ISSN 1563-0218; eISSN 2617-7498

ӘЛ-ФАРАБИ атындағы ҚАЗАҚ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ

ХАБАРШЫ

Биология сериясы

КАЗАХСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ имени АЛЬ-ФАРАБИ

ВЕСТНИК

Серия биологическая

AL-FARABI KAZAKH NATIONAL UNIVERSITY

EXPERIMENTAL BIOLOGY

№3 (108)

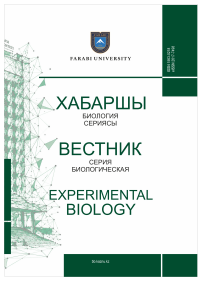
Алматы
“Қазақ университеті”
2026

ISSN 1563-0218; eISSN 2617-7498

KazNU Science • ҚазҰУ Ғылымы • Наука КазНУ

ХАБАРШЫ

БИОЛОГИЯ СЕРИЯСЫ №3 (108) қыркүйек



04.05.2017 ж. Қазақстан Республикасының Ақпарат және коммуникация министрлігінде тіркелген

Куәлік № 16494-Ж

Журнал жылына 4 рет жарыққа шығады
(наурыз, маусым, қыркүйек, желтоқсан)

ЖАУАПТЫ РЕДАКТОР
Шокатаева Д.Х., PhD *(Қазақстан)*
e-mail: bb.kaznu.kz@gmail.com

РЕДАКЦИЯ АЛҚАСЫ:
Төлеуханов С.Т., б.ғ.д., профессор (бас редактор) (*Қазақстан*)
Бекманов Б.О., б.ғ.к., доцент (бас редактордың орынбасары) (*Қазақстан*)
Бисенбаев А.Қ., б.ғ.д., ҚР ҰҒА академигі (*Қазақстан*)
Савицкая И.С., б.ғ.д., профессор (*Қазақстан*)
Кистаубаева А.С., б.ғ.к., доцент (*Қазақстан*)
Конуспаева Г.С., PhD, профессор (*Қазақстан*)
Мухитдинов Н.М., б.ғ.д., профессор (*Қазақстан*)
Нуртазин С.Т., б.ғ.д., профессор (*Қазақстан*)
Туруспеков Е.К., б.ғ.к., профессор (*Қазақстан*)
Берсимбаев Р.И., б.ғ.д., профессор (*Қазақстан*)
Искаков Б.К., б.ғ.д., профессор (*Қазақстан*)
Сарбасов Д., PhD, профессор (*АҚШ*)
Орынбаева З., PhD, профессор (*АҚШ*)
Курмашева Р.Т., PhD (*АҚШ*)
Сапарбаев М., PhD, профессор (*Франция*)
Ищенко А., PhD (*Франция*)
Лось Д., б.ғ.д., профессор (*Ресей*)
Ташев А.Н., профессор (*Болгария*)
Құрманғалиев Е., PhD (*США*)
Ерохин М.М., б.ғ.д. (*Ресей*)
Тоқтарбай Ж., PhD (*Қазақстан*)
Тастамбек Қ.Т., PhD (*Қазақстан*)

ТЕХНИКАЛЫҚ РЕДАКТОР
Смекенов Изат, PhD (*Қазақстан*)

Журнал материалдарында ауқымды биологиялық мәселелері – ғылыми шолу, теориялық және эксперименталдық зерттеулердің нәтижелері қарастырылады.

Мақалалар биологияның келесі бөлімдері бойынша жарияланады: ботаника, биотехнология, биохимия, өсімдіктер физиологиясы, генетика және молекулалық биология, клеткалық биология, биофизика, адам және жануарлар физиологиясы, зоология және ихтиология, цитология және гистология, микробиология және вирусология.

ҚАЗАҚ УНИВЕРСИТЕТІ
БАСПА ҮЙІ

Жоба менеджері
Гульмира Шаккозова
Телефон: +7 701 724 2911
E-mail: Gulmira.Shakkozova@kaznu.kz

ИБ № 18114

Пішімі 60x84/16. Көлемі 00,0 б.т. Тапсырыс № 4419.
Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің
"Қазақ университеті" баспа үйі.
050040, Алматы қаласы, әл-Фараби даңғылы, 71.

Баспа журналдың ішкі мазмұнына жауап бермейді.

© Әл-Фараби атындағы ҚазҰУ, 2026

1-бөлім

БОТАНИКА ЖӘНЕ ӨСІМДІКТЕР ФИЗИОЛОГИЯСЫ

Section 1

BOTANY AND PLANT PHYSIOLOGY

Раздел 1

БОТАНИКА И ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ

ҒТАМР 34.29.35 https://doi.org/10.26577/bb108320261

Б.Ш. Калиев[1,2], Л.А. Димеева[1], К. Усен[1], А.А. Иманалинова[1], Ж.Е. Сагидолдина[3], Ж.С. Нургожанова[4], А.Н. Канапьянова[4], Г. Оразгалийкызы[5], Е.А. Тулегенов[2], О.А. Сағындықов[3*]

[1]Ботаника және фитоинтродукция институты, Алматы, Қазақстан
[2]Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті, Алматы, Қазақстан
[3]Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, Алматы, Қазақстан
[4]Жоңғар Алатауы мемлекеттік ұлттық табиғи паркі, Сарқан, Қазақстан
[5]Алмалы орта мектебі мектепке дейінгі шағын орталығымен, Сарқан, Қазақстан
[*]e-mail: olzhasagyndykov@gmail.com

ЖЕТІСУ АЛАТАУЫНЫҢ СОЛТҮСТІК МАКРОБЕТКЕЙІНДЕГІ СИРЕК КЕЗДЕСЕТІН ЖӘНЕ ЭНДЕМИК ТҮР *TULIPA BRACHYSTEMON* REGEL ПОПУЛЯЦИЯЛАРЫН ЭКОЛОГИЯЛЫҚ-ФИТОЦЕНОЗДЫҚ БАҒАЛАУ

Tulipa brachystemon Regel – Жетісу Алаутауы аумағында таралуы жеткілікті зерттелмеген шектеулі аумақта таралған эндемикалық түр, ал оның фитоценоздық бейімділігі мен мекен ортасының құрылымы жайлы мәліметтер әлі де толық емес. Осыған байланысты Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі қысқааталық қызғалдақ қатысатын өсімдік қауымдастықтарын зерттеу және оның өсімдік жамылғысы құрылымындағы орнын бағалау өзекті.

Зерттеудің мақсаты – Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі *Tulipa brachystemon* қатысатын өсімдік қауымдастықтары жайлы мәліметтерді жинақтау, олардың флоралық құрамының ерекшеліктерін анықтау және түрдің фитоценоздық тәуелділігін бағалау.

Жұмыстың ғылыми маңыздылығы *Tulipa brachystemon* қатысатын өсімдік қауымдастықтарының құрамы мен алуандығы жайлы мәліметтерді жүйелеуден тұрады.

Зерттеу жұмысы 2015-2022 жылдары жүргізілген далалық жұмыстардың материалдарына, гербарий қорларының (AA, LE) деректеріне, iNaturalist және Plantarium электрондық ресурстарының мәліметтеріне, сондай-ақ жарияланған әдеби көздерге негізделген. Қауымдастықтардың құрылымын талдау үшін геоботаникалық сипаттамалар пайдаланылды. Қауымдастықтардың таксономиялық, биоморфологиялық, экологиялық және ареалдық құрылымдары талданды. Қауымдастықтарға тән компоненттерді анықтау үшін түрлердің кездесу жиілігі мен орташа молдығы бағаланды. Қауымдастықтардың флоралық ұқсастығы Серенсен-Чекановский коэффициенті бойынша анықталды, соңынан UPGMA әдісімен кластерлік талдау жүргізілді.

Tulipa brachystemon қатысатын өсімдік қауымдастықтарының қияқөленді-алуаншөпті шырыш, тобылғы қатысатын қызғалдықты-алуаншөп, жекелеген бұталар аралас қызғалдақты-жусанды-бозкілем, бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп, тобылғы аралас қияқөленді-алуаншөп және бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп сынды негізгі топтары анықталып сипатталды. *Tulipa brachystemon* кең фитоценоздық амплитудамен сипатталып, флоралық құрамы әртүрлі қауымдастықтарда кездесетіндігі анықталды. Флоралық ұқсастығын талдау нәтижелері зерттелген түрдің қатысуымен біріктірілген, бірақ ілеспе флорасының түрлік құрамы бойынша ерекшеленетін бірнеше өсімдік қауымдастықтары топтарының бар екендігін көрсетті.

Жұмыстың практикалық құндылығы алынған нәтижелерді *Tulipa brachystemon* табиғи ценопопуляцияларына мониторинг жүргізуде, мекен ортасының жағдайын бағалауда, табиғатты қорғау шараларын әзірлеуде және ерекше қорғалатын табиғи аумақтардың шекараларын нақтылауда қолдану мүмкіндігімен сипатталады.

Түйін сөздер: *Tulipa brachystemon*, Жетісу Алатауы, өсімдік қауымдастықтары, фитоценоздық құрылым, флоралық ұқсастық.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

B. Kaliyev[1,2], L. Dimeyeva[1], K. Ussen[1], A. Imanalinova[1], Zh. Sagidoldina[3],
Zh. Nurgozhanova[4], A. Kanapyanova[4], G. Orazgaliykyzy[5],
Ye. Tulegenov[2], O. Sagyndykov[3*]

[1]Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan
[2]Kazakh National Women's Teacher Training University, Almaty, Kazakhstan
3Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan
[4]Zhongar Alatau State National Nature Park, Sarkan, Kazakhstan
[5]Almaly secondary school with a preschool mini center, Sarkan, Kazakhstan
*e-mail: olzhasagyndykov@gmail.com

Ecological and phytocenotic assessment of populations of the endemic species *Tulipa brachystemon* Regel on the northern macroslope of the Zhetysu Alatau mountains

Tulipa brachystemon Regel is a narrowly distributed endemic whose occurrence within the Zhetysu Alatau mountains remains insufficiently studied, while information on its phytocoenotic affinity and habitat structure is still fragmentary. Therefore, the study of plant communities with the participation of *T. brachystemon* and the assessment of its role within the vegetation cover of the northern macroslope of the Zhetysu Alatau mountains are of considerable relevance.

The aim of this study was to summarize available data on plant communities with the participation of *Tulipa brachystemon* on the northern macroslope of the Zhetysu Alatau mountains, to identify the floristic features of these communities and to assess the phytocoenotic affinity of the species.

The scientific significance of the study lies in the synthesis of all available information on the composition and diversity of plant communities containing *Tulipa brachystemon*.

The study was based on field investigations conducted between 2015 and 2022, herbarium collections (AA, LE), data from the iNaturalist and Plantarium databases, and published literature sources. Geobotanical releves were used to analyse community structure. Taxonomic, biological-morphological, ecological and chorological structures of the communities were examined. Species occurrence frequency and mean abundance were assessed to identify the most characteristic community components. Floristic similarity among communities was evaluated using the Sorensen-Czekanowski coefficient, followed by UPGMA cluster analysis.

The study identified and characterized the main groups of plant communities with the participation of *Tulipa brachystemon*, including sedge-forbEremurus communities, tulip-forb communities with Spiraea, tulip-Artemisia-Sedum communities with sparse shrubs, Fritillaria-forb shrub communities, sedge-forb communities with Spiraea and peony-forb shrub communities. *Tulipa brachystemon* was found to occur in several floristically distinct plant communities and to exhibit a broad phytocoenotic amplitude. Floristic similarity analysis revealed several groups of communities united by the presence of the target species but differing in the composition of associated flora.

The practical value of the study lies in the possibility of applying the obtained results for monitoring natural coenopopulations of *Tulipa brachystemon*, assessing habitat conditions, developing conservation measures, and refining the boundaries of protected areas.

Keywords: *Tulipa brachystemon*, Zhetysu Alatau mountains, plant communities, phytocoenotic structure, floristic similarity.

Б.Ш. Калиев[1, 2], Л.А. Димеева[1], К. Усен[1], А.А. Иманалинова[1], Ж.Е. Сагидолдина[3],
Ж.С. Нургожанова[4], А.Н. Канапьянова[4], Г. Оразгалийкызы[5],
Е.А. Тулегенов[2], О.А. Сағындықов[3*]

[1]Институт ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный женский педагогический университет, Алматы, Казахстан
[3]Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан
[4]Жонгар-Алатауский государственный национальный природный парк, Саркан, Казахстан
[5]Алмалинская средняя школа с дошкольным миницентром, Саркан, Казахстан
*e-mail: olzhasagyndykov@gmail.com

Эколого-фитоценотическая оценка популяций эндемичного вида *Tulipa brachystemon* Regel на северном макросклоне Жетысуского Алатау

Tulipa brachystemon Regel является узколокальным эндемичным видом, распространение которого в пределах Жетысуского Алатау изучено недостаточно, а сведения о его ценотической приуроченности и структуре местообитаний остаются фрагментарными. В связи с этим актуальным является изучение растительных сообществ с участием тюльпана короткотычиночного и оценка его положения в структуре растительного покрова северного макросклона Жетысуского Алатау.

Целью исследования является обобщение данных о растительных сообществах с участием *Tulipa brachystemon* на северном макросклоне Жетысуского Алатау, выявление особенностей их флористического состава и оценка фитоценотической приуроченности данного вида.

Научная значимость работы состоит в обобщении всех имеющихся данных о составе и разнообразии растительных сообществ с участием *Tulipa brachystemon*.

Исследование основано на материалах полевых работ, проведенных в 2015–2022 гг., данных гербарных фондов (AA, LE), сведениях электронных ресурсов iNaturalist и Plantarium, а также опубликованных литературных источниках. Для анализа структуры сообществ использовались геоботанические описания. Проведен анализ таксономической, биоморфологической, экологической и ареалогической структуры сообществ. Для выявления наиболее характерных компонентов сообществ выполнен анализ встречаемости и среднего обилия видов. Флористическое сходство сообществ оценено по коэффициенту Серенсена-Чекановского с последующей кластеризацией методом UPGMA.

Выявлены и описаны основные группы растительных сообществ с участием тюльпана короткотычиночного: осоково-разнотравно-эремурусовые, тюльпаново-разнотравные с участием спиреи, тюльпаново-полынно-очитковые с единичными кустарниками, рябчиково-разнотравные с кустарниками, осоково-разнотравные со спиреей и пионово-разнотравные с кустарниками. Установлено, что *Tulipa brachystemon* встречается в нескольких флористически различающихся сообществах и характеризуется широкой фитоценотической амплитудой. Анализ флористического сходства выявил наличие нескольких групп сообществ, объединенных присутствием исследуемого вида, но различающихся составом сопутствующей флоры.

Практическая ценность работы заключается в возможности использования полученных данных при мониторинге природных ценопопуляций *Tulipa brachystemon*, оценка состояния местообитаний, разработке природоохранных мероприятий и уточнении границ особо охраняемых природных территорий.

Ключевые слова: *Tulipa brachystemon*, Жетысуский Алатау, растительные сообщества, фитоценотическая структура, флористическое сходство.

Кіріспе

Қысқааталық қызғалдақ (*Tulipa brachystemon* Regel, Liliaceae тұқымдасы) – таралу аумағы шектеулі эндемикалық түр. Табиғи ареалының қысқаруы Қазақстанның қызыл кітабына II санаттағы «Сирек кездесетін түр» статусымен (Baitulin, 2014, p. 359), ал Табиғатты қорғаудың халықаралық одағының (The International Union for Conservation of Nature, IUCN) Қызыл тізіміне жойылып кету қаупі төнген түр ретінде енгізілген (Wilson et al., 2022). Одан бөлек *T. brachystemon* қатысатын өсімдік қауымдастықтары Алматы облысының Жасыл кітабына кіріктірілген (Dimeyeva et al., 2023).

Заманауи номенклатуралық тұжырымдамаларда (Plants of the World Online, 2026) *Tulipa brachystemon Tulipa tetraphylla* Regel-дің синонимі ретінде қарастырылғанымен (Christenhusz et al., 2013; Everett, 2013), Zonneveld (2009) ядролық геном мөлшеріндегі айырмашылықтарға сүйене отырып, *Tulipa brachystemon*-ды жеке түр ретінде көрсетеді. Бұл көзқарасты Қазақстанның эндемикалық флорасына арналған қазіргі шолулар да растайды (Kubentayev et al., 2024).

Қысқааталық қызғалдақтың популяциялары солтүстік макробеткейдің орташа таулы белдеуіндегі тасты-қиыршық тасты оңтүстік беткейлерінде, сирек жағдайда солтүстік экспозицияларында таралған. Аз санды популяциялар теңіз деңгейінен 1200-1600 м биіктік диапазонында қара шіріндісі аз және сілтісізденген қара топырақтарда дамитын шалғын қауымдастықтарында тіркелді (Kaliyev et al., 2019).

Оңтүстік макробеткейде теңіз деңгейінен 800-1500 м биіктік аралығында аласа және орташа тау белдеулеріндегі қиыршық тасты топырақтарда, еңістігі 45%-ға дейін жететін көлбеулеу солтүстік, шығыс және батыс беткейлерінде кездеседі (Ivaschenko, 2005, 2014; Veselova et al., 2011; Otradnykh & Syedina, 2023).

2015-2022 жж. далалық материалдар бойынша *T. brachystemon* оңтүстік макробеткейдегі Шолақ (Тайғақ шатқалы), Матай, Дегерес, Қатутау, Түлкілі және Қотырқайың тауларында, Қоғалы және Көксу өзендерінің аңғарларында (Dimeyeva et al., 2016), сондай-ақ Арқарлы және Алтын-Емел асуларында таралған (Dimeyeva & Veselova, 2015). «Алтын-Емел» ұлттық паркі мен оған іргелес жатқан аумақтардағы қысқааталық қызғалдақ қауымдастықтарында дарақтар саны кейде мың данаға дейін жетеді.

Ресей Ботаника институтының гербарий қорында (LE) А.Э. Регельдің Шеңгелді кентінің

маңынан жинақтаған алғашқы гербарий үлгілері сақталған. Қазақстан Республикасы Экология және табиғи ресурстар министрлігі Орман шаруашылығы және жануарлар дүниесі комитеті Ботаника және фитоинтродукция институтының гербарий қорындағы үлгілер (AA) В.П. Голоскоков тарапынан 1951 жылы Түлкілі өзені маңынан, 1959 жылы Шаған тауының етегінен жинақталған. *Tulipa brachystemon*-ң оңтүстік макробеткейдегі таралуы мен экологиялық-фитоценоздық ерекшеліктері жайлы мәліметтер ілгерідегі зерттеулерде берілген (Goloskokov, 1984; Ivaschenko, 2005, 2014).

Tulipa brachystemon-ң аумақтық таралуы жайлы мәліметтердің болуына қарамастан, Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі қысқааталық қызғалдақ қатысатын қауымдастықтардың ерекшеліктері әлі де толық зерттелмеген.

Зерттеудің мақсаты – Солтүстік макробеткейдегі *Tulipa brachystemon* қатысатын өсімдік қауымдастықтарын анықтау, олардың флоралық құрылымын, фитоценоздық тәуелділігі мен флоралық ұқсастық дәрежесін бағалау.

Зерттеу сұрағы *Tulipa brachystemon* белгілі бір өсімдік типімен байланысты ма, әлде флоралық құрамы жағынан ерекшеленетін бірнеше қауымдастықта кездесе ме деген мәселені анықтауға бағытталды.

Зерттеу гипотезасына сәйкес, *Tulipa brachystemon* түрінің фитоценоздық ауқымы кең, флоралық құрамы жағынан ерекшеленетін бірнеше өсімдік қауымдастығына тән. Мұндай қауымдастықтардың құрамында шалғын және орманды-шалғын элементтерінің үлесі елеулі, мезофиттік түрлердің саны басым келеді деп болжанды.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Зерттеу аумағы Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі теңіз деңгейінен 1208 м-ден (Никонов жалы) 1845 м-ге дейінгі (Аттапқан шатқалы) биіктік диапазонындағы «Жоңғар Алатауы» ұлттық паркінің аумағы мен оған іргелес жатқан өңірлерді қамтиды. Зерттеу түрінің 10-нан астам мекен орындары Көкжота тауы (Никонов жалы) мен Сарқан, Үлкен Басқан және Киікбай шатқалдарының шегінде анықталып, картаға түсірілді (1-сурет).

Зерттеу материалдары 2015-2022 жылдары Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейінде жүргізілген *Tulipa brachystemon* қатысатын өсімдік қауымдастықтарының геоботаникалық сипаттамаларын, гербарий коллекцияларының (AA, LE) мәліметтері мен iNaturalist және Plantarium электрондық ресурстарының деректерін, сондай-ақ жарияланған әдебиет көздеріндегі мәліметтерді қамтиды.

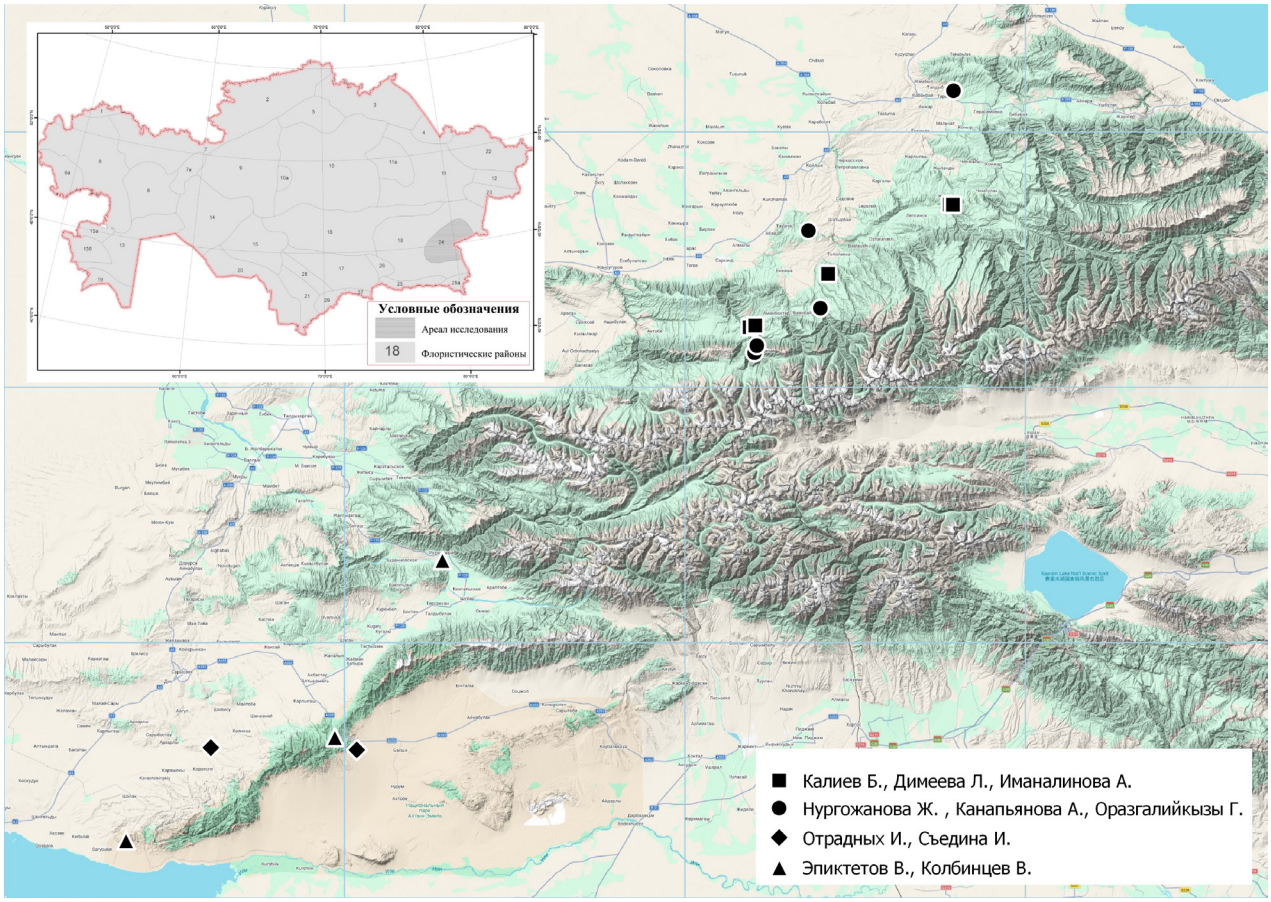
Далалық зерттеулер жалпы қабылданған геоботаникалық әдістер негізінде жүргізілді (Ellenberg & Mueller-Dombois, 1967; Bykov, 1978; Gunin et al., 2020). Аумағы 100-200 м^2 болатын сынақ алаңдарында өсімдік қауымдастықтарына егжей-тегжейлі геоботаникалық сипаттамалар жасалды. Қауымдастықтардың географиялық координаталары мен абсолюттік биіктік көрсеткіштері GPS-навигатор көмегімен анықталды. Өсімдікжабынды сипаттау арнайы геоботаникалық бланкілерде жүргізіліп, онда өсімдік қауымдастықтары жайлы негізгі мәліметтер (географиялық орны, координаталары, жер бедері, топырағы, флоралық құрамы, проективтік жабыны, түрлердің молдығы, шөптесін жікқабатының биіктігі және т.б.) қамтылды.

Материалдарды камералдық өңдеу «Қазақстан флорасы» басылымы бойынша өсімдік түрлерін анықтауды қамтыды (Pavlov, 1956-1966), ал түрлердің номенклатурасы Кью Корольдік ботаникалық бағының POWO дерекқоры негізінде берілді (Plants of the World Online, 2026).

Деректерді талдау әдістері. Өсімдік қауымдастықтарының құрылымын талдау үшін түрлердің кездесу жиілігі мен орташа молдығының көрсеткіштері есептелді. Кездесу жиілігі белгілі бір түр тіркелген геоботаникалық сипаттамалар санының сипаттамалардың жалпы санына (10) қатынасы ретінде анықталып, пайызбен көрсетілді. Мысалы *Artemisia absinthium* 10 геоботаникалық сипаттаманың алтауында тіркелді (60%).

Қауымдастықтың орташа молдығы Друде шкаласы бойынша есептелді (Drude, 1890). Есептеулер жүргізу үшін Друде шкаласының сапалық категориялары шартты балдық мәндерге ауыстырылды: sol = 1, sp = 2, cop1 = 3, cop1-2 = 3,5, cop2 = 4 и cop3 = 5. Орташа молдығы белгілі бір түр тіркелген барлық геоботаникалық сипаттамалардағы балдық мәндердің арифметикалық ортасы ретінде алынды.

1-сурет
Жетісу Алатауындағы Tulipa brachystemon қатысатын өсімдік қауымдастықтарының мекен орындары



$$A = \frac{\sum a}{n}$$

мүндағы *A* – түрдің орташа молдығы, *a* – түр кездесетін әрбір геоботаникалық сипаттамадағы Друде шкаласы бойынша молдық балы, *n* – түр тіркелген геоботаникалық сипаттамалар саны. Мысалы *Artemisia absinthium*

$$A = \frac{2+2+3+2+2+1}{6} = 2{,}00$$

Түрлер кездесу жиілігінің көрсеткіштері бойынша тұрақтылық кластарына бөлінді: I класс – 20%, II – 21-40%, III – 41-60%, IV – 61-80%, V – 80%-дан жоғары (Mueller-Dombois & Ellenberg, 1974).

Қауымдастықтар арасындағы флоралық ұқсастықты бағалау үшін Серенсен-Чекановский коэффициенті қолданылды (Sorensen, 1948).

$$S = \frac{2a}{2a+b+c}$$

мүндағы, *a* – екі сипаттамаға ортақ түрлер саны; *b* – тек бірінші сипаттамада кездесетін түрлер саны; *c* – тек екінші сипаттамада кездесетін түрлер саны. R4-R10 жұбы үшін есептеу мысалы: *a* = 11, *b* = 5, *c* = 4.

$$R4-R10 = \frac{2*11}{2*11+5+4} = \frac{22}{31} = 0{,}709$$

Ұқсастық коэффициенттерінің матрицасы негізінде UPGMA әдісімен кластерлік талдау жүргізілді (Sokal & Michener, 1958). Ұқсастық коэффициенттерін есептеу және дендрограмма құру PAST бағдарламасының 4.01 нұсқасында орындалды (Hammer et al., 2001).

Tulipa brachystemon түрінің мекен орындарының картасы QGIS 3.10. бағдарламасында жасалды (QGIS Development Team, 2024).

Зерттеу нәтижелері және оларды талдау

2019 жылы қысқааталық қызғалдақ қатысатын кейбір өсімдік қауымдастықтарына сипаттама берген болатынбыз (Kaliyev et al., 2019). Осы мақалада аталған түр кездесетін жаңа мекен орындар қарастырылып, қолда бар деректерге жан-жақты талдау жасалады.

Солтүстік макробеткейде *Tulipa brachystemon* қатысатын ерте көктемгі өсімдік қауымдастықтары шашыраңқы, кейде шағын топтар түрінде қияқөленді-алуаншөпті-шырыш, тобылғы аралас қызғалдақты-алуаншөп, қызғалдақты-жусанды-бозкілем, бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп, тобылғы аралас қияқөленді-алуаншөп және бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп қауымдастықтарының құрамында кездеседі (1-кесте).

Қысқааталық қызғалдақ қатысатын қияқөленді-алуаншөпті-шырыш қауымдастықтары Көкжота тауындағы Никонов шатқалында теңіз деңгейінен 1208-1265 м биіктікте, еңістігі 35-40°-қа жететін шығыс экспозицияларында тіркелді. Қауымдастықтардың жалпы проективтік жабыны (ЖПЖ) беткейдің экспозициясына байланысты 70%-дан 80-85%-ға дейін өзгереді. Солтүстік және солтүстік-шығыс экспозицияларында проективтік жабын 85%-ға дейін жетеді. Фитоценоздар құрамында *Eremurus altaicus* (Pall.) Steven және *Carex caucasica* Steven басым. Шөптесін жікқабатында *Artemisia absinthium, Achillea millefolium* L., *Ligularia heterohylla* Rupr., *Ferula ovina* Boiss. және т.б. тіркелді. Сирек кездесетін түрлер (*T. brachystemon, Paeonia anomala* L.) шашыраңқы таралған (2-сурет).

Тобылғы (*Spiraea hypericifolia*) аралас қызғалдақты-алуаншөп қауымдастықтары Үлкен Басқан шатқалының (1352 м т.д.) еңістігі 25-40° болатын шығыс және солтүстік-шығыс беткейлерінде тіркелді. Жалпы проективтік жабын орташа 70%-ды құрайды, ал фитоценоздардың таралған аумағы 25-30 м^2-ден аспайды. *Tulipa brachystemon* аналық тау жыныстары жер бетіне шығып жатқан (5-7%), жарық жақсы түсетін ашық телімдерде дамыған. Қауымдастықтар құрамында *Fragaria viridis* Weston, *Gagea filiformis* (Ledeb.) Kar. & Kir., *Achillea millefolium* және *Hypericum perforatum* L. саны елеулі. Одан бөлек шөптесін қабатын *Pulmonaria mollis* J.F.Wolff ex Hornem., *Lamium album* L., *Cerastium davuricum* Fisch. ex Spreng., *Corydalis ledebouriana* Kar. & Kir., *Urtica dioica* L., *Barbarea vulgaris* W.T.Aiton және т.б. құрайды. Сирек кездесетін түрлерден *Crocus alatavicus* Regel & Semen. өседі (3-сурет).

2-сурет
Қияқөленді-алуаншөпті-шырыш қауымдастығы



3-сурет
Тобылғы аралас қызғалдақты-алуаншөп қауымдастығы



Жекелеген тобылғы аралас қызғалдақты-жусанды-бозкілем қауымдастықтары орташа таулы белдеудің еңістігі 25-35° аралығындағы салыстырмалы құрғақтау оңтүстік беткейлеріне (Крутой асуы, 1605 м т.д.) тән. Ассоциацияның жалпы проективтік жабыны 55-65%-дан аспайды. Фитоценоздардың флоралық құрамында сандық көрсеткіштері бойынша қызғалдақ (*T. brachystemon, T. kolbintsevii* Zonn. (Zonneveld & de Groot, 2012)), жусан (*Artemisia rutifolia* Willd. ex Spreng.) және бозкілем (*Phedimus hybridus* (L.) ‘t Hart, *Sedum alberti* Regel) түрлері басым. Олардан бөлек *Iris bloudowii* Ledeb, *Ferula ovina, Carex caucasica* және т.б. кездеседі. Астықтұқымдастардан *Festuca valesiaca* Schleich. ex Gaudin тіркелді (4-сурет).

1-кесте

Tulipa brachystemon қатысатын қауымдастықтардың геоботаникалық сипаттамасы

Түрлер	Молдығы Друде бойынша									
	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9	R10
	Никонов жалы (Кокжота тауы), 1208 м. Қияқөлеңді-алуаншөпті-шырыш қауым.	Үлкен Баскан шатқалы, 1352 м. Бұталар ара-лас қызғалдақты-алуаншөп қауым.	Сарқан өзені аңғары, 1421 м. Таушымылдық-ты-алуаншөп қауымдастығы	Сарқан шатқалы, 1473 м. Тобылғы ар. таушымылдық-ты-алуаншөп қауымдастығы	Крутой асуы, 1516 м. Бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп қауымдастығы	Сарқан шатқалы, 1557 м. Бұталар ар. сепкілгүлді-алуаншөп қауымдастығы	Крутой асуы, 1560 м. Бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп қауымдастығы	Крутой асуы, 1605 м. Қызғалдақты-жусанды-боз-кілем қауымдастығы	Сарқан шатқалы, 1649 м. Бұталар ар. таушымылдық-ты-алуаншөп қауымдастығы	Аттапқан шатқалы, 1845 м. Бұталар ар. таушымылдық-ты-алуаншөп қауымдастығы
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Бұталар										
*Spiraea hypericifoli*a	-	sol	sol	sol	-	-	-	-	-	-
Rubus idaeus	-	-	-	-	-	sol	-	-	sp	-
Berberis heteropoda	-	-	-	-	-	sp	sp	-	sp	-
Ribes meyeri	-	-	-	-	-	-		-	sol	-
Lonicera tatarica	-	-	-	-	-	sol	sp	-	sp	-
Rosa alberti	-	-	-	-	-	-	-	-	sp	-
Juniperus sabina	-	-	-	-	-	-	-	-	-	sp
Шөптесін өсімдіктер (эфемерлер, эфемероидтар және көпжылдық өсімдіктер)										
*Tulipa brachystemon**	sp	sp	sol	cop1	sol	sp	sol	cop1-2	sol	sol
Tulipa kolbintsevii Zonn.	-	-	-		-	-	-	sp	-	-
*Paeonia anomala**	sol	-	cop3	cop2	-	-	-	-	cop1-2	cop1
Pedicularis physocalyx	-	-	-	cop1	-	-	-	-	-	-
Pedicularis macrochila	-	-	-		-	-	-	-	-	sol

Кестенің жалғасы

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Ligularia heterophylla	-	-	cop2	cop1	-	-	-	-	-	sol
Artemisia absinthium	sp	-	sp	cop1	-	sp	-	sp	-	sol
*Fritillaria pallidiflora**	-	-	-	-	cop1-2	cop1	cop1	-	-	-
Fragaria vesca	-	-	-	sp	-	-	-	-	sp	sp
Fragaria viridis	-	cop1	-	-	-	-	-	-	-	-
Astragalus alatavicus	-	-	-	sp	-	-	-	-	-	sol
Astragalus dasyanthus	sol	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Astragalus lithophilus	-	-	sol	sol	sol	-	-	-	-	-
Alchemilla sibirica	-	-	-	-	-	-	-	-	sp	-
Gagea filiformis	-	sp	-	-	-	-	-	-	-	-
*Adonis tianschanica**	-	-	sol	-	-	-	-	-	-	-
*Crocus alatavicus**	-	sol	-	-	-	-	-	-	-	-
Primula kaufmanniana	-	-	-	-	-	sol	-	-	sol	-
Trollius altaicus	-	-	-	-	-	-	-	-	sol	-
Trollius dschungaricus	-	-	-	-	-	-	-	sol		-
Pulmonaria mollis	-	sol	-	-	-	sol	-	-	sol	-
Hedysarum krylovii	-	-	sol	-	-	-	-	-	-	-

Кестенің жалғасы

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Hedysarum neglectum	-	-	sp	-	sol	-	-	-	-	-
Solidago virgaurea	-	-	sol	sol	-	-	-	-	-	-
Clematis alpina subsp. *sibirica* (L.) Kuntze	-	-	-	-	-	-	sol	-	sp	-
Geranium linearilobum	-	-	sol	-	sol	sol	-	-	-	-
Ranunculus regelianus	-	-	-	-	-	-	-	-	cop1	-
*Lilium martagon**	-	-	-	-	-	-	-	-	sol	-
Viola altaica	-	-	-	-	-	sol	-	-		-
Achillea millefolium	-	sp	-	sol	-	-	-	-	sp	sol
Iris bloudowii	-	-	-	sol	-	sol	-	sol	-	sol
Eremurus altaicus	-	-	sol	-	-	-	-	-	-	-
Stachyopsis marrubioides	-	-	sol	sol	-	-	-	-	-	sol
Euphorbia rapulum	-	-	-	sol	-	-	-	-	-	sol
Euphorbia lamprocarpa	sol	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Polygala hybrida	-	-	-	sol	-	sol	sol	-	-	sol
Eritrichium villosum	-	-	-	sol	-	-	-	-	-	-
Allium SP	cop1-2	-	-	-	-	-	-	sol	-	-
Phedimus hybridus	-	-	-	-	sol	-	-	cop1-2	-	-

Кестенің жалғасы

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	*11*
Pseudosedum affine (Schrenk) A.Berger	-	-	-	-	-	-	-	cop1-2	-	-
*Rhodiola rosea**	-	-	-	-	-	-	-	-	-	sp
Lamium album	-	sol	-	-	-	sol	-	-	sol	-
Cerastium davuricum	-	sol	-	-	-	sol	-	-	-	-
Corydalis ledebouriana	-	sol	-	-	sol	-	-	-	-	-
Carex caucasica	cop1-2	-	-	-	-	-	-	sol	-	-
Urtica dioica	-	sol	-	-	-	sol	-	-	sol	-
Hypericum perforatum	-	sp	-	-	-	-	-	-	-	-
Myosotis suaveolens	-	-	-	-	-	-	sol	-	-	sol
Trifolium pratense	-	-	-	-	-	sol	-	-	sol	-
Taraxacum officinale	-	-	-	-	-	sol	-	-	-	-
Barbarea vulgaris	-	sol	-	-	-	-	-	-	-	-
Lathyrus pisiformis	-	-	-	-	-	-	-	-	sol	-
Dryopteris filix-mas	-	-	-	-	-	-	-	-	sol	-
Heracleum dissectum	-	-	-	-	-	-	sp	-	-	-
Conium maculatum	-	-	-	-	-	-	sp	-	-	-

*Ескерту. * – Қазақстанның қызыл кітабына енетін түрлер (Baitulin, 2014)*

Қысқааталық қызғалдақ қатысатын бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп қауымдастықтары Крутой асуы (1516-1560 м т.д.) мен Сарқан шатқалдарының (1557 м т.д.) еңістігі 40-45° болатын шығыс және оңтүстік-шығыс беткейлерінде тіркелді. Шығыс беткейлерге тән қауымдастықтардың құрамында (ЖПЖ: 80-90%) Қазақстанның қызыл кітабына енетін *Fritillaria pallidiflora* Schrenk ex Fisch. & C.A.Mey басым (cop1-cop2). Аз мөлшерде *Astragalus lithophilus* Kar. & Kir., *Hedysarum neglectum* Ledeb, *Geranium linearilobum* DC., *Phedimus hybridus, Corydalis ledebouriana* және т.б. кездеседі. Оңтүстік-шығыс беткейлерге тән фитоценоздар (ЖПЖ: 75%) бұталар қабатының (*Rubus idaeus* L., *Berberis heteropoda* Schrenk ex Fisch. & C.A.Mey, *Ribes meyeri* Maxim., *Lonicera tatarica* L.) айқын болуымен ерекшеленеді. Шөптесін жікқабатында *Tulipa brachystemon*, *Artemisia absinthium*, *Primula kaufmanniana* Regel, *Pulmonaria mollis*, *Clematis alpina* subsp. *sibirica* (L.) Kuntze, *Geranium linearilobum*, *Viola altaica* Ker Gawl., *Iris bloudowii*, *Polygala comosa* subsp. *comosa*, *Lamium album*, *Cerastium davuricum*, *Urtica dioica*, *Myosotis alpestris* subsp. *suaveolens* (Waldst. & Kit. ex Willd.) Strid, *Trifolium pratense* L., *Taraxacum* sect. *Taraxacum* F.H.Wigg., *Heracleum dissectum* Ledeb., *Conium maculatum* L. және т.б. үлесі елеулі (5-сурет).

Тобылғы аралас қияқөленді-алуаншөп қауымдастықтары өзен аңғарларының еңістігі 40-45° болатын оңтүстік-шығыс беткейлерінің жоғары бөліктерін алып жатыр. Мұндай қауымдастықтар Көксу өзенінің (1625 м т.д.) оң жағалауындағы далаланған шалғындарда тіркелді. Жалпы проективтік жабын 70-80%-ды құрайды. Бұталар жікқабатын *Spiraea hypericifolia, Rosa spinosissima* L. қалыптастырады. Шөптесін қабатында *Dictamnus albus* L., *Fragaria vesca* L., *Potentilla soongorica* Bunge, *Koenigia coriaria* (Grig.) T.M.Schust. & Reveal, *Ligularia macrophylla* (Ledeb.) DC., *Achillea millefolium* және *Phlomoides oreophila* (Kar. & Kir.) Adylov, Kamelin & Makhm. мол таралған; одан бөлек *Thalictrum minus* L., *Vicia cracca* L., *Dracocephalum nutans* L., *Ferula akitschkensis* B.Fedtsch. ex Koso-Pol. және көп жапырақты қияқөлең (*Carex polyphylla* Kar. & Kir.) тіркелді. Сирек кездесетін *Paeonia tenuifolia* L. (*Paeonia hybrida* Pall.) және *Tulipa brachystemon* аз мөлшерде кездеседі (6-сурет).

