambda = 0,0137$, $p = 0,014$). Полученные данные могут быть дополнительными критериями для выявления ранней стадии токсического повреждения миокарда, а также для оценки эффективности новых кардиопротекторных средств.

Ключевые слова: доксорубицин-индуцированная кардиомиопатия, ультраструктура, α -актинин-2, сердечный тропонин Т, сукцинатдегидрогеназа, лактатдегидрогеназа, паренхиматозно-стромальное отношение

Введение

Антибиотики из группы антрациклинов являются одними из самых распространенных лекарственных средств, используемых в онкологии [1]. Тем не менее, кардиотоксичность данной группы препаратов, входящих в схемы полихимиотерапии, обуславливает развитие сердечно-сосудистых заболеваний как в раннем, так и в позднем реабилитационном периоде [2]. Наиболее значимым проявлением такой токсичности считается антрациклиновая кардиомиопатия (КМП), приводящая к дисфункции и ремоделированию сердечной мышцы, с возможной манифестацией спустя годы после успешного завершения противоопухолевой терапии [3]. Частота развития повреждений сердца при лечении антрациклиновыми антибиотиками составляет 5–48 %. При этом

Поступила: 20.03.2026. Одобрена: 30.03.2026. Доступна онлайн: 31.03.2026.

*Автор-корреспондент

смертность от сердечных причин достигает 7 %, а в случае развития застойной сердечной недостаточности – 27–60 % [2,4].

В основе патогенетических механизмов антрациклиновой КМП лежит активация перекисного окисления липидов, нарушение адренергической иннервации и синтеза сократительных белков, развитие иммуновоспалительной реакции и стимуляция процессов клеточной гибели в миокарде [5–8]. Несмотря на многообразие изученных нарушений, морфологическим субстратом сердечной дисфункции считаются характерные изменения в структуре миокарда. К ним относятся вакуолизация цитоплазмы кардиомиоцитов (КМЦ), отек саркоплазматического ретикулума и митохондрий, потеря миофибрилл, атрофия и лизис мышечных волокон, а также развитие интерстициального фиброза [9,10]. Вышеописанные гистопатологические трансформации приводят к необратимому снижению фракции выброса левого желудочка на 10 % от исходного значения у 26 % пациентов и развитию симптоматической сердечной недостаточности у 7 % пациентов, получивших кумулятивную дозу 550 мг/м² доксорубицина (ДОКС) [11].

В настоящее время для диагностики антрациклиновой КМП широко используются эхокардиографические методы, позволяющие оценить функциональное состояние сердца [12]. Однако эти методы не всегда способны выявить начальные, доклинические стадии повреждения миокарда, когда структурные изменения уже начались, но еще не привели к значимому снижению фракции выброса левого желудочка [13]. В этой связи методы морфологического и морфометрического анализа приобретают ключевое значение, позволяя проводить точную количественную оценку структурных перестроек миокарда на тканевом, клеточном и субклеточном уровнях [14–16].

Несмотря на наличие данных о морфологических нарушениях при антрациклиновой КМП, многие аспекты взаимосвязи между отдельными гистоморфометрическими параметрами и их степенью выраженности остаются недостаточно раскрытыми. Особого внимания заслуживает определение их диагностической ценности [17–19].

Цель настоящего исследования – выявление взаимосвязей гистоморфометрических показателей миокарда крыс в модели ДОКС-индуцированной КМП и определение клеточных маркеров прогрессирования заболевания.

Материалы и методы исследования

Экспериментальные исследования выполнены на 80 лабораторных крысах-самцах Вистар массой 150–180 г с соблюдением правовых и этических норм обращения с животными в соответствии с национальными и международными стандартами качества планирования и проведения исследований на животных [20]. Модель экспериментальной КМП формировали путем дробного внутрибрюшинного введения доксорубицина гидрохлорида (РБ) в кумулятивной дозе 15 мг/кг, разделенной на 6 инъекций (по 2,5 мг/кг) в течение 14 дней [21]. Экспериментальные животные были разделены на группы. Первая (n=20, контрольная) – введение апиrogenного физиологического раствора (АФР). Вторая (n=30, ДОКС-КМП-30 сут.) – введение ДОКС с последующим выведением животных из эксперимента на 30-е сутки после последней инъекции препарата. Третья (n=30, ДОКС-КМП-60 сут.) – введение ДОКС с последующим выведением животных из эксперимента на 60-е сутки после последней инъекции препарата.

Объектом исследования являлся миокард левого желудочка подопытных животных. Микропрепараты готовили с помощью криостата Microm HM 525 (Германия) и

обрабатывали общепринятыми гистохимическими методами на выявление активности сукцинатдегидрогеназы (СДГ, КФ 1.3.99.1) и лактатдегидрогеназы (ЛДГ, КФ 1.1.1.27) [22]. Количественную оценку активности ферментов СДГ и ЛДГ проводили с использованием программы ImageJ (1.49k, США).

Для гистологического анализа образцы ткани фиксировали в 10 % растворе нейтрального формалина в течение 48 ч, промывали в проточной воде, а далее обрабатывали материал и заливали его в парафин по стандартной методике [23]. После окрашивания гистологических срезов гематоксилином и эозином и по Массону проведена количественная оценка площадей паренхимы и стромы миокарда, диаметров и площадей поперечного сечения КМЦ и их ядер, диаметра капилляров и артериол, толщины сосудистой стенки артериол при увеличении микроскопа $\times 400$ с применением программы ImageJ (1.49k, США). На основании полученных измерений выполнен расчет показателей паренхиматозно-стромального отношения (ПСО) и ядерно-цитоплазматического отношения (ЯЦО), склеротического индекса (СИ), трофического индекса (ТИ), индекса Керногана (ИнК) по следующим формулам:

$$\text{ПСО} = S_{\text{п}}/S_{\text{с}}, \quad (1)$$

где $S_{\text{п}}$ – площадь паренхимы миокарда, $S_{\text{с}}$ – площадь стромы миокарда;

$$\text{ЯЦО} = S_{\text{я}}/S_{\text{ц}}, \quad (2)$$

где $S_{\text{я}}$ – площадь ядра КМЦ, $S_{\text{ц}}$ – площадь цитоплазмы КМЦ;

$$\text{СИ} = (S_{\text{с}}/S_{\text{п}}) \times 100 \%, \quad (3)$$

где $S_{\text{с}}$ – площадь стромы миокарда, $S_{\text{п}}$ – площадь паренхимы миокарда;

$$\text{ТИ} = S_{\text{к}}/S_{\text{п}}, \quad (4)$$

где $S_{\text{к}}$ – площадь капилляров, $S_{\text{п}}$ – площадь паренхимы миокарда;

$$\text{ИнК} = T_{\text{а}}/R_{\text{а}}, \quad (5)$$

где $T_{\text{а}}$ – толщина сосудистой стенки артериол, $R_{\text{а}}$ – радиус просвета артериол.