4-сурет
Жекелеген тобылғы аралас қызғалдақты-жусанды-бозкілем қауымдастығы



5-сурет
Бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп қауымдастығы



Бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп қауымдастықтары Сарқан (1421-1649 м т.д.) және Аттапқан (1845 м т.д.) шатқалдарындағы еңістігі 25-40° болатын шығыс және оңтүстік-шығыс беткейлеріне тән. Сарқан шатқалында тіркелген қауымдастықтардағы ЖПЖ 80-90% аралығында өзгереді. Бұталар қабатын *Spiraea hypericifolia*, сирек жағдайда *Lonicera tatarica, Rosa alberti* Regel, *Berberis heteropoda, Rubus idaeus, Ribes meyeri* және т.б. қалыптастырады. Шөптесін жікқабатында сирек кездесетін *Paeonia anomala* және *T. brachystemon* үлесі мол. Алуаншөптер құрамында *Ligularia heterophylla, Pedicularis physocalyx* Bunge, *Fragaria vesca*, жусандардан *Artemisia absinthium* жиі кездеседі. Одан бөлек астрагал (*Astragalus alatavicus* Kar. & Kir., *A. lithophilus*), тиынтақ (*Hedysarum krylovii*

Sumnev., *H. neglectum*) түрлері таралған. Аз мөлшерде сирек кездесетін *Adonis tianschanica* (Adolf) Lipsch., сондай-ақ *Solidago virgaurea* L., *Achillea millefolium, Iris bloudowii*, *Eremurus altaicus, Eriophyton marrubioides* (Regel) Ryding және т.б. кездеседі. Аттапқан шатқалында сипатталған қауымдастықтардың проективтік жабыны 80%-ды құрайды. Бұталар қабаты *Juniperus sabina* L.-дан тұрады. Шөптесін жіккабатында сирек кездесетін түрлерден *Rhodiola rosea* L., *Paeonia anomala* және *Tulipa brachystemon* басым. Аз мөлшерде *Euphorbia rapulum* Kar. & Kir., *Pedicularis macrochila* Vved., *Polygala comosa* subsp. *comosa, Myosotis alpestris* subsp. *suaveolens* және т.б. тіркелді (7-сурет).

6-сурет
Тобылғы аралас қияқөленді-алуаншөп қауымдастығы



7-сурет
Бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп қауымдастығы



Tulipa brachystemon қатысатын қауымдастықтардың флорасына жүргізілген таксономиялық талдау нәтижелері 32 тұқымдас пен 62 туысқа жататын 74 түрдің бар екенін көрсетті. Түрлер саны бойынша жетекші орындарды Fabaceae (8 түр; 10,8%), Rosaceae (8 түр; 10,8%), Asteraceae (6 түр; 8,1%), Ranunculaceae (6 түр; 8,1%), Liliaceae (5 түр; 6,8%) және Lamiaceae (4 түр, 5,4%) тұқымдастары алады. Осы алты тұқымдас қауымдастықтар флорасының 50%-ын (37 түр) құрайды. Келесі орындарда әрқайсысы 3 түрден тұратын Apiaceae (4,1%), Boraginaceae (4,1%) және Crassulaceae (4,1%) тұқымдастары орналасқан. Одан әрі түрлер санының кему ретімен Cyperaceae, Paeoniaceae, Orobanchaceae, Iridaceae және Euphorbiaceae (әрқайсысы 2 түрден, жиынтық үлесі 13,5%) тұқымдастары келеді. Қалған тұқымдастар әрқайсысы бір түрден (жиынтығы 18 түр; 24,3%) ұсынылған.

Түрлердің кездесу жиілігін талдау зерттелген қауымдастықтардың ең тұрақты компоненттері *Artemisia absinthium*, *Paeonia anomala*, *Achillea millefolium*, *Iris bloudowii* және *Polygala hybrida* екендігін көрсетті (2-кесте, 8-сурет). Бұл түрлер *T. brachystemon* мекен орталарының флоралық ядросын құрайды. Ілеспе түрлер кешенінің құрылымында тұрақтылықтың IV класына жататын түрлер анықталған жоқ.

2-кесте мен 8-сурет деректеріне сәйкес жекелеген түрлердің жоғары молдығы мен қауымдастықтардағы кең таралуы әрқашан қатар жүрмейді. Мысалы *Paeonia anomala* мен *Fritillaria pallidiflora* түрлерінің орташа молдығы тиісінше 3,30 және 3,17 балды құрайды, ал кездесу жиілігі 50 және 30%-бен шектеледі. Бұл түрлер жекелеген фитоценоздарда елеулі үлес алғанымен, *T. brachystemon* мекен орталарының барлығында міндетті түрде кездесетін компоненттер саналмайды. Аралық позицияны *Artemisia absinthium* иеленеді, оның салыстырмалы түрде жоғары кезесу жиілігі (60%) орташа молдық (2,00) көрсеткішімен үштасады. Бұл ащы жусанды ілеспе түрлердің қатарына жатқызуға мүмкіндік береді. *Achillea millefolium*, *Iris bloudowii* және *Polygala hybrida* түрлерінің кездесу жиілігі 40%-дан аспайды әрі молдығы төмен. Соған қарамастан бұл түрлер қауымдастықтардың тұрақты флоралық негізін қалыптастырып, флоралық алуандықтың сақталуына ықпал ететін маңызды компоненттер саналады.

2-кесте

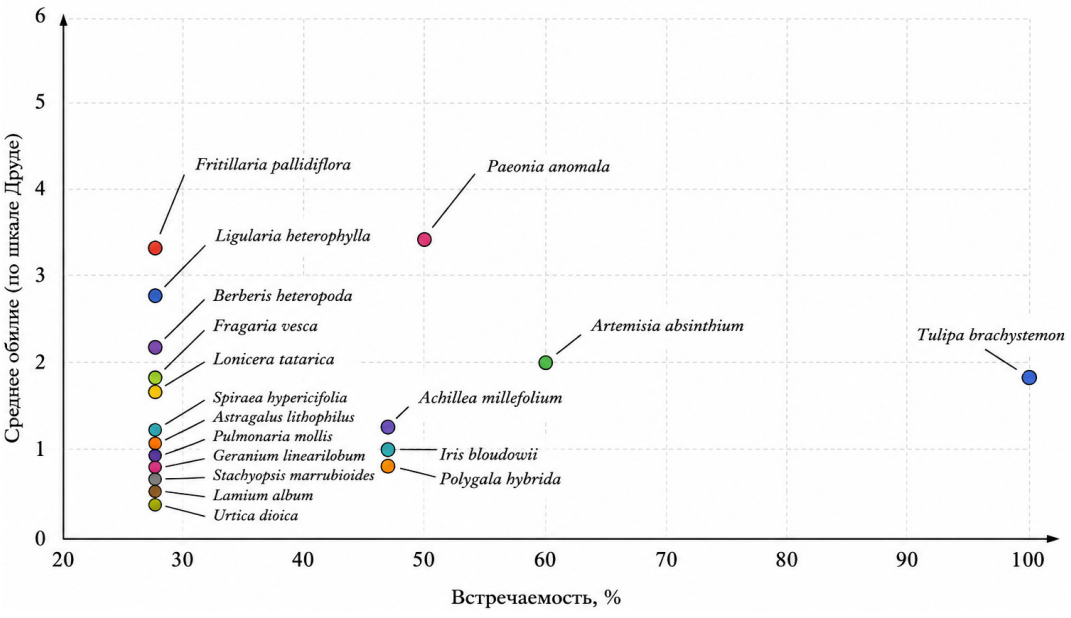
Tulipa brachystemon қатысатын қауымдастықтардағы ілеспе түрлердің кездесу жиілігі мен молдығы

Түр	Кездесу жиілігі, (%)	Орташа молдығы, (Друде б-ша балл)	Класс константности
Tulipa brachystemon	100	1.75	V
Artemisia absinthium	60	2.00	III
Paeonia anomala	50	3.30	III
Achillea millefolium	40	1.50	II
Iris bloudowii	40	1.00	II
Polygala hybrida	40	1.00	II
Fritillaria pallidiflora	30	3.17	II
Ligularia heterophylla	30	2.67	II
Berberis heteropoda	30	2.00	II
Fragaria vesca	30	2.00	II
Lonicera tatarica	30	1.67	II
Spiraea hypericifolia	30	1.00	II
Astragalus lithophilus	30	1.00	II
Pulmonaria mollis	30	1.00	II
Geranium linearilobum	30	1.00	II
Stachyopsis marrubioides	30	1.00	II
Lamium album	30	1.00	II
Urtica dioica	30	1.00	II

Ескерту. Кестеге кездесу жиілігі ≥ 30% болатын түрлер енгізілген. Тұрақтылық кластары: V – тұрақты түрлер (>80%), IV – жиі кездесетін түрлер (61-80%), III – әдеттегі түрлер (41-60%), II – сирек кездесетін түрлер (21-40%), I – кездейсоқ түрлер (<20%).

8-сурет

T. brachystemon қатысатын қауымдастықтардағы түрлердің кездесу жиілігі мен орташа молдығының арақатынасы



Өсімдіктердің тіршілік формаларын талдау нәтижелері (Raunkiaer, 1934) түрлердің басым көпшілігі гемикриптофиттерге (47 түр; 63,5%) жататындығын көрсетті. Қауымдастықтар құрамында геофиттер (13 түр; 17,6%) мен фанерофиттердің (8 түр; 10,8%) үлестері елеулі. Флоралық құрамдағы ең аз үлесті хамефиттер (3 түр; 4,0%) мен терофиттер (3 түр; 4,0%) құрайды.

Экологиялық топтар бойынша мезофиттердің үлесі (53 түр; 71,6%) басым, оның ішінде психромезофиттер 4,0%-ды құрайтын болса, сциомезофит (*Clematis alpina* subsp. *sibirica*) пен криомезофиттердің (*Rhodiola rosea*) үлесіне бір түрден келеді. Келесі позицияда ксеромезофиттер (10 түр; 13,5%) мен петроксеромезофиттер (*Juniperus sabina*) орналасқан. Фитоценоздар құрылымының 10,8%-ын (8 түр) мезоксерофиттер мен петромезоксерофиттер құрайды. Ең аз үлес мезопсихрофиттер (*Trollius altaicus, Hedysarum neglectum*; 2,7%) мен ксерофиттерге (*Euphorbia rapulum*, 1,3%) тиесілі. Өсімдіктердің экологиялық топтар бойынша таралуы *Tulipa brachystemon* қатысатын қауымдастықтардың шалғын мекен орындарына тән екендігін көрсетеді.

Флораның географиялық элементтері жалпы қабылданған классификация негізінде жіктелді (Goloskokov, 1984). *Tulipa brachystemon* қатысатын қауымдастықтарда кездесетін түрлердің ареалдарын талдау палеарктикалық географиялық элементтердің (18 түр; 24,3%) басым екендігін көрсетті. Түрлер саны бойынша келесі орындарды Жетісу-Памир-Алай (8 түр, 10,8%), голарктикалық (6 түр; 8,1%) және Алтай-таулы Ортаазиялық (6 түр; 8,1%) элементтері алады. Үлестері елеулі топтарға таулы Ортаазиялық (5 түр; 6,7%) және таулы Сібір-таулы Ортаазиялық (5 түр; 6,7%) элементтері жатады. Алтай-Тянь-Шань, Алтай-Орталық Қазақстан-Тянь-Шань, таулы Сібір-Иран және таулы Сібір-Тянь-Шань элементтерінің әрқайсысы 3 түрден тұрады, жиынтық үлесі анықталған флора түрлерінің жалпы санының 16,2%-ын құрайды. Жетісу-Тянь-Шань элементінен (2 түр; 2,7%) басқа барлық ботаникалық-географиялық элементтер (Паннон-Қазақстан, Жетісу-Тарбағатай, Алтай-Иран, Жетісу-таулы Сібір, Жетісу--Иран және т.б.) флораның 10,8%-ын құрайды. Оның үстіне *Tulipa brachystemon*, *T. kolbintsevii* және *Eriophyton marrubioides (*бұрынғы атауы *Stachyopsis marrubioides)* Жетісу Алатауының эндемиктері саналады. Осылайша қысқааталық қызғалдақтың ценофлорасы ареалдардың 21 типін қамтиды.

Қауымдастықтардың флоралық ұқсастығын талдау (Серенсен-Чекановский бойынша) нәтижесінде коэффициент мәндерінің 0,071-0,709 аралығында өзгеретіндігі анықталды. Бұл деректер фитоценоздардың құрамының әртектілігін растайды (3-кесте).

3-кесте

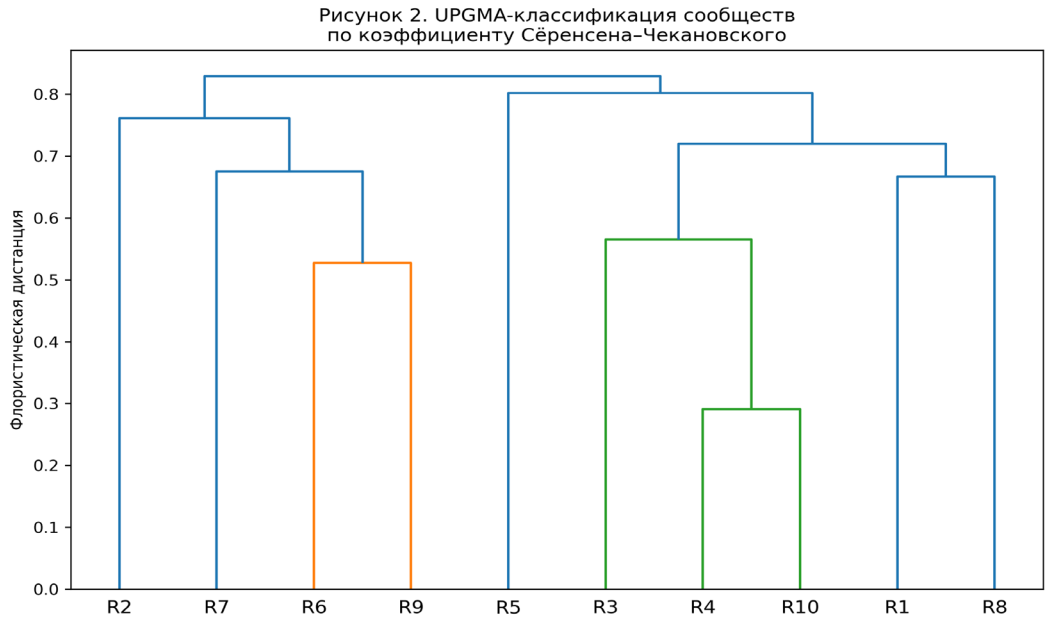
T. brachystemon қатысатын қауымдастықтардың флоралық ұқсастығының матрицасы

	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8	R9	R10
R1	1	0,111	0,352	0,285	0,166	0,181	0,142	0,333	0,153	0,3
R2	0,1111	1	0,08	0,206	0,2	0,333	0,090	0,1	0,294	0,142
R3	0,3529	0,08	1	0,5	0,421	0,206	0,095	0,210	0,121	0,370
R4	0,2857	0,206	0,5	1	0,173	0,242	0,16	0,260	0,216	0,709
R5	0,1666	0,2	0,421	0,173	1	0,25	0,25	0,142	0,071	0,090
R6	0,1818	0,333	0,206	0,242	0,25	1	0,384	0,25	0,473	0,25
R7	0,1428	0,090	0,095	0,16	0,25	0,384	1	0,125	0,266	0,25
R8	0,3333	0,1	0,210	0,260	0,142	0,25	0,125	1	0,071	0,272
R9	0,1538	0,294	0,121	0,216	0,071	0,473	0,266	0,071	1	0,222
R10	0,3	0,142	0,370	0,709	0,090	0,25	0,25	0,272	0,222	1

3-кестенің деректеріне сәйкес флоралық ұқсастықтың ең жоғары деңгейі (0,709) R4 (Сарқан, 1473 м, тобылғы аралас таушымылдықты-алуаншөп) пен R10 (Аттапқан, 1845 м, бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп) қауымдастықтарының арасында байқалды. Ұқсастық коэффициентінің орташа мәндері R3 (Сарқан, 1421 м, таушымылдықты-алуаншөп) пен R4 арасында – 0,500; R6 (Сарқан, 1557 м, бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп) мен R9 (Сарқан, 1649 м, бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп) арасында 0,473 болды. Коэффициенттің ең төменгі мәндері (0,071) R5 (Крутой асуы, 1516 м, бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп) пен R9, сондай-ақ R8 (Крутой асуы, 1605 м, қызғалдақты-жусанды-бозкілем) бен R9 арасында тіркелді. Бұл көрсеткіштер зерттелген қауымдастықтардың ілеспе флорасының құрамында біршама айырмашылықтардың бар екенін көрсетеді.

UPGMA жіктемесі негізінде қауымдастықтардың таушымылдықты-алуаншөп, сепкілгүлді-алуаншөп және қияқөленді-алуаншөпті-шырыш/қызғалдақты-жусанды-бозкілем сынды үш негізгі кластері ажыратылды (9-сурет).

9-сурет
T. brachystemon қатысатын өсімдік қауымдастықтарының UPGMA бойынша жіктелуі



9-суретке сәйкес бірінші кластерді таушымылдықты-алуаншөп қауымдастықтары (R4, R10 және R3) құрайды. Олардың флоралық қашықтықтың ең төменгі деңгейінде бірігуі түрлік құрамының біркелкілігін және мекен орталарының экологиялық жағдайлары ұқсас екендігін көрсетеді. Бұл топқа бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп қауымдастығы (R5) жақын орналасқан. Демек бірінші кластерді мезофиттер айқын басым келетін алуаншөптер қауымдастықтары қалыптастырады.

Екінші кластерді бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп қауымдастықтары (R6, R7) мен бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп (R9) қауымдастығы құрайды. Бұл олардың орташа таулы белдеудегі экологиялық жағдайларының ұқсастығын көрсетеді.

Үшінші дербес кластерді қияқөленді-алуаншөпті-шырыш (R1) және қызғалдақты-жусанды-бозкілем (R8) қауымдастықтары қалыптастырады. Доминант түрлерінің алуандығына қарамастан, бұл қауымдастықтар ілеспе түрлер құрамының ұқсастығымен сипатталады.

Бұталар аралас қызғалдақты-алуаншөп қауымдастығы (R2) оқшау орналасуымен және басқа қауымдастықтардың түрлік құрамымен ұқсастық деңгейі төмен болуымен ерекшеленеді.

Жалпы алғанда дендрограмма флоралық құрамы бойынша ерекшеленетін қауымдастықтардың бірнеше тобын айқындады. Алынған

нәтижелер қысқааталық қызғалдақтың Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі фитоценоздық ауқымының кең екендігін растайды.

Қорытынды

Жетісу Алатауында жүргізілген далалық зерттеулердің материалдарын, гербарий қорларын (AA, LE), iNaturalist және Plantarium электрондық ресурстарын және әдеби деректерді талдау нәтижесінде қысқааталық қызғалдақ қатысатын жалпы 24 өсімдік қауымдастығы анықталды. Олардың 16 мекен орны солтүстік макробеткейге тиесілі, соның ішінде 7 қауымдастық «Жоңғар Алатауы» МҰТП аумағында орналасқан. Оңтүстік макробеткейдегі «Алтын Емел» мемлекеттік ұлттық табиғи паркінде *Tulipa brachystemon* қатысатын бір ғана қауымдастық тіркелді, ал қалған 7 қауымдастық ерекше қорғалатын аумақтан тыс жерде жатыр.

Солтүстік макробеткейде *Tulipa brachystemon* қатысатын немесе басымдық ететін қауымдастықтардың жалпы проективтік жабыны 60-90% аралығында өзгереді. Қауымдастықтардың алып жатқан аумағы орташа 10-нан 25-30 м^2-ге дейін артады, жекелеген жағдайларда 50 м^2-ге жетеді. 10 м^2 аумақтағы дарақтар саны орташа 7,2 дананы құрайды. Дарақтарының биіктігі 9-35 см аралығында ауытқиды. Қауымдастықтардың биоморфологиялық құрамында бұталардың 8 түрі, жатаған жартылай бұташықтардың 3 түрі, көпжылдық шөптесіндердің 47 түрі, біржылдық өсімдіктердің 3 түрі және эфемероидтардың 13 түрі тіркелді. Қауымдастықтар құрамында Қазақстанның қызыл кітабына енетін *Tulipa brachystemon*, *Paeonia anomala*, *Fritillaria pallidiflora*, *Adonis tianschanica*, *Crocus alatavicus*, *Lilium martagon* және *Rhodiola rosea*. кездеседі.

Tulipa brachystemon қатысатын қауымдастықтар Солтүстік макробеткейдің тасты-қиыршық тасты оңтүстік және оңтүстік-шығыс беткейлеріндегі қарашіріндісі аз және сілтісізденген қара топырақтарда дамитын шалғын қауымдастықтарының құрамында тіркелді. Ұлттық парктер аумағындағы фитоценоздардың жағдайы тұрақты, алайда ерекше қорғалатын аумақтардан тыс орналасқан қауымдастықтар антропогендік факторлардың әсеріне тәуелді.

Жүргізілген зерттеу Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі *Tulipa brachystemon* қауымдастықтарының ауқымы кең деген түжырымды растады. Түрлік құрамы әртүрлі қауымдастықтардың (қияқөленді-алуаншөпті-шырыш, тобылғы аралас қызғалдақты-алуаншөп, қызғалдақты-жусанды-бозкілем, бұталар аралас сепкілгүлді-алуаншөп, тобылғы аралас қияқөленді-алуаншөп және бұталар аралас таушымылдықты-алуаншөп) құрамында кездесетіндігі анықталды. Флоралық ұқсастықты талдау (Серенсен-Чекановский коэффициенті – 0,071-0,709) және кластерлеу (UPGMA әдісі) нәтижелері қауымдастықтардың флоралық түрғыдан әртекті екендігін көрсетті.

Түрлік құрамының алуандығына қарамастан зерттелген қауымдастықтардың экологиялық құрылымы мезофиттердің тұрақты басымдығымен (71,6%) сипатталады, ал экологиялық-фитоценоздық спектрде шалғын және орманды шалғын элементтерінің үлесі елеулі. Бұл *Tulipa brachystemon* мекен орталарының экологиялық бір тұтастылығы флоралық құрамының ұқсастығымен емес, олардың аласа және орташа таулы белдеулердегі салыстырмалы түрде ылғалды мекен орталарға тән болуымен анықталатындығын көрсетеді.

Демек *Tulipa brachystemon* мекен ортасының экологиялық жағдайы ұқсас, бірақ флоралық құрамы жағынан ерекшеленетін бірнеше өсімдік қауымдастығының құрамында өсетін экологиялық бейімділігі жоғары түр. Алынған нәтижелер түрдің фитоценоздық тәуелділігі туралы қазіргі ғылыми түсініктерді кеңейтеді және табиғи ценопопуляцияларды мониторингтеу, мекен орталарының жағдайын бағалау, сондай-ақ Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі сирек кездесетін түрлерді сақтау шараларын әзірлеу үшін ғылыми негіз бола алады.

Авторлардың үлесі

Б.Ш. Калиев: мақаланың бастапқы нұсқасын жазу, геоботаникалық талдау жүргізу; Л.А. Димеева: нәтижелерді тексеру, тұжырымдама жасау; К. Усен: әдістеме әзірлеу, тұжырымдама жасау; А.А. Иманалинова: деректер қорымен жұмыстар жүргізу; Ж.Е. Сагидолдина: мәтінді редакциялау және толықтыру; Ж.С. Нургожанова: мақаланың бастапқы нұсқасын жазу; А.Н. Канапьянова: зерттеу жүргізу; Г. Оразгалийкызы: зерттеу жүргізу; Е.А. Тулегенов: өңдеу жұмыстарын жүргізу; О.А. Сағындықов: зерттеу жүргізу, өсімдік түрін анықтау.

References

Baitulin, I. O. (Ed.). (2014). *Red Data Book of Kazakhstan* (2nd ed., Vol. 2: Plants). ArtPrint XXI.

Bykov, B. A. (1978). *Geobotanika* [Geobotany]. Nauka.

Christenhusz, M. J. M., Govaerts, R., David, J. C., Hall, T., Borland, K., Roberts, P. S., Tuomisto, A., Buerki, S., Chase, M. W., & Fay, M. F. (2013). Tiptoe through the tulips: Cultural history, molecular phylogenetics and classification of *Tulipa* (Liliaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society, 172*(3), 280–328. https://doi.org/10.1111/boj.12061

Dimeyeva, L. A., Kurmantaeva, A. A., Permitina, V. N., Ussen, K., Kerdyashkin, A. V., Islamgulova, A. F., Govorukhina, S. A., Imanalinova, A. A., Dubynin, A. V., Lysenko, V. V., & Kaliyev, B. Sh. (2023). *Zelenaya kniga Almatinskoy oblasti: Redkie i nuzhdayushchiesya v okhrane rastitel'nye soobshchestva* [Green Book of Almaty Region: Rare and protected plant communities]. Luxe Media Publishing.

Dimeyeva, L. A., & Veselova, P. V. (2015). Identification of important plant areas in Kazakhstan. In *Proceedings of the 7th Planta Europa Conference: Plants for People, People for Plants* (pp. 52–57). Horizon Research Publishing.

Dimeyeva, L., Sitpayeva, G., Ussen, K., Orlovsky, L., Ablaikhanov, E., Islamgulova, A., Zhang, Y.-M., Zhang, J., & Suleimenova, N. (2016). Meadow vegetation of the Zhetysu Alatau Mountains. *Applied Ecology and Environmental Research, 14*(4), 375–398. https://doi.org/10.15666/aeer/1404_375398

Drude, O. (1890). *Handbuch der Pflanzengeographie*. J. Engelhorn.

Ellenberg, H., & Mueller-Dombois, D. (1967). *Tentative physiognomic-ecological classification of plant formations of the Earth* (Report SC/WS/269). UNESCO.

Everett, D. (2013). *The genus Tulipa: Tulips of the world*. Kew Publishing.

Goloskokov, V. P. (1984). *Flora Dzhungarskogo Alatau* [Flora of the Dzungarian Alatau]. Nauka.

Gunin, P. D., Bazha, S. N., Miklyaeva, I. M., Karimova, T. Y., Petukhov, I. A., Andreev, A. A., Bogdanov, E. A., & Tsyrempilov, E. G. (2020). Practice of geobotanical indication of forest growth conditions in the steppe and wooded steppe ecotone in Central Mongolia. *Journal of Ecological Engineering, 21*(2), 10–21. https://doi.org/10.12911/22998993/116340

Hammer, Ø., Harper, D. A. T., & Ryan, P. D. (2001). PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica, 4*(1), 1–9.

Ivaschenko, A. A. (2005). *Tyul'pany i drugie lukovichnye rasteniya Kazakhstana* [Tulips and other bulbous plants of Kazakhstan]. Dve Stolitsy.

Ivaschenko, A. A. (2014). Ekologo-fitotsenoticheskie osobennosti dikorastushchikh tyul'panov Kazakhstana [Ecological and phytocoenotic features of wild tulips of Kazakhstan]. *Vestnik KazNU. Ecological Series, 42*(3), 157–165.

Kaliyev, B. Sh., Sitpayeva, G. T., Imanalinova, A. A., & Dimeyeva, L. A. (2019). Kharakteristika rannevesennikh rastitel'nykh soobshchestv s uchastiem redkikh vidov v Zhongar-Alatauskom natsional'nom parke [Characteristics of early spring plant communities with participation of rare species in Zhongar-Alatau National Park]. *Experimental Biology, 80*(3), 12–25. https://doi.org/10.26577/eb-2019-3-b2

Kubentayev, S. A., Alibekov, D. T., Perezhogin, Y. V., Lazkov, G. A., Kupriyanov, A. N., Ebel, A. L., Izbastina, K. S., Borodulina, O. V., & Kubentayeva, B. B. (2024). Revised checklist of endemic vascular plants of Kazakhstan. *PhytoKeys, 238*, 241–279. https://doi.org/10.3897/phytokeys.238.114475

Mueller-Dombois, D., & Ellenberg, H. (1974). *Aims and methods of vegetation ecology*. John Wiley & Sons.

Otradnykh, I. G., & Syedina, I. A. (2023). Sovremennoe sostoyanie populyatsii redkogo vida *Tulipa brachystemon* Regel v zapadnykh otrogakh Dzhungarskogo Alatau (gory Matay) [Current state of the rare species *Tulipa brachystemon* Regel population in the western spurs of the Dzungarian Alatau (Matay Mountains)]. *Problemy Botaniki Yuzhnoy Sibiri i Mongolii, 22*(1), 259–262. https://doi.org/10.14258/pbssm.2023050

Pavlov, N. V. (Ed.). (1956–1966). *Flora Kazakhstana* [Flora of Kazakhstan] (Vols. 1–9). Academy of Sciences of the Kazakh SSR.

Plants of the World Online. (2026). *Plants of the World Online (POWO)*. Royal Botanic Gardens, Kew. Retrieved March 4, 2026, from https://powo.science.kew.org

QGIS Development Team. (2024). *QGIS geographic information system*. Open Source Geospatial Foundation. https://qgis.org

Raunkiaer, C. (1934). *The life forms of plants and statistical plant geography: Being the collected papers of C. Raunkiaer*. Clarendon Press.

Sokal, R. R., & Michener, C. D. (1958). A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin, 38*, 1409–1438.

Sorensen, T. (1948). A method of establishing groups of equal amplitude in plant sociology based on similarity of species content. *Biologiske Skrifter, 5*, 1–34.

Veselova, P. V., Sitpayeva, G. T., Kudabayeva, G. M., Nurtazin, S. T., Illarionova, I. D., & Mukhtubayeva, S. K. (2011). Redkie vidy flory Ile-Balkhashskogo regiona [Rare plant species of the Ile-Balkhash region]. *Vestnik KazNU. Biological Series, 52*(6), 52–54.

Wilson, B., Sultangaziev, O. E., Epiktetov, V., Ivaschenko, A., Shalpykov, K., Usupbaev, A., Lazkov, G., Ganybaeva, M., & Dolotbakov, A. (2022). *Tulipa brachystemon*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2022*, e.T215067865A215067929. https://doi.org/10.2305/IUCN.UK.2022-2.RLTS.T215067865A215067929.en

Zonneveld, B. J. M. (2009). The systematic value of nuclear genome size for all species of *Tulipa* L. (Liliaceae). *Plant Systematics and Evolution, 281*, 217–245. https://doi.org/10.1007/s00606-009-0203-7

Zonneveld, B. J. M., & de Groot, J. J. (2012). *Tulipa kolbintsevii* Zonn., a new species from eastern Kazakhstan. *Plant Systematics and Evolution, 298*, 1293–1296. https://doi.org/10.1007/s00606-012-0635-3

Авторлар туралы мәлімет:

Калиев Бедел Шамилович – PhD, геоботаника зертханасының КҒҚ, Ботаника және фитоинтродукция институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: bedelkaliyev@gmail.com).

Димеева Лилия Аминовна – б.ғ.д., геоботаника зертханасының меңгерушісі, Ботаника және фитоинтродукция институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: lad.geobotany@gmail.com).

Үсен Қапар – б.ғ.к., геоботаника зертханасының ЖҒҚ, Ботаника және фитоинтродукция институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: ussen.kapar@mail.ru).

Иманалинова Ажар Аскаровна – геоботаника зертханасының ҒҚ, Ботаника және фитоинтродукция институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: azhar.imanalinova@gmail.com).

Сагидолдина Жанар Ермековна – PhD, «Топырақтану, агрохимия және экология» кафедрасының меңгерушісі, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті (Алматы, Казахстан, e-mail: sagidoldina79@mail.ru).

Нургожанова Жанар Сабитовна – Ғылым бөлімнің басшысы, Жоңғар Алатауы МҰТП (Сарқан ауданы, Жетісу облысы, Қазақстан, e-mail: zhanar.sabitovna@bk.ru).

Канапьянова Асем Нургалиқызы – Ғылым бөлімнің АҒҚ, Жоңғар Алатауы МҰТП (Сарқан ауданы, Жетісу облысы, Қазақстан, e-mail: a.kanapyanova@bk.ru).

Оразгалийқызы Гүлнар – Педагог-сарапшы, «Алмалы орта мектебі мектепке дейінгі шағын орталығымен» КММ (Сарқан ауданы, Жетісу облысы, Қазақстан, e-mail: gulnar_94o@mail.ru).

Тулегенов Ердаулет Аскарбекович – PhD, «География» кафедрасының меңгерушісі, Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті (Алматы, Қазақстан, e-mail: tulegenov.e@qyzpu.edu.kz).

Сағындықов Олжас Айбекұлы – «Экология-8D05204» білім беру бағдарламасының докторанты, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті (Алматы, Қазақстан, e-mail: olzhasagyndykov@gmail.com).

Information about the authors:

Kaliyev Bedel – PhD, Junior Researcher, Laboratory of Geobotany, Institute of Botany and Phytointroduction (Almaty, Kazakhstan, e-mail: bedelkaliyev@gmail.com).

Dimeyeva Liliya – Doctor of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Geobotany, Institute of Botany and Phytointroduction (Almaty, Kazakhstan, e-mail: lad.geobotany@gmail.com).

Ussen Kapar – Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher, Laboratory of Geobotany, Institute of Botany and Phytointroduction (Almaty, Kazakhstan, e-mail: ussen.kapar@mail.ru).

Imanalinova Azhar – Scientific Researcher, Laboratory of Geobotany, Institute of Botany and Phytointroduction (Almaty, Kazakhstan, e-mail: azhar.imanalinova@gmail.com).

Sagidoldina Zhanar – PhD, Head of the Department of Soil Science, Agrochemistry and Ecology, Kazakh National Agrarian Research University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: sagidoldina79@mail.ru).

Nurgozhanova Zhanar Sabitovna – Head of the Science Department, Zhongar Alatau State National Nature Park (Sarkan, Zhetysu Region, Kazakhstan, e-mail: zhanar.sabitovna@bk.ru).

Kanapyanova Assem Nurgalikyzy – Senior researcher of the Science Department, Zhongar Alatau State National Nature Park (Sarkan, Zhetysu Region, Kazakhstan, e-mail: a.kanapyanova@bk.ru).

Orazgaliykyzy Gulnar – Teacher-expert, Municipal State Institution "Almaly secondary school with a preschool mini center" (Sarkan, Zhetysu Region, Kazakhstan, e-mail: gulnar_94o@mail.ru).

Tulegenov Yerdaulet – PhD, Head of the Department of Geography, Kazakh National Women's Teacher Training University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: tulegenov.e@qyzpu.edu.kz).

Sagyndykov Olzhas – PhD student of the Educational Program "Ecology-8D05204", Kazakh National Agrarian Research University (Almaty, Republic of Kazakhstan, e-mail: olzhasagyndykov@gmail.com).

Сведения об авторах:

Калиев Бедел Шамилович – PhD, МНС лаборатории геоботаники, Институт ботаники и фитоинтродукции (Алматы, Казахстан, e-mail: bedelkaliyev@gmail.com).

Димеева Лилия Аминовна – д. б. н., заведующая лабораторией геоботаники, Институт ботаники и фитоинтродукции (Алматы, Казахстан, e-mail: lad.geobotany@gmail.com).

Үсен Қапар – к. б. н., ВНС лаборатории геоботаники, Институт ботаники и фитоинтродукции (Алматы, Казахстан, e-mail: ussen.kapar@mail.ru).

Иманалинова Ажар Аскаровна – НС лаборатории геоботаники, Институт ботаники и фитоинтродукции (Алматы, Казахстан, e-mail: azhar.imanalinova@gmail.com).

Сагидолдина Жанар Ермековна – PhD, заведующая кафедрой почвоведения, агрохимии и экологии, Казахский национальный аграрный исследовательский университет (Алматы, Казахстан, e-mail: sagidoldina79@mail.ru).

Нургожанова Жанар Сабитовна – руководитель отдела науки, Жонгар-Алатауский ГНПП (Сарканский район, область Жетысу, Казахстан, e-mail: zhanar.sabitovna@bk.ru).

Канапьянова Асем Нургаликызы – СНС отдела науки, Жонгар-Алатауский ГНПП (Сарканский район, область Жетысу, Казахстан, e-mail: a.kanapyanova@bk.ru).

Оразгалийкызы Гулнар – педагог-эксперт, КГУ «Алмалинская средняя школа с дошкольным миницентром» (Сарканский район, область Жетысу, Казахстан, e-mail: gulnar_94o@mail.ru).

Тулегенов Ердаулет Аскарбекович – PhD, заведующий кафедрой географии, Казахский национальный женский педагогический университет (Алматы, Казахстан, e-mail: tulegenov.e@qyzpu.edu.kz).

Сағындықов Олжас Айбекұлы – докторант образовательной программы «Экология – 8D05204», Казахский национальный аграрный исследовательский университет (Алматы, Казахстан, e-mail: olzhasagyndykov@gmail.com).

Келіп түсті: 13 желтоқсан 2025 жыл
Қайта жүктелді: 10 наурыз 2026 жыл
Қабылданды: 15 қыркүйек 2026 жыл

IRSTI 34.35.31 https://doi.org/10.26577/bb108320262

K.Zh. Adilova[1,2*], T.S. Ibragimov[2], Zh. Koilybayev[3], A.E. Kusniyeva[1], N.B. Milissova[1]

[1,2]Kazakh National Medical University named after S.D. Asfendiyarov, Almaty, Kazakhstan
[2]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
[3]Kazakh National Women's Teacher Training University Almaty, Kazakhstan
*e-mail: kulvira75@mail.ru

PHYTOCHEMICAL STUDY AND ELEMENTAL COMPOSITION OF *BRYONIA MELANOCARPA* NABIEV FROM THE FLORA OF KAZAKHSTAN

In the context of increasing interest in the study of medicinal plants of Kazakhstan's flora, special attention is given to species that remain poorly explored in terms of their chemical composition and pharmacognostic value. One such plant is Bryonia melanocarpa, which is considered a potential source of biologically active compounds. The aim of this study was to investigate the phytochemical and elemental composition of the aerial part of B. melanocarpa growing in the natural conditions of Kazakhstan to assess its raw material and therapeutic potential.

The study included an evaluation of the raw material's physicochemical parameters (moisture content – 9.39%, ash content – 7.50%, extract yield – 1.1087 g), spectral analysis of macro- and microelements, as well as chromatographic identification of organic compounds in the ultrasonic extract. The presence of physiologically important elements (K, Ca, Mg, Fe) and biologically active substances such as β-sitosterol, vitamin E, stigmastan-3,5-diene, and alkanes with a high degree of identification was established. The results confirm the pharmacognostic value of B. melanocarpa and substantiate its potential for further research as a promising source of natural compounds for phytotherapy.

Key words: *Bryonia melanocarpa*, phytochemical analysis, elemental composition, chromatography, biologically active compounds, medicinal plant, phytotherapy.

К.Ж. Адилова[1,2*], Т.С. Ибрагимов[2], Ж. Койлыбаев[3], А.Е. Кусниева[1], Н.Б. Милисова[1]

[1,2]Асфендияров атындағы Қазақ Медициналық Университеті, Алматы, Қазақстан
[2]Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
[3]Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті, Алматы, Қазақстан
*e-mail: kulvira75@mail.ru

Қазақстан флорасындағы *Bryonia melanocarpa* nabiev өсімдігіне жүргізілген фитохимиялық зерттеу және элементтік құрамы

Қазақстан флорасындағы дәрілік өсімдіктерді зерттеуге деген қызығушылықтың артуына байланысты, химиялық құрамы мен фармакогностикалық құндылығы жеткілікті зерттелмеген түрлерге ерекше назар аударылуда. Солардың бірі – биологиялық белсенді қасиеттерге ие болуы мүмкін *Bryonia melanocarpa* өсімдігі. Зерттеудің мақсаты – Қазақстанның табиғи жағдайында өсетін *B. melanocarpa* өсімдігінің жер үсті бөлігінің фитохимиялық және элементтік құрамын анықтап, оның шикізаттық және емдік әлеуетін бағалау. Жұмыс барысында өсімдік шикізатының физика-химиялық көрсеткіштері (ылғалдылығы – 9,39 %, күл мөлшері – 7,50 %, экстракт шығымы – 1,1087 г), макро- және микроэлементтердің спектрлік талдауы, сондай-ақ ультрадыбыстық экстракттағы органикалық қосылыстардың хроматографиялық идентификациясы жүргізілді. Зерттеу нәтижесінде физиологиялық маңызды элементтер (K, Ca, Mg, Fe) мен биологиялық белсенді заттар – β-ситостерол, Е дәрумені, stigmastan-3,5-diene және жоғары сәйкестікпен анықталған алкандардың бар екені анықталды. Алынған нәтижелер *B. melanocarpa* өсімдігінің фармакогностикалық құндылығын дәлелдейді және оны фитотерапияда қолдануға арналған табиғи қосылыстардың перспективті көзі ретінде әрі қарай зерттеудің маңыздылығын көрсетеді.

Түйін сөздер: *Bryonia melanocarpa*, фитохимиялық талдау, элементтік құрам, хроматография, биологиялық белсенді заттар, дәрілік өсімдік, фитотерапия.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

К.Ж. Адилова[1, 2*], Т.С. Ибрагимов[2], Ж. Койлыбаев[3],
А.Е. Кусниева[1], Н.Б. Милисова[1]

[1]Казахский национальный медицинский университет имени С.Д. Асфендиярова, Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[3]Казахский национальный женский педагогический университет, Алматы, Казахстан
*e-mail: kulvira75@mail.ru

Фитохимическое исследование и элементный состав *Bryonia Melanocarpa* nabiev из флоры Казахстана

В условиях растущего интереса к изучению лекарственных растений флоры Казахстана особое внимание уделяется видам, недостаточно исследованным с точки зрения химического состава и фармакогностической ценности. Одним из таких растений является Bryonia melanocarpa, потенциально обладающее биологически активными свойствами. Целью настоящего исследования являлось установление фитохимического и элементного состава надземной части B. melanocarpa, произрастающей в природных условиях Казахстана, для оценки её сырьевого и терапевтического потенциала. В ходе работы определены физико-химические показатели растительного сырья (влажность – 9,39 %, зольность – 7,50 %, выход экстракта – 1,1087 г), проведён спектральный анализ макро- и микроэлементов, а также выполнена хроматографическая идентификация органических соединений в ультразвуковом экстракте. Установлено наличие физиологически значимых элементов (K, Ca, Mg, Fe) и биологически активных веществ, включая β-ситостерол, витамин E, stigmastan-3,5-diene и алканы с высокой степенью идентификации. Полученные результаты подтверждают фармакогностическую ценность B. melanocarpa и указывают на целесообразность её дальнейшего изучения как перспективного источника природных соединений для фитотерапии.

Ключевые слова: *Bryonia melanocarpa*, фитохимический анализ, элементный состав, хроматография, биологически активные вещества, лекарственное растение, фитотерапия.

Introduction

Since ancient times, humanity has turned to plants for medicinal purposes to meet its healthcare needs (Assefa et al., 2010). Today, approximately 80% of the world's population still relies on traditional herbal medicine, which is based on local knowledge, cultural traditions, and the use of medicinal plants growing in the surrounding environment (Belhouala et al., 2021).Some plant families possess high medicinal activity, are widely distributed, and exhibit significant species diversity – one such family is the Cucurbitaceae. This family includes nearly 100 genera, primarily found in tropical and subtropical regions (Kocyan et al., 2007). Among these genera, the genus Bryonia holds particular importance as a group of medicinal plants (Tutin,1964). *Bryonia* is one of the smallest genera within the Cucurbitaceae family (Suresh Kumar S. K. et al.,2008). It comprises 10 recognized species (*B. cretica* L., *B. multiflora* Boiss. & Heldr., *B. monoica* Aitch. & Hemsl., *B. aspera* Steven ex Ledeb., *B. alba* L., *B. lappifolia* Vassilcz., *B. melanocarpa* Nabiev, *B. syriaca* Boiss., *B. verrucosa* Aiton, and *B. flexuosa* Yıld.) and 3 recognized subspecies (*B. dioica* Jacq., *B. marmorata* (E. Petit) Jauzein, and *B. acuta* Desf.), which include both dioecious and monoecious forms (http://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:30074180-2).

Moreover, all species of *Bryonia* are of Irano-Turanian origin and have successfully adapted to many regions of the Mediterranean (Volz & Renner, 2009). *Bryonia* was well known in ancient times for its medicinal properties. In fact, various diseases have traditionally been treated using *Bryonia* species, including infectious diseases, tissue inflammation, coughs, flu, lung diseases, cancer, hemorrhoids, diabetes, peritonitis, jaundice, typhoid, bone pain, as well as nervous and cardiac disorders (Benarba et al., 2024).

This wide range of therapeutic applications and medicinal properties of the genus can be attributed to the presence of noteworthy phytochemical constituents such as polyphenols, flavonoids, triterpenoid glycosides, sterols, saponins, and alkaloids (Ilhan et al.,2019).

Of particular interest is Bryonia melanocarpa, a perennial plant that is a rare, narrow endemic species of the southeastern Kyzylkum Desert. It is listed in the Red Data Book of Uzbekistan under category 3. The stems are thin, long, climbing, and cling to supports with the help of tendrils. The surface of the stems may be rough or nearly smooth. Bifid (forked) tendrils, a characteristic feature of Indian and some Asian species of the genus, are also observed in *B.*

melanocarpa. The leaves are alternate, on long petioles, with a palmately divided blade, most commonly having five lobes or angles. Leaf surfaces range from slightly pubescent to nearly glabrous, with toothed or slightly wavy margins.

The flowers are unisexual, small, yellowish-green, and grouped in axillary inflorescences. In dioecious plants, male and female flowers develop on separate individuals. In *B. melanocarpa*, the flowers are located in the leaf axils on short pedicels. The calyx is broadly bell-shaped with five teeth. The corolla is five-lobed and fused at the base. There are three stamens, located at the base of the calyx tube. Of the three anthers, two are bilocular and one is unilocular; the anther sacs are curved or S-shaped.

The fruit is a spherical, black, indehiscent berry. The seeds are oblong or ovoid, flattened, with a smooth or slightly rough surface (Rus et al.,2015).

The morphological characteristics of Bryonia melanocarpa – such as the black color of its berries, the structure of its stamens, and the shape of its seeds – distinguish this species from other members of the genus and make it easily identifiable in natural conditions (Benarba & Belhouala, 2024). It grows on stabilized sandy dunes and ridges, typically in shrublands dominated by white saxaul (Haloxylon persicum) and Calligonum species. The plant occurs rarely and sporadically, forming small populations of only a few dozen individuals. It is poisonous and not consumed by livestock.

The main threat to this species is the degradation of desert ecosystems caused by overgrazing and the cutting of saxaul and Calligonum for fuel (Tojibaev et al., 2021).

Thus, an in-depth study of the morphological, anatomical, chemical, and pharmacological characteristics of Bryonia melanocarpa represents a relevant and promising area of scientific research aimed at expanding the raw material base of medicinal plants and developing new phytotherapeutic agents. Despite its limited distribution range, this plant possesses high biological potential due to its rich chemical composition and content of physiologically active compounds. However, current data on the morphological structure, elemental composition, and pharmacological significance of *B. melanocarpa* remain extremely limited, underscoring the relevance and scientific importance of further research on this species.

Materials and methods

Plant Material and Species Identification

The aerial parts of *Bryonia melanocarpa* Nabiev were used as the study material. Plant material was collected during the active vegetation period in 2025 in the Kyzylkum Desert, Turkestan Region, Kazakhstan (42.197774° N, 67.792683° E) (Figure 1).

Figure 1
Flowering plant of Bryonia melanocarpa in the Kyzylkum Desert



Species identification was performed at the Department of Biodiversity and Bioresources, Al-Farabi Kazakh National University. Identification was based on diagnostic morphological characteristics using relevant taxonomic keys and comparison with herbarium specimens.

After collection, the plant material was dried in the shade at room temperature, mechanically crushed, and stored in paper bags under dry conditions until further analysis. The prepared material was subsequently used for the determination of physicochemical parameters, mineral composition, and phytochemical composition.

Determination of Moisture Content

Moisture content was determined gravimetrically as the mass loss of the plant material after drying to constant weight. This parameter represents the loss of hygroscopic moisture and other volatile substances under the specified drying conditions.

Approximately 1.0 g of pre-dried and powdered plant material was accurately weighed into a previously dried and weighed weighing bottle (büx). The sample was dried in a drying oven at 100–105 °C and repeatedly weighed until a constant mass was obtained.

The moisture content was calculated according to the following equation:

$$X = \frac{(M - M_1)}{M} * 100$$

where M is the mass of the initial plant material (g), and M_1 is the mass of the plant material after drying to constant weight (g) (Antonova et al., 2017).

Determination of Total Ash Content

Approximately 3.0 g of the powdered plant material was accurately weighed and evenly distributed in a previously ignited and weighed porcelain crucible. The sample was initially heated gradually on a hot plate to promote slow charring and removal of volatile components while minimizing the risk of sample loss.

Following preliminary charring, the crucible was transferred to a muffle furnace for further ashing. The sample was heated at approximately 500 °C until a constant mass was obtained. When incomplete combustion of the organic material was observed, the residue was cooled, moistened with distilled water or a saturated ammonium nitrate solution, evaporated on a water bath, and re-ignited. This procedure was repeated when necessary until complete ashing was achieved.

After ashing, the crucible was cooled in a desiccator and weighed. The total ash content was calculated on a dry-mass basis according to the following equation:

$$X = \frac{m * 100 * 100}{M_1 * (100 - W)}$$

where m is the mass of the plant sample (g), M_1 is the mass of the ash residue (g), and W is the percentage mass loss during drying (%) (Grigoryevna, 2017).

Determination of Mineral Element Composition

For elemental analysis, 5.0 g of accurately weighed powdered plant material was placed in a previously ignited and weighed porcelain, quartz, or platinum crucible. The sample was distributed evenly over the bottom of the crucible and gradually heated on a hot plate to ensure controlled charring and evaporation of volatile components.

The partially charred material was subsequently transferred to a muffle furnace for complete ashing. In cases where the ash contained incompletely combusted organic residues, the sample was cooled, moistened with distilled water or a saturated ammonium nitrate solution, evaporated on a water bath, and re-ignited. Ashing was continued at approximately 500 °C until a constant mass was obtained.

The resulting ash was subsequently calcined at 600 °C until a homogeneous grey residue was obtained. The crucible was then cooled in a desiccator before further analysis.

A control experiment was performed simultaneously using a solution containing the same acid concentration as that used for sample preparation.

Elemental composition was determined using the ASSIN atomic emission spectrometric system (Carl Zeiss, Germany). Approximately 300 mg of the ash residue was introduced into a direct-current arc, and the resulting emission spectra were recorded in the 2100–3600 Å wavelength range using a DFS-13 spectrograph with a reciprocal linear dispersion of 1 Å/mm. The analytical sensitivity ranged from 10^{-2} to 10^{-5}.

The accuracy of the analytical measurements was controlled using the certified copper sludge reference material SHM-M in accordance with TSO 2962-84 and TSO 2964-84 (Vdovenko-Martynova & Zhilina, 2019).

Preparation of Plant Extracts by Ultrasonic-Assisted Extraction

Ultrasonic-assisted extraction (UAE) was used to obtain extracts from the powdered aerial parts of *B. melanocarpa*. Ultrasonic treatment facilitates mass transfer by disrupting the diffusion boundary layer and enhancing penetration of the extraction solvent into plant tissues, thereby promoting the release of biologically active compounds.

Briefly, 5.0 g of powdered plant material was transferred into a 200-mL flask, and 40 mL of 70% (v/v) ethanol was added at a plant material-to-solvent ratio of 1:8 (w/v). The suspension was subjected to ultrasonic treatment three times for 1 h per cycle using a KQ5200B ultrasonic bath operating at a frequency of 40 kHz.

Following extraction, the combined extract was filtered through filter paper and concentrated to dryness using an EYELA N-1300 rotary evaporator at 50 °C (Popova & Potoroko, 2018).

GC–MS Analysis of Organic Compounds

The chemical composition of the ethanol extract was determined by gas chromatography coupled with mass spectrometry (GC–MS) using an Agilent 7890A gas chromatograph coupled to a 5975C mass selective detector (Agilent Technologies, USA).

A 0.5-µL aliquot of the extract was injected at an injector temperature of 280 °C in splitless mode. Chromatographic separation was performed using a DB-35MS capillary column (30 m × 0.25 mm i.d.; film thickness, 0.25 µm). Helium was used as the carrier gas at a constant flow rate of 1.0 mL/min.

The oven temperature was initially set at 60 °C and then increased to 280 °C at a rate of 5 °C/min, with a final hold time of 15 min. The initial temperature was not held (0 min).

Mass spectra were acquired in SCAN mode over an *m/z* range of 34–750. Instrument control, data acquisition, and chromatographic data processing were performed using Agilent MSD ChemStation software (version 1701EA).

The obtained chromatograms were evaluated based on retention times and peak areas. Individual compounds were tentatively identified by comparison of their mass spectra with reference spectra in the Wiley 11th Edition and NIST'02 mass spectral libraries. The libraries contained more than 550,000 reference spectra. Compound identification was based on the degree of spectral similarity between the experimental and library spectra (Maksotovna, 2023).

Results and discussion

A comprehensive analysis of the qualitative and chemical composition of the plant material *B. melanocarpa* was conducted during the study. At the first stage, the main physicochemical parameters of the plant material were determined, and its suitability for storage and processing was evaluated. The obtained qualitative characteristics are presented below (Table 1).

Table 1
Results of Authenticity Analysis of Plant Material

Name of Parameter	Quantitative Results
Moisture Content	9.39 %
Ash Content	7.50 %
Extract	1.1087 г

Physicochemical Characteristics of the Plant Material

The main physicochemical characteristics of the aerial parts of *B. melanocarpa* are presented in Table 1. The moisture content of the dried plant material was 9.39%, while the ash content was 7.50%. These parameters characterize the physicochemical state of the investigated plant material and provide baseline information for its further analytical processing.

The extraction of 5 g of dry plant material with 70% ethanol yielded 1.1087 g of dry extract, corresponding to an extraction yield of 22.17%. The obtained yield indicates that a measurable proportion of the plant material was extracted under the applied ultrasonic extraction conditions.

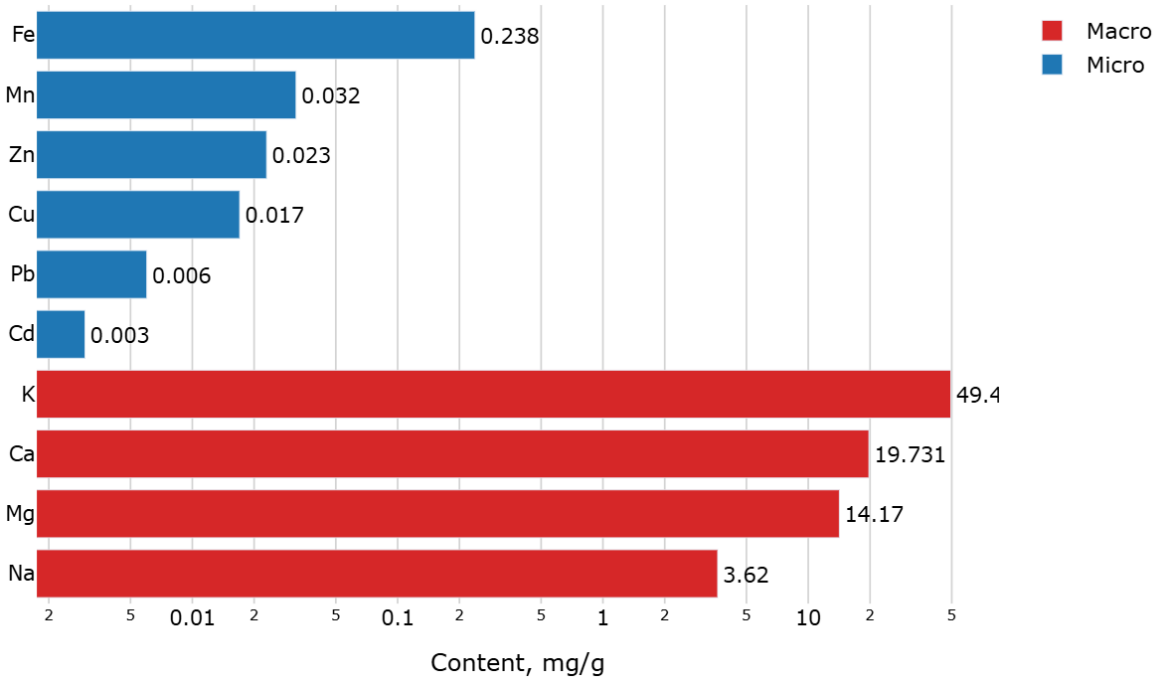
However, these values should be interpreted as characteristics of the investigated sample and extraction procedure rather than as evidence of compliance with pharmacopoeial requirements, since specific quality limits for *B. melanocarpa* were not established or cited in the present study.

Elemental Composition

The elemental composition of *B. melanocarpa* was determined after mineralization/ashing of the plant material. The concentrations of the detected elements are presented in Figure 2.

Figure 2

Content of Macro- and Microelements in the Ultrasonic Extract of B. melanocarpa (mg/g) Macrolements, Microelements



Note: Ni was not detected (0.000 mg/g).

Among the analyzed macroelements, potassium showed the highest concentration (49.476 mg/g), followed by calcium (19.731 mg/g), magnesium (14.170 mg/g), and sodium (3.620 mg/g). Among the investigated trace elements, iron had the highest concentration (0.238 mg/g), followed by manganese (0.032 mg/g), zinc (0.023 mg/g), copper (0.017 mg/g), lead (0.006 mg/g), and cadmium (0.003 mg/g). Nickel was not detected under the applied analytical conditions.

The obtained data characterize the elemental composition of the investigated plant material. The presence of potassium, calcium, magnesium, and iron indicates that these elements constitute measurable mineral components of the aerial parts of *B. melanocarpa*. However, elemental composition alone does not provide evidence of a specific physiological or therapeutic effect of the plant, and therefore the detected concentrations should be considered primarily as compositional characteristics.

In addition to the mineral composition, chromatographic analysis was performed to characterize the organic constituents of the B. melanocarpa extract. The identified compounds and their relative contents are presented in Table 2, while the corresponding GC–MS chromatogram is shown in Figure 3.

Table 2

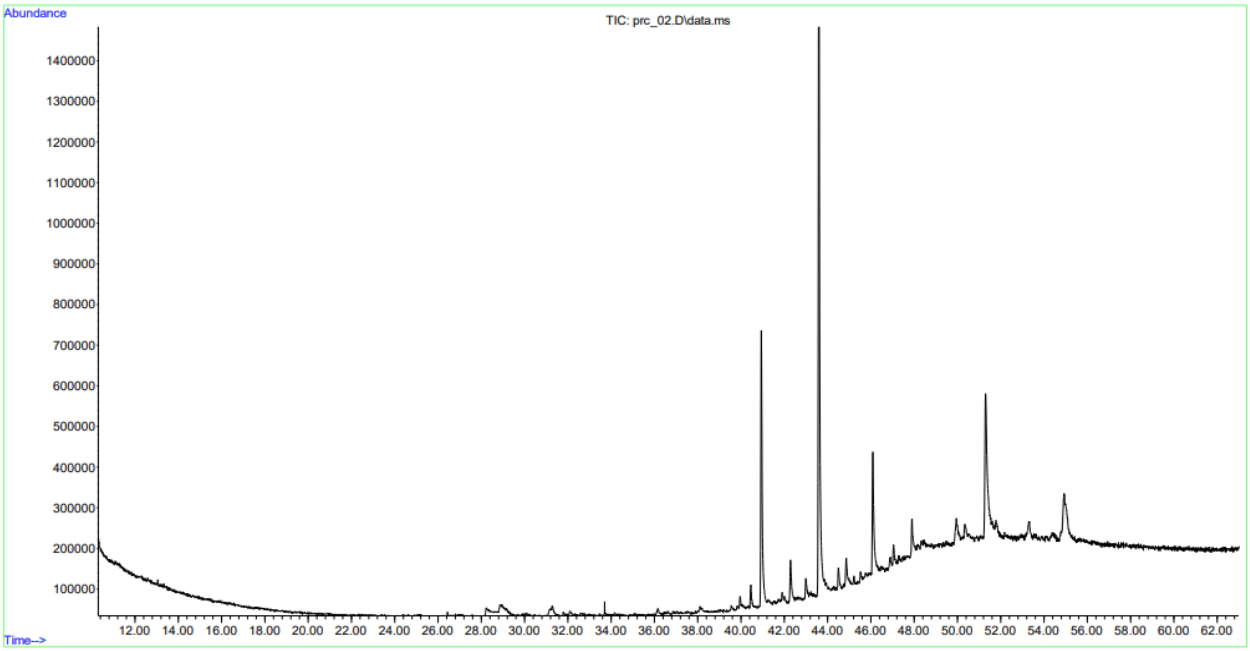
Results of Chromatographic Analysis of Organic Compounds in the Plant Extract

No.	Retention Time, min	Compound	Peak Area	Identification, %	Percentage Content, %
1	31.28	Phthalic acid, butyl hex-3-yl ester	3,367,671	78	2.105
2	39.96	Diisooctyl phthalate	1,770,510	66	1.107
3	40.94	Octacosane	28,289,057	89	17.686
4	43.60	Hexacosane	72,809,008	92	45.519
5	46.09	Tetratetracontane	14,691,274	80	9.185
6	47.05	Stigmastan-3,5-diene	2,388,585	65	1.493

Continuation of the table

No.	Retention Time, min	Compound	Peak Area	Identification, %	Percentage Content, %
7	47.90	Vitamin E	3,853,201	72	2.409
8	51.30	β-Sitosterol	32,784,891	84	20.496

Figure 3
Chromatogram of B. melanocarpa Extract



GC–MS Profile of the Ethanol Extract

GC–MS analysis of the 70% ethanol extract of *B. melanocarpa* revealed eight major chromatographic components with library spectral matches ranging from 65% to 92% (Table 2). The identified compounds belonged predominantly to long-chain alkanes and sterol-related compounds.

Hexacosane represented the major detected component, accounting for 45.519% of the total chromatographic peak area. β-Sitosterol was the second most abundant component (20.496%), followed by octacosane (17.686%) and tetratetracontane (9.185%). Lower relative contents were observed for vitamin E (2.409%), phthalic acid, butyl hex-3-yl ester (2.105%), diisooctyl phthalate (1.107%), and stigmastan-3,5-diene (1.493%).

The high relative abundance of hexacosane and other long-chain hydrocarbons indicates that these compounds constitute major components of the analyzed GC–MS profile. However, their biological significance for *B. melanocarpa* cannot be established solely from their detection in the extract.

β-Sitosterol has been widely investigated as a phytosterol, and previous studies have reported anti-inflammatory, immunomodulatory, and lipid-related biological activities for this compound (Ostlund, 2002). Similarly, vitamin E is recognized for its antioxidant properties and its role in protecting biological membranes from oxidative damage (Traber & Atkinson, 2007). In the present study, these compounds were detected in the *B. melanocarpa* extract; however, their reported biological activities should not be interpreted as experimentally demonstrated pharmacological effects of the whole plant extract.

The long-chain hydrocarbons hexacosane and octacosane have been reported in the chemical profiles of various plant species. Their detection in *B. melanocarpa* contributes to the characterization of the species' phytochemical profile. Further studies using purified compounds and biological assays are required to determine whether these constituents contribute to any pharmacological activity of the plant.

Two phthalate derivatives, phthalic acid, butyl hex-3-yl ester and diisooctyl phthalate, were also detected. Because phthalate compounds can originate from plastic laboratory materials, tubing, solvents, containers, or other sources of analytical contamination, their occurrence should be interpreted cautiously. Confirmation of these compounds as genuine endogenous constituents of *B. melanocarpa* would require additional analyses using appropriate procedural blanks and independently prepared samples.

The chromatographic profile therefore provides preliminary information on the chemical composition of the 70% ethanol extract of *B. melanocarpa*. Nevertheless, library-based GC–MS identification should be considered tentative unless supported by authentic standards and/or additional spectroscopic confirmation.

Conclusion

The present study provides preliminary data on the physicochemical, elemental, and phytochemical characteristics of the aerial parts of *Bryonia melanocarpa* Nabiev collected in the Kyzylkum Desert, Kazakhstan.

The moisture content of the investigated plant material was 9.39%, while the ash content was 7.50%. Extraction with 70% ethanol yielded 1.1087 g of dry extract from 5 g of plant material, corresponding to an extraction yield of 22.17% under the applied ultrasonic extraction conditions.

Elemental analysis demonstrated the presence of potassium, calcium, magnesium, sodium, iron, manganese, zinc, copper, lead, and cadmium, whereas nickel was not detected under the applied analytical conditions. These results contribute to the characterization of the mineral composition of *B. melanocarpa*.

GC–MS analysis of the ethanol extract revealed eight major chromatographic components, with hexacosane, β-sitosterol, octacosane, and tetratetracontane representing the predominant detected compounds. Vitamin E and stigmastan-3,5-diene were also detected. The identification of phthalate derivatives requires cautious interpretation because their presence may be associated with analytical or laboratory contamination.

The results expand the available chemical information on the poorly investigated species *B. melanocarpa*. Nevertheless, the present study provides compositional rather than pharmacological evidence. Further investigations, including analysis of additional populations, replicated sampling, confirmation of GC–MS identifications using authentic standards, assessment of potential contaminants, and biological activity assays, are required to evaluate the pharmacological potential of the species.

Author contributions

Kulvira Zharylkasynovna Adilova: Conceptualization, Investigation, Methodology, Writing – review and editing; Talgat Saduakasovich Ibragimov: Supervision, Validation, Data curation; Zhasulan Koilybayev: Writing – original draft, Formal analysis; Aliya Yerkenovna Kusniyeva: Formal analysis; Nazerke Baqytqyzy Milissova: Software, Visualization.

References

Abdraimova, A. T., & Urazbayev, K. A. (2020). Comparative analysis of the elemental composition of some wild plants of Southern Kazakhstan. *Journal of Chemistry of Kazakhstan*, (3), 57–62.

Antonova, N. P., Morgunov, I. M., Prokhvatilova, S. S., Shefer, E. P., & Kalinin, A. M. (2017). Application of an alternative method for determining moisture content in medicinal plant preparations. *Bulletin of the Scientific Center for Expert Evaluation of Medicinal Products, 7*(3), 182–185.

Aripova, S. F. (2001). Alkaloids of plants of the Cucurbitaceae family. *Chemistry of Natural Compounds*, (4), 265–270.

Aryngazina, S. M., & Kulibaev, T. A. (2022). Determination of the elemental composition of medicinal plants by atomic emission spectrometry. *Bulletin of KazNU. Ecological Series*, (2/70), 110–118.

Assefa, B., Glatzel, G., & Buchmann, C. (2010). Ethnomedicinal uses of *Hagenia abyssinica* (Bruce) J. F. Gmel. among rural communities of Ethiopia. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine, 6*, Article 20. https://doi.org/10.1186/1746-4269-6-20

Belhouala, K., & Benarba, B. (2021). Medicinal plants used by traditional healers in Algeria: A multiregional ethnobotanical study. *Frontiers in Pharmacology, 12*, Article 760492. https://doi.org/10.3389/fphar.2021.760492

Benarba, B., & Belhouala, K. (2024). The genus *Bryonia* L. (Cucurbitaceae): A systematic review of its botany, phytochemistry, traditional uses, and biological activities. *Sci, 6*(1), Article 7. https://doi.org/10.3390/sci6010007

Ilhan, M., Dereli, F. T. G., Tümen, I., & Akkol, E. K. (2019). Anti-inflammatory and antinociceptive features of *Bryonia alba* L.: As a possible alternative in treating rheumatism. *Open Chemistry, 17*(1), 23–30. https://doi.org/10.1515/chem-2019-0003

Kocyan, A., Zhang, L. B., Schaefer, H., & Renner, S. S. (2007). A multi-locus chloroplast phylogeny for the Cucurbitaceae and its implications for character evolution and classification. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 44*(2), 553–577. https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.12.022

Kumar, S., Madaan, R., Gahlot, K., & Sharma, A. (2008). The genus *Bryonia*: A review. *Pharmacognosy Reviews, 2*(4), 392–401.

Mukhamedzhanov, B. G. (2021). Phytochemical screening of plants of the Cucurbitaceae family in Kazakhstan. *Pharmacy of Kazakhstan*, (3), 22–26.

Ostlund, R. E., Jr. (2002). Phytosterols in human nutrition. *Annual Review of Nutrition, 22*, 533–549. https://doi.org/10.1146/annurev.nutr.22.020702.075220

Pavlov, N. V. (Ed.). (1956–1966). *Flora Kazakhstana* [Flora of Kazakhstan] (Vols. 1–9). Publishing House of the Academy of Sciences of the Kazakh SSR.

Plants of the World Online. (n.d.). *Bryonia L.* Royal Botanic Gardens, Kew. Retrieved July 8, 2025, from http://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:30074180-2

Popova, N. V., & Potoroko, I. Yu. (2018). Increasing the efficiency of extraction of biologically active substances from plant raw materials using ultrasonic treatment. *Bulletin of South Ural State University. Series: Food and Biotechnology, 6*(1), 14–22.

Rus, L. M., Ielciu, I. I., Păltinean, R., Vlase, L., Ştefănescu, C., & Crişan, G. C. (2015). Morphological and histo-anatomical study of *Bryonia alba* L. (Cucurbitaceae). *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 43*(1), 47–52. https://doi.org/10.15835/nbha4319713

Tojibaev, K. Sh., Beshko, N. Yu., Esankulov, A. S., Batoshov, A. R., & Azimova, D. E. (2021). *Cadastre of the flora of Uzbekistan: Jizzakh region*. Zamin Nashr.

Traber, M. G., & Atkinson, J. (2007). Vitamin E, antioxidant and nothing more. *Free Radical Biology and Medicine, 43*(1), 4–15. https://doi.org/10.1016/j.freeradbiomed.2007.03.024

Tutin, T. G., Heywood, V. H., Burges, N. A., & Valentine, D. H. (Eds.). (1976). *Flora Europaea: Plantaginaceae to Compositae (and Rubiaceae)* (Vol. 4). Cambridge University Press.

Tyulkova, E. G. (2017). Zol'nost' rastenii v usloviyakh gorodskoi sredy (na primere goroda Gomelya) [Ash content of plants in urban environments (on the example of the city of Gomel)]. *Vestnik Baltiiskogo federal'nogo universiteta im. I. Kanta. Seriya: Estestvennye i meditsinskie nauki*, (1), 58–65.

Vdovenko-Martynova, N. N., & Zhilina, O. M. (2019). Determination of the mineral composition of *Symphoricarpos albus* (L.) S. F. Blake leaves and fruits. *Modern Achievements of Pharmaceutical Science and Practice*, 56–58.

Volz, S. M., & Renner, S. S. (2009). Phylogeography of the ancient Eurasian medicinal plant genus *Bryonia* (Cucurbitaceae) inferred from nuclear and chloroplast sequences. *Taxon, 58*(2), 550–560. https://doi.org/10.1002/tax.582019

Information about the authors:

Adilova Kulvira Zharylkasynovna (corresponding author) – Master of Technical Sciences, PhD candidate at the Department of Botany and Agroecology, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: kulvira75@mail.ru).

Ibragimov Talgat Saduakasovia – Candidate of Biological Sciences, Professor of the Department of Botany and Agroecology, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: ecopastbish@mail.ru).

Koilybayev Zhassulan – Master of Pedagogical Sciences, PhD candidate at the Department of Botany and Agroecology, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: k.zhassulan1988@gmail.com).

Kusnieva Aliya Erkenovna – Candidate of Chemical Sciences, Associate Professor of the Department of Engineering Disciplines and Related Practices, Kazakh National Medical University named after S.Zh. Asfendiyarov, PhD (Almaty, Kazakhstan, e-mail: a.kusnieva@mail.ru).

Milisova Nazerke Bakhytovna – Master of Technical Sciences, Assistant Professor, Department of Engineering Disciplines and Related Practices, Kazakh National Medical University named after S.Zh. Asfendiyarov, (Almaty, Kazakhstan, e-mail: milisova.n@kaznmu.kz).

Авторлар туралы мәлімет:

Адилова Кульвира Жарылкасыновна (корреспонденттік автор) – техника ғылымдарының магистрі, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, ботаника және агроэкология кафедрасының PhD докторанты (Алматы, Қазақстан, e-mail: kulvira75@mail.ru).

Ибрагимов Талгат Садуакасовия – биология ғылымдарының кандидаты, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, ботаника және агроэкология кафедрасының профессоры (Алматы, Қазақстан, e-mail: ecopastbish@mail.ru).

Койлыбаев Жасұлан – педагогика ғылымдарының магистрі, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, ботаника және агроэкология кафедрасының PhD докторанты (Алматы, Қазақстан, e-mail: k.zhassulan1988@gmail.com).

Кусниева Алия Еркеновна – химия ғылымдарының кандидаты, С.Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті, инженерлік пәндер және тиісті практикалар кафедрасының ассоц профессоры, PhD (Алматы, Қазақстан, e-mail: a.kusnieva@mail.ru).

Милисова Назерке Бақытқызы – техника ғылымдарының магистрі,, С.Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті, инженерлік пәндер және тиісті практикалар кафедрасының ассистент профессоры, (Алматы, Қазақстан, e-mail: milisova.n@kaznmu.kz).

Сведения об авторах:

Адилова Кульвира Жарылкасыновна (автор-корреспондент) – магистр технических наук, PhD-докторант кафедры ботаники и агроэкологии Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: kulvira75@mail.ru).

Ибрагимов Талгат Садуакасович – кандидат биологических наук, профессор кафедры ботаники и агроэкологии Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: ecopastbish@mail.ru).

Койлыбаев Жасулан – магистр педагогических наук, PhD-докторант кафедры ботаники и агроэкологии Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: k.zhassulan1988@gmail.com).

Кусниева Алия Еркеновна – кандидат химических наук, ассоциированный профессор кафедры инженерных дисциплин и надлежащих практик Казахского национального медицинского университета имени С.Д. Асфендиярова (Алматы, Казахстан, e-mail: a.kusnieva@mail.ru).

Милисова Назерке Бахытовна – магистр технических наук, ассистент-профессор кафедры инженерных дисциплин и надлежащих практик Казахского национального медицинского университета имени С.Д. Асфендиярова (Алматы, Казахстан, e-mail: milisova.n@kaznmu.kz).

Received November 15, 2025
Accepted September 15, 2026

2-бөлім
ЗООЛОГИЯ

Section 2
ZOOLOGY

Раздел 2
ЗООЛОГИЯ

ҒТАМР 34.33.19 https://doi.org/10.26577/bb108320264

Г.Ш. Назымбетова[1*], Д.К. Кирбаева[1], Б.Т. Таранов[1], Ж.Д. Абдыкеримов[1], З.Т. Есембекова[2], Г. Джайлаубекова[1]

[1]РМК «Ғылым ордасы» ҚР ҒЖБМ ҒК, Алматы, Қазақстан
[2]Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми зерттеу институты, Алматы, Қазақстан
*e-mail: g.nazymbetova@mail.ru

«ШАРЫН» МЕМЛЕКЕТТІК ҰЛТТЫҚ ТАБИҒИ ПАРКІ ҰСАҚ ҚАНАТТЫ ҚАРЫСТАУШЫЛАР ТҰҚЫМДАС ТАРМАҒЫНЫҢ (*LEPIDOPTERA, GEOMETRIDAE, STERRHINAE*) ФАУНАСЫ ТУРАЛЫ ЖАҢА МӘЛІМЕТТЕР

Мақалада *Geometridae* тұқымдасына жататын ұсақ қанатты қарыстаушы қабыршаққанаттылар фаунасының ҚР ҒЖБМ ҒК «Ғылым ордасы» РМК Табиғат музейінің коллекциялық қорында сақталған жинақтар және Шарын ұлттық табиғат паркі аумағында жүргізілген зерттеу нәтижесінде жиналған материалдардың зерттеу нәтижелері ұсынылады. Авторлар жүргізген зерттеулер нәтижесінде ұсақ қанатты қарыстаушы қабыршаққанаттылар (*Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae*) тұқымдас тармағының 13 туысына жататын 39 түр тіркелді. Олардың ішінде, зерттелген аудан фаунасында осы жүргізілген зерттеуге дейінгі белгісіз болған ұсақ қанатты қарыстаушы қабыршаққанаттылардың 12 түрі алғаш рет анықталды. Ұсақ қанатты қарыстаушылар фаунасының негізін аридтық аймақтарға кіретін тұрандық және түркістандық топтар (51,3%) құрайды. Бұл зерттелген аймақтар Орта Азияның шөлейтті және далалы биогеографиялық провинциясына жататынын дәлелдеді. Кең таралған палеарктикалық және еуразиялық түрлердің үлесі (30,70%) бұл аймақтың Палеарктикалық фаунамен байланысын көрсетеді. Солтүстік Тянь-Шань эндемигтерінің үлесі (7,70%) парк аумағында таулы белдеулерінің фаунасының қалыптасуындағы рөлін және зерттелген аймақтың эндемизм орталығына жататыны нақтыланды. Экологиялық құрылымы бойынша негізгі басым топтар ксерофилді өсімдіктер қауымдастықтарына, жар тасты беткейлерді мекендейтін ксерофилдер, келесі бұталы, ағашты, тығыз тоғайлы өзен жағалауын мекендейтін мезофилдер, сонымен қатар шалғындар, жазық далалы жерлерді мекендейтін ксеромезофилдер екені анықталды. Анықталған түрлердің басым бөлігі аридті (қуаң) жағдайға бейімделген, ол Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінің ландшафтық ерекшелігін көрсетеді.

Түйін сөздер: *Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae*, Шарын, фауна.

G.Sh. Nazymbetova[1]*, D.K. Kirbayeva[1], B.T. Taranov[1], Zh.D. Abdykerimov[1], Z.T. Yesimbekova[2], G. Dzhailaubekova[1]

[1]Republican State Enterprise "Gylym Ordasy" CS MSHE RK, Almaty, Kazakhstan
[2]Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: g.nazymbetova@mail.ru

New data on the fauna of the subfamily Sterrhinae (*Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae*) of the Charyn state national nature park

The article presents the fauna of small-winged *Geometridae* moths from the collections of the RK Ministry of Science and Higher Education's "Ghylym Ordasy" The results of the study are presented for the collections housed in the RMC Nature Museum's collection and the materials collected during research conducted in the Sharyn National Nature Park. As a result of the authors' research, 39 species belonging to 13 genera of the subfamily *Sterrhinae* were recorded. Among them, in the fauna of the studied area, *Sterrhinae* subfamily, 39 species belonging to 13 genera were recorded. Among them, 12 species of small winged moths, previously unknown to the fauna of the studied area, were identified for the first time. The fauna of micro-winged scarabaeids is dominated by the Turanian and Turkestanian groups, which belong to arid regions (51.3%) make up the basis of the fauna. These studied areas belong to the arid Central Asian biogeographical province. The share of widespread Palearctic and Eurasian species (30.70%) indicates the region's connection to the Palearctic fauna. The share of North Tien Shan endemics (7.70%) highlights the role of the park's mountainous belts in the formation of its fauna and confirms that the studied area is a center of endemism. The main dominant groups in terms of ecological structure are xerophytic plant communities, xerophytes inhabiting rocky slopes, The majority of the identified spe-

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

cies were determined to be xeromezeophites inhabiting shrubby, wooded, densely thicketed riverbanks, as well as meadows and flat steppe-like areas. The majority of the identified species are adapted to arid conditions, which reflects the landscape characteristics of Sharyn State National Natural Park.
Keywords: *Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae*, Charyn, fauna.

Г.Ш. Назымбетова[1*], Д.К. Кирбаева[1], Б.Т. Таранов[1],
Ж.Д. Абдыкеримов[1], З.Т. Есембекова[2], Г. Джайлаубекова[1]
[1]РГП «Ғылым ордасы», КН МНВО РК, Алматы, Казахстан
[2]Казахский научно-исследовательский институт животноводства
и кормопроизводства, Алматы, Казахстан
*e-mail: g.nazymbetova@mail.ru

Новые данные о фауне подсемейства мелкокрылых пядениц (*Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae*) Шарынского государственного национального природного парка

В статье представлена фауна мелкокрылых пяденицы (*Geometridae*) из коллекций Министерства науки и высшего образования РК «Ғылым ордасы». Представлены результаты исследования коллекций, хранящихся в фондах Музея природы а также материалов, собранных в ходе полевых работ в Национальном природном парке «Шарын». В результате исследований авторов было зарегистрировано 39 видов, относящихся к 13 родам подсемейства *Sterrhinae*. Среди них в фауне исследуемого района (*Sterrhinae*) было зарегистрировано 39 видов, относящихся к 13 родам. Среди них впервые были определены 12 видов мелкокрылых бабочек, ранее неизвестных для фауны исследуемого района. В фауне микрокрылых жуков-скарабеев преобладают туранская и туркестанская группы, относящиеся к засушливым регионам (51,3 %), составляют основу фауны. Исследуемые районы относятся к засушливой Центральноазиатской биогеографической провинции. Доля широкораспространенных палеарктических и евразийских видов (30,70 %) свидетельствует о связи региона с палеарктической фауной. Доля эндемиков Северного Тянь-Шаня (7,70 %) подчеркивает роль горных поясов парка в формировании его фауны и подтверждает, что исследуемый район является центром эндемизма. Основными доминирующими группами с точки зрения экологической структуры являются ксерофитные растительные сообщества, ксерофиты, обитающие на скалистых склонах. Большинство идентифицированных видов были отнесены к ксеромезофитам, обитающим на кустарниковых, лесистых, густо заросших берегах рек, а также на лугах и равнинных степных территориях. Большинство идентифицированных видов приспособлено к засушливым условиям, что отражает ландшафтные особенности Шарынского государственного природного парка.
Ключевые слова: *Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae*, Шарын, фауна.

Кіріспе

Шарын ұлттық табиғи паркі – Қазақстанның табиғат мұраларының бірі. Ол екі мың төртінші жылы құрылған және басты мақсаты ерекше геологиялық, палеонтологиялық, ботаникалық, зоологиялық және экологиялық аңызды нысандарды қорғау, сонмен қатар сақтап көбеюіне мүмкіндік жасау болып табылады. Парктің ең көрікті жері – «Қазақстанның шағын Гранд Каньоны» деген атауға ие болған Шарын шатқалы. Табиғаттың бұл ғажайып нысаны миллиондаған жылдар бойы қалыптасқан, шамамен ұзындығы жүз елу шақырымнан асатын, биіктігі үш жүз метірге дейін жететін жыра, шатқал.

Шарын паркінің аумағына Жалаңаш жазығы, Сарытоғай, Ақтоғай, Сарғамыс тоғайларын және Темірлік, «Қамалдар аңғары» Шарын шатқалын қамтыйды. Парк аумағында шөлейтті, далалы, тоғайлы, өзенді, орманды ландшафтар орналасқан. Табиғат жағдайының әртүрлі болуы жануарлар мен өсімдіктер әлемі үшін қолайлы мекен болып табылады.

Шарын ұлттық табиғи паркі аумағында Шарын және Темірлік өзендерінің аңғары, өзіне тән гидрологиялық табиғи кешендерді құрайды. Парк аумағындағы шатқалдарда, беткейлер мен шөлді жерлерде жусан қауымдастықты өсімдіктер басым болады. Ал Шарын мен Темірлік өзендер аңғарында, тоғайлы және орманды жайылымдарда теректер, ағаштар, бұталар, талдар тектес өсімдіктердің түрлері өте көп таралған. Шөл ландшафтына қарағанда, парктің далалы аудандарында біршама ылғалды қажет ететін өсімдіктер қауымдастығы көптеп кездеседі. Сораңды жусан, жүзген, бұталар, сексеулдер, жыңғылдар, ылғалды кезеңде дамитын эфемерлер және біршама ылғалды жақсы көретін өсімдік-

тер қауымдастығы бар. Каньон беткейлерінде құрғақшылықты, яғни ксерофитті өсімдіктер қауымдастығы басым болып келеді.

Парк аумағындағы ландшафттар жәндіктер фаунасының үлкен тобын құрайтын қарыстаушы қабыршаққанаттылар түр құрамы мен экологиялық сипаттамаларын, сол аймақта таралуын анықтайтын негізгі факторлардың бірі болып табылады. Парк аумағында тіршілік ететін жәндіктердің мың бес жүзден астам түрлері тіркелген. Зерттелген аймақтарда тіршілік ететін жәндіктердің ішінде қоршаған ортаның, яғни экожүйенің маңызды индикаторы болып саналатын – *Geometridae* тұқымдасының үсақ қанатты қарыстаушы көбелектері *Sterrhinae* тұқымдас тармағының өкілдері ерекше орынға ие.

Sterrhinae тұқымдас тармағының әлемде шамамен үш мыңдай түрі анықталған, олар түр алуантүрлілігіне өте бай, күрделі құрылымды көбелектер тобына жатады. Үсақ қанатты тұқымдас тармағына кіретін өкілдер көбіне түнде ұшады, олардың арасында әсіресе ауа райы ашық, желсіз және бұлтты кездерде күндіз де ұшатын түрлері бар. Олардың басым бөлігі қуыршақ кезеңінде қыстайтыны белгілі. Қуыршаққа айналар алдында және жұмыртқадан шыққаннан кейін олар гүл шырынымен қоректенеді. Гүл шырынымен қоректенетін түрлердің басым бөлігінің тұмсықтары ұзын жақсы дамыған болады. Ерте көктемде және күздің аяғында белсенді болатын көбелектер гүл шырынымен қоректенбейді, олардың тұмсықтары жойылған яғни артрофияға ұшыраған. Аналықтары қуыршақ кезеңінен өткен соң жұмыртқаларын өсімдіктердің әртүрлі мүшелеріне: бұта қабықтарына, жапырақтарына, бүршік қабықтарына, тұқымдарының сыртқы қабаттының сырт беттеріне, ағаштар мен бұталардың қабықтарына салады. Дернәсілдер яғни жұлдызқұрттар жұмыртқадан шыққананнан кейін белсенді қоректене бастайды. Үсақ қанатты қарыстаушы қабыршаққанаттылар тұқымдас тармағының жұлдызқұрттары көбелектеріне қарағанда ерекше болады. Көптеген түрлерінің, соның ішінде жұлдыз құрттарының денесі таяқша тәрізді жіңішке болады, денесінде түйіршікті түйнектері бар жұқа қабықты, бұл олардың ағаш бұталарына ұқсас етеді. Көптеген түрлер фитофаг болады, бұл дегеніміз олардың өсімдіктердің жапырақтары, сабақтары, гүлдері, жемістері және бүршіктерімен қоректенетінін көрсетеді. Тұқымдас тармақтың көбелектерінің басым бөлігі *Idaea* және *Scopula* туысына жатады (Scoble & Hausmann, 2007). Олар табиғат тепе теңдігінің сақтауға қатысады, жәндәктер мен құстардың көрек көзі және өсімдіктерді тозаңдандырушылар болып табылады.