Иммуногистохимическое (ИГХ) окрашивание проводили с применением поликлональных кроличьих антител к α -актину-2 ACTN2 (FNab00121, «FineTest», КНР, в рабочем разведении 1:200), сердечному тропонину Т TNNT2 (E-AB-70232, «Elabscience», КНР, в рабочем разведении 1:200) и моноклональных мышечных антител к α -гладкомышечному актину α -SMA (Z2066ML, «Zeta Corporation», США, в рабочем разведении 1:200). Все этапы ИГХ исследования выполнены согласно предложенному протоколу фирмы-производителя. Для детекции использовалась система 2-step plus Poly-HRP Anti Rabbit IgG Detection System (E-IR-R217, «Elabscience», КНР). В роли хромогена выступал 1 % раствор 3,3-диаминобензидина тетрагидрохлорида. Микропрепараты были оцифрованы с применением гистологического сканера MoticEasyScan One (КНР) на

увеличении $\times 20,0$. Количественная оценка результатов ИГХ исследования проводилась с помощью программного обеспечения анализа изображений Aperio ImageScope [v12.4.6.5003] путем выделения 10 случайных непересекающихся полей зрения при увеличении $\times 200$. Показатели анализировали по стандартному алгоритму подсчёта позитивных пикселей «PositivePixelCount v9» [24]. Оценивали следующие показатели экспрессии:

1. Позитивность – отношение числа позитивных пикселей к общему числу позитивных и негативных пикселей $\times 100\%$;
2. Nsr – доля пикселей с высокой интенсивностью в иммунопозитивных участках;
3. Коэффициент интенсивности – отношение суммы произведений числа позитивных пикселей на балльный эквивалент, соответствующий их интенсивности (ИГХ реакция отсутствовала – 0 баллов, слабая – 1 балл, умеренная – 2 балла, выраженная – 3 балла), к общему числу позитивных пикселей);
4. Isr – доля суммарного уровня интенсивности высоко позитивных пикселей.

В работе также использован электронно-микроскопический метод исследования [25]. Срезы готовили на ультратоме LKB-8800 (Швеция) и просматривали в электронном микроскопе JEM-100 CX (Jeol, Япония). Морфометрический анализ электронограмм осуществлялся с использованием программы обработки данных «ImageJ» (1.49k, США). Оценивали количество митохондриальных профилей на срезах, среднюю площадь одной митохондрии на срезе (мкм^2), соотношения общих площадей сечений митохондрий и миофибрилл на срезе к общей площади КМЦ, которые определяют объемную долю митохондрий и миофибрилл в объеме КМЦ (%), количество межмитохондриальных контактов (ММК) на 100 митохондрий, площадь поперечного сечения капилляров миокарда (мкм^2). Выполнен расчет показателя энергетической обеспеченности КМЦ, равный отношению объемной доли митохондрий к объемной доле миофибрилл.

Полученные морфометрические данные обрабатывали с помощью методов вариационной статистики (пакет прикладных программ «STATISTICA 12.0», StatSoft, США). Проверку распределения количественных признаков на соответствие модели нормального распределения осуществляли с применением W-критерия Шапиро-Уилка. Учитывая отсутствие в большинстве исследуемых выборок нормального распределения, взаимосвязь между показателями оценивали при помощи непараметрического двустороннего коэффициента корреляции Спирмена (rs). С помощью дискриминантного анализа определяли информационную (диагностическую) ценность исследуемых морфометрических показателей. Показателем информативности признаков является частная Лямбда (λ) [19]. Различия считали достоверными при уровне значимости $p \leq 0,05$.

Результаты

На тканевом уровне при развитии ДОКС-индуцированной КМП к 30-м суткам наблюдения выявлены корреляционные взаимосвязи между параметрами паренхимы и стромы миокарда. Обнаружены положительные связи показателя ПСО с объемной долей миофибрилл и позитивностью экспрессии ACTN2 в КМЦ, а также отрицательные связи СИ с аналогичными показателями. Зафиксированы обратные корреляции между интенсивностью экспрессии α -SMA в строме миокарда и интенсивностью экспрессии ACTN2, Nsr ACTN2 и Isr ACTN2 в КМЦ. Со стороны микроциркуляторного русла отмечены обратные корреляции между площадью КМЦ и площадью сечения капилляров, а также

между позитивностью экспрессии ACTN2 и ИнК. Выявлена положительная связь между позитивностью экспрессии ACTN2 и диаметром просвета артериол.

На клеточном уровне установлены корреляционные взаимосвязи, отражающие компенсаторную и метаболическую перестройку КМЦ. Площадь КМЦ прямо коррелирует с площадью ядра КМЦ и СДГ, а площадь ядра, в свою очередь, связана с ЯЦО. Диаметр КМЦ имеет сильную положительную связь с количеством ММК, а также прямые зависимости с активностью СДГ и ЛДГ. При этом выявлена отрицательная корреляционная зависимость между ЯЦО и активностью ЛДГ. Зафиксирована положительная связь между позитивностью экспрессии ACTN2 и показателем ММК.

На субклеточном уровне выявлены корреляции, характеризующие состояние сократительного и энергетического аппаратов КМЦ. Объемная доля миофибрилл обратно коррелирует с отношением объемных долей миофибрилл и митохондрий и количеством профилей митохондрий на срезе, но положительно – с интенсивностью экспрессии TNNT2. Объемная доля митохондрий, напротив, положительно связана с отношением миофибрилл/митохондрий и отрицательно – с числом ММК. Количество профилей митохондрий прямо коррелирует с активностью ЛДГ. Одновременно зафиксированы положительные взаимосвязи между активностью СДГ и экспрессией ACTN2 (Nsr/Isr) и TNNT2 (Nsr/Isr) (Таблица 1).

Таблица 1

Корреляционные взаимосвязи между морфометрическими показателями миокарда крыс с ДОКС-индуцированной КМП на 30-е сутки наблюдения

Показатель первого порядка	Показатель второго порядка	Коэффициент корреляции	Критерий значимости
<i>Тканевой уровень</i>			
ПСО	Объемная доля миофибрилл	0,38	p = 0,039*
	Позитивность экспрессии ACTN2	0,34	p = 0,046*
СИ	Объемная доля миофибрилл	-0,38	p = 0,039*
	Позитивность экспрессии ACTN2	-0,34	p = 0,046*
Интенсивность экспрессии α-SMA	Интенсивность экспрессии ACTN2	-0,48	p = 0,022*
	Nsr ACTN2	-0,47	p = 0,029*
	Isr ACTN2	-0,47	p = 0,029*
Площадь КМЦ	Площадь сечения капилляров	-0,50	p = 0,005*
Позитивность экспрессии ACTN2	Диаметр просвета артериол	0,43	p = 0,018*
	ИнК	-0,38	p = 0,041*
<i>Клеточный уровень</i>			
Площадь КМЦ	Площадь ядра КМЦ	0,39	p = 0,001*
	СДГ	0,34	p = 0,007*
Диаметр КМЦ	ММК	0,79	p = 0,007*
	СДГ	0,26	p = 0,041*
	ЛДГ	0,25	p = 0,049*

Площадь ядра КМЦ	ЯЦО	0,62	p = 0,001*
ЯЦО	ЛДГ	-0,38	p = 0,003*
Позитивность экспрессии АСТN2	ММК	0,71	p = 0,021*
<i>Субклеточный уровень</i>			
Объемная доля миофибрилл	Отношение объемных долей миофибрилл/ митохондрий	-0,58	p = 0,001*
	Количество профилей митохондрий на срезе	-0,36	p = 0,049*
	Интенсивность экспрессии TNNT2	0,37	p = 0,047*
Объемная доля митохондрий	Отношение объемных долей миофибрилл/ митохондрий	0,72	p = 0,001*
	ММК	-0,73	p = 0,017*
Количество профилей митохондрий на срезе	ЛДГ	0,49	p = 0,006*
СДГ	Nsr АСТN2	0,35	p = 0,037*
	Isr АСТN2	0,36	p = 0,032*
	Nsr TNNT2	0,38	p = 0,020*
	Isr TNNT2	0,38	p = 0,020*

Примечание: достоверность отличий: * – от показателей второго порядка

На 60-е сутки развития ДОКС-индуцированной КМП на тканевом уровне обнаружены корреляционные взаимосвязи, свидетельствующие о прогрессировании фиброзного ремоделирования и углублении метаболической перестройки миокарда. Выявлена отрицательная связь между площадью паренхимы и площадью стромы миокарда. Установлены положительные корреляции показателя ПСО с ТИ и активностью ЛДГ, а также отрицательная связь ПСО с активностью СДГ. Для СИ зафиксированы обратные зависимости: отрицательные – с ТИ и ЛДГ, но положительная – с СДГ. Выявлены обратные взаимосвязи между позитивностью экспрессии α -SMA в строме миокарда и экспрессией сократительных белков АСТN2 и TNNT2 в КМЦ. При этом интенсивность экспрессии α -SMA положительно коррелирует с активностью ЛДГ. Обнаружена прямая корреляция между площадью сечения капилляров и активностью СДГ.

На клеточном уровне установлены корреляционные взаимосвязи, отражающие нарушение нуклео-цитоплазматического гомеостаза и дезадаптивную перестройку КМЦ. Площадь КМЦ положительно коррелирует с площадью ядра, но отрицательно – с ЯЦО и активностью ЛДГ. Диаметр КМЦ имеет сильную положительную связь с количеством ММК и отрицательную – с ЯЦО. Площадь ядра КМЦ прямо коррелирует с ЯЦО и объемной долей митохондрий, в то время как диаметр ядра отрицательно связан с активностью ЛДГ. Отмечена положительная связь между ЯЦО и позитивностью экспрессии TNNT2, а также отрицательная корреляция между позитивностью экспрессии АСТN2 и количеством ММК.

На субклеточном уровне выявлены корреляции, характеризующие дезинтеграцию сократительного и энергетического аппаратов КМЦ. Объемная доля миофибрилл обратно коррелирует с отношением объемных долей миофибрилл/митохондрий,

но положительно – с количеством ММК. Объемная доля митохондрий, напротив, прямо связана с отношением миофибрилл/митохондрии, средней площадью одной митохондрии и количеством митохондриальных профилей. Зафиксирована положительная корреляция между активностью СДГ и ЛДГ, а также отрицательная связь позитивности экспрессии АСТН2 с активностью СДГ при одновременных положительных корреляциях с параметрами экспрессии TNNT2 (Таблица 2).

С помощью дискриминантного анализа определена информационная (диагностическая) ценность исследуемых морфометрических показателей. Наиболее информативными оказались: экспрессия АСТН2 ($\lambda = 0,0051$, при $p = 0,005$), далее по нисходящей экспрессия TNNT2 ($\lambda = 0,0085$, при $p = 0,008$), активность СДГ ($\lambda = 0,0097$, при $p = 0,010$), активность ЛДГ ($\lambda = 0,0135$, при $p = 0,014$) и ПСО ($\lambda = 0,0137$, при $p = 0,014$).

Таблица 2
Корреляционные взаимосвязи между морфометрическими показателями миокарда крыс с ДОКС-индуцированной КМП на 60-е сутки наблюдения

Показатель первого порядка	Показатель второго порядка	Коэффициент корреляции	Критерий значимости
<i>Тканевой уровень</i>			
Площадь паренхимы	Площадь стромы	-0,99	$p = 0,001^*$
ПСО	ТИ	0,30	$p = 0,035^*$
	СДГ	-0,32	$p = 0,022^*$
	ЛДГ	0,39	$p = 0,006^*$
СИ	ТИ	-0,30	$p = 0,035^*$
	СДГ	0,32	$p = 0,022^*$
	ЛДГ	-0,39	$p = 0,006^*$
Позитивность экспрессии α -SMA	Позитивность экспрессии АСТН2	-0,37	$p = 0,032^*$
	Интенсивность экспрессии АСТН2	-0,35	$p = 0,047^*$
	Интенсивность экспрессии TNNT2	-0,45	$p = 0,009^*$
Интенсивность экспрессии α -SMA	ЛДГ	0,41	$p = 0,017^*$
Площадь сечения капилляров	СДГ	0,49	$p = 0,006^*$
<i>Клеточный уровень</i>			
Площадь КМЦ	Площадь ядра КМЦ	0,40	$p = 0,001^*$
	ЯЦО	-0,27	$p = 0,001^*$
	ЛДГ	-0,22	$p = 0,049^*$
Диаметр КМЦ	ЯЦО	-0,13	$p = 0,004^*$
	ММК	0,68	$p = 0,029^*$
Площадь ядра КМЦ	ЯЦО	0,73	$p = 0,001^*$
	Объемная доля митохондрий	0,40	$p = 0,028^*$