Sterrhinae тұқымдас тармағына жататын үсақ қанатты көбелектер көптеген экожүйелерде кең таралған. Олар Шарын ұлттық табиғат паркінің аумағында тіршілік ететін белгілі, бірақ оларға белгілі бір мақсатты зерттеулер жүргізілмеген. Әдебиет көздерінде жекелеген түрлер туралы мәліметтер бар (Hausmann & Viidalepp, 2012; Kaila et al., 1996; Mironov, 1991; Mironov et al., 2021; Nazymbetova et al., 2014, 2015, 2016; Nazymbetova & Taranov, 2016, 2020; Vasilenko, 2009; Vasilenko & Belousov, 2021; Viidalepp, 1988, 1996) Сондықтан бұл деректер парктегі фаунаны толық сипаттай алмайды. Осы себепті зерттелген топтарға жататын көбелектердің биоалуантүрлілігін зерттеу, түгендеу, картаға түсіру, жүйелі зерттеу жүргізу өзекті болып табылады. Себебі, олардың саны түрлік құрамындағы өзгерістер мен экологиялық, климаттық дамулардың негізгі индикатор көрсеткіштері болып есептеледі. Сонымен қаттар, Шарын паркі мен іргелес аумақтардағы Қазақстан фаунасы үшін бұрын белгісіз болған және сирек кездесетін және эндемик түрлерді анықтау мүмкіндігі жоғары болады. Шарын ұлттық табиғат паркі – бұл тек ерекше табиғи аймақтар ғана емес, сонымен қатар экожүйенің тыныс тіршілігін көрсететін жәндіктер әлемін зерттеу алаңы екенін көрсетеді. Әсіресе аз зерттелген үсақ қанатты қарыстаушы көбелек топтарына зерттеу жүргізу бұл биоалуантүрлілікті сақтау және климаттық өзгерістерге қатысты туындаған сұрақтарға жауап беру үшін өте маңызды.

Біздің жүргізген зерттеу жұмысымыздың мақсаты Шарын ұлттық табиғи паркінде тіршілік ететін үсақ қанатты қарыстаушылар дың түрлік құрамын зертеп анықтау, олардың таралу ерекшеліктерін бағалау және жүйелі мониторинг жүргізу болып табылады.

Зерттеу материалдары мен әдістері

ҚР ҒЖБМ ҒК «Ғылым ордасы» РМК Табиғат музейінің коллекциялық қорында сақталған жинақтар және Шарын ұлттық табиғат паркі аумағында жүргізілген зерттеу нәтижесінде жиналған материалдар зерттелді. Шарын ұлттық табиғат паркі аумағында зерттеу жұмыстары тоғыз жыл бойы (2016-2025 жж.) сәуір айынан қазан айлары аралығында жүргізілді. Далалық

зерттеулер жылына алты, жеті рет өткізілді. Бұл дегеніміз зерттеу жүргізілген аймақтағы фаунаның түрлік құрамы бойынша материалдардың жиналуын жоғары деңгейде жүргізілгенін көрсетеді.

Зерттеу нысаны: зерттелген аймақтағы және оған көршілес аумақтардағы мекен ететін ұсақ қанатты қарыстаушы көбелектер.

Ұсақ қанатты қарыстаушы көбелектерді жинау жұмыстары энтомологиялық зерттеулер үшін қолданылатын стандартты әдістерді негізге ала отырып жүргізілді (Fasulati, 1971). Ұсақ қанатты қарыстаушылардың күндізгі түрлерін энтомологиялық ұстағыштар қолданылып жиналды. Қарыстаушылардың өкілдерін ұстау үшін стационарлық энтомологиялық жарық тұзақтары қолданылды. Жарық көзі ретінде ультракүлгін шамдар (350–370 нм) және қуаты 125–250 Вт болатын жарық шамдар, ал жарық көзін шағылыстыратын құрал ретінде ақ матадан жасалған экрандар пайдаланылды. Экран тұзақ ішіне орналастырылды. Тұзақтар кеш батқаннан таңғы үшке дейін, ал кейбір күндері ауа райының қолайлығына байланысты таң атқанша зерттеу материалдары жиналды.

Қабыршаққанаттыларды ұстау үшін қақпағы тығыз жамылған шыны немесе пластик құттылыр қолданылыды. Құттының ішінің төменгі жағына этилацетатқа малынған мақта немесе қағаз бөліктері орналастырылды. Құттының ішіне кірген көбелектердің сүйықтыққа тиіп бүлінбеуі үшін сүйықтыққа малынған құты түбіне орналастырған мақта беті қағазбен жабылды. Жарық экран бетіне қонған көбелектерді этилацетаты бар алдын ала дайындалған құттыларды қолдану арқылы ұстау жұмыстары жүргізілді. Құттыға көбелектер енгенде қақпағы тез жабылады, ыдыс ішінде көбелектер денесі кеуіп кетпеу үшін және деформацияға ұшырамау үшін олардың дене көлеміне қарай құттыларда әр түрлі уақыт ұсталды. Ұсақ түрлер 2 немесе 3 минут, орташа көлемдегі түрлер 5 және 8 минут, ірі түрлері 10 минутқа дейін құттыда болды. Одан кейін құттыдағы көбелектер қағаз қораптардағы энтомологиялық төсеніштерге орналастырылды. Бұл төсеніштер жиналған үлгілердің зертханаға бүлінбей бүтін жеткізілуін қамтамассыз етеді. Зертханада түрлерді морфологиялық ерекшеліктері бойынша сәйкестендіру нұсқаулықтары мен анықтаушы әдебиеттер, атластар қолдану арқылы анықтау жүргізіледі. Ал салыстырмалы талдау морфологиялық белгілері бойынша жүргізіледі (Hausmann, 2001, 2004; Lampert, 1913; Mikkola et al., 1989; Mironov, 2003; Savchuk, 2013; Segerer & Hausmann, 2011) қанаттарының құрылымы, пішіні мен жазықтық көлемі, жабын қанаттарының түсі, қанаттың жүйкелену ерекшеліктері. Сонымен қатар бас сүйектері мен басқа сыртқы құрылымы: бас сигменттерінің, мүртшаларының, тұмсықшаларының, аяқтарының морфологиялық құрылымы, пішіні, ұзындығы, тікенекшелер немесе түктер құрылымының болуы немесе болмауы және т.б. ерекшеліктері ескерілді.

Көбелектердің түрін анықтау үшін салыстырмалы талдау әдіс кешені қолданылды, нәтижесінде жоғарыда көрсетілген барлық морфологиялық белгілер қолданылып анықталды.

Зерттеу нәтижелері және оларды талдау

Авторлар жүргізген зерттеулер нәтижесінде Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінде және оған шектес аймақтарда ұсақ қанатты қарыстаушылардың тұқымдас тармағының 11 туыс өкілдері мен 39 түрі түршілік ететіні белгілі болды. Осы зерттеу нәтижесінде қарыстаушылардың 12 түрі бірінші рет анықталды.

Мақала мәтінінде Шарын ұлттық мемілекеттік табиғи паркінің энтомофаунасы үшін бірінші рет тіркелген түрлер жұлдызша – (*) белгісімен белгіленді.

Тұқымдас – *Geometridae* (Қарыстаушылар)

Тұқымдас тармағы *Sterrhinae Meyrick*, 1892

Туыс *Idaea* Treitschke, 1825

Түр *Idaea sericeata* Hubner, 1813.

Таралуы: Батыс Европа, Африка, Шығыс Европа, Кавказ, Қазақстан. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020 ж. Жерорта теңіздік – түрандық түр. Тіршілік мекені: далалы жерлер, жартылай шөлдер, егістік жерлер және өзен аңғарлары.

Түр *Idaea ossiculata* Lederer, 1871.

Таралуы: Ресей. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020 ж. Жерорта теңіздік – түрандық түр. Тіршілік мекені: шалғынды жерлер, өзен аңғарлары, егіс алқаптары, далалы және жартылай шөлді жерлер.

Түр *Idaea lucellata* Pungeler, 1902.

Таралуы: Ресей. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020 ж. Түркістандық түр. Тіршілік мекені: тау беткейлері, тобылғылы және басқада бұталы өзендер мен бұлақ аңғарлары, далалы жерлер.

*Түр *Idaea rufaria* Hubner, 1799.

Таралуы: Орталық Азия, Оңтүстік және Орталық Еуропа, Солтүстік Африка. Таралуы: Ресей. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-29.09.2024 ж. Шығыс жерорта теңіздік – тұрандық түр. Тіршілік мекені: орманды, тоғайлы, өзендер аңғарлары, суармалы жерлер, шөлдің сулы жерлері.

Түр *Idaea rusticata* Denis & Schiffermüller, 1775.

Таралуы: Еуропа, Солтүстік Африка, Оңтүстік Орал, Батыс Сібір, Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Сарықамыс, 08.07.2017. Палеарктикалық түр. Тіршілік мекені: жазық жерлер, өзен алқабы, тау беткейлері, жартастар.

Түр *Idaea bundeli* Viidalepp, 1988.

Таралуы: Орталық Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020 ж. Түркістандық түр. Тіршілік мекені: тегіс құрғақ дала, жартастар, тау беткейлері, өзен аңғары.

Түр *Idaea inquinata* Scopoli, 1763.

Таралуы: Еуропа, Ресей, Орталық Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020 ж. Батыс палеарктикалық түр. Тіршілік мекені: шалғынды жерлер, дала, жартылай шөл, егістік жерелер, орташа таулы жерлер.

*Түр *Idaea degeneraria* Hubner, 1799.

Таралуы: Түркіменстан, Қырғызстан, Ресей. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Актогай, 15.07.2025. Суб-жерорта теңіздік тұрандық түр. Тіршілік мекені: орман және аралас орман, су жағалауы, далалы жерлер, орташа биік таулар.

Түр *Idaea aureolaria Denis & Schiffermüller*, *1775*.

Таралуы:Оңтүстік және Орталық Еуропа, Монғолия, Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020 ж. Еуразиялық түр. Тіршілік мекені – ала, құрғақ шабындықтар, тасты жерлер.

Туыс *Scopula* Schrank, 18027

*Түр *Scopula ornata* Scopoli, 1763.

Таралуы: Солтүстік, Оңтүстік, Орталық, Шығыс Еуропа, Солтүстік Африка, Ресей, Орта Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Актоғай, 15.07.2025. Суб- жерорта теңіздік тұрандық түр. Тіршілік мекені: Орманды, тоғайлы, су аңғарлары, далалы, жартылай шөлді жерлер.

*Түр *Scopula cumulata* Alphraky, 1883.

Таралуы: Қырғызстан, Тәжікстан, Қытай, Монғолия. Түркістандық түр. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Сартоғай, 01.10.2024. Түркістандық түр. Тіршілік мекені:шалғынды ландшафт, далалы жерлер.

*Түр *Scopula grisescens* Staudinger, 1892.

Таралуы: Қырғызстан, Өзбекстан. Түркістандық түр. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-30.05. 2025. Түркістандық түр. Тіршілік мекені: шалғынды дала, аласа таулар.

Түр *Scopula marginepunctata* Goeze, 1781.

Таралуы: Еуропа, Солтүстік Африка, Тәжікстан. Түркістандық түр. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Сарықамыс, 08.07.2017, Шарын, 01.06.2020. Еуразиялық түр. Тіршілік мекені: Таулы орманды, далалы, жазық жерлер, өзен алқабтары, тау бөктері.

Түр *Scopula decorata* Deis & Schiffermuller, 1775.

Таралуы: Еуропа, Азия, Оңтүстік Орал. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Палеарктикалық түр. Тіршілік мекені: өзен жайылмалары, тау беткейлері, суармалы жерлер, егістіктер.

Түр *Scopula rubiginata* Hufnagel, 1767.

Таралуы:Еуропа, Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Торайғыр, 30.9.2021. Еуразиялық түр. Тіршілік мекені: далалы жерелер, тасты, жартасты шатқалдар.

Түр *Scopula tessellaria* Boisduval, 1840.

Таралуы: Еуропа, Азия, Оңтүстік Орал. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Жерортатеңіздік далалық түр. Тіршілік мекені: әр түрлі типтегі далалы жерлер, тау беткейлері, өзен алабы.

Түр *Scopula halimodendrata* Erschov, 1874.

Таралуы:Түркіменстан, Тәжікстан. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Торайғыр, 30.9.2021. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: шөлді жерлер, елді мекендер, дала шалғындары, мәдени ландшафтар.

*Түр *Scopula ansulata characteristica* Alphraky, 1882.

Таралуы: Солтүстік Тянь-Шань, Қырғызстан. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-30.05.2025. Солтүстік Тяньн-Шань эндемигі. Тіршілік мекені: аралас ормандар, бұталы беткейлер, өзен алабтары, тау бөктері.

**Түр Scopula latelineata* Graeser, 1892.

Таралуы: Орталық Азия, Монғолия. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-30.05.2025. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: далалы және шалғынды биотоптар.

**Түр Scopula albidaria* Staudinger, 1901.

Таралуы: Солтүстік Тянь-Шань, Қырғызстан. Шарын мемлекеттік ұлттық паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-30.05.2025. Солтүстік Тяньн-Шань эндемигі. Тіршілік мекені: далалы және шалғынды биотоптар.

Түр *Scopula beckeraria* Lederer, 1853. Таралуы: Иран, Туркия, Монғолия, Ливан, Ресей. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Торайғыр, 30.9.2021. Еуразиялық түр. Тіршілік мекені далалы жерелер.

Түр *Scopula arenosaria* Staudinger, 1879.

Таралуы: Монғолия, Өзбекстан, Ресей. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Солтүстік Тяньн-Шань эндемигі. Тіршілік мекені: әр түрлі типтегі далалы жерлер, жартылай шөл, тау бөктері.

Туыс *Cinglis* Guenée, 1857.

Түр *Cinglis humifusaria* Eversmann, 1837.

Таралуы: Еуропа, Азия, Ресей. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Еуропалық-Батыс азиялық түр. Тіршілік мекені: әр түрлі типтегі далалы жерлер.

Туыс *Casilda* Agenjo, 1952.

Түр *Casilda consecraria* Rambur, 1858.

Таралуы: Франция, Испания, Сардиния, Сицилия аралдары, Орталық Азия. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Ирандық түр. Тіршілік мекені: әр түрлі типтегі биотоптар, жазық жерлер, тау беткейлері, мәдени ландшафтар.

Туыс *Minoa* Treitschke, 1825

Түр *Minoa murinata* Scopoli, 1763.

Таралуы: Еуропа, Азия, Ресей. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Палеарктикалық түр. Тіршілік мекені: тобылғы, бұталы өзен аңғарлары, далалы жерлер.

Туыс *Ochodontia* Lederer, 1853.

Түр *Ochodontia adustaria* Fischer von Waldheim, 1840.

Таралуы: Қырғызстан, Тәжікстан, Түркіменстан, Ресей. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: әр түрлі типтегі биотоптар, жазық жерлер, тау беткейлері, мәдени ландшафтар.

Туыс *Lythria* Hubner, 1823.

**Түр Lythria purpuraria* Linnaeus 1758.

Таралуы: Батыс Еуропа, Сібір, Байкал, Шығыс Еуропа, Түркіменстан, Қытай. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-30.04. 2025. Еуразиялық түр. Тіршілік мекені: құмды дала, жол жиектері, жайылым жерлер.

Туыс Scotopteryx Hübner, 1825.

**Түр Scotopteryx sartata* Alpheraky, 1883.

Таралуы: Алтай. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-30.04.2025. Түркістандық түр. Тіршілік мекені: шалғынды, орманды жерлер, далалы жерлер.

Туыс *Costaconvexa* Agenjo, 1949.

**Түр Costaconvexa polygrammata* Borkhausen, 1794.

Таралуы: Орталық Азия, Кавказ, Ресей, Солтүстік Африка, Батыс Еуропа, Скандинавия. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Сартоғай, 01.10.2024. Жерорта-теңіздік түр. Тіршілік мекені:Тоғай, орман, далалы жерлер.

Туыс *Lithostege* Hubner, 1825

Түр *Lithostege coassata* Hubner, 1817.

Таралуы: Азия, Қырым, Украйна, Иран. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: Тау беткейлері жазығы, суармалы жерлер.

Туыс *Eupithecia* Curtis, 1825

Түр *Eupithecia biornata* Christoph, 1867.

Таралуы: Оңтүстік Еуропа, Оңтүстік Кавказ, Орталық Азия, Батыс Сібір, Монғолия, Қытай. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Сарықамыс, 08.07.2017. Ақтоғай 15.07.2025. Палеарктикалық түр. Тіршілік мекені: Жазық жерлер, тау беткейлері жазығы, орманды, тоғайлы жерлер.

Түр *Eupithecia mima* Mironov, 1989.

Таралуы: Монғолия, Пәкістан, Өзбекстан. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Сартогай, 25.05.2020. Түркістандық түр. Тіршілік мекені:Таулы, далалы жерлер.

Түр *Eupithecia extensaria* Freyer, 1844.

Таралуы: Шығыс Еуропа, Британ аралдары, Қырым, Кавказ, Қытай, Монғолия, Сібір, Алтай, Корей, Жапония. Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Еуразиялық түр. Тіршілік мекеде-

ні: жазық дала, сортаң жерлер, жартылай шөлді жерлер.

Түр *Eupithecia subpulchrata* Alpheraky, 1883.

Таралуы: Ауғанстан, Өзбекстан, Түркіменстан, Қытай. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: шөлді, жартылай шөлді, далалы жерлер.

**Түр Eupithecia remmi* Viidalepp, 1988.

Таралуы: Тәжікстан, Өзбекстан, Қырғызстан. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 28-30.04.2025. Түркістандық түр. Тіршілік мекені: шөл, далалы жерлер.

Түр *Eupithecia ochridata* Pinker, 1986.

Таралуы: Еуропа, Тибет, Кавказ. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Трансеуразиялық түр. Тіршілік мекені:шалғынды, далалы жерлер.

Түр *Eupithecia gratiosata* Herrich-Schaffer, 1861.

Таралуы: Оңтүстік Еуропа, Иран, Ирак, Сирия, Кавказ, Ресей, Орал, Солтүстік Америка, Орталық Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Жерортатеңіздік түр. Тіршілік мекені: Далалы жерлер.

Түр *Eupithecia opistographata* Dietze, 1906.

Таралуы: Пәкістан, Иран, Түркіменстан, Өзбекстан, Монғолия, Қытай. Оңтүстік Еуропа, Иран, Ирак, Сирия, Кавказ, Ресей, Орал, Солтүстік Америка, Орталық Азия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Шарын, 01.06.2020. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: Далалы, шөлді, тоғайлы жерлер.

Түр *Eupithecia parallelaria* Bolatsch, 1893.

Таралуы: Палестина, Пәкістан, Түркия, Орталық Азия, Монғолия. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Сартоғай, 25.05.2020. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: Дала, шөл, су жағалаулары, бұталы жерлер.

Түр *Eupithecia usbeca* Viidalepp, 1992.

Таралуы: Түркіменстан, Өзбекстан, Ресей. Шарын мемлекеттік ұлтық табиғи паркінен жиналған орындар: Сарықамыс, 08.07.2017. Тұрандық түр. Тіршілік мекені: Шөл, далалы жерлер.

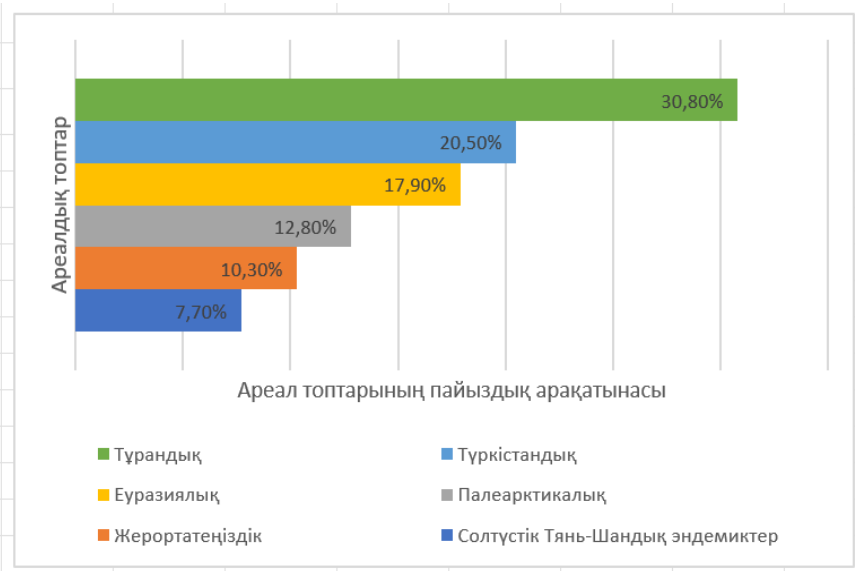
Авторлар жүргізілген зерттеулер нәтижесінде Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінде және оған іргелес аймақтарында *Sterrhinae* тұқымдас тармағына тиеслі 39 түр анықталды. Бұл аймақтың энтомофаунасының құрамының жоғары алуантүрлілігін көрсетеді.

Алынған нәтиже зерттелген аймақтың зоогеографиялық құрылымының күрделі әрі көп компонентті екенін көрсетті. Зоогеографиялық құрылымының пайыздық қатынасы төменде көрсетілген (1-сурет).

Зерттелген үсақ қанатты қарыстаушылар фаунасының зоогеографиялық құрылымы бойынша бірнеше топқа бөлінді: Тұрандық (30,80%), Түркістандық (20,50%), Еуразиялық (17,90%), Палеарктикалық (12,80%), Жерортатеңіздік (10,30%), Солтүстік Тянь-Шань эндемигі (7,70%).

1-сурет

Sterrhinae (Geometridae) тұқымдас тармағының зоографиялық құрылымы



Зерттелген фаунаның негізін аридтық аймақтарға кіретін тұрандық және түркістандық топ (51,3%) құрайды. Бұл зерттелген аймақтың Орта Азияның шөлейтті, далалы биогеографиялық провинциясына жататынын дәлелдеді. Кең таралған палеарктикалық және еуразиялық түрлердің үлесі (30,70%) бұл аймақтың Палеарктикалық фаунамен байланысын көрсетеді.

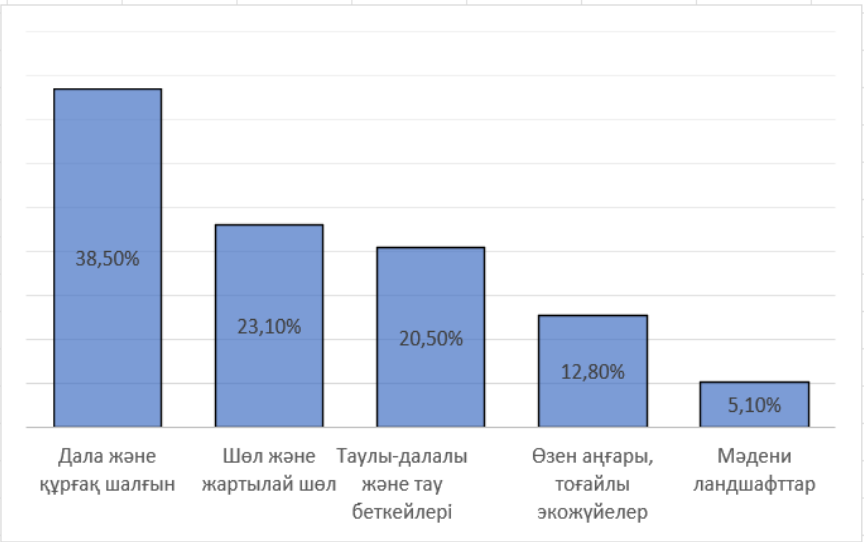
Солтүстік Тянь-Шань эндемигтерінің үлесі (7,70%) парк аумағында таулы белдеулерінің фаунасының қалыптасуындағы рөлін және зерттелген аймақтың эндемизм орталығына жататынын көрсетеді.

Зерттелген фауна экологиялық құрылымы бойынша бірнеше топтарға бөлінеді (2-сурет).

Үсақ қанатты қарыстаушылар фаунасының түрлері биотопта таралуы бойынша бірнеше топқа бөлінеді: дала және құрғақ шалғынды (38,50%), шөлді және жартылай шөлді (23,10%), таулы, далалы, және беткейлер (20,50%), өзен аңғарлары және тоғайлы (12,80%), және мәдени ландышафтар (5,10%). Экотиптердің ішінде далалық және шөлейтік (61,60) типтердің басымдық көрсетуі зерттелген ауданның климатының аридтік жағдайымен және ландшафтың ерекше болуымен байланысты. Тау беткейлеріне тән түрлердің үлесі (20,50%) тау белдеулері және Шарын шатқалымен байланысты түрлердің фауна алуан түрлілігін артыратынын көрсетеді.

2-сурет

Зерттелген фауна экологиялық құрылымы



Шарын мемлекеттік ұлттық паркінде және оған іргелес аумақтарда жүргізілген зерттеулер нәтижесінде Солтүстік Тянь-Шань эндемигтері (*Scopula ansulata characteristica*, *Scopula albidaria*, *Scopula arenosaria*) және түркістандық сонымен қатар тұрандық фауналық кешенге жататын түрлердің анықталуы парк аймағында шөл, дала, тау беткейі, таулы және өзен аңғарлары экожүйелерінің жоғары ландшафтық және биотоптық алуантүрлілігі сақталғанын көрсетеді.

Анықталған *Scopula ansulata characteristica*, *Scopula albidaria*, *Scopula arenosaria* және тар ареалды түрлер тіршілік ортаның өзгерістеріне сезімтал болады, сондықтан оларды экожүйелердің мониторингтің индикаторлық нысандары ретінде қарастырады. Алғаш рет парк аумағында тіршілік ететіні белгілі болған 12 түр болашақта популяциалық динамиканы бақылау үшін индикаторлық таксон ретінде пайдалануға болады. Бұл дегеніміз антропогендік және абиотикалық өзгерістердің әсерін бағалауға мүмкіндік береді. Алынған нәтижелер аймақтың биоалуантүрлілігі туралы ақпаратты толықтырып, сирек және эндемик, сонымен қатар экологиялық тұрғыдан осал түрлерді сақтау, ұзақ мерзімді мониторинг жүйесін ұйымдастыру, табиғатты қорғау жоспарларын ғылыми негізде жүзеге асыру үшін маңызды мәлімет көзі болып табылады.

Қорытынды

Авторлар жүргізген зерттеулер нәтижесінде үсақ қанатты қарыстаушы қабыршаққанаттылар (*Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae*) тұқымдас тармағының 13 туысына жататын 39 түрі тіркелді. Олардың ішінде зерттелген аудан фаунасында осы жүргізілген зерттеуге дейін белгісіз болған үсақ қанатты қарыстаушы қабыршаққанаттылардың 12 түрі алғаш рет анықталды.

Жүргізілген зерттеу нәтижесінде Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінде үсақ қанатты қарыстаушылардың фаунасының аралас текті болып табылатыны белгілі болды. Негізінен олар Орта Азия, Жерорта теңізі және Еуропа фауналық кешендерінің элементтерінен тұратыны анықталды.

Экологиялық құрылымы бойынша негізгі басым топтар ксерофилді өсімдіктер қауымдастықтарын, жар тасты беткейлерді мекендейтін ксерофилдер, келесі бұталы, ағашты, тығыз тоғайлы өзен жағалауын мекендейтін мезофилдер, сонымен қатар шалғындар, жазық далалы жерлерді мекендейтін ксеромезофилдер екені анықталды. Анықталған түрлердің басым бөлігі аридті (қуаң) жағдайға бейімделген, ол Шарын мемілекеттік ұлттық табиғи паркінің ландшафтық ерекшелігін көрсетеді.

Шарын мемлекеттік ұлттық табиғи паркінде кездесетін, жекелеген орындардан белгілі болған *Scopula albidaria* Staudinger, 1901., *Scopula ansulata characteristica* Alphraky, 1882 эндемик және суб эндемик түрлер анықталды.

Алынған нәтижелер Орта Азиядағы үсақ қанатты қарыстаушы қабыршаққанаттылар өкілдерінің таксономиялық құрамы мен зоогеографиялық байланыстары бойынша білімді біршама кеңейтеді, сонымен қатар қабыршаққанаттылардың биоалуантүрлілігін сақтауға бағытталған түгендеу жұмыстарын, мониторинг бағдарламаларын және қорғау шараларын әзірлеу кезінде қолданылатын болады. Бұдан басқа алынған нәтижелер аймақтың экологиялық мониторинг жүйесін жетілдіруге және мемлекеттік ұлттық табиғи аймақтарды қорғау стратегиясын әзірлеуге негіз бола алады.

Қаржыландыру көзі

Жұмыс Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігінің IRN BR28713619 «Палеонтология, зоология, археология, археография топтамаларын пәнаралық зерттеу және жаңа материалдармен («Ғылым Ордасы» мұражайлары негізінде) толықтыру» 2025-2027 жж. нысаналы қаржыландыру шеңберінде жүзеге асырылды.

Авторлардың үлесі

Г.Ш. Назымбетова, Б.Т. Таранов: зерттеу тұжырымдамасын әзірледі, далалық материалдарды жинауға қатысты, үсақ қанатты қарыстаушылар фаунасының таксономиялық идентификациясын жүргізді, нәтижелерді талдады және мақаланың негізгі мәтінін жазды; Д.К. Кирбаева, Ж.Д. Әбдікерімов: далалық зерттеулерді ұйымдастыруға және материалдарды жинауға қатысты, зерттеу аймағының сипаттамасын дайындады, әдебиеттерге шолу жүргізді; З.Т.Есембекова, Г.У.Джайлаубекова: жиналған материалдарды зертханада өңдеді, деректерді жүйелеуге және талдауға қатысты, иллюстрациялар дайындады.

Әдебиеттер

Fasulati, K. K. (1971). *Polevoe izuchenie nazemnykh bespozvonochnykh* [Field study of terrestrial invertebrates]. Vysshaya Shkola.

Hausmann, A. (2001). *The geometrid moths of Europe: Vol. 1. Introduction, Archiearinae, Orthostixinae, Desmobathrinae, Alsophilinae, Geometrinae*. Apollo Books.

Hausmann, A. (2004). *The geometrid moths of Europe: Vol. 2. Sterrhinae*. Apollo Books.

Hausmann, A., & Viidalepp, J. (2012). *The geometrid moths of Europe: Vol. 3. Larentiinae I*. Apollo Books.

Kaila, L., Viidalepp, J., Mikkola, K., & Mironov, V. (1996). Geometridae (Lepidoptera) from the Tian-Shan Mountains in Kazakhstan and Kyrgyzstan, with descriptions of three new species and one new subspecies. *Acta Zoologica Fennica, 200*(2), 57–82.

Lampert, K. (1913). *Atlas babochek i gusenits Evropy i otchasti Russko-Aziatskikh vladenii* [Atlas of butterflies and caterpillars of Europe and partly of the Russian-Asian territories]. A. F. Devrien.

Mikkola, K., Jalas, I., & Peltonen, O. K. (1989). *Suomen perhoset. Mittarit 2* [Lepidoptera of Finland: Geometridae 2]. Recallmed.

Mironov, V. G. (1991). Food relationships of caterpillars with plants and the economic importance of Palearctic flower moths (Lepidoptera, Geometridae: Eupitheciini). *Proceedings of the All-Russian Institute of Plant Protection, 75*, 50–55.

Mironov, V. (2003). *The geometrid moths of Europe: Vol. 4. Larentiinae II (Perizomini and Eupitheciini)*. Apollo Books.

Mironov, V. G., Knyazev, S. A., & Gorbunov, P. Yu. (2021). Novye dlya fauny Kazakhstana vidy pyadenits triby Eupitheciini (Lepidoptera, Geometridae) [Species of geometrid moths of the tribe Eupitheciini (Lepidoptera, Geometridae) new to the fauna of Kazakhstan]. *Entomologicheskoe Obozrenie, 100*(3), 657–662.

Nazymbetova, G. Sh., Hausmann, A., Yelikbayev, B. K., & Taranov, B. T. (2016). Ecological-faunistic review of the geometrid moths of northern Tien-Shan Mountains (Lepidoptera, Geometridae). *Acta Zoologica Bulgarica, 68*(2), 191–198.

Nazymbetova, G., Yelikbayev, B., & Taranov, B. (2015). New data about Larentiinae (Geometridae, Lepidoptera) of the Kolsai Koldery State National Natural Park and its adjacent areas. *Biosciences Biotechnology Research Asia, 12*(1), 599–604. https://doi.org/10.13005/bbra/1702

Nazymbetova, G. Sh., Yelikbayev, B. K., & Taranov, B. T. (2014). MUTP "Kolsai Kolderi" zhane shektes aumaqtarynyn Geometrinae (Lepidoptera, Geometridae) faunasy turaly zhana malimetter [New data on the Geometrinae (Lepidoptera, Geometridae) fauna of the Kolsai Kolderi State National Natural Park and adjacent territories]. *Biology Series, 3*(62), 40–43.

Nazymbetova, G. Sh., & Taranov, B. T. (2020). "Altynemel" memlekettik ulttyq tabigi parki qarystauşylar (Lepidoptera, Geometridae) faunasy [Fauna of geometrid moths (Lepidoptera, Geometridae) of the Altyn-Emel State National Natural Park]. *Qazaqstan Zoology Habarshysy*, (1), 19–25.

Savchuk, V. V. (2013). *Atlas of moths and caterpillars of Crimea*. Business Inform.

Scoble, M. J., & Hausmann, A. (2007). *Online list of valid and available names of the Geometridae of the world*. http://www.lepbarcoding.org/geometridae/species_checklists.php

Segerer, A. H., & Hausmann, A. (2011). *Die Großschmetterlinge Deutschlands (The Macrolepidoptera of Germany)*. Heterocera Press.

Vasilenko, S. V. (2009). *Lythria venustata* (Lepidoptera, Geometridae): A rare species from the territory of Kazakhstan. *Zoologicheskii Zhurnal, 88*(4), 508–510.

Vasilenko, S. V., & Belousov, A. V. (2021). K poznaniyu fauny pyadenits (Lepidoptera: Geometridae) Dzhungarskogo Alatau, Kazakhstan [Contribution to the knowledge of the geometrid moth fauna (Lepidoptera: Geometridae) of the Dzungarian Alatau, Kazakhstan]. *Kavkazskii Entomologicheskii Byulleten (Caucasian Entomological Bulletin), 17*(1), 141–153. https://doi.org/10.23885/181433262021171-141153

Viidalepp, J. (1988). *Fauna pyadenits gor Srednei Azii* [Geometrid moths of the mountains of Central Asia]. Nauka.

Viidalepp, J. (1996). *Checklist of the Geometridae (Lepidoptera) of the former USSR*. Apollo Books.

Information about the authors:

G.Sh. Nazymbetova – PhD, Chief Researcher of the RSE "Gylym Ordasy" under the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: g.nazymbetova@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-1304-1015).

D.K. Kirbayeva – Leading Researcher at the RSE "Gylym Ordasy" of the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: kk.dariga@gmail.com, ORCID: 0009-0007-2160-972X).

B.T. Taranov – Candidate of Biological Sciences, Chief Researcher of the RSE "Gylym Ordasy" under the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: btt_54@mail.ru, https://orcid.org/0000-0001-6181-3118).

Zh.D. Abdykerimov – Head of the Museum of Nature of the Republican State Enterprise "Gylym Ordasy" Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: zhan_23_02_1987@mail.ru, https://orcid.org/0000-0001-6308-6102).

Z.T. Yesimbekova – Chief Researcher of the Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging (Almaty, Kazakhstan, e-mail: zina_jk@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-1745-9611).

G.U. Dzhaylaubekova – Researcher of the RSE "Gylym Ordasy" under the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: dzhaylaubekova75@mail.ru, https://orcid.org/0009-0003-7823-9599).

Авторлар туралы мәлімет:

Г.Ш. Назымбетова – PhD, ҚР Ғылым және жоғары білім министрлігіне қарасты «Ғылым ордасы» РМК Бас ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, e-mail: g.nazymbetova@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-1304-1015).

Д.К. Кирбаева – Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитетінің «Ғылым ордасы» РМК жетекші ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, e-mail: kk.dariga@gmail.com, ORCID: 0009-0007-2160-972X).

Б.Т. Таранов – биология ғылымдарының кандидаты, ҚР Ғылым және жоғары білім министрлігіне қарасты «Ғылым ордасы» РМК Бас ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, e-mail: btt_54@mail.ru, https://orcid.org/0000-0001-6181-3118).

Ж.Д. Абдыкеримов – Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігінің «Ғылым ордасы» республикалық мемлекеттік кәсіпорны Табиғат музейінің меңгерушісі (Алматы, Қазақстан, e-mail: zhan_23_02_1987@mail.ru, https://orcid.org/0000-0001-6308-6102).

З.Т. Есембекова. – ЗҚазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми зерттеу институты бас ғыыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, e-mail: zina_jk@mail.ru, https://orcid.org/0000-0003-1745-9611).

Г.У. Джайлаубекова – ҚР Ғылым және жоғары білім министрлігіне қарасты «Ғылым ордасы» РМК ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, e-mail: dzhaylaubekova75@mail.ru, https://orcid.org/0009-0003-7823-9599).

Сведения об авторах:

Г.Ш. Назымбетова – PhD, главный научный сотрудник РГП «Ғылым ордасы» Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (Алматы, Казахстан, e-mail: g.nazymbetova@mail.ru).

Д.К. Кирбаева – ведущий научный сотрудник РГП «Ғылым ордасы» Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (Алматы, Казахстан, e-mail: kk.dariga@gmail.com).

Б.Т. Таранов – кандидат биологических наук, главный научный сотрудник РГП «Ғылым ордасы» Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (Алматы, Казахстан, e-mail: btt_54@mail.ru).

Ж.Д. Абдыкеримов – заведующий Музеем природы Республиканского государственного предприятия «Ғылым ордасы» Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (Алматы, Казахстан, e-mail: zhan_23_02_1987@mail.ru).

З.Т. Есембекова – главный научный сотрудник, Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства (Алматы, Казахстан, e-mail: zina_jk@mail.ru).

Г.У. Джайлаубекова – научный сотрудник РГП «Ғылым ордасы» Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (Алматы, Казахстан, e-mail: dzhaylaubekova75@mail.ru).

Келіп түсті: 18 желтоқсан 2025 жыл
Қабылданды: 15 қыркүйек 2026 жыл

ҒТАМР 34.33.19 https://doi.org/10.26577/bb108320265

П.А. Есенбекова[1*], Г.Е. Марденова[1], М.Б. Жақсыбаев[2], А.М. Кенжегалиев[3], М.Ж. Байжүніс[1]

[1]ҚР ҒЖБМ ҒК «Зоология институты» РМК, Алматы, Қазақстан
[2]Абай атындағы ҚазҰПУ, Алматы, Қазақстан
[3]Ж.Жиембаев атындағы *Қазақ өсімдік қорғау* және карантин ғылыми-зерттеу институты, Алматы, Қазақстан
*e-mail: esenbekova_periz@mail.ru

БАТЫС ТЯНЬ-ШАНЬНЫҢ ЖАЙ КӨЗШЕСІЗДЕР (HEMIPTERA, HETEROPTERA, CIMICOMORPHA II, MIRIDAE) ТҰҚЫМДАСЫНЫҢ АЛУАНТҮРЛІЛІГІ

Зерттеу тақырыбы «Батыс Тянь-Шаньның жабайы жануарларын сақтау және тұрақты пайдалану мақсатында олардың кадастрын жүргізу үшін ақпараттық жүйені әзірлеу». Зерттеудің басты мақсаты – Батыс Тянь-Шаньның Miridae тұқымдасының алуантүрлілігі анықтау. Жәндіктерді жинау үшін энтомологиялық әртүрлі әдістер қолданылды: энтомологиялық сүзгімен ору, түнгі жарыққа жинау, эксгаустермен ұсақ жәндіктерді жинау және т.б. 2024-2025 ж. Батыс Тянь-Шань тауында жүргізілген далалық зерттеулер нәтижесінде Жай көзшесіздер (Miridae) тұқымдасы қандалаларының 42 түрі анықталды. Тіршілік ету ортасы бойынша бірнеше топқа бөлінеді: хортобионттар, хорто-тамнобионттар, дендробионттар, дендро-хортобионттар: хортобионттар – 37 түр, хорто-тамнобионттар – 2 түр, дендро-хортобионттар – 1 түр, дендробионттар – 2 түр. Жартылай қаттықанаттардың әр түрлері тіршілік ету ортасының ылғалдану дәрежесіне әртүрлі бейімделген. Осы негізде түрлердің келесі экологиялық топтарын ажыратуға болады: мезофилдер, мезоксерофилдер: мезофилдер – 39 түр, мезоксерофилдер – 3 түр. Қоректік байланыстары бойынша қандалалар арасында өсімдікқоректі (фитофагтар) және араласқоректі түрлер (зоофитофагтар) болып бөлінеді, олар өсімдіктермен де және жануарлармен де қоректенеді: зоофитофагтар – 6 түр, фитофагтар – 36 түр: полифитофагтар – 24 түр, кең олигофитофагтар – 11 түр, тар олигофитофагтар – 1 түр. Популяцияның вольтинизмі жыл сайынғы беретін ұрпақтардың санын көрсетеді. Жартылай қаттықанаттылардың Жай көзшесіздер (Miridae) тұқымдасы үшін вольтинизмнің белгілі 3 түрі бар: моновольтинді – 18 түр, бивольтинді – 15 түр, поливольтинді – 9 түр. Жартылай қаттықанаттылар дамудың әртүрлі кезеңдерінде қыстаумен сипатталады: ересек сатысында қыстайтындар – 19 түр, жұмыртқа сатысында – 23 түр. Зерттеулер нәтижесінде Жай көзшесіздер (Miridae) тұқымдасының 42 түрі анықталды.

Түйін сөздер: Батыс Тянь-Шань, Miridae, Hemiptera, Heteroptera, Cimicomorpha II, фауна.