Диаметр ядра КМЦ	ЛДГ	-0,22	p = 0,047*
ЯЦО	Позитивность экспрессии TNNT2	0,34	p = 0,038*
Позитивность экспрессии ACTN2	ММК	-0,87	p = 0,001*
<i>Субклеточный уровень</i>			
Объемная доля миофибрилл	Отношение объемных долей миофибрилл/ митохондрий	-0,76	p = 0,001*
	ММК	0,72	p = 0,019*
Объемная доля митохондрий	Отношение объемных долей миофибрилл/ митохондрий	0,70	p = 0,001*
	Средняя площадь одной митохондрии на срезе	0,38	p = 0,039*
	Количество профилей митохондрий на срезе	0,52	p = 0,004*
СДГ	ЛДГ	0,44	p = 0,001*
Позитивность экспрессии ACTN2	СДГ	-0,71	p = 0,001*
	Интенсивность экспрессии TNNT2	0,54	p = 0,001*
	Nsr TNNT2	0,51	p = 0,002*
	Isr TNNT2	0,51	p = 0,002*

Примечание: достоверность отличий: * – от показателей второго порядка

Обсуждение

Корреляционный анализ показателей структурных компонентов миокарда в динамике развития ДОКС-индуцированной КМП позволил выявить основные закономерности морфогенеза токсической КМП. Выявленные взаимосвязи, охватывающие перестройку миокарда на тканевом, клеточном и субклеточном уровнях, согласуются с современными представлениями о механизмах токсического ремоделирования сердца, где ключевыми звеньями выступают митохондриальная дисфункция, метаболическая трансформация КМЦ и миокардиальный фиброз [5-7].

К 30-м суткам развития моделированной КМП в миокарде крыс на тканевом уровне доминирующую роль приобретают фибротические изменения стромы, сопряженные с угнетением сократительной функции КМЦ. Маркером развивающегося фиброза служат обратные корреляции между экспрессией α -SMA в строме и параметрами экспрессии ACTN2 в КМЦ, отражающие активацию миофибробластов по мере утраты КМЦ своего функционального потенциала. Согласно литературным данным, оксидативный стресс, индуцированный ДОКС, запускает сигнальные пути (TGF- β 1/R-Smad), стимулирующие дифференцировку фибробластов в миофибробласты [26]. Отрицательная корреляция между площадью КМЦ и площадью сечения капилляров указывает на развитие относительной ишемии, обусловленной отставанием ангиогенеза от роста мышечных волокон [27]. Данный дисбаланс подтверждается обратной корреляцией между экспрессией ACTN2 и ИнК, свидетельствующей об ухудшении микроциркуляции на фоне снижения сократительного потенциала КМЦ. Положительная связь между

позитивностью экспрессии ACTN2 и диаметром просвета артериол, вероятно, представляет собой компенсаторную реакцию, направленную на поддержание кровоснабжения в условиях повреждения паренхимы. Тем не менее, сохраняющийся дисбаланс в системе «паренхима – микроциркуляторное русло» остается значимым фактором патогенеза ДОКС-индуцированной КМП.

Зарегистрированные на клеточном уровне положительные корреляционные зависимости между площадью КМЦ и площадью их ядер, а также между площадью ядра КМЦ и ЯЦО указывают на развитие компенсаторной гипертрофии, направленной на поддержание сократительной функции КМЦ в условиях возросшей функциональной нагрузки, вызванной кардиотоксическим действием ДОКС. Прямая корреляция диаметра КМЦ с количеством ММК отражает адаптивную перестройку энергопродуцирующей системы: формирование ММК обеспечивает координацию функций митохондрий и интеграцию их энергетического потенциала, тем самым способствуя адекватному энергообеспечению гипертрофированной клетки [28]. Вместе с тем положительная связь диаметра КМЦ с активностью ЛДГ выявляет метаболический сдвиг, при котором прогрессирующее гипертрофии на фоне гипоксии сопровождается активацией анаэробного гликолиза. Подобное переключение энергетического метаболизма с окисления жирных кислот на гликолиз характерно для сердечной недостаточности и служит адаптивным механизмом поддержания энергопродукции при дефиците кислорода [29].

На субклеточном уровне выявленные нарушения свидетельствуют о ключевой роли митохондриальной дисфункции в реализации кардиотоксического эффекта антрациклинов. Отрицательная корреляция между объемной долей миофибрилл и количеством митохондриальных профилей, а также связь последних с активностью ЛДГ указывают на структурную деградацию энергообразующих органелл. ДОКС известен своей способностью накапливаться в митохондриях, взаимодействовать с кардиолипином и нарушать работу дыхательной цепи, что ведет к снижению активности окислительных ферментов и избыточной генерации активных форм кислорода [5,6]. При этом сохранение положительных связей между активностью СДГ и экспрессией сократительных белков (ACTN2, TNNT2) отражает попытку клетки поддержать сократительный аппарат в условиях нарастающего дефицита энергии. Однако разобщение процессов энергопродукции и энергопотребления неизбежно ведет к снижению сократительной функции и прогрессированию сердечной недостаточности. Таким образом, к 30-м суткам развития ДОКС-индуцированной КМП полученные данные демонстрируют формирование патологического каскада: митохондриальное повреждение инициирует энергетический дефицит, который стимулирует гипертрофию и метаболический сдвиг на клеточном уровне, тогда как гибель КМЦ на фоне нарушенной микроциркуляции запускает ремоделирование стромы миокарда на тканевом уровне.

На 60-е сутки эксперимента корреляционный анализ выявил качественно иную картину по сравнению с 30-ми сутками наблюдения, что отражает прогрессирование патологического процесса и переход от стадии компенсации к стадии декомпенсации и глубокого ремоделирования миокарда. На тканевом уровне обращает на себя внимание сильная обратная корреляция между площадью паренхимы и стромы, свидетельствующая о заместительном фиброзе. Увеличение объема соединительной ткани происходит

строго пропорционально убыли функционирующих КМЦ, что соответствует картине диффузного кардиосклероза на терминальных стадиях антрациклиновой КМП [30]. Разнонаправленность корреляционных взаимосвязей ПСО и СИ с метаболическими маркерами отражает гетерогенность тканевого ответа. Положительная корреляция ПСО с активностью ЛДГ в сочетании с отрицательной связью с СДГ свидетельствует о компенсаторном переключении метаболизма сохранившейся паренхимы на анаэробный гликолиз в условиях гипоксии. Напротив, обратная динамика для СИ характеризует зоны выраженного фиброза, где гликолитическая активность единичных КМЦ оказывается подавленной вследствие критического истощения метаболических резервов и глубокого нарушения микроциркуляции. О фиброзном замещении функциональной ткани свидетельствуют отрицательные корреляции экспрессии α -SMA с сократительными белками КМЦ (ACTN2, TNNT2), а положительная связь α -SMA с ЛДГ указывает на сопряженность фиброгенеза с локальной тканевой гипоксией. В отличие от 30-х суток, где наблюдалась компенсаторная вазодилатация (связь экспрессии ACTN2 с диаметром артериол), к 60-м суткам фиброз становится доминирующим фактором, нарушающим микроциркуляцию. Положительная связь между площадью сечения капилляров и активностью СДГ, вероятно, является терминальной компенсаторной реакцией, направленной на поддержание оксигенации оставшихся гипертрофированных КМЦ, однако на фоне снижения ПСО и роста СИ эта реакция недостаточна.

На клеточном уровне выявленные корреляции свидетельствуют об истощении адаптационных резервов КМЦ и переходе от компенсаторной гипертрофии к дистрофическим изменениям. Сохранение положительной связи площади КМЦ с площадью ядра при одновременной отрицательной корреляции площади клетки с ЯЦО указывает на дисбаланс нуклео-цитоплазматических отношений: рост цитоплазмы опережает функциональные возможности ядерного аппарата, что приводит к накоплению избыточной цитоплазматической массы, не поддержанной адекватным транскрипционным контролем и энергообеспечением [31]. Снижение ЯЦО при увеличении диаметра КМЦ также подтверждает истощение синтетических ресурсов клетки. Особого внимания заслуживает парадоксальная динамика митохондриальной интеграции. Сильная прямая корреляция диаметра КМЦ с количеством ММК на первый взгляд отражает адаптивную перестройку энергетического аппарата, направленную на поддержание сократительной функции гипертрофированной клетки [28]. Однако одновременная выраженная отрицательная связь экспрессии ACTN2 с ММК раскрывает принципиально иную закономерность: формирование ММК на 60-е сутки эксперимента ассоциировано с деградацией сократительного аппарата КМЦ. Это свидетельствует о том, что митохондриальная интеграция происходит преимущественно в КМЦ с выраженным повреждением миофибрилл, вероятно, как экстренная компенсаторная реакция, направленная на преодоление энергодефицита, однако эта реакция не способна предотвратить структурный распад и прогрессирование функциональной недостаточности.

На субклеточном уровне выявленные взаимосвязи демонстрируют глубокий дисбаланс между миофибрилярным и митохондриальным аппаратами. Отрицательная корреляция между объемной долей миофибрилл и отношением миофибрилл/митохондрии указывает на то, что сократительные структуры утрачиваются быстрее, чем

энергетические, что характерно для терминальной стадии сердечной недостаточности [29]. Положительная корреляция объемной доли митохондрий с их количеством и средней площадью может расцениваться как компенсаторная гиперплазия митохондрий, однако на фоне отрицательной связи ACTN2 с СДГ становится очевидным разобщение между энергопродукцией и энергопотреблением.

Ключевым интегральным маркером дезорганизации на 60-е сутки эксперимента выступает ACTN2 – структурный белок саркомеров, обеспечивающий стабильность сократительного аппарата КМЦ. Его экспрессия отрицательно коррелирует с количеством ММК, активностью СДГ, а также с экспрессией α -SMA в строме. Снижение ACTN2 сопряжено с ухудшением кровоснабжения, падением аэробного метаболизма и активацией фиброгенеза. Положительные связи ACTN2 с параметрами экспрессии TNNT2 позволяют предположить стадийность деградации саркомерных белков: ACTN2 разрушается раньше, тогда как тропонин Т сохраняет экспрессию дольше.

Таким образом, к 60-м суткам развития ДОКС-индуцированной КМП характер патологического процесса меняется: компенсаторно-приспособительные реакции, преобладавшие на раннем этапе, сменяются дезадаптационным ремоделированием. Прогрессирующий фиброз на тканевом уровне усугубляет капиллярную дисфункцию и тканевую гипоксию, что стимулирует метаболический сдвиг в сторону анаэробного гликолиза. На клеточном уровне это сопровождается дистрофией КМЦ, проявляющейся в снижении ЯЦО и угнетении экспрессии сократительных белков, тогда как на субклеточном уровне наблюдается структурная дезинтеграция, характеризующаяся диссоциацией между гиперплазией митохондриального аппарата и деградацией миофибрилл. В совокупности выявленные изменения свидетельствуют об истощении адаптационных резервов миокарда, определяя необратимость токсического повреждения и переход к декомпенсации сердечной функции.

Заключение

В рамках проведенного исследования выявлены особенности морфогенеза миокарда при экспериментальной кардиомиопатии, индуцированной доксорубицином. Установлены наиболее информативные прогностические показатели, которые могут быть использованы для выявления ранней стадии токсического повреждения миокарда, а также для разработки эффективных кардиопротекторных средств.

Вклад авторов

Е.Ф. – проведение экспериментов, написание статьи; С.М. – редактирование текста статьи, утверждение окончательного её варианта для публикации.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликтов интересов.

Соблюдение этических норм

Все процедуры, выполненные в исследованиях с участием животных, соответствовали этическим стандартам учреждения, в котором проводились исследования, и утвержденным международным правилам.