P.A. Esenbekova[1]*, G.E. Mardenova[1], M.B. Zhaksybayev[2], A.M. Kenzhegaliev[3], M.Zh. Baizhunis[1]

[1]RSE «Institute of Zoology» Committee of Science Ministry of Science and Higher Education of the RK, Almaty, Kazakhstan
[2]Kazakh National Pedagogical University named after Abai, Almaty, Kazakhstan
3Kazakh Scientific Research Institute of Plant Protection and Quarantine named after Zhazken Zhiembayev, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: esenbekova_periz@mail.ru

Diversity of the Miridae family (Hemiptera, Heteroptera, Cimicomorpha II) Western Tien Shan

The topic of the study is “Development of an Information System for Maintaining a Cadastre of Wild Animals of the Western Tien Shan for their conservation and sustainable use.” The main objective of the study was to determine the diversity of the family Miridae in the Western Tien Shan. Various entomological methods were used to collect insects, including sweeping with an entomological net, nocturnal collection, and the collection of small insects using an aspirator, among others. As a result of field studies conducted in the Western Tien Shan in 2024–2025, 42 species of bugs belonging to the family Miridae were identified. According to habitat preferences, the identified species can be divided into several groups: chortobionts, chorto-tamnobionts, dendro-chortobionts, and dendrobionts. Chorto-

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

bionts accounted for 37 species, chorto-tamnobionts for 2 species, dendro-chortobionts for 1 species, and dendrobionts for 2 species. Different species of Hemiptera have different requirements for the degree of habitat moisture. Based on this characteristic, the following ecological groups were identified: mesophiles and mesoxerophiles. Mesophiles comprised 39 species, while mesoxerophiles comprised 3 species. According to trophic relationships, the bugs were divided into herbivorous species and species with mixed diets that consume both plant and animal food. Zoophytophagous species accounted for 6 species, while phytophagous species accounted for 36 species, including 24 polyphytophagous species, 11 broad oligophytophagous species, and 1 narrow oligophytophagous species. Voltinism reflects the number of generations produced by a population per year. Three known types of voltinism are characteristic of Hemiptera of the family Miridae: univoltine species – 18 species, bivoltine species – 15 species, and multivoltine species – 9 species. Hemiptera overwinter at different developmental stages: 19 species overwinter at the adult stage, while 23 species overwinter at the egg stage. As a result of field studies conducted in the Western Tien Shan, 42 species of bugs belonging to the family Miridae were identified.

Keywords: Western Tien Shan, Miridae, Hemiptera, Heteroptera, Cimicomorpha II, fauna.

П.А. Есенбекова[1*], Г.Е. Марденова[1], М.Б. Жақсыбаев[2],
А.М. Кенжегалиев[3], М.Ж. Байжүніс[1]

[1]РГП «Институт зоологии» КН МНВО РК, Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный педагогический университет имени Абая, Алматы, Казахстан
[3]Казахский НИИ защиты и карантина растений им. Ж. Жиембаева, Алматы, Казахстан
*e-mail: esenbekova_periz@mail.ru

Разнообразие семейства Слепняков (Hemiptera, Heteroptera, Cimicomorpha II, Miridae) Западного Тянь-Шаня

Тема исследования «Разработка информационной системы для ведения кадастра диких животных Западного Тянь-Шаня с целью их сохранения и устойчивого использования». Основная цель исследования – определить разнообразие семейства Miridae Западного Тянь-Шаня. Для сбора насекомых использовались различные энтомологические методы: сбор энтомологическим сачком, сбор в ночное время, сбор мелких насекомых с помощью эксгаустера и т. д. В 2024–2025 гг. в результате полевых исследований территории Западного Тянь-Шаня из сем. Miridae выявлены 42 вида клопов. По приуроченности к местам обитания подразделяются на несколько групп: хортобионты, хорто-тамнобионты, дендро-хортобионт, дендробионты: хортобионты – 37 видов, хорто-тамнобионты – 2 вида, дендро-хортобионт – 1 вид, дендробионты – 2 вида. Разные виды полужесткокрылых имеют различные требования к степени увлажненности местообитания. По этому признаку могут быть выделены следующие экологические группы видов: мезофилы, мезоксерофилы: мезофилы – 39 видов, мезоксерофилы – 3 вида. По пищевым связям среди клопов выделяются растительноядные виды и виды со смешанным питанием, потребляющие как растительную, так и животную пищу: зоофитофаги – 6 видов, фитофаги – 36 видов: полифитофаги – 24 вида, широкие олигофитофаги – 11 видов, узкие олигофитофаги – 1 вид. Вольтинизм популяции отражает количество ежегодных поколений. Для полужесткокрылых сем. Слепняки характерны 3 известных типа вольтинизма: моновольтинный – 18 видов, бивольтинный – 15 видов, поливольтинный – 9 видов. Для полужесткокрылых характерна зимовка на разных стадиях развития: зимующие в стадии имаго – 19 видов, в стадии яйца – 23 видов. В результате полевых исследований территории Западного Тянь-Шаня из сем. Miridae выявлены 42 вида клопов.

Ключевые слова: Западный Тянь-Шань, Miridae, Hemiptera, Heteroptera, Cimicomorpha II, фауна.

Кіріспе

Бұл мақаланың негізі – Батыс Тянь-Шаньдағы 2024-2025 жылдардағы авторлардың жинаған материалдары. Батыс Тянь-Шаньдағы Cimicomorpha II инфраотряды Miridae тұқымдасының түр құрамы арнайы зерттелмеген, сондықтан біздің зерттеулеріміз өзекті болып табылады.

Жай көзшесіздер (Miridae) тұқымдасы барлық зоогеографиялық аймақтарда кездеседі (Adler, 2017). Әлемдік фаунада 1538 тұқымдастың 11 мыңға жуық түрі бар, бұл қандалалардың барлық әртүрлілігінің шамамен 25% құрайды (Cassis & Schuh, 2012). Тұқымдас 7 тұқымдас тармағына бөлінген (Adler, 2017). Орташа немесе кішігірім қандалалар; денесінің ұзындығы 2-ден 11 мм-ге дейін жетеді. Денесі салыстырмалы түрде жұмсақ, дөңгелек немесе ұзартылған, көбінесе орташа ұзартылған (Opredelitel' nasekomykh Dal'nego Vostoka SSSR, 1988). Аналық жұмыртқаларын өсімдік тініне салады. Жұмыртқалары

қыстайды, ересектері сирек. Түрлердің басым көпшілігі жылына бір рет үрпақ береді. Олар өсімдіктерде тіршілік етеді, өкілдерінің көпшілігі өсімдікқоректілер, кейбірі зоофитофагтар (өсімдіктер және жануарлармен қоректенеді) немесе жыртқыштар. Өсімдікқоректі түрлер мен зоофитофагтардың көпшілігі жабықтұқымды өсімдіктерде (шөптесін, бұталы және ағашты) қоректенеді, бірақ ашық тұқымдыларда, папоротниктерде және ағаш саңырауқұлақтарында қоректенетіндер де бар (Opredelitel' nasekomykh Dal'nego Vostoka SSSR, 1988). Көптеген түрлер ауыл шаруашылығына зиян тигізеді.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Жәндіктерді жинау үшін энтомологияда жаппай жүргізілетін ортақ әдістер қолданылды. Жәндіктерді жинау кезінде энтомологиялық сүзгілер, түрлі тұзақтар, қысқыштар, қораптар, морилкалар пайдаланылды. Жәндіктерді жинау үшін әртүрлі әдістер: энтомологиялық сүзгімен ору, түнгі жарыққа жинау, эксгаустермен ұсақ жәндіктерді жинау және т.б. Өсімдіктерден омыртқасыздарды жинаудың ең көп таралған әдісі – «ору». "Ору" әдісі жәндіктерді жинап қана қоймайды, сонымен қатар сандық өлшеулер де жүргізіледі. Түнде белсенді жәндіктерді жинау үшін түнгі жарықтар пайдаланылады, олар шамдар мен жәндіктер кіретін коллекторларды біріктіретін әртүрлі механизмдер. Түнде ұшатын жәндіктер жарық көздеріне тартылады. Жарықтың ультракүлгін бөлігі әсіресе тартымды. Тірі жәндіктерді жинау кезінде немесе жинағаннан кейін оларды этилацетатпен морилкада жансыздандырады. Жансыздандырылған материалды тасымалдау үшін арнайы матриктер мен қораптар қолданылады (Fasulati, 1971; Kirichenko, 1957; Paliy, 1970).

Зерттеу нәтижелері және оларды талдау

Төменде анықталған түрлердің тізімі берілген.

Deraeocoris punctulatus (Fallen, 1807). Хортобионт; мезофил (тауда теңіз деңгейінен 800-2300 м биіктікте); зоофитофаг (жәндіктермен қоректенеді: өсімдік биттері, трипстер); жылына 2-3 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. В.В. Заводчиковаңың бақылауларына сәйкес (Zavodchikova, 1974), бұл түр пайдалы энтомофаг-жыртқыш болып табылады, таза өсімдік негізіндегі қорекпен дами алмайды, сондықтан жануарлармен қоректенуді қажет етеді, өсімдік биттерімен қоректенгенді жөн көреді. Батыс Тянь-Шань тауы, Мыңтоқымсай және Қырыққыз шатқалдары.

Deraeocoris serenus (Douglas & Scott, 1868). Хортобионт; мезофил (мезофитті биотоптарда, өзен аңғарларында, тау етегі шалғындарында, теңіз деңгейінен 800-1100 м биіктікте); зоофитофаг (ұсақ жәндіктермен қоректенеді); жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу және Сарыайғыр шатқалдары.

Deraeocoris olivaceus (Fabricius, 1777). Әртүрлі жапырақты ағаштар мен бұталарда тіршілік етеді; мезофил; зоофитофаг; жылына бір рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу және Сарыайғыр шатқалдары.

Deraeocoris ruber (Linnaeus, 1758). Ағаштарда, негізінен шөптесін өсімдіктерде тіршілік етеді; мезофил (көбінесе орманның шеттерінде және шабындықтарында, жайылмалы шалғындарда); зоофитофаг; жылына бір рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Талас Алатауы, Иірсу (теңіз деңгейінен 1200-1300 м биіктікте), Қаржантау, Бокшелпек, Сайрамсу және Сарыайғыр шатқалдары, Арыс, Көкбұлақ өзендері аңғары.

Capsus ater Linnaeus, 1758. Мезо – және гигрофитті шөптесінді шалғындар мен батпақты жерлер мекендейді. Бидайық шөптерінде, айрауық және басқа да дәнді дақылдарда тіршілік етеді. Батыс Тянь-Шань тауы, Мыңтоқымсай шатқалы, 30.07.2024. 2 экз.; Өгем ауылы маңы. 03.08.2025. 2 экз.

Capsus cinctus (Kolenati, 1845). Хортобионт; мезофил (мезофитті жағалау шалғындарында) (Vinokurov, 1977); кең олигофитофаг (дәнді дақылдарда: бетеге, атқонақ, бидайық, айрауық, еркекшөп, кейде бидаймен де қоректенеді) (Puchkov, 1966); жылына бір рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу және Сарыайғыр шатқалдары, Арыс өзені аңғары.

Capsodes gothicus gothicus (Linnaeus, 1758). Хортобионт (түрлі шөптесінді өсімдіктерде); мезофил (дала, тау етегі және субальпілік шалғындар, теңіз деңгейінен 1300-2300 биіктікте); полифитофаг (*Galium, Hypericum, Epilobium* және т.б.); жылына бір рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Charagochilus gyllenhalii (Fallen, 1807). Хортобионт; мезофил (далада, шөпті шалғындарда, алма және қылқан жапырақты ормандарда, орман алқаптарында, төмен таулы және субальпілік шалғындарда, теңіз деңгейінен 900-2500 м биіктікте); полифитофаг (кермек, қызылбояу, тобылғы, мақсары, картоп және күнбағыстың генеративті мүшелерімен қоректенеді); жылына бір рет ұрпақ береді (Tamanini, 1981); ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Chlamydatus pullus (Reuter, 1870). Хортобионт; мезофил (далада, тауларда және таулы жазықтарда, шалғындарда, барлық жерде кездеседі); полифитофаг (бұршақ тұқымдастарда, күрделігүлділерде және басқа шөптесін өсімдіктерде; жылына 3 ұрпақ береді, жұмыртқалары қыстайды. Бұршақ зиянкестері ретінде белгілі (Kerzhner, 1967). Батыс Тянь-Шань тауы, Тәңірберді, Тоғансай шатқалдары, Өгем ауылы маңы.

Chlamydatus pulicarius (Fallen, 1807). Хортобионт (әртүрлі орманды шөптесін өсімдіктерде); мезофил (шалғындарда, дала учаскелерінде, орман шеттері мен алаңқайларында, су қоймаларының жағасында, тауларда 1000-1500 м дейін); полифитофаг (бұршақ тұқымдастарда, күрделігүлділерде және басқа да шөптесін өсімдіктерде, бұршақ тұқымдастарға зиян келтіреді); жылына 3 ұрпаққа дейін береді (Kerzhner, 1978); жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Closterotomus biclavatus biclavatus (Herrich-Schaeffer, 1835). Хортобионт; мезофил; зоофитофаг; жылына 1 рет ұрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу және Сарыайғыр шатқалдары, Арыс өзені аңғары.

Adelphocoris lineolatus (Goeze, 1778). Хортобионт; мезофил; полифитофаг (күрделігүлділер, алаботалар және бұршақ тұқымдас өсімдіктерде, бұршақ тұқымдастарға үлкен артықшылық беріледі); жылына 2-3 рет ұрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Бұршақ дақылдарының ең көп таралған зиянкестері. Өрістердің едәуір бітелуімен генеративті органдардың 75%-ға дейін төмендеуі байқалады, бұл жоңышқа тұқымының өнімділігінің күрт төмендеуіне әкеледі (Asanova & Childibaev, 1976). Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу және Сарыайғыр шатқалдары, Қырыққыз, Қаскасу, Біркөлік, Қарабау, Тәңірберді, Тоғансай, Жабайы альпинистер, Кергелі, Шәлекенсай шатқалдары, Арыс, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Adelphocoris vandalicus (Rossi, 1790). Хортобионт; мезофил (әртүрлі мезофиттік биотоптарда, тауларда теңіз деңгейінен 1500 м дейін); полифитофаг (бұршақ тұқымдастарда, ерінгүлділерде, сонымен қатар беде *Trifolium*, жоңышқа *Medicago*, эспарцет *Onobrychis gracilis*, қызылмия *Glycyrrhiza,* шатыраш *Salvia* және т.б.); жылына 2 рет ұрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Жоңышқа мен эспарцет дақылдарына зиян келтіреді (Talitskiy & Puchkov, 1966). Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі, Сайрамсу және Сарыайғыр шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Agnocoris rubicundus (Fallen, 1807). Дендробионт (жапырақты, жеміс ағаштары мен бұталарында, көбінесе талда); мезофил (800-2300 м тауларда); полифитофаг (*Salix* талының тұқымымен қоректенеді, үйеңкі және т.б.); жылына 2 рет ұрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Бұл жеміс дақылдарының зиянкестерінің қатарына жатады (Grossgeym & Pyatakova, 1928; Vasil'ev, 1955). Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Apolygus lucorum (Meyer-Dur, 1843). Хортобионт; мезоксерофил (мезо – және ксерофитті шөпті шалғындарда және таулардың дала беткейлерінде); полифитофаг; жылына 2 рет ұрпақ береді (Cobben, 1958); жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр, Қырыққыз, Қасқасу, Біркөлік, Қарабау шатқалдары.

Apolygus spinolae (Meyer-Dur, 1841). Хортотамнобионт (бұталар мен шөптесін өсімдіктерде: *Urtica, Spiraea*,таңқурай *Rubus*); мезофил (орман аймағы, бұталы алқаптарда, орташа ылғалды биотоптарда, жайылмаларда); полифитофаг; жылына 2 рет ұрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр, Жабайы альпинистер, Кергелі шатқалдары.

Liocoris tripustulatus (Fabricius, 1781). Хортобионт; мезофил (мезофитті шөптесінді шалғындар мен таулардың дала беткейлерінде, теңіз деңгейінен 900-1300 м биіктікте); полифитофаг (көбінесе *Urtica, Artemisia* және т.б. (Puchkov, 1971); жылына 1 рет ұрпақ береді; ересек даралары өсімдік жабынында қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Арыс өзені аңғары.

Lygus gemellatus gemellatus (Herrich-Schaeffer, 1835). Хортобионт; мезофил (дала, аралас орман, тауларда 800-1100 м биіктікке дейін); полифитофаг (жусан және басқа да түрлі шөптесін өсімдіктерде; жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Түнгі жарыққа ұшады. Барлық жерде дәнді, бұршақты дақылдарға зиян келтіреді (Asanova & Iskakov, 1976). Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі, Қырыққыз, Қасқасу, Біркөлік, Қарабау, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Lygus pratensis (Linnaeus, 1758). Хортобионт; мезофил (көбінесе өзендердің жайылмасында, алма және аралас ормандарда, сондай-ақ далалы, төмен таулы және субальпілік шалғындарда, теңіз деңгейінен 800-2000 м биіктікте); полифитофаг (жеміс-жидек, дәнді дақылдар, бұршақ және бақша дақылдарына зиян келтіреді) (Puchkov, 1973); жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі, Қырыққыз, Қасқасу, Біркөлік, Қарабау, Мыңтоқымсай, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Арыс, Сайрамсу және Сарыайғыр өзендері аңғары.

Lygus punctatus (Zetterstedt, 1838). Хортобионт; мезофил; полифитофаг; жылына 3-4 рет үрпақ береді (Wagner & Weber, 1964); ересек даралары қыстайды. Эврибионт. Әртүрлі дақылдарға зиян келтіреді. Батыс Тянь-Шань тауы, Талас Алатауы, Иірсу шатқалы (теңіз деңгейінен 1200-1300 м), Қаржантау, Бокшелпек, Қырыққыз, Қасқасу, Біркөлік, Қарабау, Мыңтоқымсай, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Арыс, Сайрамсу және Сарыайғыр өзендері аңғары.

Lygus rugulipennis Poppius, 1911. Хорто-тамнобионт (ол барлық жерде, өзендердің жайылмаларында, көптеген шөптесінді және бұталы өсімдіктерде кездеседі); мезофил; полифитофаг; жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Шатыргүлді көкөніс дақылдарының тұқымына зиян келтіреді (Wagi, 1954). Полифаг. Көптеген дақылдарға зиян келтіреді: жеміс-жидек, дәнді дақылдар, дәрілік және басқа өсімдіктер. Батыс Тянь-Шань тауы, Қырыққыз, Қасқасу, Біркөлік, Қарабау, Тәңірберді, Тоғансай, Шалекенсай шатқалдары.

Brachycoleus decolor Reuter, 1887. Хортобионт; мезофил (дала, төмен таулы шалғындар, теңіз деңгейінен 800-1400 м биіктікте, алма, қайың-терек ормандары және басқа да әртүрлі мезофиттік биотоптар); полифитофаг; жылына 1 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Талас Алатауы, Иірсу, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Orthops campestris Linnaeus, 1758. Хортобионт; мезофил (тауларда теңіз деңгейінен 800-2300 м биіктікке дейін); кең олигофитофаг – шатыргүлділерде; тұқымға өсірілетін барлық шатыргүлділердің зиянкестері (Puchkov, 1966); жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Қырыққыз, Қасқасу, Біркөлік, Қарабау, Тоғансай, Мыңтоқымсай, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Orthops kalmi (Linnaeus, 1758). Хортобионт; мезофил (далада, төмен таулы және субальпілік шалғындарда, 950-2300 м); кең олигофитофаг (шатыргүлділерде); жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Жеміс ағаштарында да тіркелген (Golub, 1995). Батыс Тянь-Шань тауы, Кергелі, Жабайы альпинистер, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Orthocephalus brevis (Panzer, 1798). Хортобионт; мезо-ксерофил, кең олигофитофаг, жылына 1 рет үрпақ береді; жұмыртқалар қыстайды (Puchkov, 1967). Тауларда шалғынды дәнді және күрделігүлді өсімдіктерде. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Orthocephalus saltator (Hahn, 1835). Хортобионт; мезофил (далалы аймақтан таулы ормандарға дейін, дала шалғындары, орман шеттері және т.б.); полифитофаг (бұршақ дәнділерде, күрделігүлділерде: *Hieracium, Achillea, Cichorium*; жылына 1 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Orthotylus lenensis Lindberg, 1928. Хортобионт; мезофил (жайылмаларда, шөгінділерде, субальпілік шалғындарда, теңіз деңгейінен 2200-2500 м биіктікте); полифитофаг; жылына 1-2 рет үрпақ береді (Kerzhner, 1962); жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Polymerus cognatus (Fieber, 1858). Хортобионт; мезофил (дала, тау бөктері, 850 м-ге дейін); полифитофаг (бұршақ тұқымдастарда, шаршыгүлділерде, күрделігүлділерде (жусан және алаботада); жылына 4 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Тұқымдар мен өсімдіктерге зиян келтіреді – жоңышқа, картоп, дәнді дақылдар (Kerzhner, 1963). Батыс Тянь-Шань тауы, Қырыққыз, Қаскасу, Біркөлік, Қарабау шатқалдары.

Polymerus unifasciatus (Fabricius, 1794). Хортобионт; мезофил (мезофитті түрлішөптесінді шалғындар, тауда теңіз деңгейінен 800-1300 м биіктікте; полифитофаг; жылына 2 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Тоғансай, Мыңтоқымсай, Қырыққыз шатқалдары.

Plagiognathus chrysantemi (Wolff, 1804). Хортобионт; мезофил (дала, жайылма, орман, түрлі шөптесінді-дәнді шалғындар, тауларда теңіз деңгейінен 800-1300 м дейін); полифитофаг (күрделігүлділер, бұршақ, дәнді дақылдар және басқа да шөптесін өсімдіктерде) (Puchkov, 1973); жылына 1 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр, Қырыққыз, Қаскасу, Біркөлік, Қарабау шатқалдары, Арыс өзені аңғары.

Plagiognathus bipunctatus Reuter, 1883. Хортобионт; мезофил (дәнді-түрлі шөптесінді далалар, тауларда теңіз деңгейінен 750-950 м дейін) (Kerzhner, 1963); полифитофаг (бұршақ тұқымдастарда, күрделігүлділерде және ерінгүлділерде); жылына 1 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Талас Алатауы, Иірсу (теңіз деңгейінен 1200-1300 м биіктікте), Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Psallopsis similis Wagner, 1958. Хортобионт; мезофил; полифитофаг (шөптесін өсімдіктерде); жылына 1 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды (Konstantinov, 1997). Батыс Тянь-Шань тауы, Талас Алатауы, Иірсу (теңіз деңгейінен 1200-1300 м биіктікте), Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Phytocoris varipes Boheman, 1852. Хортобионт (далада шөптесін өсімдіктер арасында); мезофил; зоофитофаг; жылына 2 рет үрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Арыс өзені аңғары.

Notostira erratica (Linnaeus, 1758). Хортобионт; мезофил; кең олигофитофаг (жабайы астық және дәнді дақылдарда: *Agropyrum, Phleum, Poa, Elymus* және т.б.); жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр, Қырыққыз, Қаскасу, Біркөлік, Қарабау шатқалдары, Арыс өзені аңғары.

Notostira elongata (Geoffroy, 1785). Хортобионт (шалғынды дәнді өсімдіктерде); мезофил (дала және субальпілік шалғындар, теңіз деңгейінен 850-2400 м, орман шеттері, жайылма және т.б.); кең олигофитофаг – дәнді дақылдарда: *Agropyrum, Triticum, Secale* (Golub, 1978); жапырақтары мен сабақтарының жасыл, шырынды бөліктерін сорады, дәнді дақылдардың генеративті мүшелерін сирек сорады; жылына 3 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Жабайы альпинистер, Кергелі, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Қырғилы және Көпжайлау өзендері аңғары.

Stenodema calcarata (Fallen, 1807). Хортобионт (шалғынды шөптесін өсімдіктерде); мезофил (жайылмалы шалғындар, орман шеттері және т.б.); полифитофаг (дәнді дақылдар және қияқ өсімдіктерде) [20]; жылына 2 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр, Қазығұрт (теңіз деңгейінен 1500-1700 м биіктікте), Бокшелпек шатқалдары, Сайрамсу, Сарыайғыр, Арыс өзендері аңғары.

Stenodema laevigata (Linnaeus, 1758). Хортобионт; мезофил (түрлі шөптесінді-дәнді шалғындар, орман шеттері мен алаңқайлары және т.б.); кең олигофитофаг (дәнді дақылдарда); жылына 1 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Талас Алатауы, Иірсу, Көкбұлақ, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Stenodema holsata (Fabricius, 1787). Хортобионт; мезофил (ылғалды шалғындар, орман шеттері мен алаңқайдағы шалғындар және т.б.); полифитофаг (дәнді дақылдар және қияқ шөптерде); жылына 1 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Талас Алатауы, Иірсу (теңіз деңгейінен 1200-1300 м биіктікте), Көкбұлақ, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Stenodema virens (Linnaeus, 1767). Хортобионт; мезофил (төмен таулы, субальпілік (теңіз деңгейінен 850-2400 м биіктікте), жайылмалы шалғындар, шыршалы ормандар, орман алқаптары мен шеттері); кең олигофитофаг (жабайы және мәдени дәнді дақылдарда); жылына 1 рет үрпақ береді; ересек даралары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Trigonotylus caelestialium (Kirkaldy, 1902). Хортобионт; мезофил (жайылмалы шалғындарда); кең олигофитофаг (әртүрлі дәнді дақылдарда) [20]; жылына бірнеше рет үрпақ береді (поливольтинді); жұмыртқалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары, Арыс өзендері аңғары.

Trigonotylus brevipes Jakovlev, 1880. Хортобионт; мезоксерофил; тар олигофитофаг (дәнді дақылдарда: *Aleuropus littoralis* және т.б.; жылына 2 рет үрпақ береді (Golub, 1989); жұмырт-

қалары қыстайды. Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Trigonotylus ruficornis (Geoffroy, 1785). Хортобионт; мезофил (жайылма шалғындарда); кең олигофитофаг (түрлі дәнді дақылдарда); жылына 2-3 рет ұрпақ береді; жұмыртқалары қыстайды. Жүгеріге, күнбағыс тұқымына, арпаға, сұлыға зиян келтіреді (Golub, 1989). Батыс Тянь-Шань тауы, Сайрамсу, Сарыайғыр шатқалдары.

Төменде Батыс Тянь-Шаньда жүргізілген далалық зерттеу нәтижелерінің мәліметтері 1-кестеде беріліп отыр.

1-кесте

Батыс Тянь-Шань Cimicomorpha II, Miridae тұқымдасының түр құрамы

Туыс	Түр атаулары	Саны
Deraeocoris	*D. punctulatus* (Fallen, 1807)	4
	D. serenus (Douglas & Scott, 1868)	
	D. olivaceus (Fabricius, 1777)	
	D. ruber (Linnaeus, 1758)	
Capsus	*C. ater* Linnaeus, 1758	2
	C. cinctus (Kolenati, 1845)	
Capsodes	*C. gothicus gothicus* (Linnaeus, 1758)	1
Charagochilus	*C. gyllenhalii* (Fallen, 1807)	1
Chlamydatus	*C. pullus* (Reuter, 1870)	2
	C. pulicarius (Fallen, 1807)	
Closterotomus	*C. biclavatus biclavatus* (Herrich-Schaeffer, 1835)	1
Adelphocoris	*A. lineolatus* (Goeze, 1778)	2
	A. vandalicus (Rossi, 1790)	
Agnocoris	*A. rubicundus* (Fallen, 1807)	1
Apolygus	*A. lucorum* (Meyer-Dur, 1843)	2
	A. spinolae (Meyer-Dur, 1841)	
Liocoris	*L. tripustulatus* (Fabricius, 1781)	1
Lygus	*L. gemellatus gemellatus* (Herrich-Schaeffer, 1835)	4
	L. pratensis (Linnaeus, 1758)	
	L. punctatus (Zetterstedt, 1838)	
	L. rugulipennis Poppius, 1911	
Brachycoleus	*B. decolor* Reuter, 1887	1
Orthops	*O. campestris* Linnaeus, 1758	2
	O. kalmi (Linnaeus, 1758)	
Orthocephalus	*O. brevis* (Panzer, 1798)	2
	O. saltator (Hahn, 1835)	
Orthotylus	*O. lenensis* Lindberg, 1928	1
Polymerus	*P. cognatus* (Fieber, 1858)	2
	P. unifasciatus (Fabricius, 1794)	
Plagiognathus	*P. chrysantemi* (Wolff, 1804)	2
	P. bipunctatus Reuter, 1883	
Psallopsis	*P. similis* Wagner, 1958	1
Phytocoris	*P. varipes* Boheman, 1852	1
Notostira	*N. erratica* (Linnaeus, 1758)	2
	N. elongata (Geoffroy, 1785)	

Кестенің жалғасы

Туыс	Түр атаулары	Саны
Stenodema	*S. calcarata* (Fallen, 1807)	4
	S. laevigata (Linnaeus, 1758)	
	S. holsata (Fabricius, 1787)	
	S. virens (Linnaeus, 1767)	
Trigonotylus	*T. caelestialium* (Kirkaldy, 1902)	3
	T. brevipes Jakovlev, 1880	
	T. ruficornis (Geoffroy, 1785)	
22		42

Қорытынды

1-кестедегі зерттеу нәтижесі бойынша Батыс Тянь-Шаньдағы Cimicomorpha II, Miridae тұқымдасынан 22 туысқа жататын 42 түр анықталды. Оның ішінде *Capsus ater* Linnaeus, 1758 түрі Батыс Тянь-Шань тауы, Мыңтоқымсай шатқалынан кездесті. Қазақстанда алғаш рет кездесіп отыр, Қазақстандағы Heteroptera фаунасы үшін жаңа түр болып табылады.

1-кесте нәтижесі бойынша түр құрамы жағынан басым туыстар: *Deraeocoris, Lygus, Stenodema* – 4 түрден, *Trigonotylus* туысынан 3 түр, 8 туыстан – 2 түрден, ал қалған 10 туыстан – 1 ғана түрден белгілі болды.

Тіршілік ету ортасы бойынша бірнеше топқа бөлінеді: хортобионттар – 37 түр, хорто-тамнобионттар – 2 түр, дендро-хортобионттар – 1 түр, дендробионттар – 2 түр. Жартылай қаттықанаттардың әр түрлері тіршілік ету ортасының ылғалдану дәрежесіне әртүрлі бейімделген. Осы негізде түрлердің келесі экологиялық топтарын ажыратуға болады: мезофилдер – 39 түр, мезоксерофилдер – 3 түр. Қоректік байланыстары бойынша қандалалар арасында зоофитофагтар – 6 түр, фитофагтар – 36 түр: полифитофагтар – 24 түр, кең олигофитофагтар – 11 түр, тар олигофитофагтар – 1 түр. Популяцияның вольтинизмі жыл сайынғы беретін ұрпақтардың санын көрсетеді. Жай көзшесіздер (Miridae) тұқымдасы үшін вольтинизмнің белгілі 3 түрі бар: моновольтинді – 18 түр, бивольтинді – 15 түр, поливольтинді – 9 түр. Олар дамудың әртүрлі кезеңдерінде қыстаумен сипатталады: ересек сатысында қыстайтындар – 19 түр, жұмыртқа сатысында – 23 түр.

Қаржыландыру көзі

ЖТН 24993060 «Батыс Тянь-Шаньның жабайы жануарларын сақтау және тұрақты пайдалану мақсатында олардың кадастрын жүргізу үшін ақпараттық жүйені әзірлеу».

Авторлардың үлесі

Марденова Г.Е.: материалды жинау, түрлерді анықтау; Есенбекова П.А.: материалды жинау, түрлерді анықтау, бастапқы мәтінді дайындау, редакциялау, корреспондент автор; Жақсыбаев М.Б.: материалды анықтау, редакциялау; Кенжегалиев А.М.: материал жинау, түрлерді анықтау, редакциялау; Байжүніс М.Ж.: материал жинау.

References

Adler, P. H. (2017). Biodiversity of blood-sucking flies: Implications for humanity. In R. G. Foottit & P. H. Adler (Eds.), *Insect biodiversity: Science and society* (2nd ed., Vol. 1, pp. 281–293). Wiley-Blackwell. https://doi.org/10.1002/9781118945568.ch22

Asanova, R. B., & Childibaev, D. B. (1976). Vrednye i poleznye poluzhestkokrylye (Heteroptera) Yuzhnogo i Zapadnogo Kazakhstana [Harmful and beneficial Heteroptera of Southern and Western Kazakhstan]. *Vestnik sel'skokhozyaystvennoy nauki Kazakhstana*, (6), 47–51.

Asanova, R. B., & Iskakov, B. V. (1976). K izucheniyu vrednykh i poleznykh poluzhestkokrylykh (Heteroptera) Severnogo Kazakhstana [On the study of harmful and beneficial Heteroptera of Northern Kazakhstan]. *Vestnik sel'skokhozyaystvennoy nauki Kazakhstana*, (5), 43–46.

Cassis, G., & Schuh, R. T. (2012). Systematics, biodiversity, biogeography, and host associations of the Miridae (Insecta: Hemiptera: Heteroptera: Cimicomorpha). *Annual Review of Entomology, 57*, 377–404. https://doi.org/10.1146/annurev-ento-121510-133533

Cobben, R. H. (1958). Einige bemerkenswerten Wanzenfunde aus den Niederlanden (Hemiptera, Heteroptera). *Natuurhistorisch Maandblad, 47*, 15–21.

Fasulati, K. K. (1971). *Polevoe izuchenie nazemnykh bespozvonochnykh* [Field study of terrestrial invertebrates]. Vysshaya Shkola.

Golub, V. B. (1978). Klopy-slepnyaki roda *Notostira* (Heteroptera, Miridae) fauny SSSR [Plant bugs of the genus *Notostira* (Heteroptera, Miridae) of the fauna of the USSR]. *Zoologicheskii Zhurnal, 57*(9), 1359–1363.

Golub, V. B. (1989). Palearkticheskie vidy klopov-slepnyakov roda *Trigonotylus* (Heteroptera, Miridae) [Palaearctic species of plant bugs of the genus *Trigonotylus* (Heteroptera, Miridae)]. *Nasekomye Mongolii, 11*, 40–68.

Golub, V. B. (1995). K izucheniyu fauny poluzhestkokrylykh (Heteroptera) melovykh sklonov Voronezhskoy oblasti [On the study of the Heteroptera fauna of the chalk slopes of the Voronezh Region]. In *Sostoyanie i problemy ekosistem Srednego Podon'ya* [State and problems of ecosystems of the Middle Don Region] (Vol. 6, pp. 120–128).

Grossgeym, N. A., & Pyatakova, V. L. (1928). Predvaritel'nyy spisok nasekomykh, vredyashchikh plodovym kul'turam v rayone Mleevskoy opytnoy stantsii (za 1923–1927 gg.) [Preliminary list of insects damaging fruit crops in the area of the Mleevo Experimental Station (1923–1927)]. *Trudy Mleevskoy sadovo-ogorodnoy opytnoy stantsii*, (5), 3–30.

Kerzhner, I. M. (1962). Materialy po sistematike slepnyakov (Heteroptera, Miridae) fauny SSSR [Materials on the systematics of plant bugs (Heteroptera, Miridae) of the fauna of the USSR]. *Entomologicheskoe Obozrenie, 41*(2), 372–387.

Kerzhner, I. M. (1963). Poluzhestkokrylye (Heteroptera) Dzhungarskogo Alatau [Heteroptera of the Dzungarian Alatau]. *Trudy Instituta Zoologii AN Kazakhskoy SSR, 25*, 3–57.

Kerzhner, I. M. (1964). Novye i maloizvestnye poluzhestkokrylye (Heteroptera) iz Kazakhstana i drugikh rayonov SSSR [New and little-known Heteroptera from Kazakhstan and other regions of the USSR]. *Trudy Zoologicheskogo Instituta AN SSSR, 34*, 113–130.

Kerzhner, I. M. (1967). Novyy rod triby Orthotylini dlya *Campyloneura decorata* Kir. (Heteroptera, Miridae) [A new genus of the tribe Orthotylini for *Campyloneura decorata* Kir. (Heteroptera, Miridae)]. In Ts. G. Bronshteyn (Ed.), *Voprosy zashchity rasteniy* [Plant protection issues] (pp. 75–77). Fan.

Kerzhner, I. M. (1978). Poluzhestkokrylye (Heteroptera) Sakhalina i Kuril'skikh ostrovov [Heteroptera of Sakhalin and the Kuril Islands]. *Trudy Biologo-pochvennogo instituta DVNTs AN SSSR, 50*(153), 31–57.

Kirichenko, A. N. (1957). *Metody sbora nastoyashchikh poluzhestkokrylykh i izucheniya mestnykh faun* [Methods for collecting true bugs and studying local faunas]. Izdatel'stvo AN SSSR.

Konstantinov, F. V. (1997). Reviziya roda *Psallopsis* (Heteroptera: Miridae) [Revision of the genus *Psallopsis* (Heteroptera: Miridae)]. *Zoosystematica Rossica, 6*(1–2), 171–190.

Leley, P. A. (Ed.). (1988). *Opredelitel' nasekomykh Dal'nego Vostoka SSSR: T. II. Ravnokrylye i poluzhestkokrylye* [Key to the insects of the Soviet Far East: Vol. II. Homoptera and Heteroptera]. Nauka.

Paliy, V. F. (1970). *Metodika izucheniya fauny i fenologii nasekomykh* [Methods for studying insect fauna and phenology] (2nd ed., rev. and expanded). Tsentral'no-Chernozemnoe knizhnoe izdatel'stvo.

Puchkov, V. G. (1966). *Glavneyshie klopy-slepnyaki – vrediteli sel'skokhozyaystvennykh kul'tur* [The principal plant bugs – Pests of agricultural crops]. Naukova Dumka.

Puchkov, V. G. (1967). K ekologii maloizvestnykh vidov poluzhestkokrylykh (Heteroptera) evropeyskoy chasti SSSR. Soobshchenie III [On the ecology of little-known Heteroptera species of the European part of the USSR. Communication III]. *Vestnik Zoologii*, (5), 66–69.

Puchkov, V. G. (1971). K ekologii maloizvestnykh vidov poluzhestkokrylykh (Heteroptera) evropeyskoy chasti SSSR. Soobshchenie IV. Slepnyaki [On the ecology of little-known Heteroptera species of the European part of the USSR. Communication IV. Plant bugs]. *Vestnik Zoologii*, (5), 30–35.

Puchkov, V. G. (1973). Poluzhestkokrylye. Slepnyaki, ili miridy (obshchiy obzor gruppy) [Heteroptera. Plant bugs, or mirids (general overview of the group)]. *Zashchita Rasteniy*, (12), 33–36.

Talitskiy, V. I., & Puchkov, V. G. (1966). Obzor fauny poluzhestkokrylykh (Hemiptera, Geocorinae) Moldavskoy SSR [Review of the Heteroptera fauna (Hemiptera, Geocorinae) of the Moldavian SSR]. *Trudy Moldavskogo NII sadovodstva, vinogradarstva i vinodeliya, 13*, 271–316.

Tamanini, L. (1981). Gli Eterotteri della Basilicata e della Calabria (Italia meridionale) (Hemiptera Heteroptera). *Memorie del Museo Civico di Storia Naturale di Verona, 3*, 1–164.

Vasil'ev, V. P. (1955). *Vrediteli sadovykh nasazhdeniy* [Pests of orchard plantations]. Izdatel'stvo AN USSR.

Vinokurov, N. N. (1977). K sistematike i vnutrividovoy izmenchivosti klopov-slepnyakov roda *Capsus* F. (Heteroptera, Miridae) [On the systematics and intraspecific variability of plant bugs of the genus *Capsus* F. (Heteroptera, Miridae)]. *Entomologicheskoe Obozrenie, 56*(1), 103–115.

Wagi, O. (1954). Bladtaeger (Miridae) of forekomst of frouden kim hos skaermolomstrade (Umbelliferae). *Tidsskrift for Planteavl, 58*(1), 58–90.

Wagner, E., & Weber, H. H. (1964). *Hétéroptères Miridae* (Faune de France, No. 67). Fédération Française des Sociétés de Sciences Naturelles.

Zavodchikova, V. V. (1974). Pitanie, razvitie i plodovitost' slepnyaka *Deraeocoris (Camptobrochis) punctulatus* Fall. (Heteroptera, Miridae) na razlichnykh dietakh [Feeding, development, and fecundity of the plant bug *Deraeocoris (Camptobrochis) punctulatus* Fall. (Heteroptera, Miridae) on different diets]. *Entomologicheskoe Obozrenie, 53*(4), 861–865.

Авторлар туралы мәлімет:

П.А. Есенбекова – биология ғылымдарының кандидаты, ҚР ҒЖБМ ҒК «Зоология институты» энтомология зертханасының бас ғылыми қызметкері (e-mail: esenbekova_periz@mail.ru, тел. +7 700 663 12 96).

Г.Е. Марденова – ҚР ҒЖБМ ҒК «Зоология институты» энтомология зертханасының мақсатты PhD докторанты (e-mail: mardenova_goha@mail.ru, тел. +7 707 169 5967).

М.Б. Жақсыбаев – биология ғылымдарының кандидаты, Абай атындағы ҚазҰПУ-нің аға оқытушысы (e-mail: zh.murat_1966@mail.ru, тел. +7 777 030 2250).

А.М. Кенжегалиев – Ж.Жиембаев атындағы Қазақ өсімдік қорғау және карантин ғылыми-зерттеу институтының энтомология зертханасының меңгерушісі (e-mail: arnur_1992@mail.ru, тел. +7 708 145 0629).

М.Ж. Байжүніс – PhD доктор, ҚР ҒЖБМ ҒК «Зоология институты» энтомология зертханасының аға ғылыми қызметкері (e-mail: bmeruert89g@mail.ru, тел. +7 747 730 0032).

Information about the authors:

P.A. Esenbekova – Candidate of Biological Sciences, Chief Researcher at the Laboratory of Entomology of the Republican State Enterprise "Institute of Zoology" Committee of Science Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (e-mail: esenbekova_periz@mail.ru, тел. +7 700 663 12 96).

G.E. Mardenova – target doctoral student Republican State Enterprise "Institute of Zoology" Committee of Science Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (e-mail: mardenova_goha@mail.ru, тел. +7 707 169 5967).

M.B. Zhaksybaev – Candidate of Biological Sciences, senior lecturer at the Kazakh National Pedagogical University named after Abai (e-mail: zh.murat_1966@mail.ru, тел. +7 777 030 2250).

A.M. Kenzhegaliev – Head of the Entomology Laboratory of the Kazakh Scientific Research Institute of Plant Protection and Quarantine named after Zh.Zhiembayev (e-mail: arnur_1992@mail.ru, тел. +7 708 145 0629).