Список литературы

1. Mattioli R, Ilari A, Colotti B, et al. Doxorubicin and other anthracyclines in cancers: Activity, chemoresistance and its overcoming. *Mol. Aspects Med.* 2023;93:101205. <https://doi.org/10.1016/j.mam.2023.101205>
2. Cardinale D, Iacopo F, Cipolla CM. Cardiotoxicity of Anthracyclines. *Front. Cardiovasc. Med.* 2020;18:7:26. <https://doi.org/10.3389/fcvm.2020.00026>
3. Del-Castillo SL, Decotto S, Fleitas MM, et al. Heart transplantation in patients with anthracycline-induced cardiomyopathy. *Arch. Cardiol. Mex.* 2023;93(4):417-21. <https://doi.org/10.24875/ACM.22000170>
4. Kundnani NR, Passini V, Carlogea IS, et al. Overview of Oncology: Drug-Induced Cardiac Toxicity. *Medicina (Kaunas).* 2025;61(4):709. <https://doi.org/10.3390/medicina61040709>
5. Dadson K, Calvillo-Argüelles O, Thavendiranathan P, Billia F. Anthracycline-induced cardiomyopathy: cellular and molecular mechanisms. *Clinical Science.* 2020;134(13):1859-85. <https://doi.org/10.1042/CS20190653>
6. Qui Y, Jiang P, Huang Y. Anthracycline-induced cardiotoxicity: mechanisms, monitoring, and prevention. *Front. Cardiovasc. Med.* 2023;10:1242596. <https://doi.org/10.3389/fcvm.2023.1242596>
7. Chen Y, Jang W, Cui X, et al. Research Progress on the Mechanism, Monitoring, and Prevention of Cardiac Injury Caused by Antineoplastic Drugs-Anthracyclines. *Biology (Basel).* 2024;13(9):689. <https://doi.org/10.3390/biology13090689>
8. Solomon AD, Dabral S, Brajesh RG, et al. Understanding the Mechanisms of Chemotherapy-Related Cardiotoxicity Employing hiPSC-Derived Cardiomyocyte Models for Drug Screening and the Identification of Genetic and Epigenetic Variants. *Int. J. Mol. Sci.* 2025;26(9):3966. <https://doi.org/10.3390/ijms26093966>
9. Shivakumar P, Usha Rani M, Gopala Reddy A, Anjaneyulu Y. A study on the toxic effects of doxorubicin on the histology of certain organs. *Toxicol. Int.* 2012;19(3):241-44. <https://doi.org/10.4103/0971-6580.103656>
10. Farhad H, Staziaki PV, Addison D, et al. Characterization of the Changes in Cardiac Structure and Function in Mice Treated With Anthracyclines Using serial Cardiac Magnetic Resonance Imaging. *Circ. Cardiovasc. Imaging.* 2016;9(12): e003584. <https://doi.org/10.1161/CIRCIMAGING.115.003584>
11. Swain SM, Whaley FS, Ewer MS. Congestive heart failure in patients treated with doxorubicin: a retrospective analysis of three trials. *Cancer.* 2003;97(11):2869-79. <https://doi.org/10.1002/cncr.11407>
12. Becker MMC, Arruda GFA, Berenguer DRF, et al. Anthracycline cardiotoxicity: current methods of diagnosis and possible role of 18FFDG PET/CT as a new biomarker. *Cardiooncology.* 2023;9:17. <https://doi.org/10.1186/s40959-023-00161-6>
13. Jankajova M, Singh RB, Hristova K, et al. Identification of Pre-Heart Failure in Early Stages: The Role of Six Stages of Heart Failure. *Diagnostics (Basel).* 2024;14(23):2618. <https://doi.org/10.3390/diagnostics14232618>
14. Schwab BC, Seemann G, Lasher RA, et al. Quantitative Analysis of Cardiac Tissue Including Fibroblasts Using Three-Dimensional Confocal Microscopy and Image Reconstruction: Towards a Basis for Electrophysiological Modeling. *IEEE Trans. Med. Imaging.* 2013;32(5):862-72. <https://doi.org/10.1109/TMI.2013.2240693>
15. Kupryte M, Lesauskaite V, Keturakis V, et al. Remodeling of Cardiomyocytes: Study of Morphological Cellular Changes Preceding Symptomatic Ischemic Heart Failure. *Int. J. Mol. Sci.* 2023;24(19):14557. <https://doi.org/10.3390/ijms241914557>
16. Sanchez-Posada J, Derrick CJ, Noel ES. morphoHeart: A quantitative tool for integrated 3D morphometric analyses of heart and ECM during embryonic development. *PLoS Biol.* 2025;23(1):e3002995. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002995>
17. Волков ВП. Морфометрические аспекты морфогенеза нейролептической кардиомиопатии. *Российский кардиологический журнал.* 2012;3:68-73.

18. Сухорукова ЕГ, Бекоева СА, Коржевская ВФ. Диагностический потенциал гистохимических методов, используемых в гистологических исследованиях сердца. Судебно-медицинская экспертиза. 2013;56(4):38-40.
19. Семёник ИА, Новаковская СА. Морфометрические показатели миокарда в динамике развития экспериментальной диабетической кардиомиопатии. Новости медико-биологических наук. 2018;18(2):60-63.
20. Directive 2010/63/EU of the European Parliament and of the Council on the protection of animals used for scientific purposes, 22 September 2010, <https://eur-lex.europa.eu/eli/dir/2010/63/oj/eng>
21. Wu R, Yao P-A, Wang H-L, et al. Effect of fermented *Cordyceps sinensis* on doxorubicin induced cardiotoxicity in rats. Mol. Med. Rep. 2018;18(3):3229-41. <https://doi.org/10.3892/mmr.2018.9310>
22. Лойда З, Госсрай Р, Шиблер Т. Гистохимия ферментов. М.: Мир; 1982.
23. Саркисов ДС, Петров ЮЛ. Микроскопическая техника: руководство для врачей и лаборантов. М.: Медицина; 1996.
24. Positive Pixel Count Algorithm User's Guide. Aperio Technologies: Inc; 2008.
25. Боголепов НН. Методы электронно-микроскопического исследования мозга. М.: Издание Института мозга АМН СССР; 1976.
26. Narikawa M, Umemura M, Tanaka R, et al. Doxorubicin induces trans-differentiation and MMP1 expression in cardiac fibroblasts via cell death-independent pathways. PLoS One. 2019;14(9):1-17. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0221940>
27. Oka T, Akazawa H, Naito AT, Komuro I. Angiogenesis and cardiac hypertrophy: maintenance of cardiac function and causative roles in heart failure. Circ. Res. 2014;114(3):565-71. <https://doi.org/10.1161/CIRCRESAHA.114.300507>
28. Boardman NT, Trani G, Scalabrin M, et al. Intracellular to Interorgan Mitochondrial Communication in Striated Muscle in Health and Disease. Endocr. Rev. 2023;44(4):668-92. <https://doi.org/10.1210/edrv/bnad004>
29. Lopaschuk GD, Karwi QG, Tian R, et al. Cardiac Energy Metabolism in Heart Failure. Circ. Res. 2021;128(10):1487-1513. <https://doi.org/10.1161/CIRCRESAHA.121.318241>
30. Meléndez GS, Vasu S, Lesnefsky EJ, et al. Myocardial Extracellular and Cardiomyocyte Volume Expand after Doxorubicin Treatment Similar to Adjuvant Breast Cancer Therapy. JACC Cardiovasc. Imaging. 2019;13(4):1084-85. <https://doi.org/10.1016/j.jcmg.2019.10.020>
31. Balachandra S, Sarkar S, Amodeo AA. The Nuclear-to-Cytoplasmic Ratio: Coupling DNA Content to Cell Size, Cell Cycle, and Biosynthetic Capacity. Annu. Rev. Genet. 2022;56:165-185. <https://doi.org/10.1146/annurev-genet-080320-030537>

Егеуқұйрық миокардының доxorубин-индуцирленген кардиомиопатиясы кезінде гистоморфометриялық көрсеткіштері

Е.В. Фёдорова*¹, С.В. Маньковская²

^{1,2}Беларусь Ұлттық Ғылым академиясының Физиология институты, Минск, Беларусь

Аңдатпа. Доxorубин тудырған кардиомиопатияның эксперименттік моделінде миокардтың құрылымдық компоненттеріндегі морфологиялық өзгерістер анықталды. Аурудың өршуінің ең ақпараттық маркерлері болды: α -актинин-2 (ACTN2; $\lambda = 0,0051$, $p = 0,005$), жүрек тропонині Т (TNNT2; $\lambda = 0,0085$, $p = 0,008$), сукцинатдегидрогеназа (СДГ; $\lambda = 0,0097$, $p = 0,010$), лактатдегидрогеназа (ЛДГ; $\lambda = 0,0135$, $p = 0,014$) және паренхималық-стромальды қатынас (PCO; $\lambda = 0,0137$, $p = 0,014$). Алынған деректер миокардтың уытты зақымдануының ерте сатыларын анықтауға, сондай-ақ жаңа кардиопротекторлық агенттердің тиімділігін бағалауға қосымша критерий ретінде қызмет етуі мүмкін.

Түйін сөздер: доxorубин тудырған кардиомиопатия, ультрақұрылым, α -актинин-2, жүрек тропонині Т, α -тегіс бұлшықет актині, паренхималық-стромальды қатынас

Myocardial histomorphometry of rat in doxorubicin-induced cardiomyopathy

E.V. Fiodorova*¹, S.V. Mankovskaya²

^{1,2}*Institute of Physiology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Belarus*

Abstract. Morphological changes in the structural components of the myocardium were established in an experimental model of cardiomyopathy induced by doxorubicin. The most informative markers of disease progression were: α -actinin-2 (ACTN2; $\lambda = 0.0051$, $p = 0.005$), cardiac troponin T (TNNT2; $\lambda = 0.0085$, $p = 0.008$), succinate dehydrogenase (SDG; $\lambda = 0.0097$, $p = 0.010$), lactate dehydrogenase (LDG; $\lambda = 0.0135$, $p = 0.014$) and parenchymal-stromal ratio (PSR; $\lambda = 0.0137$, $p = 0.014$).

Keywords: doxorubicin-induced cardiomyopathy, ultrastructure, α -actinin-2, cardiac troponin T, succinate dehydrogenase, lactate dehydrogenase, parenchymal-stromal ratio

References

1. Mattioli R, Ilari A, Colotti B, et al. Doxorubicin and other anthracyclines in cancers: Activity, chemoresistance and its overcoming. *Mol. Aspects Med.* 2023;93:101205. <https://doi.org/10.1016/j.mam.2023.101205>
2. Cardinale D, Iacopo F, Cipolla CM. Cardiotoxicity of Anthracyclines. *Front. Cardiovasc. Med.* 2020;18:7:26. <https://doi.org/10.3389/fcvm.2020.00026>
3. Del-Castillo SL, Decotto S, Fleitas MM, et al. Heart transplantation in patients with anthracycline-induced cardiomyopathy. *Arch. Cardiol. Mex.* 2023;93(4):417-21. <https://doi.org/10.24875/ACM.22000170>
4. Kundnani NR, Passini V, Carlogea IS, et al. Overview of Oncology: Drug-Induced Cardiac Toxicity. *Medicina (Kaunas).* 2025;61(4):709. <https://doi.org/10.3390/medicina61040709>
5. Dadson K, Calvillo-Argüelles O, Thavendiranathan P, Billia F. Anthracycline-induced cardiomyopathy: cellular and molecular mechanisms. *Clinical Science.* 2020;134(13):1859-85. <https://doi.org/10.1042/CS20190653>
6. Qui Y, Jiang P, Huang Y. Anthracycline-induced cardiotoxicity: mechanisms, monitoring, and prevention. *Front. Cardiovasc. Med.* 2023;10:1242596. <https://doi.org/10.3389/fcvm.2023.1242596>
7. Chen Y, Jang W, Cui X, et al. Research Progress on the Mechanism, Monitoring, and Prevention of Cardiac Injury Caused by Antineoplastic Drugs-Anthracyclines. *Biology (Basel).* 2024;13(9):689. <https://doi.org/10.3390/biology13090689>
8. Solomon AD, Dabral S, Brajesh RG, et al. Understanding the Mechanisms of Chemotherapy-Related Cardiotoxicity Employing hiPSC-Derived Cardiomyocyte Models for Drug Screening and the Identification of Genetic and Epigenetic Variants. *Int. J. Mol. Sci.* 2025;26(9):3966. <https://doi.org/10.3390/ijms26093966>
9. Shivakumar P, Usha Rani M, Gopala Reddy A, Anjaneyulu Y. A study on the toxic effects of doxorubicin on the histology of certain organs. *Toxicol. Int.* 2012;19(3):241-44. <https://doi.org/10.4103/0971-6580.103656>
10. Farhad H, Staziaki PV, Addison D, et al. Characterization of the Changes in Cardiac Structure and Function in Mice Treated With Anthracyclines Using serial Cardiac Magnetic Resonance Imaging. *Circ. Cardiovasc. Imaging.* 2016;9(12): e003584. <https://doi.org/10.1161/CIRCIMAGING.115.003584>
11. Swain SM, Whaley FS, Ewer MS. Congestive heart failure in patients treated with doxorubicin: a retrospective analysis of three trials. *Cancer.* 2003;97(11):2869-79. <https://doi.org/10.1002/cncr.11407>
12. Becker MMC, Arruda GFA, Berenguer DRE, et al. Anthracycline cardiotoxicity: current methods of diagnosis and possible role of 18FFDG PET/CT as a new biomarker. *Cardiooncology.* 2023;9:17. <https://doi.org/10.1186/s40959-023-00161-6>
13. Jankajova M, Singh RB, Hristova K, et al. Identification of Pre-Heart Failure in Early Stages: The Role of Six Stages of Heart Failure. *Diagnostics (Basel).* 2024;14(23):2618. <https://doi.org/10.3390/diagnostics14232618>