M.J. Baizhunis – PhD, Senior Researcher at the Laboratory of Entomology of the Republican State Enterprise "Institute of Zoology" Committee of Science Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (e-mail: bmeruert89g@mail.ru, тел. +7 747 730 0032).

Сведения об авторах:

П.А. Есенбекова – кандидат биологических наук, главный научный сотрудник лаборатории энтомологии РГП на ПХВ «Институт зоологии» КН МНВО РК (e-mail: esenbekova_periz@mail.ru).

Г.Е. Марденова – целевой докторант РГП на ПХВ «Институт зоологии» КН МНВО РК (e-mail: mardenova_goha@mail.ru).

М.Б. Жаксыбаев – кандидат биологических наук, старший преподаватель КазНПУ имени Абая (e-mail: zh.murat_1966@mail.ru).

А.М. Кенжегалиев – заведующий лабораторией энтомологии Казахского научно-исследовательского института защиты и карантина растений имени Ж. Жиембаева (e-mail: arnur_1992@mail.ru).

М.Ж. Байжүніс – PhD, старший научный сотрудник лаборатории энтомологии РГП на ПХВ «Институт зоологии» КН МНВО РК (e-mail: bmeruert89g@mail.ru).

Келіп түсті: 18 наурыз 2025 жыл
Қабылданды: 15 қыркүйек 2026 жыл

3-бөлім

МОЛЕКУЛАЛЫҚ БИОЛОГИЯ ЖӘНЕ ГЕНЕТИКА

Section 3

MOLECULAR BIOLOGY AND GENETICS

Раздел 3

МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ И ГЕНЕТИКА

МРНТИ 62.37.35; 34.15.27 https://doi.org/10.26577/bb108320266

Н.Ж. Тлеумбетова[1, 2], Ж.Ж. Марат[1, 2], Л.А. Ибрагимова[1, 2], Ж.М. Аманбек[1], И.Т. Смекенов[1,2], А.К. Бисенбаев[1, 2*]

[1]Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[2]Научно-исследовательский институт «Проблем биологии и биотехнологии», Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
*e-mail: amangeldy.bisenbaev@kaznu.edu.kz

ПОЛУЧЕНИЕ РАСТВОРИМОГО РЕКОМБИНАНТНОГО AG85B *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* С ПОМОЩЬЮ ЭНДОГЕННОГО ПРОТЕОЛИТИЧЕСКОГО УДАЛЕНИЯ N-КОНЦЕВОГО ТИОРЕДОКСИНА В *E. COLI*

Получение рекомбинантного антигена 85B (Ag85B) *Mycobacterium tuberculosis* в *Escherichia coli* ограничивается низкой растворимостью белка и его преимущественным накоплением в виде телец включения. Использование тиоредоксина (Trx) в качестве N-концевого партнёра позволяет повысить растворимость рекомбинантного белка, однако последующее удаление Trx с помощью коммерческих протеаз требует дополнительной стадии обработки и усложняет процесс получения целевого продукта. В настоящей работе предложен подход, основанный на оптимизации условий культивирования *E. coli*, способствующих как накоплению растворимого Ag85B, так и внутриклеточному удалению N-концевого Trx. Рекомбинантную конструкцию Trx-Ag85B-FLAG-His_6 экспрессировали в клетках *E. coli* SHuffle T7 и оценивали влияние состава среды, концентрации индуктора, плотности культуры при индукции, температуры и продолжительности культивирования. В исходных условиях LB-среды рекомбинантный белок преимущественно накапливался в нерастворимой фракции в виде полноразмерного продукта массой около 51 кДа, что соответствовало сохранению Trx в составе слитного белка. Использование SB-среды, 0,1 мМ ИПТГ, индукции при OD_{600} 0,8–1,0 и культивирования при 16 °C существенно увеличивало долю растворимого продукта. После длительной инкубации формировался FLAG-положительный продукт с молекулярной массой менее 35 кДа, соответствующий Ag85B без N-концевого Trx и с сохранением C-концевой области FLAG-His_6. Добавление β-меркаптоэтанола в культуральную среду не оказывало существенного влияния на накопление растворимого белка. Полученные результаты согласуются с моделью, согласно которой умеренная кинетика экспрессии способствует формированию растворимого Ag85B, после чего происходит его эндогенная внутриклеточная протеолитическая переработка. Предложенный подход может упростить получение рекомбинантного Ag85B белка за счёт снижения необходимости в отдельной стадии удаления Trx экзогенной протеазой.

Ключевые слова: *Mycobacterium tuberculosis*, Ag85B, растворимый белок, *Escherichia coli* SHuffle T7, тиоредоксин (Trx), внутриклеточный протеолиз, экспрессия белка.

N.Zh. Tleumbetova[1,2], Zh.Zh. Marat[1,2], L.A. Ibragimova[1,2], Zh.M. Amanbek[1], I.T. Smekenov[1,2], A.K. Bissenbaev[1,2*]

[1]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
[2]Scientific Research Institute of Biology and Biotechnology Problems, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: amangeldy.bisenbaev@kaznu.edu.kz

Production of soluble recombinant *Mycobacterium tuberculosis* Ag85B by endogenous proteolytic removal of N-Terminal thioredoxin in *E. coli*

Recombinant expression of *Mycobacterium tuberculosis* antigen 85B (Ag85B) in *Escherichia coli* is frequently limited by poor solubility and accumulation of the target protein in inclusion bodies. Fusion to thioredoxin (Trx) can improve solubility; however, subsequent removal of the fusion partner using commercial proteases adds an additional purification step and increases process complexity. Here, we developed an alternative approach in which optimization of cultivation conditions promoted both soluble expression and intracellular removal of the N-terminal Trx partner. A recombinant Trx-Ag85B-FLAG-His_6 construct was expressed in *E. coli* SHuffle T7, and the effects of medium composition, inducer concen-

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

tration, cell density at induction, temperature, and cultivation time were evaluated. Under initial LB-medium conditions, the recombinant protein accumulated predominantly in the insoluble fraction as a full-length product of approximately 51 kDa, consistent with retention of the Trx fusion partner. Optimization using Super Broth-medium, 0.1 mM IPTG, induction at OD_{600} 0.8–1.0, and cultivation at 16 °C substantially increased the soluble fraction. Prolonged incubation under these conditions resulted in a FLAG-positive product with a molecular mass below 35 kDa, consistent with removal of the N-terminal Trx and retention of the C-terminal Ag85B-FLAG-His_6 region. Addition of β-mercaptoethanol to the culture medium did not substantially affect accumulation of soluble protein. These findings support a model in which moderate expression kinetics facilitate soluble Ag85B folding, followed by endogenous intracellular proteolytic processing of the fusion protein. This strategy may simplify recombinant Ag85B production by reducing the need for an external protease-mediated tag-removal step.

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*, Ag85B, soluble protein, *Escherichia coli* Shuffle T7, thioredoxin (Trx), intracellular proteolysis, protein expression.

Н.Ж. Тлеумбетова[1,2], Ж.Ж. Марат[1,2], Л.А. Ибрагимова[1,2],
Ж.М. Аманбек[1], И.Т. Смекенов[1,2], А.К. Бисенбаев[1,2*]

[1]Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
[2]«Биология және биотехнология мәселелері» ғылыми-зерттеу институты,
әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
*e-mail: amangeldy.bisenbaev@kaznu.edu.kz

E. coli бактерияларындағы N-терминалды тиоредоксинді эндогендік протеолитикалық жолмен алып тастау арқылы *Mycobacterium tuberculosis* Ag85B ерігіш рекомбинантты белогін алу

Mycobacterium tuberculosis 85B антигенін (Ag85B) *Escherichia coli* жасушаларында рекомбинантты түрде өндіру ақуыздың төмен ерігіштігімен және оның ерімейтін қосылу денешіктері түрінде жиналуымен үйлесіп отырады. Тиоредоксинді (Trx) N-терминалды ерігіштік серіктесі ретінде пайдалану рекомбинантты ақуыздың ерігіштігін арттыруға мүмкіндік береді, алайда Trx-ті коммерциялық протеазалар көмегімен кейіннен алып тастау қосымша тазарту кезеңін талап етіп, процестің күрделілігін арттырады. Бұл жұмыста *E. coli* өсіру жағдайларын оңтайландыру арқылы Ag85B-ның ерігіш түрде жинақталуын және N-терминалды Trx-тің жасушаішілік жойылуын қамтамасыз етуге бағытталған тәсіл ұсынылды. Trx-Ag85B-FLAG-His_6 рекомбинантты конструкциясы *E. coli* SHuffle T7 жасушаларында экспрессияланып, қоректік ортаның құрамы, индуктор концентрациясы, индукция кезіндегі жасуша тығыздығы, температура және өсіру ұзақтығының әсері зерттелді. Бастапқы LB-орта жағдайларында рекомбинантты ақуыз негізінен ерімейтін фракцияда шамамен 51 кДа молекулалық массасы бар толық ұзындықтағы өнім ретінде жиналды, бұл Trx-тің қосылыс құрамында сақталғанын көрсетті. SB ортасын, 0,1 мМ IPTG қолдану, OD_{600} 0,8–1,0 кезінде индукциялау және 16 °C-та өсіру ерігіш өнімнің мөлшерін айтарлықтай арттырды. Ұзақ инкубациядан кейін молекулалық массасы 35 кДа-дан төмен FLAG-оң өнім түзілді, бұл N-терминалды Trx-тің жойылып, C-терминалды Ag85B-FLAG-His_6 бөлігінің сақталғанымен сәйкес келді. Өсіру ортасына β-меркаптоэтанол қосу ерігіш ақуыздың жиналуына елеулі әсер етпеді. Алынған нәтижелер экспрессия кинетикасын бәсеңдету Ag85B-ның ерігіш түрде қатталуына жағдай жасап, кейін рекомбинантты ақуыздың эндогенді жасушаішілік протеолитикалық өңделуіне мүмкіндік беретінін көрсетеді. Ұсынылған тәсіл экзогенді протеаза көмегімен Trx-ті алып тастаудың жеке кезеңін қысқарту арқылы рекомбинантты Ag85B өндіру процесін жеңілдетуі мүмкін.

Түйін сөздер: *Mycobacterium tuberculosis*, Ag85B, еритін ақуыз, *Escherichia coli* Shuffle T7, тиоредоксин (Trx), жасушаішілік протеолиз, ақуыз экспрессиясы.

Введение

Антиген 85B (Ag85B), кодируемый геном *fbpB*, относится к основным секретируемым белкам *Mycobacterium tuberculosis* (MT) и входит в состав антигенного комплекса Ag85, включающего также Ag85A и Ag85C. Ag85B синтезируется MT и играют важную роль в биосинтезе клеточной стенки. Они являются частью комплекса антигена 85, который отвечает за синтез трегалозодимиколата и миколил-арабиногалактан-пептидогликана, основных компонентов клеточной стенки микобактерий. Ag85B функционирует как миколилтрансфераза, катализируя перенос миколовых кислот в клеточную стенку, что жизненно важно для поддержания структурной целостности и вирулентности бактерий (Babaki и др., 2017). Более того, комплекс Ag85 является одним из наиболее секретируемых белков MT и может сильно индуцировать

пролиферацию Т-клеток и продукцию IFN-γ у вакцинированных БЦЖ мышей и здоровых людей, подвергшихся воздействию МТ (Diacon, 2022). Поэтому комплексы Ag85 были включены в качестве важных антигенов для кандидатов на вакцины против туберкулеза, таких как модифицированный вирус коровьей оспы Анкара, экспрессирующий Ag85A (MVA85A), Ag85A-сверхэкспрессирующие БЦЖ, субъединичные и ДНК-вакцины (Allué-Guardia и др., 2021; Balu и др., 2011; Diacon, 2022; Gordillo Altamirano & Barr, 2019).

Получение рекомбинантного Ag85B в *Escherichia coli* является привлекательным подходом благодаря технологичности и масштабируемости бактериальной системы экспрессии. Однако эффективное получение Ag85B в растворимой форме представляет определённую проблему. Ранее было показано, что при гетерологичной экспрессии Ag85B в *E. coli* значительная часть рекомбинантного белка может накапливаться в нерастворимой фракции и формировать тельца включения, что существенно осложняет последующую очистку (Aghababa и др., 2011; Piubelli и др., 2013). В ряде работ для получения растворимого продукта применялись денатурирующие агенты и последующее рефолдингирование либо проводилась оптимизация условий экспрессии и конструкции рекомбинантного белка. Вместе с тем показано, что рациональный подбор экспрессионной системы, условий культивирования и стратегии очистки способен существенно повысить выход растворимого Ag85B, что подчёркивает важность контроля кинетики синтеза и фолдинга данного белка в клетках *E. coli* (Ban и др., 2020; Francis & Page, 2010; Yang и др., 2011).

Одним из распространённых способов повышения растворимости рекомбинантных белков является использование N-концевых белков-партнёров, способствующих правильному фолдингу и снижению агрегации (Costa и др., 2014; Paraskevopoulou & Falcone, 2018; Raran-Kurussi & Waugh, 2012; Sørensen & Mortensen, 2005; Zou и др., 2008). Среди таких партнёров особое место занимает тиоредоксин (Trx) – небольшой, высокорастворимый и термостабильный белок, который способен выполнять функцию растворяющего партнёра при гетерологичной экспрессии в *E. coli* (Arakawa & Akuta, 2025; Ditgen и др., 2016; LaVallie и др., 1993; LaVallie и др., 2000). Использование Trx в составе слитных конструкций позволяет получать растворимые формы ряда белков, которые при экспрессии без дополнительного партнёра преимущественно накапливаются в виде агрегатов или телец включения. Однако применение растворяющих партнёров создаёт дополнительную технологическую задачу: после получения растворимого слитного белка необходимо удалить Trx, если требуется рекомбинантный продукт без N-концевой метки (Gagliardo et al., 2008; Lantez et al., 2011; Piubelli, 2013). Традиционно для этой цели в конструкцию включают специфический сайт протеолитического расщепления, после чего очищенный слитный белок обрабатывают соответствующей коммерческой протеазой *in vitro* (Charlton & Zachariou, 2011; Sigma-Aldrich, n.d.; Xu и др., 2019; Zheng и др., 2008). Такая схема требует дополнительной стадии обработки, расхода протеолитического реагента и последующего разделения целевого белка, растворяющего партнёра и самой протеазы. Для лабораторного получения небольших количеств белка эти операции могут быть приемлемыми, однако при масштабировании они увеличивают сложность и стоимость процесса. Данная проблема является общей для многих систем, использующих солюбилизирующие слитые белки (fusion tags). Таким образом, для получения рекомбинантного Ag85B белка представляет интерес стратегия, позволяющая одновременно обеспечить растворимость белка на этапе экспрессии и избежать обязательной отдельной стадии удаления растворяющего партнёра после выделения продукта.

В настоящей работе мы исследовали возможность использовать тиоредоксин как N-концевой солюбилизирующий партнёр Ag85B в сочетании с оптимизацией условий культивирования *E. coli*. Особое внимание было уделено влиянию состава среды, концентрации индуктора, плотности культуры, температуры и продолжительности экспрессии на растворимость и молекулярную форму рекомбинантного белка. В результате была выявлена комбинация условий, при которой вместо преимущественного накопления полноразмерного Trx-Ag85B-FLAG-His_6 с молекулярной массой около 51 кДа формировался растворимый С-концевой продукт с молекулярной массой менее 35 кДа, сохраняющий FLAG- и His_6-метки. Полученные данные позволили предложить модель, согласно которой мягкие условия экспрессии способствуют формированию растворимого Ag85B, после чего N-концевой Trx подвергается эндогенной протеолитической переработке непосредственно в

клетках *E. coli*. Такой подход потенциально позволяет интегрировать этап удаления солюбилизирующего партнёра непосредственно в процесс экспрессии и тем самым упростить получение растворимого рекомбинантного Ag85B белка.

Материалы и методы исследования

Плазмиды, бактериальные штаммы и условия культивирования

Плазмида pMG-amp, предоставленная компанией Macrogene (Гымчхон-гу, Сеул), содержит ген устойчивости к ампициллину, lac-промотор и оператор, а также множественный сайт клонирования. Она использовалась в качестве вектора клонирования *E. coli*. Плазмида pET-28c(+)-Trx была любезно предоставлена Gunter Stier (Центр биохимии Гейдельбергского университета (BZH), 69120 Гейдельберг, Германия) и использовалась в качестве вектора экспрессии. Она содержит ген устойчивости к канамицину, промотор T7, lac-оператор, ген Trx, сайт TEV, последовательности His-тегов на N- и C-концах и множественный сайт клонирования.

Штамм *E. coli* DH5α был получен от компании Invitrogen™ (Thermo Fisher Scientific, США) и использовался для клонирования генов и размножения плазмид. Штамм *E. coli* SHuffle T7 был получен от компании New England Biolabs (США) (New England Biolabs, n.d.). Он использовался для экспрессии белков, образующих дисульфидные связи в цитоплазме (Lobstein и др., 2012).

Бактериальные штаммы выращивались на твердой или жидкой среде Луриа-Бертани (LB; 10 г/л бактотриптона, 5 г/л дрожжевого экстракта, 5 г/л NaCl) с добавлением ампициллина (100 мкг/мл) или канамицина (50 мкг/мл) при 37 °C на шейкере со скоростью 180 об/мин (Sambrook, 1989). Для получения растворимой формы рекомбинантного белка клетки культивировались в среде Super Broth (SB; 32 г/л бактотриптона, 20 г/л дрожжевого экстракта, 5 г/л NaCl) и индуцировали в условиях, описанных ниже (Piubelli и др., 2013).

Клонирование гена fbpB и трансформация

Плазмида pMG-amp, содержащая синтетическую последовательность гена *fbpB*, использовалась в качестве источника гена для последующего субклонирования в экспрессионный вектор pET-28c(+)-Trx с использованием сайтов рестрикции *Nco*I и *Xho*I. В качестве источника гена *fbpB*, кодирующего белок Ag85B, использовалась референсная последовательность NCBI NC_000962.3. Оптимизацию гена для прокариотической системы проводили с использованием онлайн-инструмента GenSmart Codon Optimization. Эта стратегия включала слияние клонированного гена с 6×His-тегом.

Линеаризация плазмиды pET-28c(+)-Trx и вырезание последовательности гена *fbpB* проводились с использованием рестрикционных ферментов *Nco*I и *Xho*I (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) в соответствии с рекомендациями производителя. Реакцию проводили в 20 мкл реакционной смеси, используя 2000 нг ДНК, 2 × буфер Tango и 2 единицы каждого фермента в течение 1 часа при 37°C, после чего проводили термическую инактивацию при 80°C в течение 20 мин. Продукты рестрикции анализировали методом электрофореза на 1% агарозном геле в 1 × буфере Tris/борная кислота/ЭДТА. Анализ проводился под УФ-светом с помощью системы визуализации ChemiDoc Go (Bio-Rad Laboratories, n.d.). Наблюдаемые четкие полосы фрагментов ДНК соответствующих размеров (5260 и 1016 п.н.) вырезали из агарозного геля и очищали с помощью набора GeneJET Gel Extraction Kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) в соответствии с инструкциями производителя. Очищенную ДНК элюировали в 20 мкл элюирующего буфера и использовали для последующих реакций лигирования.

Лигирование проводили с использованием ДНК-лигазы T4 (Thermo Fisher Scientific, Уолтем, Массачусетс, США) в молярном соотношении вектор:вставка 1:3 в соответствии с рекомендациями производителя. Реакционная смесь содержала 100 нг вектора и 58 нг вставки. Массу вставки рассчитывали с помощью онлайн-калькулятора NEBiocalculator. Продукт лигирования трансформировали в компетентные клетки *E. coli* DH5α путем теплового шока при 42 °C в течение 30 секунд. После 30 минут восстановления, трансформированные клетки высевали на среду LB, содержащую 50 мкг/мл канамицина, и инкубировали при 37 °C в течение 24 часов (Tu, 2008).

Выращенные рекомбинантные клоны тестировали с использованием разработанных специфических праймеров Dir_Ag85B_NcoI (5′-GT CCCCCATGGGCCATATGACAGAC-3′) и Rev_ Ag85B_XhoI (5′-ATTATCTCGAGGCCGGCGCC TAACGAACT-3′) для гена *fbpB* методом ПЦР колоний с использованием термоциклера

Mastercycler (Eppendorf, Гамбург, Германия). ПЦР проводился в общем объеме 25 мкл, содержащем 12,5 мкл ПЦР-мастер-микса (2X) (Thermo Fisher Scientific, Уолтем, Массачусетс, США), 0,4 мкМ каждого из прямого и обратного праймеров, 8 мкл дистиллированной воды и 2 мкл клеточной суспензии. Программа ПЦР включала начальную денатурацию в течение 10 мин при 98 °C, 35 циклов денатурации при 95 °C в течение 30 с, отжига при 60 °C в течение 30 с и элонгации при 72 °C в течение 70 с, за которыми следовала заключительная элонгация при 72 °C в течение 10 мин, после чего реакцию останавливали при 4 °C. Продукт ПЦР анализировали методом электрофореза на 1% агарозном геле.

Положительные колонии использовали для получения и выделения рекомбинантной плазмиды. Плазмиды очищали с помощью коммерческого набора GeneJET Plasmid Midiprep Kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) в соответствии с рекомендациями производителя. Концентрация и чистота ДНК определялась с помощью УФ-визуального наноспектрофотометра (Nabi, Корея).

Экспрессия и анализ рекомбинантного белка Ag85B

Для экспрессии белка Trx-Ag85B-Flag-His_6 плазмиду трансформировали в штамм *E. coli* SHuffle T7 (Lobstein и др., 2012). Трансформированные бактерии выращивали в 20 мл среды LB, содержащей 50 мкг/мл канамицина, и инкубировали при 37°C в шейкере со скоростью 180 об/мин в течение ночи. Затем 10 мл ночной культуры переносились в 500 мл среды LB и инкубировали с перемешиванием при 37°C в течение 3-4 часов до достижения оптической плотности до 0,6 ± 0,05 (OD_{600}) при 600 нм. Эксперименты по синтезу белка проводили в колбах Эрленмейера объемом 100 мл, содержащих 50 мл бактериальной культуры. Экспрессию белка индуцировали с помощью ИПТГ в конечной концентрации 0,1 мМ (Thermo Fisher Scientific, Уолтем, Массачусетс, США). Влияние температуры и продолжительности индукции на экспрессию рекомбинантного белка оценивали при 16, 20 и 30°C в течение 2 и 16 часов. Для индукции при 20 °C в питательную среду дополнительно добавляли 4 мМ β-меркаптоэтанол (Sigma-Aldrich, n.d.).

Для дальнейшей оптимизации экспрессии растворимого белка Trx-Ag85B-Flag-His_6 был проведен дополнительный эксперимент с использованием среды Super Broth (SB). Индукция экспрессии белка проводилась с помощью 0,1 мМ ИПТГ при 16 и 30 °C в течение 16 часов (ночь). Затем бактериальные клетки собирались центрифугированием при 4000 × g в течение 10 мин при 4 °C, ресуспендировали в лизисном буфере (50 мМ натрий-фосфатный буфер (pH 7.5), 300 мМ NaCl, 1 мМ ЭДТА (pH 8.0), 1 мМ ДТТ, 5 мМ β-меркаптоэтанол, 2% Тритон X-100, 5% глицерин, 0,1 мМ фенилметилсульфонилфторид (ФМСФ)), с коктейлем ингибиторов протеаз (PIC; Roche, Базель, Швейцария), и разрушались ультразвуком на льду с помощью аппарата Omni Ruptor 4000 (Omni International, Кеннесо, Джорджия, США). Полученные лизаты центрифугировали при 12 000 × g в течение 30 мин при 4°C. Собранные супернатанты и их осадки использовали для оценки экспрессии белка методом ДСН-ПААГ электрофореза в 12% геле с последующим окрашиванием с Coomassie Brilliant Blue R-250 (Steinberg, 2009).

Кроме того, рекомбинантный белок анализировался методом вестерн-блоттинга. Для этого белки переносились с полиакриламидного геля на PVDF-мембрану (Pierce, Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) с использованием системы Trans-Blot Turbo Transfer System (Bio-Rad Laboratories, n.d.) в соответствии с инструкциями производителя. Мембрану блокировали в течение 1 ч при комнатной температуре в 1 × TBS (20 мМ Tris-HCl, pH 7,6; 150 мМ NaCl), содержащем 5% обезжиренного молока и 0,1% Tween-20 (TBST). Затем мембрану инкубировали в течение ночи с первичными антителами: аффинно-очищенными кроличьими антителами против FLAG эпитопа (DDDDK) (кат. № A190-102A; Bethyl Laboratories, Inc., США), разведенными в соотношении 1:10 000. После этого мембрана промывалась пять раз по 5 минут в 1× TBST и инкубировали в течение 1 часа с антителами козы к иммуноглобулинам кролика, конъюгированными с пероксидазой хрена (CUSABIO, Хьюстон, США), разведенные в соотношении 1:20 000 в блокирующем буфере с Tween-20. Затем мембрану снова промывали таким же образом. Детекцию проводили с использованием системы ECL (Bio-Rad Laboratories, n.d.) на системе визуализации ChemiDoc Go (Bio-Rad Laboratories, n.d.) (Reinecke, 2026).

Рекомбинантные белки были очищены металлоаффинной хроматографией с использованием 1 мл HP HisTrap колонки (Cytiva) и Akta start хроматографической системой (Cytiva, США) в соответствии с инструкциями произво-

дителя. На этапе отмывки использовалось 18% Б буфера (50 мМ натрий-фосфатный буфер (pH 7,5), 500 мМ NaCl, 500 мМ имидазола). Элюцию проводили градиентным методом с использованием 7 мл элюирующего Б буфера. Пиковые фракции использовались для анализа методом ДСН-ПААГ электрофореза в 12% геле. Количество рекомбинантного белка определяли с помощью набора для определения белка по методу Брэдфорда (Bio-Rad, США) в соответствии с инструкциями производителя (Bio-rad, 2026).

Статистический анализ

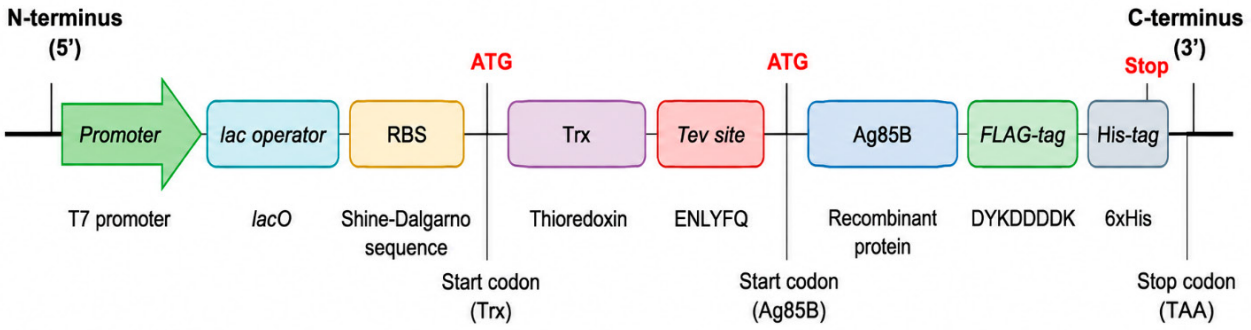
Экспериментальные работы проводились с использованием соответствующих положительных и отрицательных контролей в трех независимых повторностях. Полученные количественные данные представлены в виде среднего значения ± стандартное отклонение (mean ± SD). Статистическую обработку данных проводили с использованием программного обеспечения GraphPad Prism 9.0. Для оценки статистической значимости различий между экспериментальными группами применяли соответствующие статистические критерии в зависимости от характера и распределения полученных данных. Различия считали статистически значимыми при значении $p < 0,05$.

Результаты исследования и их обсуждение

Для получения растворимого рекомбинантного Ag85B *Mycobacterium tuberculosis* была сконструирована экспрессионная система на основе плазмиды pET-28c-Trx, содержащая N-концевой тиоредоксин (Trx) в качестве партнёра по слиянию и С-концевые FLAG- и 6×His-метки для детектирования и последующей аффинной очистки целевого белка. Экспрессионная кассета находилась под контролем промотора T7 и включала *lac*-оператор и сайт связывания рибосомы. Между последовательностями Trx и Ag85B был предусмотрен междоменный участок, содержащий сайт расщепления TEV (ENLYFQ), а на С-конце Ag85B располагались FLAG- и 6×His-метки (Рисунок 1). Такая архитектура конструкции позволяла использовать Trx в качестве N-концевого растворяющего партнёра на этапе экспрессии, сохраняя при этом возможность получения целевого белка без Trx и его последующей аффинной очистки по С-концевой 6×His-метке.

Рисунок 1

Линейная карта экспрессионной кассеты pET-28c/Trx-Ag85B-FLAG

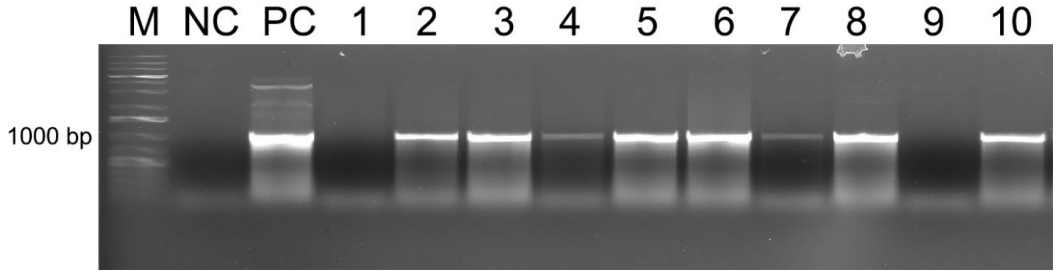


Экспрессионная кассета находится под контролем промотора T7 и организована от N-конца (5') до С-конца (3') следующим образом: промотор, lac-оператор, сайт связывания рибосомы (RBS), стартовый кодон (ATG), партнер по слиянию тиоредоксина (Trx), сайт расщепления TEV (ENLYFQ), стартовый кодон (ATG), рекомбинантный белок Ag85B, FLAG-метка (DYKDDDDK), 6× His-метка и стоп-кодон (TAA).

Для создания экспрессионной плазмиды, кодирующей Ag85B белок, была использована последовательность гена *fbpB (*Diacylglycerol acyltransferase/mycolyltransferase; NCBI Reference Sequence: NC_000962.3) из штамма *M. tuberculosis* H37Ra. Клонирование гена проводилось с использованием рестрикционных эндонуклеаз *Nco*I и *Xho*I. Клонируемый ген размером 1016 пн. и вектор размером 5630 пн. вырезались из агарозного геля и подвергались очистке, после чего осуществлялась реакция лигирования и трансформация

компетентных клеток DH5α реакционной лигазной смесью. Получение рекомбинантной конструкции и её наличие в трансформированных клетках *E. coli* DH5α были подтверждены несколькими независимыми подходами. ПЦР-анализ трансформированных колоний с использованием праймеров Dir_Ag85B_NcoI (5'- GTCCCCCATGGGCCATATGACAGAC-3') и Rev_Ag85B_XhoI – (5'-ATTATCTCGAGGCC GGCGCCTAACGAACT-3') выявил наличие фрагмента, соответствующего гену *fbpB*, в исследованных клонах, тогда как в отрицательном контроле соответствующий продукт отсутствовал (Рисунок 2). В качестве позитивного контроля использовался синтетический pMG-amp-Ag85B-FLAG вектор, несущий ген *fbpB*. Положительные клоны, у которых наблюдалась амплификация фрагмента ожидаемого размера (1028 пн.), использовались для наработки и выделения плазмид.

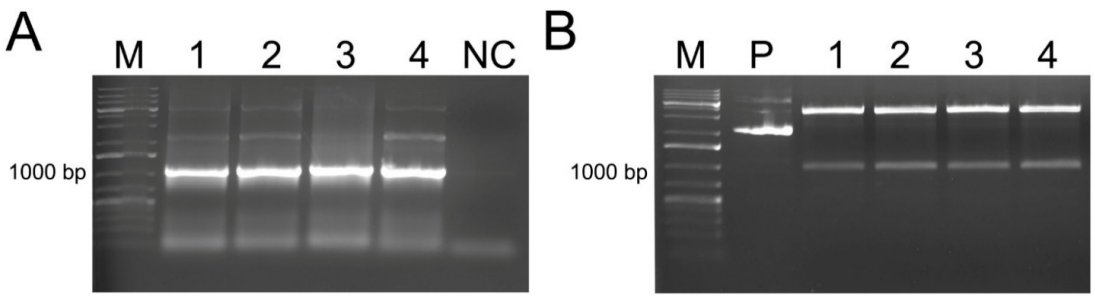
Рисунок 2
Агарозный гель-электрофорез продуктов ПЦР на колониях



M – ДНК маркер GeneRuler 1 kb; NC – негативный контроль; PC – позитивный контроль; 1-10 – клоны трансформированных клеток E. coli DH5α.

Дополнительный рестрикционный и ПЦР анализ выделенных рекомбинантных плазмид также подтвердил наличие правильной целевой конструкции в исследованных клонах (Рисунок 3). Наличие ПЦР продуктов и фрагментов, соответствующих размерам вектора (5630 пн.) и вставки (1016 пн.) на электрофоретическом анализе, подтвердили успешную интеграцию целевого гена в экспрессионный вектор, что говорит об успешном клонировании и трансформации клеток. Таким образом, полученные рекомбинантные конструкции использовались для создания экспрессионного штамма *E. coli* Shuffle T7, которые были использованы для последующей оптимизации условий экспрессии рекомбинантного Trx-Ag85B-FLAG-His_6.

Рисунок 3
Агарозный гель-электрофорез продуктов ПЦР анализа и рестрикции pET-28c/Trx-Ag85B-FLAG вектора



А) ПЦР анализ трансформированных колоний на наличие fbpB гена. 1-4 – клоны; NC – негативный контроль. Б) Рестрикционный анализ рекомбинантной плазмиды. P – необработанная плазмида; 1-4 – клоны. M – ДНК маркер GeneRuler 1 kb.

Первоначально экспрессию проводили в LB-среде при различных температурах и продолжительности индукции с использованием 0,1 мМ ИПТГ. Анализ белковых фракций методом ДСН-ПААГ показал, что температура и продолжительность индукции существенно влияли как на количество рекомбинантного продукта, так и на его распределение между растворимой и нерастворимой фракциями (Рисунок 4A). При более высокой температуре и продолжительной индукции значительная часть рекомбинантного белка обнаруживалась в нерастворимой фракции. При снижении температуры до 16 °C наблюдалось незначительное увеличение доли продукта в растворимой фракции, особенно после длительной индукции (Рисунок 4C).

При оптимизации состава культуральной среды дополнительно оценивали влияние β-меркаптоэтанола на накопление рекомбинантного белка в растворимой фракции. Добавление β-меркаптоэтанола в культуральную среду не приводило к заметному увеличению количества растворимого рекомбинантного продукта (Рисунок 4A, линия 6). Таким образом, само по себе создание более восстановительных условий не являлось определяющим фактором повышения растворимости Ag85B в исследуемой системе.

Отсутствие выраженного эффекта β-меркаптоэтанола позволяет предположить, что наблюдаемое повышение растворимости рекомбинантного Ag85B не связано преимущественно с изменением восстановительно-окислительного состояния цитоплазмы. Вероятно, решающую роль в данном случае играет изменение кинетики экспрессии и условий фолдинга, достигаемое за счёт снижения температуры, умеренной индукции и изменения состава среды.

Особое значение при интерпретации этих результатов имеет молекулярная масса выявляемого продукта. При экспрессии в LB-среде рекомбинантный белок имел молекулярную массу приблизительно 51 кДа. Это значение соответствует ожидаемой молекулярной массе полноразмерной конструкции Trx-Ag85B-FLAG-His_6 и, следовательно, указывает на сохранение N-концевого тиоредоксина в составе рекомбинантного продукта. Наличие соответствующего FLAG-содержащего белка было подтверждено вестерн-блоттингом с использованием антител anti-FLAG (Рисунок 4B).

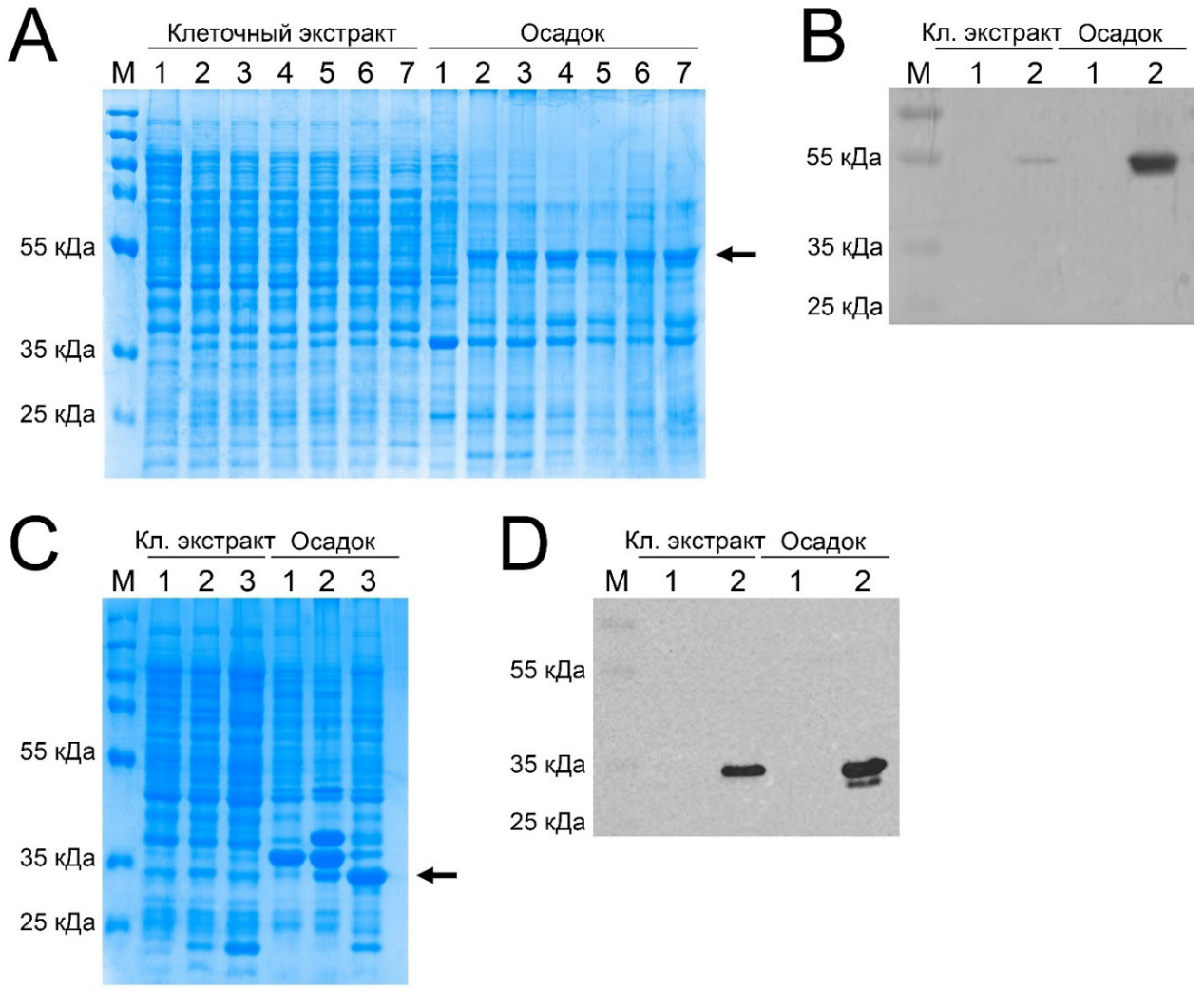
Таким образом, в условиях LB-среды основным обнаруживаемым продуктом являлся полноразмерный слитный белок, содержащий как Trx, так и Ag85B-FLAG-His_6. Сочетание высокой молекулярной массы полноразмерного продукта с его преимущественным присутствием в нерастворимой фракции свидетельствует о том, что исходные условия экспрессии не обеспечивали эффективного получения растворимой формы целевого белка. Вероятной причиной такого поведения является высокая интенсивность экспрессии, при которой скорость синтеза рекомбинантного полипептида может превышать способность клеточной системы к его эффективному фолдингу. В результате увеличивается вероятность накопления неправильно свернутых или агрегированных форм белка. В этих условиях наличие Trx само по себе не обеспечивало получения достаточного количества растворимого целевого продукта. Одним из способов снижения вероятности агрегации является уменьшение скорости синтеза рекомбинантного белка за счёт снижения температуры и интенсивности индукции. Более низкая температура может замедлять синтез и последующее накопление полипептида, создавая более благоприятные условия для формирования стабильной конформации (Francis & Page, 2010; San-Miguel и др., 2013). Кроме того, использование более поздней индукции и более низкой концентрации ИПТГ позволяет уменьшить интенсивность экспрессии и потенциально снизить нагрузку на систему фолдинга клетки-хозяина (Francis & Page, 2010; Larentis и др., 2014; Piubelli и др., 2013). В случае исследуемой конструкции это особенно важно, поскольку Trx должен выполнять свою функцию растворяющего партнёра именно в процессе формирования рекомбинантного полипептида.

Для дальнейшей оптимизации условий экспрессии была использована SB-среда, а концентрация ИПТГ была установлена на уровне 0,1 мМ. Индукцию проводили при OD_{600} = 0,8 с последующим культивированием в течение 16 ч при 30 или 16 °C. В отличие от LB-среды, в SB-среде при 16 °C наблюдалось выраженное увеличение доли рекомбинантного продукта в растворимой фракции, тогда как при 30 °C значительная часть белка по-прежнему оставалась в нерастворимой фракции (Рисунок 4C). Вестерн-блоттинг подтвердил наличие FLAG-положительного продукта при выбранных условиях (Рисунок 4D). Можно предположить, что переход от LB к SB-среде в сочетании с понижением температуры до 16 °C и использованием 0,1 мМ ИПТГ позволил существенно изменить характер накопления рекомбинантного белка: вместо преимущественно нерастворимого полноразмерного Trx-содержащего продукта

была получена значительно более выраженная растворимая фракция. Это позволяет предположить, что выбранные условия создают более благоприятный баланс между синтезом рекомбинантного полипептида, его фолдингом и внутриклеточной переработкой.