14. Schwab BC, Seemann G, Lasher RA, et al. Quantitative Analysis of Cardiac Tissue Including Fibroblasts Using Three-Dimensional Confocal Microscopy and Image Reconstruction: Towards a Basis for Electrophysiological Modeling. *IEEE Trans. Med. Imaging.* 2013;32(5):862-72. <https://doi.org/10.1109/TMI.2013.2240693>
15. Kupryte M, Lesauskaite V, Keturakis V, et al. Remodeling of Cardiomyocytes: Study of Morphological Cellular Changes Preceding Symptomatic Ischemic Heart Failure. *Int. J. Mol. Sci.* 2023;24(19):14557. <https://doi.org/10.3390/ijms241914557>
16. Sanchez-Posada J, Derrick CJ, Noel ES. morphoHeart: A quantitative tool for integrated 3D morphometric analyses of heart and ECM during embryonic development. *PLoS Biol.* 2025;23(1):e3002995. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002995>
17. Volkov VP. Morfometricheskie aspekty morfogeneza nejrolepticheskoy kardiomiopatii [Morphometric aspects of neuroleptic cardiomyopathy morphogenesis]. *Rossijskij kardiologicheskij zhurnal [Russian Journal of Cardiology]*. 2012;3:68-73. [in Russian]
18. Sukhorukova EG, Bekoeva SA, Korzhevskaja VF. Diagnosticheskij potentsial gistohimicheskikh metodov, ispol'zuemyh v gistologicheskikh issledovanijah serdtsa [Diagnostic potential of the histochemical methods used in histological studies of the heart]. *Sudebno-meditsinskaja `ekspertiza [Forensic Medical Expertise]*. 2013;56(4):38-40. [in Russian]
19. Siamionik IA, Novakovskaya SA. Morfometricheskie pokazateli miokarda v dinamike razvitija `eksperimental'noj diabeticheskoy kardiomiopatii [Morphometric indicators of myocardium in the dynamics of development of experimental diabetic cardiomyopathy]. *Novosti mediko-biologicheskikh nauk [News of biomedical sciences]*. 2018;18(2):60-63. [in Russian]
20. Directive 2010/63/EU of the European Parliament and of the Council on the protection of animals used for scientific purposes, 22 September 2010, <https://eur-lex.europa.eu/eli/dir/2010/63/oj/eng>
21. Wu R, Yao P-A, Wang H-L, et al. Effect of fermented *Cordyceps sinensis* on doxorubicin induced cardiotoxicity in rats. *Mol. Med. Rep.* 2018;18(3):3229-41. <https://doi.org/10.3892/mmr.2018.9310>
22. Loyda Z, Gosrao P, Schibler T. Gistohimija fermentov [Histochemistry of enzymes]. M.: Mir; 1982. [in Russian]
23. Sarkisov DS, Petrov YL. Mikroskopicheskaja tehnika: rukovodstvo dlja vrachej i laborantov [Microscopic equipment: a guide for doctors and laboratory technicians]. M.: Meditsina [Medicine]; 1996. [in Russian]
24. Positive Pixel Count Algorithm User's Guide. Aperio Technologies: Inc; 2008.
25. Bogolepov NN. Metody `elektronno-mikroskopicheskogo issledovanija mozga [Methods of electron microscopic study of the brain]. M.: Izdanie Instituta mozga AMN SSSR [Publishing House of the Brain Institute of the USSR Academy of Medical Sciences]; 1976. [in Russian]
26. Narikawa M, Umemura M, Tanaka R, et al. Doxorubicin induces trans-differentiation and MMP1 expression in cardiac fibroblasts via cell death-independent pathways. *PLoS One.* 2019;14(9):1-17. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0221940>
27. Oka T, Akazawa H, Naito AT, Komuro I. Angiogenesis and cardiac hypertrophy: maintenance of cardiac function and causative roles in heart failure. *Circ. Res.* 2014;114(3):565-71. <https://doi.org/10.1161/CIRCRESAHA.114.300507>
28. Boardman NT, Trani G, Scalabrin M, et al. Intracellular to Interorgan Mitochondrial Communication in Striated Muscle in Health and Disease. *Endocr. Rev.* 2023;44(4):668-92. <https://doi.org/10.1210/edrv/bnad004>
29. Lopaschuk GD, Karwi QG, Tian R, et al. Cardiac Energy Metabolism in Heart Failure. *Circ. Res.* 2021;128(10):1487-1513. <https://doi.org/10.1161/CIRCRESAHA.121.318241>
30. Meléndez GS, Vasu S, Lesnefsky EJ, et al. Myocardial Extracellular and Cardiomyocyte Volume Expand after Doxorubicin Treatment Similar to Adjuvant Breast Cancer Therapy. *JACC Cardiovasc. Imaging.* 2019;13(4):1084-85. <https://doi.org/10.1016/j.jcmg.2019.10.020>
31. Balachandra S, Sarkar S, Amodeo AA. The Nuclear-to-Cytoplasmic Ratio: Coupling DNA Content to Cell Size, Cell Cycle, and Biosynthetic Capacity. *Annu. Rev. Genet.* 2022;56:165-185. <https://doi.org/10.1146/annurev-genet-080320-030537>

Сведения об авторах:

Фёдорова Екатерина Викторовна – автор для корреспонденции, научный сотрудник Центра морфологических исследований Института физиологии НАН Беларуси, улица Академическая шоссе, 28, 220072, Минск, Беларусь.

Маньковская Светлана Владимировна – кандидат биологических наук, доцент, заместитель директора по научной и инновационной работе, Институт физиологии НАН Беларуси, улица Академическая шоссе, 28, 220072, Минск, Беларусь.

Авторлар туралы мәлімет:

Екатерина Викторовна Федорова – хат-хабар авторы, Физиология институтының Морфологиялық зерттеулер орталығының ғылыми қызметкері, Беларусь Ұлттық ғылым академиясы, 28 Академиялық тас жол, 220072, Минск, Беларусь.

Маньковская Светлана Владимировна – биология ғылымдарының докторы, доцент, Физиология институтының ғылыми-зерттеу және инновация жөніндегі директорының орынбасары, Беларусь Ұлттық ғылым академиясы, 28 Академиялық тас жол, 220072, Минск, Беларусь.

Authors' information:

Fedorova Ekaterina – Corresponding author, Researcher, Center for Morphological Research, Institute of Physiology of NAS of Belarus, 28 Academicheskaya str., 220072, Minsk, Belarus.

Mankovskaya Svetlana – PhD, Associate Professor, Deputy Director for Research and Innovation work, Institute of Physiology of NAS of Belarus, 28 Academicheskaya str., 220072, Minsk, Belarus.

Редакторы: Р.І. Берсімбай

Авторларға арналған нұсқаулықтар,
жарияланым этикасы журнал сайтында енгізілген: <http://bulbio.enu.kz/>

Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің Хабаршысы.
Биологиялық ғылымдар сериясы.
– 1(154)/2026 – Астана: ЕҰУ. – 193 б.
Шартты б.т. 12,1. Таралымы – сұраныс бойынша

Ашық қолданыстағы электронды нұсқа: <http://bulbio.enu.kz>

Мазмұнына типография жауап бермейді

Редакция мекен-жайы: 010008, Қазақстан Республикасы, Астана қ., Сәтбаев көшесі, 2.
Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті
Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің типографиясында басылды