Рисунок 4

Анализ экспрессии рекомбинантного белка Trx-Ag85B-FLAG при различных условиях индукции



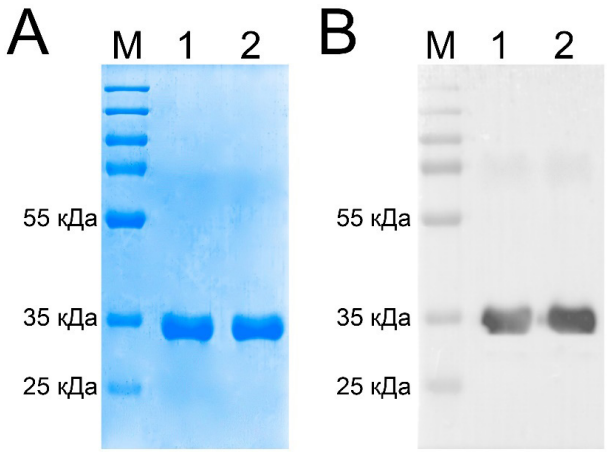
A) ДСН-ПААГ-электрофорез белков клеточных экстрактов и нерастворимых фракций E. coli SHuffle T7, индуцированных в LB-среде с 0,1 мМ ИПТГ при OD_{600} = 0,8, с последующим окрашиванием 12%-ного полиакриламидного геля красителем Coomassie Brilliant Blue R-250. 1 – нетрансформированные клетки E. coli SHuffle T7; 2 – клетки, индуцированные в течение 2 ч при 16 °C; 3 – клетки, индуцированные в течение 2 ч при 20 °C в присутствии 4 мМ β-меркаптоэтанола; 4 – клетки, индуцированные в течение 2 ч при 30 °C; 5 – клетки, индуцированные в течение 16 ч при 16 °C; 6 – клетки, индуцированные в течение 16 ч при 20 °C в присутствии 4 мМ β-меркаптоэтанола; 7 – клетки, индуцированные в течение 16 ч при 30 °C. B) Вестерн-блоттинг образцов E. coli SHuffle T7, индуцированных при 30 °C в течение 16 ч, с использованием антител anti-FLAG (1:10 000). 1 – нетрансформированные клетки E. coli SHuffle T7; 2 – клетки, индуцированные с 0,1 мМ ИПТГ при OD_{600} = 0,8; M – предварительно окрашенные белковые стандарты PageRuler Plus (10–250 кДа). C) ДСН-ПААГ-электрофорез белков клеточных экстрактов и нерастворимых фракций E. coli SHuffle T7, индуцированных в SB-среде с 0,1 мМ ИПТГ при OD_{600} = 0,8, с последующим окрашиванием 12%-ного полиакриламидного геля красителем Coomassie Brilliant Blue R-250. 1 – нетрансформированные клетки E. coli SHuffle T7; 2 – клетки, индуцированные в течение 16 ч при 30 °C; 3 – клетки, индуцированные в течение 16 ч при 16 °C.

D) Вестерн-блоттинг образцов E. coli SHuffle T7, индуцированных при 16 °C в течение 16 ч, с использованием антител anti-FLAG (1:10 000). 1 – нетрансформированные клетки E. coli SHuffle T7; 2 – клетки, индуцированные в течение 16 ч при 16 °C. M – предварительно окрашенные белковые стандарты PageRuler Plus (10–250 кДа); Стрелкой указано положение рекомбинантного белка Trx-Ag85B-FLAG-His с ожидаемой молекулярной массой.

Необходимо особо отметить, что наиболее интересные изменения были выявлены при дальнейшем увеличении продолжительности культивирования. После ночной инкубации клеток *E. coli* SHuffle в SB-среде при 16 °C в очищенной фракции методом ДСН-ПААГ выявлялся белковый продукт с молекулярной массой менее 35 кДа (Рисунок 5A). Вестерн-блоттинг с антителами anti-FLAG подтвердил наличие FLAG-положительного продукта в этой фракции (Рисунок 5B). Полученный результат существенно отличался от наблюдаемого при экспрессии в LB-среде, где молекулярная масса рекомбинантного продукта составляла приблизительно 51 кДа. Разница между этими двумя формами рекомбинантного белка имеет принципиальное значение. Полноразмерная конструкция Trx-Ag85B-FLAG-His_6 имеет ожидаемую молекулярную массу около 50–51 кДа, тогда как продукт менее 35 кДа соответствует существенно меньшей полипептидной цепи. При этом сохранение FLAG-иммунореактивности у низкомолекулярного продукта указывает на присутствие его С-концевой части. Поскольку FLAG- и 6×His-метки расположены на С-конце Ag85B, полученные данные согласуются с удалением N-концевого фрагмента конструкции при сохранении С-концевой части Ag85B.

Рисунок 5

Очистка растворимой формы рекомбинантного белка Trx-Ag85B-FLAG-His_6 из клеточного экстракта E. coli Shuffle T7, культивируемых в SB-среде при 16 °C в течение ночи



А) ДСН-ПААГ-электрофорез очищенного белка с последующим окрашиванием 12%-ного полиакриламидного геля красителем Coomassie Brilliant Blue R-250. В) Вестерн-блоттинг очищенного белка с использованием антител anti-FLAG (1:10 000). М – предварительно окрашенные белковые стандарты PageRuler Plus (10–250 кДа); 1–2 – очищенные фракции белка. Для электрофореза использовали по 4 мкг белка на лунку, для вестерн-блоттинга – по 2 мкг белка на лунку.

Таким образом, наблюдаемое изменение молекулярной массы можно интерпретировать как переход от полноразмерного Trx-Ag85B-FLAG-His_6 к форме Ag85B-FLAG-His_6, в которой N-концевой тиоредоксин отсутствует или существенно укорочен. Молекулярная масса полученного продукта, составляющая менее 35 кДа, находится в диапазоне, ожидаемом для Ag85B без N-концевого Trx. Совокупность данных указывает на то, что длительная экспрессия в SB-среде при 16 °C могла обеспечить не только повышение растворимости рекомбинантного белка, но и его внутриклеточную переработку. Одним из возможных объяснений является эндогенное протеолитическое удаление N-концевого Trx после формирования растворимого состояния Ag85B. В соответствии с такой моделью на раннем этапе экспрессии Trx способствует накоплению рекомбинантного полипептида в растворимой форме. Более низкая температура и умеренная индукция замедляют накопление белка и создают более благоприятные условия для формирования стабильной структуры Ag85B. После этого междоменный участок между Trx и Ag85B может становиться доступным для внутриклеточного протеолиза, в результате чего N-концевой Trx удаляется, а Ag85B сохраняется в растворимой форме. Предлагаемая последовательность событий хорошо согласуется с различиями, наблюдаемыми при сравнении LB- и SB-условий. В LB-среде после индукции преимущественно сохраняется полноразмерный Trx-Ag85B-FLAG-His_6 с молекулярной массой около 51 кДа, значительная часть которого локализуется в нерастворимой фракции. В SB-среде при 16 °C и длительной инкубации, напротив, формируется растворимый FLAG-положительный продукт с молекулярной массой менее 35 кДа. Следовательно, изменение условий культивирования, по-видимому, влияет сразу на два взаимосвязанных процесса – накопление растворимого белка и последующее удаление N-концевого тиоредоксина. При этом полученные результаты не позволяют однозначно установить конкретную протеазу, ответственную за образование низкомолекулярного продукта. Несмотря на наличие в конструкции участка с сайтом расщепления TEV, представленные данные не позволяют утверждать, что именно этот сайт является непосредственным местом эндогенного расщепления. Аналогично, на основании только ДСН-ПААГ и вестерн-блоттинга невоз-

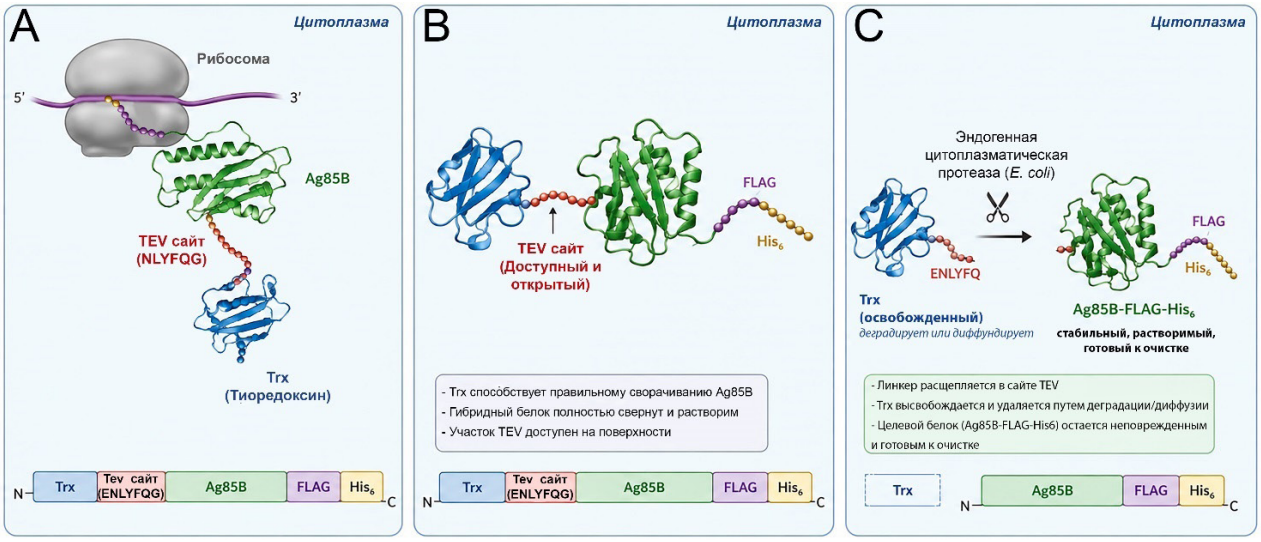
можно идентифицировать конкретную протеазу *E. coli*, участвующую в данном процессе. С технологической точки зрения обнаруженный процесс представляет интерес, поскольку позволяет потенциально объединить функцию растворяющего партнёра и его последующее удаление в рамках одного цикла экспрессии (Changbin и др., 2026; Li, 2011). В традиционном подходе после получения растворимого слитного белка N-концевой партнёр удаляется с помощью экзогенной протеазы, после чего требуется дополнительная стадия отделения протеазы и продуктов расщепления (Harper & Speicher, 2011; Costa и др., 2014). В исследуемой системе изменение условий культивирования, по-видимому, позволяет клетке-хозяину самостоятельно осуществлять переработку слитного белка. Это потенциально упрощает схему получения целевого продукта и снижает необходимость использования коммерческой протеазы.

На основании полученных результатов можно предложить рабочую модель, представленную на Рисунке 6.

На первом этапе экспрессии N-концевой Trx способствует получению растворимой формы рекомбинантного Trx-Ag85B-FLAG-His_6. Снижение температуры до 16 °C, использование 0,1 мМ ИПТГ и более длительной инкубации изменяют кинетику накопления белка и создают условия, благоприятные для формирования растворимого продукта. После этого, вероятно, происходит эндогенная протеолитическая переработка междоменного участка с удалением N-концевого Trx. Сохранившаяся С-концевая часть Ag85B содержит FLAG- и 6×His-метки, что позволяет её детектировать и очищать методом аффинной хроматографии.

Рисунок 6

Предлагаемая модель ко-трансляционного фолдинга и эндогенной протеолитической переработки рекомбинантного белка Trx–Ag85B–FLAG–His_6 в клетках E. coli



A) Ко-трансляционный фолдинг. В процессе синтеза рекомбинантной полипептидной цепи N-концевой тиоредоксин способствует формированию растворимой формы Ag85B. B) Формирование растворимого слитного белка. При оптимизированных условиях экспрессии Trx–Ag85B приобретает стабильную растворимую конформацию, при этом междоменный линкер, содержащий последовательность TEV (ENLYFQ), остаётся потенциально доступным для эндогенной протеолитической обработки. C) Эндогенная протеолитическая переработка. При длительной инкубации происходит эндогенное протеолитическое удаление N-концевого Trx, предположительно в области доступного междоменного линкера. С-концевая часть Ag85B сохраняет FLAG- и His_6-метки и остаётся в растворимой форме, пригодной для последующей аффинной очистки.

Таким образом, проведённая оптимизация условий экспрессии позволила перейти от преимущественного накопления полноразмерного Trx-Ag85B-FLAG-His_6 с молекулярной массой около 51 кДа и высокой долей нерастворимого продукта в LB-среде к получению преимущественно растворимой низкомолекулярной формы в SB-среде при 16 °C. Появление после длительной инкубации FLAG-положительного продукта с молекулярной массой менее 35 кДа согласуется с удалением N-концевого тиоредоксина и сохранением C-концевой части Ag85B. Полученные результаты позволяют рассматривать эндогенное протеолитическое удаление Trx как перспективный подход к получению растворимого рекомбинантного Ag85B без отдельной стадии обработки коммерческой протеазой. При этом окончательное подтверждение предложенного механизма требует определения точного места протеолитического расщепления и идентификации фермента, участвующего в образовании низкомолекулярного продукта.

Заключение

Оптимизация условий экспрессии позволила существенно повысить растворимость рекомбинантного Ag85B и изменить молекулярную форму получаемого продукта. В LB-среде преимущественно накапливался полноразмерный Trx–Ag85B–FLAG–His_6 массой около 51 кДа, тогда как использование SB-среды, 0,1 мМ IPTG и культивирование при 16 °C с последующей длительной инкубацией способствовали образованию растворимого FLAG-положительного продукта массой менее 35 кДа. Полученные данные согласуются с удалением N-концевого Trx посредством эндогенной протеолитической переработки при сохранении C-концевой части Ag85B–FLAG–His_6. Добавление β-меркаптоэтанола не оказывало существенного влияния на накопление растворимого белка. Таким образом, предложенный подход потенциально позволяет упростить получение растворимого рекомбинантного Ag85B за счёт интеграции удаления солюбилизирующего партнёра непосредственно в процесс экспрессии, без обязательного использования экзогенной протеазы.

Конфликт интересов

Все авторы прочитали и ознакомлены с содержанием статьи и не имеют конфликта интересов.

Источник финансирования

Исследование выполнено в рамках грантового финансирования Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (ИРН проекта: AP26102743 «Нанотела (однодоменные антитела) как инструменты нового поколения для терапии туберкулеза»).

Вклад авторов

Н.Ж. Тлеумбетова: Концептуализация, Методология, Исследование; Ж.Ж. Марат: Концептуализация, Методология, Исследование; Л.А. Ибрагимова: Концептуализация, Методология, Исследование; Ж.М. Аманбек: Концептуализация, Методология, Исследование; И.Т. Смекенов: Методология, Исследование, Формальный анализ, Привлечение финансирования, Визуализация; А.К. Бисенбаев: Концептуализация, Методология, Администрирование проекта, Научное руководство, Валидация, Написание – первоначальный вариант, Написание – проверка и редактирование.

Литература

Aghababa, H., Mobarez, A. M., Behmanesh, M., Khoramabadi, N., & Mobarhan, M. (2011). Production and purification of mycolyl transferase B of *Mycobacterium tuberculosis*. *Tanaffos, 10*(4), 23–30. https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4153168/

Allué-Guardia, A., Saranathan, R., Chan, J., & Torrelles, J. B. (2021). Mycobacteriophages as potential therapeutic agents against drug-resistant tuberculosis. *International Journal of Molecular Sciences, 22*(2), Article 735. https://doi.org/10.3390/ijms22020735

Arakawa, T., & Akuta, T. (2025). Beyond purification: Evolving roles of fusion tags in biotechnology. *Current Issues in Molecular Biology, 47*(9), Article 768. https://doi.org/10.3390/cimb47090768

Babaki, M. K. Z., Soleimanpour, S., & Rezaee, S. A. (2017). Antigen 85 complex as a powerful *Mycobacterium tuberculosis* immunogene: Biology, immune-pathogenicity, applications in diagnosis, and vaccine design. *Microbial Pathogenesis, 112*, 20–29. https://doi.org/10.1016/j.micpath.2017.08.040

Balu, S., Reljic, R., Lewis, M. J., Pleass, R. J., McIntosh, R., van Kooten, C., van Egmond, M., Challacombe, S., Woof, J. M., & Ivanyi, J. (2011). A novel human IgA monoclonal antibody protects against tuberculosis. *The Journal of Immunology, 186*(5), 3113–3119. https://doi.org/10.4049/jimmunol.1003189

Ban, B., Sharma, M., & Shetty, J. (2020). Optimization of methods for the production and refolding of biologically active disulfide bond-rich antibody fragments in microbial hosts. *Antibodies, 9*(3), Article 39. https://doi.org/10.3390/antib9030039

Bio-Rad Laboratories. (n.d.). *Bradford protein assay*. https://www.bio-rad.com/en-kz/feature/bradford-protein-assay.html

Changbin, J., Xiaohu, Z., Zhibo, Y., Wei, Y., Hao, S., Jingru, Z., & Yueping, Z. (2026). A self-cleavable ULP1-SUMO fusion strategy for enhanced soluble protein expression and one-step purification in *Escherichia coli*. *Protein Expression and Purification, 240*, Article 106892. https://doi.org/10.1016/j.pep.2026.106892

Charlton, A., & Zachariou, M. (2011). Tag removal by site-specific cleavage of recombinant fusion proteins. In D. Walls & S. Loughran (Eds.), *Protein chromatography: Methods and protocols* (Methods in Molecular Biology, Vol. 681). Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-60761-913-0_19

Costa, S., Almeida, A., Castro, A., & Domingues, L. (2014). Fusion tags for protein solubility, purification and immunogenicity in *Escherichia coli*: The novel Fh8 system. *Frontiers in Microbiology, 5*, Article 63. https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00063

Diacon, A. H., Guerrero-Bustamante, C. A., Rosenkranz, B., Rubio Pomar, F. J., Vanker, N., & Hatfull, G. F. (2022). Mycobacteriophages to treat tuberculosis: Dream or delusion? *Respiration, 101*(1), 1–15. https://doi.org/10.1159/000519870

Ditgen, D., Anandarajah, E. M., Hansmann, J., Winter, D., Schramm, G., Erttmann, K. D., Liebau, E., & Brattig, N. W. (2016). Multifunctional thioredoxin-like protein from the gastrointestinal parasitic nematodes *Strongyloides ratti* and *Trichuris suis* affects mucosal homeostasis. *Journal of Parasitology Research, 2016*, Article 8421597. https://doi.org/10.1155/2016/8421597

Francis, D. M., & Page, R. (2010). Strategies to optimize protein expression in *E. coli*. *Current Protocols in Protein Science, 61*, 5.24.1–5.24.29. https://doi.org/10.1002/0471140864.ps0524s61

Gagliardo, B., Faye, A., Jaouen, M., Deschemin, J.-C., Canonne-Hergaux, F., Vaulont, S., & Sari, M.-A. (2008). Production of biologically active forms of recombinant hepcidin, the iron-regulatory hormone. *The FEBS Journal, 275*, 3793–3803. https://doi.org/10.1111/j.1742-4658.2008.06525.x

Gordillo Altamirano, F. L., & Barr, J. J. (2019). Phage therapy in the postantibiotic era. *Clinical Microbiology Reviews, 32*(2), e00066-18. https://doi.org/10.1128/CMR.00066-18

Harper, S., & Speicher, D. W. (2011). Purification of proteins fused to glutathione S-transferase. In D. Walls & S. Loughran (Eds.), *Protein chromatography: Methods and protocols* (Methods in Molecular Biology, Vol. 681). Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-60761-913-0_14

Lantez, V., Dalle, K., Charrel, R., Baronti, C., Canard, B., & Coutard, B. (2011). Comparative production analysis of three phlebovirus nucleoproteins under denaturing or non-denaturing conditions for crystallographic studies. *PLOS Neglected Tropical Diseases, 5*(1), e936. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000936

Larentis, A. L., Nicolau, J. F. M. Q., Esteves, G. d. S., Vareschini, D. T., Ribeiro de Almeida, F. V., dos Reis, M. G., Galler, R., & Medeiros, M. A. (2014). Evaluation of pre-induction temperature, cell growth at induction and IPTG concentration on the expression of a leptospiral protein in *E. coli* using shaking flasks and microbioreactor. *BMC Research Notes, 7*, Article 671. https://doi.org/10.1186/1756-0500-7-671

LaVallie, E. R., DiBlasio, E. A., Kovacic, S., Grant, K. L., Schendel, P. F., & McCoy, J. M. (1993). A thioredoxin gene fusion expression system that circumvents inclusion body formation in the *E. coli* cytoplasm. *Bio/Technology, 11*, 187–193. https://doi.org/10.1038/nbt0293-187

LaVallie, E. R., Lu, Z., Diblasio-Smith, E. A., Collins-Racie, L. A., & McCoy, J. M. (2000). Thioredoxin as a fusion partner for production of soluble recombinant proteins in *Escherichia coli*. *Methods in Enzymology, 326*, 322–340. https://doi.org/10.1016/S0076-6879(00)26063-1

Li, Y. (2011). Self-cleaving fusion tags for recombinant protein production. *Biotechnology Letters, 33*(5), 869–881. https://doi.org/10.1007/s10529-011-0533-8

Lobstein, J., Emrich, C. A., Jeans, C., Faulkner, M., Riggs, P., & Berkmen, M. (2012). SHuffle, a novel *Escherichia coli* protein expression strain capable of correctly folding disulfide bonded proteins in its cytoplasm. *Microbial Cell Factories, 11*, Article 56. https://doi.org/10.1186/1475-2859-11-56

New England Biolabs. (n.d.). *SHuffle T7 competent E. coli*. https://www.neb.com/en/products/c3026-shuffle-t7-competent-e-coli

Paraskevopoulou, V., & Falcone, F. H. (2018). Polyionic tags as enhancers of protein solubility in recombinant protein expression. *Microorganisms, 6*(2), Article 47. https://doi.org/10.3390/microorganisms6020047

Piubelli, L., Campa, M., Temporini, C., Binda, E., Mangione, F., Amicosante, M., Terreni, M., Marinelli, F., & Pollegioni, L. (2013). Optimizing *Escherichia coli* as a protein expression platform to produce *Mycobacterium tuberculosis* immunogenic proteins. *Microbial Cell Factories, 12*, Article 115. https://doi.org/10.1186/1475-2859-12-115

Raran-Kurussi, S., & Waugh, D. S. (2012). The ability to enhance the solubility of its fusion partners is an intrinsic property of maltose-binding protein but their folding is either spontaneous or chaperone-mediated. *PLOS ONE, 7*(11), e49589. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049589

Reinecke, A., Göbel, J., & Genersch, E. (2026). Immunoassays for the detection and differentiation of *Paenibacillus larvae*, the etiological agent of American foulbrood (AFB) in honey bees. *Scientific Reports, 16*, Article 2635. https://doi.org/10.1038/s41598-026-35590-7

Sambrook, J., Fritsch, E. F., & Maniatis, T. (1989). *Molecular cloning: A laboratory manual* (2nd ed.). Cold Spring Harbor Laboratory Press.

San-Miguel, T., Pérez-Bermúdez, P., & Gavidia, I. (2013). Production of soluble eukaryotic recombinant proteins in *E. coli* is favoured in early log-phase cultures induced at low temperature. *SpringerPlus, 2*, Article 89. https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-89

Sigma-Aldrich. (n.d.). *Tag removal proteases for recombinant protein purification*. https://www.sigmaaldrich.com/KZ/en/technical-documents/technical-article/protein-biology/protein-purification/biotin-tag-protein-purification-proteases

Sørensen, H. P., & Mortensen, K. K. (2005). Soluble expression of recombinant proteins in the cytoplasm of *Escherichia coli*. *Microbial Cell Factories, 4*, Article 1. https://doi.org/10.1186/1475-2859-4-1

Steinberg, T. H. (2009). Protein gel staining methods: An introduction and overview. *Methods in Enzymology, 463*, 541–563. https://doi.org/10.1016/S0076-6879(09)63031-7

Tu, A.-H. T. (2008). Transformation of *Escherichia coli* made competent by calcium chloride protocol. *American Society for Microbiology*, 1–10.

Xu, H., Wang, Q., Zhang, Z., Yi, L., Ma, L., & Zhai, C. (2019). A simplified method to remove fusion tags from a xylanase of *Bacillus* sp. HBP8 with HRV 3C protease. *Enzyme and Microbial Technology, 123*, 15–20. https://doi.org/10.1016/j.enzmictec.2019.01.004

Yang, Z., Zhang, L., Zhang, Y., Zhang, T., Feng, Y., Lu, X., Lan, W., Wang, J., Wu, H., Cao, C., & Wang, X. (2011). Highly efficient production of soluble proteins from insoluble inclusion bodies by a two-step-denaturing and refolding method. *PLOS ONE, 6*(7), e22981. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0022981

Zheng, N., Pérez, J. de J., Zhang, Z., Domínguez, E., Garcia, J. A., & Xie, Q. (2008). Specific and efficient cleavage of fusion proteins by recombinant plum pox virus NIa protease. *Protein Expression and Purification, 57*(2), 153–162. https://doi.org/10.1016/j.pep.2007.10.008

Zou, Z., Cao, L., Zhou, P., Su, Y., Sun, Y., & Li, W. (2008). Hyper-acidic protein fusion partners improve solubility and assist correct folding of recombinant proteins expressed in *Escherichia coli*. *Journal of Biotechnology, 135*(4), 333–339. https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2008.05.007

Сведения об авторах:

Назым З. Тлеумбетова – магистр наук, докторант, Научно-исследовательский институт проблем биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: nazymtleumbetova@gmail.com).

Жанар Ж. Марат – бакалавр наук, магистрантка, Научно-исследовательский институт проблем биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: zhanar.marat09@gmail.com).

Лейла А. Ибрагимова – бакалавр наук, магистрантка, Научно-исследовательский институт проблем биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: leila.ibragimova_03@mail.ru).

Жансая М. Аманбек – бакалавр наук, магистрантка кафедры молекулярной биологии и генетики факультета биологии и биотехнологии Казахского национального университета им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: jansaia.amanbek@mail.ru).

Изат Т. Смекенов – PhD, старший научный сотрудник Научно-исследовательского института проблем биологии и биотехнологии Казахского национального университета им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: smekenovizat@gmail.com).

Амангельды А. Бисенбаев – доктор биологических наук, профессор Научно-исследовательского института проблем биологии и биотехнологии Казахского национального университета им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: amangeldy.bisenbaev@kaznu.kz).

Information about the authors:

Nazym .Z. Tleumbetova – M.Sc., PhD Student, Scientific Research Institute of Biology and Biotechnology Problems, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: nazymtleumbetova@gmail.com).

Zhanar .Zh. Marat – B.Sc., Master Student, Scientific Research Institute of Biology and Biotechnology Problems, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: zhanar.marat09@gmail.com).

Leila A. Ibragimova – B.Sc., Master Student, Scientific Research Institute of Biology and Biotechnology Problems, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: leila.ibragimova_03@mail.ru).

Zhansaya M. Amanbek – B.Sc., Master Student, Department of Molecular Biology and Genetics, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: jansaia.amanbek@mail.ru).

Izat T. Smekenov – PhD, Senior Researcher, Scientific Research Institute of Biology and Biotechnology Problems, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: smekenovizat@gmail.com).

Amangeldy A. Bissenbaev – Doctor of Biological Sciences, Professor, Scientific Research Institute of Biology and Biotechnology Problems, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: amangeldy.bisenbaev@kaznu.kz).

Авторлар туралы мәлімет:

Назым .З. Тлеумбетова – биология ғылымдарының магистрі, PhD докторанты, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті (Алматы, Қазақстан, e-mail: nazymtleumbetova@gmail.com).

Жанар .Ж. Марат – биология ғылымдарының бакалавры, магистрант, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті (Алматы, Қазақстан, e-mail: zhanar.marat09@gmail.com).

Лейла А. Ибрагимова – биология ғылымдарының бакалавры, магистрант, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті (Алматы, Қазақстан, e-mail: leila.ibragimova_03@mail.ru).

Жансая М. Аманбек – биология ғылымдарының бакалавры, магистрант, молекулалық биология және генетика кафедрасы, биология және биотехнология факультеті, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті (Алматы, Қазақстан, e-mail: jansaia.amanbek@mail.ru).

Изат Т. Смекенов – PhD докторы, аға ғылыми қызметкер, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің Биология және биотехнология мәселелері ғылыми-зерттеу институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: smekenovizat@gmail.com).

Амангелді А. Бисенбаев – биология ғылымдарының докторы, профессор, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің Биология және биотехнология мәселелері ғылыми-зерттеу институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: amangeldy.bisenbaev@kaznu.kz).

Поступило 14 января 2026 года
Повторно загружено 13 августа 2025 года
Принято 15 сентября 2026 года

IRSTI 34.23.35 https://doi.org/10.26577/bb108320268

R.E. Amzeyev[1*], M.Sh. Yermekova[2], K. Kirikci[3], K.Zh. Dossybayev[2], T.T. Nurkenov[1]

[1]Abai Kazakh National Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan
[2]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
[3]Ahi Evran University, Kırshehir, Turkiye
[*]e-mail: rauanbiolog@gmail.com

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF THE KAZAKH FAT-TAILED COARSE-WOOL SHEEP BREED

In this study, a phylogenetic analysis was conducted to determine the genetic diversity of the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep breed raised in Kazakhstan using SNP polymorphisms of the mitochondrial DNA (mtDNA) d-loop region consisting of 840 base pairs (bp). A total of 80 Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep were initially sampled from two breeding farms in Kazakhstan. Following DNA extraction, PCR amplification, and sequencing, 10 samples were successfully sequenced for the mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region. For comparative phylogenetic analysis, these 10 newly generated sequences were combined with 15 reference sequences retrieved from the NCBI GenBank database, resulting in a final dataset of 25 sequences. DNA molecules were extracted from peripheral blood samples, and polymerase chain reaction (PCR) amplification was performed. Sequencing analysis of the amplified products revealed nucleotide compositions of 31.46% adenine, 36.19% thymine, 16.42% guanine, and 15.93% cytosine. The obtained sequences were compared with available nucleotide sequences of domestic sheep and wild mouflon breeds from the NCBI database. Phylogenetic tree analysis conducted using the MEGA X software demonstrated that the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep formed a distinct cluster with a 98–100% genetic similarity, indicating a unique genetic diversity and confirming its status as an autochthonous sheep breed. Furthermore, the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep showed a close genetic relationship with Mongolian, Tibetan, and Gissar sheep breeds. In contrast, European sheep breeds were positioned at a greater genetic distance in the phylogenetic tree, suggesting that they belong to different evolutionary lineages.

Keywords: phylogenetics, sequencing, genetic diversity, D-loop, DNA markers, SNP50, PCR, genetic differentiation.

Р.Е. Амзеев[1*], М.Ш. Ермекова[2], К. Қырыкчы[3], К.Ж.Досыбаев[2], Т.Т. Нуркенов[1]

[1]Абай атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
[2]Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
[3]Ахи Евран Университеті, Қыршехир, Түркия
*e-mail: rauanbiolog@gmail.com

Қазақтың құйрықты қылшық жүнді қой тұқымына жүргізілген филогенетикалық талдау

Бұл зерттеуде Қазақстанда өсірілетін қазақтың құйрықты қылшық жүнді қой тұқымының генетикалық әртүрлілігін анықтау мақсатында ұзындығы 840 жұп нуклеотидтен (ж.н.) тұратын митохондриялық ДНҚ-ның (мтДНҚ) D-ілмек аймағындағы SNP-полиморфизмдер негізінде филогенетикалық талдау жүргізілді. Зерттеу үлгілері ретінде популяциядан барлығы 80 қой кездейсоқ таңдап алынды. Перифериялық қан үлгілерінен ДНҚ бөлініп алынып, полимеразды тізбекті реакция (ПТР) әдісімен амплификация жүргізілді. Амплификацияланған өнімдерді секвенирлеу нәтижесінде нуклеотидтік құрамы 31,46% аденин, 36,19% тимин, 16,42% гуанин және 15,93% цитозинді құрады. Алынған нуклеотидтік тізбектер NCBI деректер базасында қолжетімді үй қойлары мен жабайы муфлондардың референстік тізбектерімен салыстырылды. MEGA X бағдарламасы арқылы жүргізілген филогенетикалық талдау қазақтың құйрықты қылшық жүнді қой тұқымының тізбектері 98–100% жоғары bootstrap статистикалық қолдауымен жеке кластер түзетінін көрсетті, бұл талдауға енгізілген референстік қой популяцияларынан айқын генетикалық дифференциациясын көрсетеді. Сонымен қатар қазақтың құйрықты қылшық жүнді қой тұқымы моңғол, тибет және гиссар қой тұқымдарымен жақын генетикалық туыстықты көрсетті. Ал еуропалық қой тұқымдары филогенетикалық ағашта генетикалық қашықтықтың жоғары болуымен ерекшеленді, бұл олардың әртүрлі эволюциялық линияларға жататынын көрсетеді.

Түйін сөздер: филогенетика, секвенирлеу, генетикалық әртүрлілік, D-ілмегі, ДНҚ маркерлер, SNP50 , ПТР.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

Р.Е. Амзеев[1*], М.Ш. Ермекова[2], К. Қырықчы[3],
К.Ж. Досыбаев[2], Т.Т. Нуркенов[1]

[1]Казахский национальный педагогический университет имени Абая, Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[3]Университет Ахи Еврана, Кыршехир, Турция
*e-mail: rauanbiolog@gmail.com

Филогенетический анализ казахской грубошёрстной овцы

В данном исследовании был проведен филогенетический анализ для определения генетического разнообразия казахской курдючной грубошерстной породы овец, разводимой в Казахстане, с использованием SNP-полиморфизмов D-петли митохондриальной ДНК (мтДНК) длиной 840 пар оснований (п.н.). Всего из популяции были случайным образом отобраны 80 овец. Из периферической крови выделяли ДНК, после чего проводили амплификацию методом полимеразной цепной реакции (ПЦР). В результате секвенирования амплифицированных продуктов был определен нуклеотидный состав: 31,46% аденина, 36,19% тимина, 16,42% гуанина и 15,93% цитозина. Полученные последовательности сравнивали с доступными в базе данных NCBI нуклеотидными последовательностями домашних овец и диких муфлонов. Филогенетический анализ, проведенный с использованием MEGA X, показал, что последовательности казахской курдючной грубошерстной породы овец образуют отдельный кластер с высокой статистической поддержкой bootstrap 98–100%, что свидетельствует о четкой генетической дифференциации от референсных популяций овец, включенных в анализ. Кроме того, казахская курдючная грубошерстная порода овец продемонстрировала близкое генетическое родство с монгольской, тибетской и гиссарской породами овец. В отличие от них, европейские породы овец располагались на большем генетическом расстоянии на филогенетическом дереве, что указывает на их принадлежность к различным эволюционным линиям.

Ключевые слова: филогенетика, секвенирование, генетическое разнообразие, D-петля, ДНК-маркеры, SNP50, ПЦР.

Introduction

Animal husbandry is a traditional and strategically important branch of agricultural production, deeply rooted in the natural and climatic conditions of Kazakhstan and based on centuries of livestock-breeding culture and experience. In particular, sheep breeding is closely intertwined with the lifestyle of the nomadic population and represents an integral part of the national culture and tradition. Among the local livestock breeds, the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep occupies a special place. Its origin dates back to ancient times, having been developed through folk selection in the steppe and semi-desert regions of Kazakhstan. This breed is characterized by high adaptability, resilience, and productivity in both meat and fat yield, representing a unique component of the country's genetic resources. Between 1930 and 1950, the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep was described based on specialized zootechnical studies and officially recognized as an independent breed according to its ethnological and productive characteristics. Today, this breed is widely distributed across Kazakhstan, particularly in the southern, western, central, and eastern regions of the country (Kanapin, 2009).

Scientific investigation of the genetic diversity and biological characteristics of native livestock breeds has become one of the priority directions in enhancing agricultural productivity, ensuring food security, and strengthening export potential. The preservation and efficient use of genetic resources play a decisive role in maintaining the nation's food security and guiding breeding and selection programs (Wood & Phua, 1996; Ozerov et al., 2006; Pozharskiy et al., 2020). Morphologically, the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep is large, compact, and characterized by a fat-storing tail and coarse-type fleece. The average live weight of adult rams ranges from 90 to 120 kg, while ewes typically weigh between 55 and 75 kg. Lambs can reach 20–30 kg by the age of four months, and these values can further increase under favorable feeding and grazing conditions. The tail fat alone may reach 8–14 kg, and under special care, up to 20 kg. At present, studying the genetic diversity of this breed is a pressing issue. Intensive crossbreeding, large-scale selection programs aimed at maximizing production, and the potential loss of regional genetic resources pose serious threats to the genetic uniqueness and breed integrity of local sheep populations (Hiendleder et al., 1998; Kumar et al., 2024; Osipov, 2007).

These factors necessitate an in-depth investigation of the intra-breed genetic structure using an integrated approach that combines morphological and molecular-genetic methods (Erokhin et al., 2014). Since the Kazakh coarse-wool sheep is distributed across Central Asia, its mitochondrial

DNA (mtDNA) haplotypes are likely to belong to haplogroups A or C, which distinguishes it genetically from European sheep breeds (Deniskova et al., 2019; Meadows et al., 2005). However, the level of genetic polymorphism in fat-tailed coarse-wool sheep remains insufficiently studied. To analyze the genetic structure of sheep populations, efficient and accessible molecular-genetic markers such as short tandem repeats (STR loci) and the non-coding D-loop region of mitochondrial DNA (mtDNA) are widely used. Because mtDNA is maternally inherited, it exhibits high intraspecific variability and serves as a reliable marker for studying genetic diversity and phylogenetic relationships (Marzanov et al., 2004; Ozerov, 2004; Tajima, 1989). Sequencing of mtDNA is recognized as one of the most effective methods for identifying mtDNA haplotypes in sheep (Hiendleder et al., 2002; Pedrosa et al., 2005). In the study conducted by I.E. Mukhametzharova, the level of genetic diversity among six sheep breeds reared in Kazakhstan-Kazakh semi-fine-wool meat-wool, Edilbay, South Kazakhstan merino, Kazakh fat-tailed semi-coarse wool, and Akzhaik fine-wool meat-wool-was investigated based on mtDNA. The mtDNA sequences from samples of each breed were analyzed and comparatively characterized according to their phylogenetic structure and haplotypic composition. The results showed that among 64 samples representing six local breeds, 43.75% (28/64) belonged to haplogroup A, 39.06% (25/64) to haplogroup B, and 17.19% (11/64) to haplogroup C (Hiendleder et al., 2002). Currently, international databases such as GenBank and EMBL contain extensive microsatellite data on domestic animals. For sheep alone, more than 300 microsatellite markers have been characterized. Due to their high polymorphism, these markers are widely employed to assess the genetic characteristics of livestock species and breeds (Álvarez et al., 2013; Mukhametzharova, 2022).

Materials and methods

For this study, peripheral blood samples were collected from 80 Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep from two breeding farms in Kazakhstan: 40 animals from the “Kundyzdy” breeding farm and 40 animals from the “Aksunkar” breeding farm. Animals were randomly selected from the available breeding population at each farm, without intentional selection based on specific production or phenotypic traits. The 80 animals represented the initial study population. Following DNA extraction, PCR amplification of the mitochondrial DNA D-loop region, and assessment of PCR product quality, 10 samples were successfully sequenced and retained for downstream sequence analysis. The collection of peripheral blood samples was carried out by qualified veterinary specialists. Blood samples were drawn using sterile needles and collected into tubes containing EDTA reagent to prevent coagulation. The samples were then transported to the laboratory at a temperature of +4 °C. Genomic DNA was extracted from the peripheral blood using the QIAamp DNA Blood Mini Kit (250) (QIAGEN, Germany). The concentration and purity of the isolated DNA were assessed using a NanoDrop One spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, USA). Primers specific to the mitochondrial DNA D-loop region were synthesized by Macrogen Inc. (Seoul, South Korea). PCR amplification of the D-loop region was performed using a Mastercycler thermal cycler (Eppendorf, Germany). The polymerase chain reaction (PCR) conditions were as follows: initial denaturation at 94 °C for 6 min; followed by 34 cycles of denaturation at 96 °C for 46 s, annealing at 54 °C for 32 s, and extension at 74 °C for 1 min; with a final extension step at 74 °C for 1 min. For comparative phylogenetic analysis, 15 reference mtDNA D-loop sequences representing domestic and wild sheep breeds were retrieved from the NCBI GenBank database. Phylogenetic relationships were reconstructed using the Neighbor-Joining (NJ) method implemented in MEGA X. The analysis was based on the aligned mitochondrial DNA D-loop sequences of the 10 newly generated KFT-CWS samples and 15 reference sequences from GenBank. Bootstrap support for the inferred tree topology was evaluated using 1,000 replicates. The resulting phylogenetic tree was visualized and annotated using MEGA X. These reference sequences were selected to represent geographically and genetically diverse sheep populations relevant to the phylogenetic analysis. Thus, the final dataset used for phylogenetic reconstruction consisted of 25 sequences, including 10 newly generated KFT-CWS sequences and 15 sequences obtained from GenBank.

For comparative phylogenetic analysis, 15 reference mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop sequences representing domestic and wild sheep breeds were retrieved from the NCBI GenBank database. The final dataset consisted of 25 sequences, including 10 newly generated KFT-CWS sequences and 15 reference sequences from GenBank. Multiple sequence alignment was performed using the ClustalW algorithm implemented in MEGA X. The aligned sequences were manually inspected and trimmed to ensure comparable nucleotide positions

across all sequences. Phylogenetic relationships were reconstructed using the Neighbor-Joining (NJ) method implemented in MEGA X, and the reliability of the inferred tree topology was assessed using 1,000 bootstrap replicates. Gaps and missing data were treated according to the default settings of MEGA X. Nucleotide substitution probabilities and the corresponding substitution matrix were calculated using MEGA 12 under the Tamura–Nei (1993) model. The resulting phylogenetic tree was visualized and annotated using MEGA X.

Results and discussion

Polymerase chain reaction (PCR) analysis was performed using specific primers corresponding to the mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region (Figure 1). The amplified PCR products were subsequently analyzed by electrophoresis in a 2% agarose gel. The molecular weight of the synthesized amplicons was evaluated using a DNA ladder ranging from 100 to 1000 base pairs (bp).

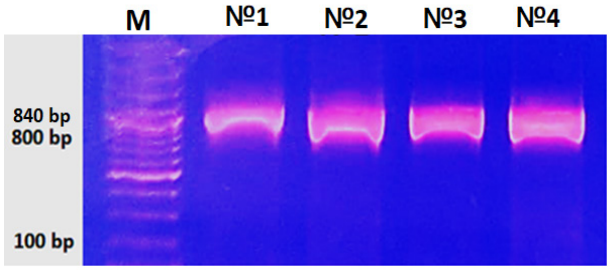
Table 1
Representative DNA concentration and purity measurements for selected Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep samples

№	ng/µl	A260/280	A260/230
1	10.6	1.07	0.14
2	9.8	2.44	0.80
3	12.7	1.55	0.67
4	13.8	2.74	0.92
5	10.7	2.62	0.92
6	13.5	2.44	0.62
7	12.6	1.38	0.86

Table 1 presents DNA concentration and purity measurements for seven representative samples from the initial collection of 80 animals. These seven samples were selected to illustrate the range of DNA quality observed in the extracted material and were not intended to represent the complete set of 80 animals. DNA quality was assessed using the A260/280 and A260/230 absorbance ratios together with DNA concentration measurements. Samples considered suitable for PCR amplification were those that produced a sufficient amount of DNA and yielded successful amplification of the expected mtDNA D-loop fragment. Following successful PCR amplification, samples producing clear amplicons of the expected size and adequate sequence quality were retained for sequencing. Ultimately, 10 samples generated sequences of sufficient quality for downstream analysis.

To assess the quantitative and qualitative integrity of the amplified PCR products, horizontal gel electrophoresis and spectrophotometric analysis were employed. The residual nucleotides and unbound primers in the samples were removed using the ExoSAP-IT reagent to ensure high-purity DNA templates suitable for sequencing.

Figure 1
Electrophoretic profile of the mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region of the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep breed. M – DNA marker; each fragment corresponds to 100 base pairs (bp)



Electrophoretic profile of PCR-amplified products of the mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region of the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep breed on a 2% agarose gel

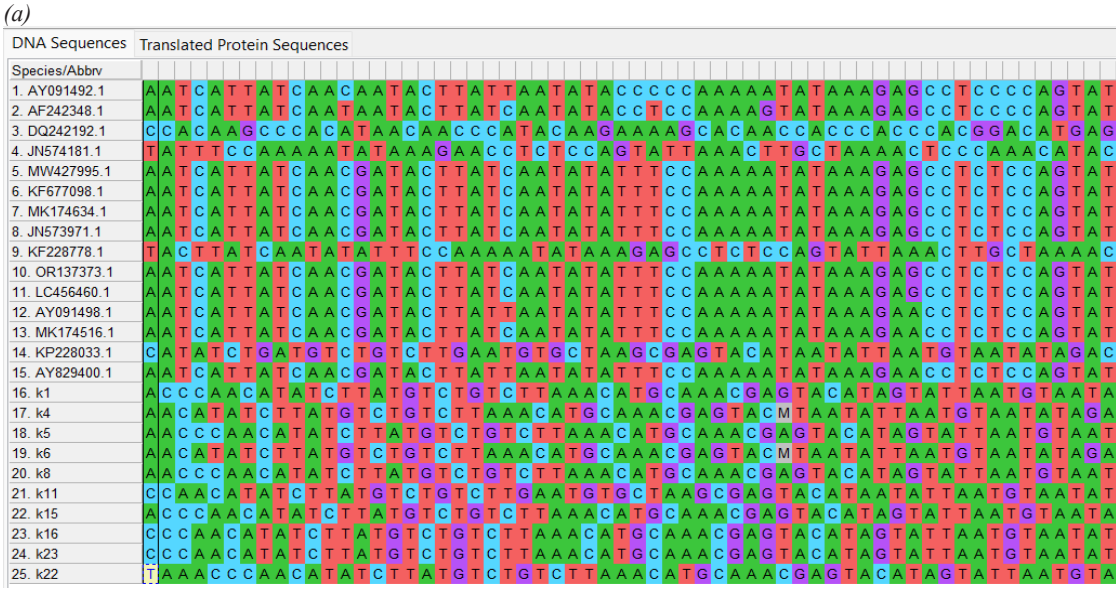
Lanes 1–4 represent the analyzed samples. M – DNA marker, where each fragment corresponds to 100 base pairs (bp). The PCR amplification of the D-loop region was performed using the following primer pairs: D-1: forward 5′-AACGGCAATAGCCCTTGA-3′ and reverse 5′-TGTACGTGTACGTGGGTGTA-3′;D-2: forward 5′-CCCGTCGCAGTCAAATCAA-3′ and reverse 5′-GTTGTATGCCGATTCAAAGGC-3′. The total size of the amplified fragment was approximately 840 bp. Sequencing analysis was conducted to determine the nucleotide composition of the amplified mtDNA D-loop region. The obtained nucleotide composition consisted of 31.46% adenine (A), 36.19% thymine (T), 16.42% guanine (G), and 15.93% cytosine (C). The 10 newly generated KFT-CWS mtDNA D-loop sequences were compared with 15 reference sequences retrieved from the NCBI GenBank database. The final comparative dataset therefore comprised 25 sequences: 10 sequences generated in the present study and 15 publicly available reference sequences representing domestic and wild sheep breeds. Multiple sequence

alignment was performed using the ClustalW algorithm implemented in MEGA X.

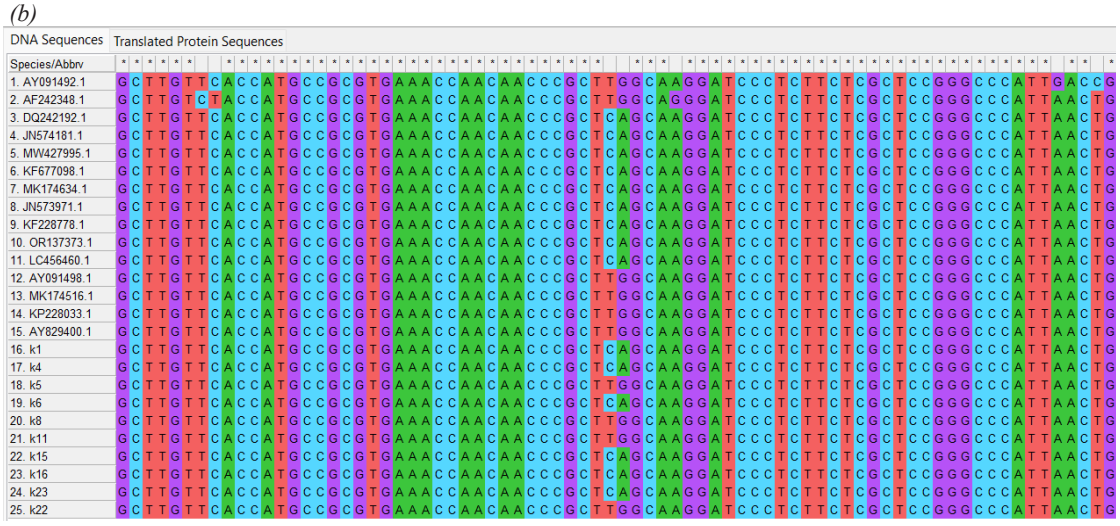
The reference sequences included Ovis ammon collium (AY091492.1), Ovis ammon darwini (AF242348.1), and domestic sheep accessions DQ242192.1, JN574181.1, MW427995.1, KF677098.1, MK174634.1, JN573971.1, KF228778.1, OR137373.1, LC456460.1, AY091498.1, MK174516.1, KP228033.1, AY829400.1, and 10 newly generated Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep (KFT-CWS) sequences (K1–K10). Comparative sequence alignment revealed several single nucleotide polymorphisms (SNPs) among tandem repeats in the mtDNA D-loop region (Figure 2).

Figure 2
Alignment of nucleotide sequences of the mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region of the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep breed before (a) and after (b) processing using the ClustalW algorithm in the MEGA X software

(a)



(b)

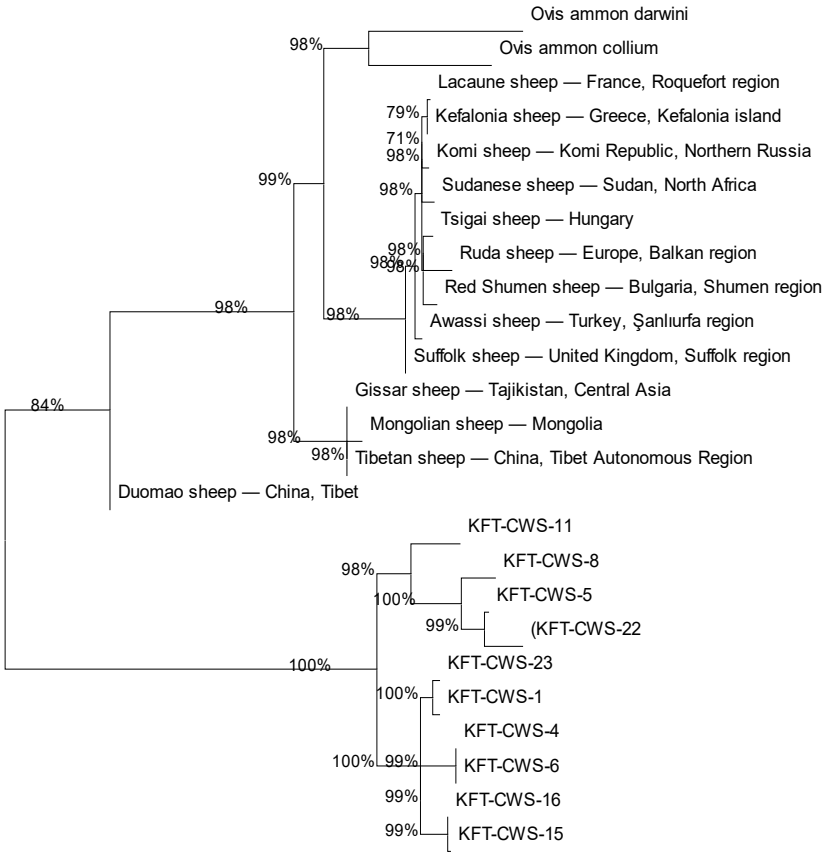


Reference Sequences Used for Phylogenetic Analysis *1. AY091492.1 – Ovis ammon collium (Wild sheep, Central Asia) 2. AF242348.1 – Ovis ammon darwini (Wild sheep, Central Asia) 3. DQ242192.1 – Komi sheep (Komi Republic, Northern Russia) 4. JN574181.1 – Ruda sheep (Europe, Balkan region) 5. MW427995.1 – Tsigai sheep (Hungary) 6. KF677098.1 – Awassi sheep (Turkey, Şanlıurfa region) 7. MK174634.1 – Suffolk sheep (United Kingdom, Suffolk region) 8. JN573971.1 – Kefalonia sheep (Greece, Kefalonia region) 9. KF228778.1 – Lacaune sheep (France, Roquefort region) 10. OR137373.1 – Red Shumen sheep (Bulgaria, Shumen region) 11. LC456460.1 – Sudanese sheep (Sudan, North Africa) 12. AY091498.1 – Gissar sheep (Tajikistan, Central Asia) 13. MK174516.1 – Tibetan sheep (China, Tibet Autonomous Region) 14. KP228033.1 – Duomao sheep (China, Tibet) 15. AY829400.1 – Mongolian sheep (Mongolia) 16–25. (k1–r22) – Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep (Kazakhstan)*

The phylogenetic tree was constructed using the Neighbor-Joining (NJ) method implemented in the MEGA X software based on mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop nucleotide sequences. The reliability of the inferred tree topology was assessed using bootstrap analysis with 1,000 replicates. According to the tree topology, the domestic and wild sheep sequences were divided into four major clades, with distinct sub-clusters representing individual sheep breeds (Figure 3).

Figure 3

Phylogenetic tree illustrating the evolutionary relationships among 25 sheep sequences, including 10 newly generated Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep (KFT-CWS) sequences and 15 reference sequences retrieved from the NCBI GenBank database. The tree was constructed using the Neighbor-Joining method based on mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop sequences. Bootstrap values calculated from 1,000 replicates are shown at the corresponding nodes



The first clade consisted of wild argali (*Ovis ammon darwini* and *Ovis ammon collium*), which were placed distantly from the domestic sheep lineages. These taxa served as the outgroup, representing the ancestral lineage of domestic sheep. This positioning also helped determine the root of the tree, showing a relatively high genetic distance (0.025–0.030) from the other clades. The second clade included European, African, and Western Asian sheep breeds–such as Kefalonia, Lacaune, Ruda, Sudanese, Tsigai, Red Shumen, Komi, Awassi, and Suffolk sheep–which were grouped into a single major branch with 100% bootstrap support, indicating a shared ancestral origin and close genetic relatedness among these populations. The third clade comprised the Central Asian breeds–Tibetan (China), Gissar (Tajikistan), and Mongolian (Mongolia) sheep–forming a cluster with 100% bootstrap support. The Duomao sheep (China, Tibet) were closely associated with this clade, with 85% bootstrap support, although they showed noticeable genetic differentiation from the other sequences within the clade. The fourth clade represented the 10 newly generated Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep (KFT-CWS) sequences (K1–K10), which formed a distinct monophyletic cluster with strong bootstrap support of 98–100%.

This high bootstrap support indicates strong statistical support for the clustering of the KFT-CWS sequences. This clustering pattern strongly supports the breed's unique genetic diversity and confirms its status as an autochthonous (indigenous) sheep breed. Overall, the phylogenetic analysis demonstrated that the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep possess a distinct genetic differentiation while maintaining a close phylogenetic affinity with other Central Asian breeds such as Mongolian, Tibetan, and Gissar sheep. In contrast, they are genetically distant from European and African domestic sheep breeds, reflecting a long-term isolated evolutionary development within the Central Asian region.

Table 2

Results of the assessment of natural selection effects and demographic changes in sheep populations based on the mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region, evaluated using Tajima's Neutrality Test implemented in the MEGA X software

m	*S*	p_s	Θ	π	*D*
25	233	0.234406	0.062079	0.083974	1.408268

According to the results of Tajima's Neutrality Test, the calculated Tajima's D value was 1.408268, indicating a positive deviation from neutrality. This suggests the possible presence of balancing selection or population substructure (subdivision) within the studied population. Based on 25 sequences included in the comparative dataset of the mitochondrial D-loop region, a total of 233 polymorphic sites (S) were identified. Furthermore, the nucleotide diversity ($\pi = 0.083974$) was found to be higher than the theta ($\theta = 0.062079$) value, demonstrating a high level of genetic variation within the population (Table 2). These findings imply a deviation from the neutral mutation model, indicating that evolutionary forces such as selection or demographic expansion may have influenced the genetic structure of the studied sheep population.

Table 3

Maximum Likelihood matrix of nucleotide substitution probabilities calculated using the Tamura–Nei (1993) model in the MEGA 12 software

	A	T/U	C	G
A	-	*2.39*	*1.66*	12.55
T/U	*2.60*	-	19.00	*1.29*
C	*2.60*	27.24	-	*1.29*
G	25.35	*2.39*	*1.66*	-

Based on the Tamura–Nei (1993) evolutionary model, nucleotide substitution analysis of the mitochondrial D-loop region among the examined sheep breeds revealed an uneven distribution of transition and transversion probabilities. The highest substitution probabilities were observed between C→T/U (27.24) and G→A (25.35) transitions, demonstrating that purine–pyrimidine transitions occur much more frequently than transversions. The lowest substitution probabilities were recorded for G→C (1.66), T/U→G (1.29), and C→G (1.29) pairs. These results indicate that nucleotide substitutions contributing to sequence polymorphism occur at a higher rate, and the applied evolutionary model effectively accounts for such mutational biases (Table 3).

Table 4 presents the pairwise genetic distance matrix (Genetic Distance Matrix) among the studied sheep breeds, reflecting the degree of genetic similarity and divergence between populations. The analysis revealed varying levels of genetic differentiation among breeds, allowing an estimation of their evolutionary relationships. Comparatively, the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep (KFT-CWS) showed closer genetic similarity with certain Asian breeds, particularly Tibetan, Gissar, and Mongolian sheep. The genetic distance between KFT-CWS1 and Mongolian sheep was 0.1454, suggesting a shared ancestral origin. The Duomao sheep (China, Tibet) exhibited a very close relationship with Tibetan sheep (0.0008), indicating that they likely originated from a common selective lineage or population branch. The genetic distances between KFT-CWS and Duomao (0.0385), KFT-CWS and Gissar (0.0333), and KFT-CWS and Tibetan sheep (0.0321) were relatively small, supporting a close evolutionary relationship. Although the Duomao breed is genetically related to the Kazakh fat-tailed sheep, it remains slightly more distant compared to Gissar and Tibetan breeds. In contrast, European breeds such as Komi, Lacaune, and Suffolk showed considerably higher genetic distances, reflecting distinct evolutionary lineages and long-term isolation from Asian sheep populations.

Table 4

Pairwise genetic distance values among sheep breeds based on the mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region, calculated using the Pairwise Distances method in the MEGA X software.

	Ovis ammon collium	Ovis ammon darwini	Komi sheep	Ruda sheep	Tsigai sheep	Awassi sheep	Suffolk sheep	Kefalonia sheep	Lacaune sheep	Red Shumen sheep	Sudanese sheep	Gissar sheep	Tibetan sheep	Duomao sheep	Mongolian sheep	KFTCWS Kazakhstan
Ovis ammon collium	0															
Ovis ammon darwini	0,0520															
Komi sheep	0,0627	0,0719														
Ruda sheep	0,0638	0,0667	0,0083													
Tsigai sheep	0,0604	0,0632	0,0041	0,0069												
Awassi sheep	0,0576	0,0623	0,0027	0,0096	0,0059											
Suffolk sheep	0,0567	0,0595	0,0041	0,0087	0,0051	0,0042										
Kefalonia sheep	0,0567	0,0613	0,0027	0,0069	0,0033	0,0042	0,0033									
Lacaune sheep	0,0634	0,0730	0,0027	0,0088	0,0037	0,0037	0,0037	0,0000								
Red Shumen sheep	0,0576	0,0623	0,0055	0,0078	0,0042	0,0068	0,0059	0,0042	0,0049							
Sudanese sheep	0,0576	0,0604	0,0041	0,0078	0,0042	0,0068	0,0059	0,0042	0,0037	0,0051						
Gissar sheep	0,0558	0,0539	0,0474	0,0374	0,0356	0,0330	0,0303	0,0338	0,0445	0,0347	0,0329					
Tibetan sheep	0,0567	0,0530	0,0474	0,0374	0,0347	0,0321	0,0294	0,0330	0,0432	0,0338	0,0321	0,0008				
Duomao sheep	0,0553	0,0532	0,0448	0,0380	0,0348	0,0306	0,0286	0,0327	0,0447	0,0359	0,0317	0,0040	0,0040			
Mongolian sheep	0,0586	0,0567	0,0519	0,0402	0,0383	0,0356	0,0330	0,0365	0,0485	0,0374	0,0356	0,0025	0,0033	0,0070		
KFTCWS Kazakhstan	0,2469	0,2639	0,2218	0,2169	0,2169	0,2154	0,2169	0,2169	0,2904	0,2169	0,2169	0,2488	0,2488	0,1454	0,2472	0

Sheep Breeds Included in the Pairwise Genetic Distance Analysis: *Ovis ammon collium – Wild argali (Central Asia), Ovis ammon darwini – Wild argali (Central Asia), Komi sheep – Komi Republic, Northern Russia, Ruda sheep – Europe, Balkan region, Tsigai sheep – Hungary, Awassi sheep – Turkey, Şanlıurfa region, Suffolk sheep – United Kingdom, Suffolk region, Kefalonia sheep – Greece, Kefalonia island, Lacaune sheep – France, Roquefort region, Red Shumen sheep – Bulgaria, Shumen region, Sudanese sheep – Sudan, North Africa, Gissar sheep – Tajikistan, Central Asia, Tibetan sheep – China, Tibet Autonomous Region, Duomao sheep – China, Tibet, Mongolian sheep – Mongolia, Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep (KFT-CWS) – Kazakhstan*

Conclusion

Mitochondrial DNA (mtDNA) is one of the most informative molecular markers for phylogenetic studies in sheep, as it allows for an accurate assessment of genetic diversity within populations and the elucidation of their evolutionary origins. In this study, the control region (D-loop, 840 bp) of mtDNA from the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep was analyzed to investigate its genetic diversity and phylogenetic relationships. Sequencing analysis revealed the nucleotide composition of the D-loop region as 31.46% adenine (A), 36.19% thymine (T), 16.42% guanine (G), and 15.93% cytosine (C). Comparative alignment of the obtained sequences with reference sheep breeds available in the NCBI database identified several single nucleotide polymorphisms (SNPs) among tandem repeats. The phylogenetic tree constructed based on the D-loop sequences clearly demonstrated the genetic diversity, geographic distribution, and evolutionary relatedness among sheep breeds, grouping them into four major clades. The first clade included wild argali (Ovis ammon darwini and Ovis ammon collium), which served as the outgroup with a high genetic distance (0.025–0.030) from domestic breeds. The second clade comprised European sheep breeds (Kefalonia, Lacaune, Ruda, Sudanese, Tsigai, Red Shumen, Komi, Awassi, Suffolk), indicating a close genetic relationship and a shared ancestry. The third clade included Central Asian breeds such as Tibetan (China), Gissar (Tajikistan), and Mongolian sheep, grouped with 100% bootstrap support. The Duomao sheep (China, Tibet) showed an 85% genetic affinity to this clade, suggesting partial divergence. The fourth clade consisted exclusively of the 10 newly generated KFT-CWS sequences, which formed a distinct cluster, indicating their genetic differentiation from the reference sheep populations included in the analysis. This clustering pattern indicates a clear genetic differentiation of the analyzed Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep sequences from the other reference populations included in the dataset. Overall, the phylogenetic analysis demonstrated that the Kazakh fat-tailed coarse-wool sheep shares a close genetic relationship with Mongolian, Tibetan, and Gissar breeds, while remaining genetically distinct from European lineages. These findings highlight the independent evolutionary development of the Kazakh breed and its importance as a valuable genetic resource within Central Asia.

Author Contributions

Amzeyev R.E.: Conceptualization, Methodology, Investigation, Formal analysis, Writing – original draft; Dossybayev K.Zh.: Conceptualization, Methodology, Data curation, Formal analysis, Writing – original draft, Supervision; Kirikci K.: Methodology, Data curation; Yermekova M.Sh. – Investigation, Writing – review & editing; Nurkenov T.T.: Visualization.

References

Álvarez, I., Capote, J., Traoré, A., Fonseca, N., Pérez, K., Cuervo, M., Fernández, I., & Goyache, F. (2013). Mitochondrial analysis sheds light on the origin of hair sheep. Animal Genetics, 44(3), 344–347. https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2012.02398.x

Deniskova, T., Dotsev, A., Lushihina, E., Shakhin, A., Kunz, E., Medugorac, I., Reyer, H., Wimmers, K., Khayatzadeh, N., Sölkner, J., Sermyagin, A., Zhunushev, A., Brem, G., & Zinovieva, N. (2019). Population structure and genetic diversity of sheep breeds in Kyrgyzstan. Frontiers in Genetics, 10, 1311. https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01311

Erokhin, A. I., Kotarev, V. I., & Erokhin, S. A. (2014). Ovcevodstvo [Sheep breeding]. Voronezh State Agrarian University.

Hiendleder, S., Kaupe, B., Wassmuth, R., & Janke, A. (2002). Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 269, 893–904. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.1975

Hiendleder, S., Lewalski, H., Wassmuth, R., & Janke, A. (1998). The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (Ovis aries) and comparison with other major ovine haplotypes. Journal of Molecular Evolution, 47, 441–448. https://doi.org/10.1007/PL00006401

Kanapin, K. K. (2009). *Edilbaevskaya ovtsa* [Edilbay sheep]. Bastau.

Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024). Molecular evolutionary genetics analysis version 12 for adaptive and green computing. Molecular Biology and Evolution, 41, 1–9.

Marzanov, H. S., Nasibov, M. G., Zhiryakov, A. M., Klenovitskyi, P. M., Kaplinskaya, L. I., Marzanova, L. K., Ozerov, M. Y., & Marzanov, Y. S. (2004). Metodicheskie rekomendatsii po ispol'zovaniyu geneticheskikh markerov v razvedenii ovets [Methodological recommendations for the use of genetic markers in sheep breeding]. VGNII Zhivotnovodstva.

Meadows, J. R. S., Hiendleder, S., & Kijas, J. W. (2005). Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. Heredity, 94, 623–631. https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800658

Mukhametzharova, I. E. (2022). Materialy mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii "Seyfullinskie chteniya–18(2): Nauka XXI veka – epokha transformatsii" [Materials of the International Scientific and Practical Conference "Seifullin Readings–18(2): Science of the 21st Century – the Era of Transformation"]. Vol. 1, Part 2, pp. 156–158.

Osipov, Y. S. (Ed.). (2007). Bol'shaya Rossiyskaya entsiklopediya [Great Russian Encyclopedia] (Vol. 8). Bol'shaya Rossiyskaya Entsiklopediya.

Ozerov, M. Y. (2004). Kharakteristika allelofonda u razlichnykh porod ovets po mikrosatellitam [Characterization of the gene pool of different sheep breeds using microsatellites] [Candidate of Biological Sciences dissertation, All-Russian Research Institute of Animal Husbandry].

Ozerov, M. Y., Tapio, M., Marzanov, N. S., Nasibov, M. G., Shaidullin, I. N., & Kantanen, J. (2006). Mikrosatellitnyy analiz evolyutsionno-geneticheskikh svyazey u razlichnykh porod ovets [Microsatellite analysis of evolutionary-genetic relationships in different sheep breeds]. Doklady Rossiyskoy Akademii Sel'skokhozyaystvennykh Nauk, (2), 30–33.

Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J. J., Gutiérrez-Gil, B., San Primitivo, F., & Bayón, Y. (2005). Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 272(1577), 2211–2217.

Pozharskiy, A., Khamzina, A., Gritsenko, D., Khamzina, Z., Kassymbekova, S., Karimov, N., Karymsakov, T., & Tlevlesov, N. (2020). SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds. Livestock Science, 241, 104252. https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104252

Tajima, F. (1989). Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics, 123, 585–595. https://doi.org/10.1093/genetics/123.3.585

Wood, N. J., & Phua, S. H. (1996). Variation in the control region sequence of the sheep mitochondrial genome. Animal Genetics, 27(1), 25–33. https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1996.tb01173.x

Information about the authors:

Amzeev Rauan Esengeldievich – Lecturer, State-Owned Enterprise "Gymnasium No. 159 named after Y. Altynsarin" (Almaty, Kazakhstan, e-mail: rauanbiolog@gmail.com).

Yermekova Marina Shamshadinovna – Master of Natural Sciences, Junior Researcher, Laboratory of Molecular Genetic Expertise, Limited Liability Partnership "Kazakh Research Institute of Livestock and Fodder Production", PhD student (2nd year) at Al-Farabi Kazakh National University, (Almaty, Kazakhstan, e-mail: nurii_90@mail.ru).

Koray Kırıkçı – Doctor of Agricultural Sciences, Associate Professor, Kırşehir Ahi Evran University, Faculty of Agriculture, Department of Animal Science, Animal Breeding and Improvement (Kırşehir, Türkiye, e-mail: koray.kirikci@ahievran.edu.tr).

Dossybayev Kairat Zhumagaliyevich – PhD, Senior Researcher, Head of the Laboratory of Molecular Genetic Expertise, Limited Liability Partnership "Kazakh Research Institute of Livestock and Fodder Production", Senior Lecturer at Al-Farabi Kazakh National University, (Almaty, Kazakhstan, e-mail: kairat1987_11@mail.ru).

Nurkenov Tulendy Tuleshevich – PhD, Senior Lecturer, Abai Kazakh National Pedagogical University, (Almaty, Kazakhstan, e-mail: t.nurkenov@abaiuniversity.edu.kz).

Авторлар туралы мәлімет:

Амзеев Рауан Есенгелдиевич – оқытушы, ШЖҚ "Ы.Алтынсарин атындағы №159 гимназия, (Алматы, Қазақстан, e-mail: rauanbiolog@gmail.com).

Ермекова Марина Шамшадиновна – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Молекулярлық-генетикалық сараптама зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің 2-курс докторанты (Алматы, Қазақстан, e-mail: nurii_90@mail.ru).

Корай Қырыкчи – ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, доцент, Қыршехир Ахи Евран университеті, Ауыл шаруашылығы факультеті, Зоотехния кафедрасы, Жануарларды өсіру және селекциялау бағыты (Қыршехир, Түркия, e-mail: koray.kirikci@ahievran.edu.tr).

Досыбаев Қайрат Жумагалиевич – PhD аға ғылыми қызметкер, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Молекулярлық-генетикалық сараптама зертханасының меңгерушісі, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің аға оқытушысы, (Алматы, Қазақстан, e-mail: kairat1987_11@mail.ru).

Нуркенов Туленды Тулешевич – PhD, аға оқытушы, Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті (Алматы, Қазақстан, e-mail: t.nurkenov@abaiuniversity.edu.kz).

Сведения об авторах:

Амзеев Рауан Есенгелдиевич – преподаватель, ГКП «Гимназия № 159 имени Ы. Алтынсарина» (Алматы, Казахстан, e-mail: rauanbiolog@gmail.com).

Ермекова Марина Шамшадиновна – магистр естественных наук, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетической экспертизы ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», докторант 2 курса Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: nurii_90@mail.ru.)

Корай Қырыкчи – доктор сельскохозяйственных наук, доцент, Университет Кыршехир Ахи Евран, факультет сельского хозяйства, кафедра зоотехнии, направление «Разведение и селекция животных» (Кыршехир, Турция, e-mail: koray.kirikci@ahievran.edu.tr).

Досыбаев Қайрат Жумагалиевич – PhD, старший научный сотрудник, заведующий лабораторией молекулярно-генетической экспертизы ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», старший преподаватель Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: kairat1987_11@mail.ru).

Нуркенов Туленды Тулешевич – PhD, старший преподаватель Казахского национального педагогического университета имени Абая (Алматы, Казахстан, e-mail: t.nurkenov@abaiuniversity.edu.kz).

Received January 16, 2025
Re-uploaded August 30, 2026
Accepted September 15, 2026

4-бөлім

БИОТЕХНОЛОГИЯ

Section 4

BIOTECHNOLOGY

Раздел 4

БИОТЕХНОЛОГИЯ

IRSTI 34.31.11, 34.33.19 https://doi.org/10.26577/bb108320269

A.A. Dauletova[1], K. Bolatkhan[1], A.A. Kakimova[1], G.A. Akhmetova[1], A. Askar[1], D. Ozcimen[2], B.K. Zayadan[1*]

[1]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
[2] Yıldız Technical University, İstanbul, Turkey
*e-mail: zbolatkhan@gmail.com

STUDY OF PHOTOTROPHIC MICROORGANISMS FROM OIL REFINERY WASTEWATER AND THEIR BIOREMEDIATION POTENTIAL

Wastewater from petroleum refining enterprises is characterized by a high content of toxic hydrocarbons that exert significant adverse effects on aquatic ecosystems.

The present study aimed to isolate and identify promising strains of microalgae and cyanobacteria from wastewater collected at the Atyrau Oil Refinery (five sampling sites) and technogenically contaminated areas of Caspi Bitum LLP (Aktau, samples M-13 and M-4) for their subsequent application in bioremediation processes.

A total of 25 cultures of phototrophic microorganisms were isolated from industrial samples. Based on their high growth rates and resistance to petroleum hydrocarbons, 10 of the most promising isolates were selected for further investigation. These included cyanobacteria (*Anabaena* sp., *Nostoc* sp., *Phormidium* sp., *Oscillatoria* sp., *Synechococcus* sp.), green microalgae (*Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp., *Desmodesmus* sp., *Pediastrum* sp.), and diatoms *(Navicula* sp.).

During the preliminary screening, the optical density (OD) of the cultures increased from 0.15 to 0.95–1.85 within 14 days of cultivation. Experimental results showed that petroleum hydrocarbon removal efficiency varied from 31% to 88% after 10 days, depending on the wastewater concentration (25%, 50%, and 75%). The highest biodegradation efficiency was achieved at a wastewater concentration of 25%. Among the microalgae, *Chlorella* sp. and *Tetradesmus* sp. demonstrated the greatest potential, reducing petroleum hydrocarbon content by 88% and 84%, respectively. Among the cyanobacteria, *Nostoc* sp. exhibited the highest hydrocarbon degradation capacity, achieving a removal efficiency of 85%. High degradation efficiencies were also observed for *Anabaena* sp. and *Phormidium* sp., which removed 75% and 71% of petroleum hydrocarbons, respectively.

The obtained results indicate the high biotechnological potential of the isolated indigenous microalgal and cyanobacterial cultures for application in biological treatment systems for oil-contaminated industrial wastewater.

Keywords: bioremediation, oil-containing wastewater, microalgae, cyanobacteria, petroleum hydrocarbons, biodegradation.

А.А. Даулетова[1], К. Болатхан[1], А.А. Какимова[1], Г.А. Ахметова[1], А. Асқар[1], D. Ozcimen[2], Б.К. Заядан[1*]

[1]Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
[2] Йылдыз техникалық университеті, Ыстамбұл, Түркия
*e-mail: zbolatkhan@gmail.com

Мұнай өңдеу зауыттарының ағынды суларының фототрофты микроорганизмдері және олардың биоремедиациялық әлеуетін зерттеу

Мұнай өңдеу кәсіпорындарының ағынды сулары су экожүйелеріне айтарлықтай теріс әсер ететін улы көмірсутектердің жоғары мөлшерімен сипатталады.

Зерттеу Атырау мұнай өңдеу зауытының ағынды суларынан (5 сынама алу нүктесі) және «Caspi Bitum» ЖШС-нің техногендік ластанған аумақтарынан (Ақтау қ., М-13 және М-4 сынамалары) микробалдырлар мен цианобактериялардың перспективалы штамдарын бөліп алу және сәйкестендіру, сондай-ақ оларды биоремедиация үдерістерінде қолдану мақсатында жүргізілді.

Өндірістік үлгілерден фототрофты микроорганизмдердің 25 культурасы бөлініп алынды. Өсу жылдамдығының жоғары көрсеткіштері мен мұнай көмірсутектерінің әсеріне төзімділігі негізінде әрі қарай зерттеу үшін ең перспективалы 10 изолят таңдап алынды. Олардың қатарында

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

цианобактериялар (*Anabaena* sp., *Nostoc* sp., *Phormidium* sp., *Oscillatoria* sp., *Synechococcus* sp.), жасыл микробалдырлар (*Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp., *Desmodesmus* sp., *Pediastrum* sp.) және диатомды балдырлар (*Navicula* sp.) анықталды.

Алдын ала скрининг барысында дақылдардың оптикалық тығыздығы (OD) 14 тәулік ішінде 0,15-тен 0,95–1,85-ке дейін артты. Эксперимент нәтижелері бойынша мұнай көмірсутектерін жою тиімділігі ағынды су концентрациясына (25%, 50% және 75%) байланысты 10 тәуліктің соңында 31%-дан 88%-ға дейін өзгерді. Биодеградацияның ең жоғары тиімділігі ағынды судың 25% концентрациясында байқалды. Микробалдырлар арасында ең жоғары потенциалды *Chlorella* sp. және *Tetradesmus* sp. көрсетті, олар мұнай өнімдерінің мөлшерін тиісінше 88% және 84%-ға төмендетті. Цианобактериялар арасында мұнай көмірсутектерін ыдыратудың ең жоғары қабілеті *Nostoc* sp. штаммында анықталды, оның тазарту тиімділігі 85%-ды құрады. Сондай-ақ *Anabaena* sp. және *Phormidium* sp. штаммдары жоғары нәтижелер көрсетіп, мұнай көмірсутектерінің тиісінше 75% және 71%-ын жойды.

Алынған нәтижелер мұнаймен ластанған өндірістік ағынды суларды биологиялық тазарту жүйелерінде қолдану үшін бөлініп алынған жергілікті микробалдырлар мен цианобактериялардың жоғары биотехнологиялық әлеуетін көрсетеді.

Түйін сөздер: биоремедиация, мұнай құрамды ағынды сулар, микробалдырлар, цианобактериялар, мұнай көмірсутектері, биодеградация.

А.А. Даулетова[1], К. Болатхан[1], А.А. Какимова[1],
Г.А. Ахметова[1], А. Асқар[1], D. Ozcimen[2], Б.К. Заядан[1*]

[1]Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[2]Технический университет Йылдыз, Стамбул, Турция
*e-mail: zbolatkhan@gmail.com

Изучение фототрофных микроорганизмов из сточных вод нефтеперерабатывающих заводов и их потенциала в биоремедиации

Сточные воды нефтеперерабатывающих предприятий характеризуются высоким содержанием токсичных углеводородов, оказывающих выраженное негативное воздействие на водные экосистемы.

Исследование было направлено на выделение и идентификацию перспективных штаммов микроводорослей и цианобактерий из сточных вод Атырауского нефтеперерабатывающего завода (5 точек отбора) и техногенно загрязнённых участков ТОО «Caspi Bitum» (г. Актау, пробы М-13 и М-4) для их последующего применения в процессах биоремедиации.

Из промышленных образцов было выделено 25 культур фототрофных микроорганизмов. На основании высоких показателей скорости роста и устойчивости к воздействию нефтяных углеводородов для дальнейшего исследования были отобраны 10 наиболее перспективных изолятов. Среди них идентифицированы цианобактерии (*Anabaena* sp., *Nostoc* sp., *Phormidium* sp., *Oscillatoria* sp., *Synechococcus* sp.), зелёные микроводоросли (*Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp., *Desmodesmus* sp., *Pediastrum* sp.) и диатомовые водоросли (*Navicula* sp.).

В процессе предварительного скрининга оптическая плотность (OD) культур увеличилась с 0,15 до 0,95–1,85 в течение 14 суток культивирования. По результатам экспериментов эффективность удаления нефтяных углеводородов исследуемыми культурами к 10-м суткам варьировалась от 31% до 88% в зависимости от концентрации сточных вод (25%, 50% и 75%). Наибольшая эффективность биодеградации была достигнута при концентрации сточных вод 25%. Среди микроводорослей наиболее высокий потенциал продемонстрировали *Chlorella* sp. и *Tetradesmus* sp., обеспечившие снижение содержания нефтепродуктов на 88% и 84% соответственно. Среди цианобактерий наиболее высокой способностью к деградации нефтяных углеводородов характеризовался штамм *Nostoc* sp. с эффективностью очистки 85%. Высокие показатели также были отмечены для *Anabaena* sp. и *Phormidium* sp., обеспечивших удаление 75% и 71% нефтяных углеводородов соответственно.

Полученные результаты свидетельствуют о высоком биотехнологическом потенциале выделенных аборигенных культур микроводорослей и цианобактерий для применения в системах биологической очистки нефтезагрязнённых промышленных сточных вод.

Ключевые слова: биоремедиация, нефтесодержащие сточные воды, микроводоросли, цианобактерии, нефтяные углеводороды, биодеградация.

Introduction

The petroleum refining industry is a major contributor to the world economy, providing fuels, lubricants and the building blocks for the synthesis of petrochemicals. However, this industry is also one of the major sources of anthropogenic environmental pollution. Oil refinery wastewater contains a variety of noxious substances such as sulfur-containing compounds, dissolved solids, high hydrocarbon content, heavy metals and other pollutants which are detrimental to the aquatic ecosystem and human health (Kondaveeti et al., 2023).

Kazakhstan experiences substantial obstacles in managing industrial sewage as a primary oil producer and refiner in Central Asia. Large regional industries like Atyrau Oil Refinery and LLP "Caspi Bitum" in Aktau generate large amounts of extremely polluted wastewater that must be purified before flowing into the environment. The conventional physicochemical treatment methods are widely applied, including flotation, coagulation, adsorption and oxidation, but they have drawbacks such as high energy consumption, high operational costs, secondary pollution and incomplete destruction of complex organics (Bekzhigitov & Zhonova, 2022). Among the modern methods of bioremediation, the use of microalgae and cyanobacteria is remarkable. These microorganisms possess distinctive biochemical traits, notably the capacity to degrade organic xenobiotics and convert into valuable biomass. This biomass then can be served as a feedstock for third-generation biofuels, biofertilizers and feed additives, which lead to integration of wastewater treatment into a circular bioeconomy (Touliabah et al., 2022).

The efficacy of phototrophic bioremediation hinges on the deployment of robust, indigenous microalgae and cyanobacteria strains naturally adapted to site-specific conditions, which frequently outperform strains subjected to induced mutagenesis. At the same time, the native microflora of the arid technogenically stressed ecosystems of western Kazakhstan is poorly studied. The enzymatic capabilities, hydrocarbon tolerance and morphological adaptations of the autochthonous microalgae and cyanobacteria of these areas have been little explored, and comparative studies relating the structural changes of phototrophic bacteria with their functional resistance in the treatment of wastewater are lacking (Kazim et al., 2024; Radelyuk et al., 2019). Filling in these gaps in knowledge is essential to move forward the development of bioremediation technologies adapted to local conditions.

The present work is devoted to the study of phototrophic microbial communities in petroleum-contaminated environments of western Kazakhstan with the purpose of isolating and testing native microalgae and cyanobacteria for wastewater bioremediation. This study aimed to isolate promising microalgae and cyanobacterial cultures from petroleum-contaminated wastewater collected from the Atyrau Oil Refinery (five sampling sites) and technogenically polluted areas of LLP "Caspi Bitum" (Aktau, samples M-13 and M-4). These naturally adapted microalgal and cyanobacterial cultures present significant potential for the engineering of climate-resilient bioremediation systems. Furthermore, the resulting biomass can be valorized into biofuels, aligning industrial wastewater treatment with circular economy principles. The newly isolated axenic cultures were further investigated for their hydrocarbon tolerance and ability to rapidly accumulate biomass under contaminated conditions.

The use of phototrophic microorganisms for the bioremediation of oil-contaminated environments has been a major research area worldwide over the past few decades. Early foundational work by Oswald and Gotaas (1957) demonstrated that phototrophic microorganisms could absorb excess nutrients and stabilize organic loads in conventional sewage, thereby establishing the physiological principles of phycoremediation. Many studies further demonstrated the high potential of microalgae (*Chlorella, Scenedesmus* and *Chlamydomonas*) and cyanobacteria (*Anabaena, Nostoc, Oscillatoria* and *Phormidium*) represent an environmentally sustainable and economically viable approach for the remediation of oil contaminated wastewater (Hamouda et al., 2023; Madhubalaji et al., 2024; Radice et al., 2023; Romero-Lopez et al., 2012) and are currently being used in China, Japan and India (Abdel-Raouf et al., 2012; Pancha et al., 2019).

The microalgal phytoremediation is a sustainable process and reduces the cost of cultivation and produces valuable biofuels and bioproducts (Wang et al., 2024). *Ourococcus*, *Chlamydomonas*, *Scenedesmus*, and *Chlorella* have been reported to be effective in pollutant removal and lipid-rich biomass generation, further capable of producing biodiesel (Kadri et al., 2024). Specifically, *Chlorella vulgaris* serves as a platform for the removal of chemical contaminants from palm oil mill effluents, alongside extensive nitrogen and phosphorus assimilation from municipal wastewater (Khoufi et al., 2015). Photobioreactor systems using robust algal strains are capable of removing 85–90 % of chemical oxygen demand, total pe-

troleum hydrocarbons and hazardous volatile organic compounds from oily waste streams (Abdur Razzak et al., 2024). The polishing mechanism is equally effective in complex multi-stage configurations, where integrating a *Scenedesmus* sp. culture with anaerobic co-digestion and ultrafiltration systems yields highly purified water and extractable industrial biomass (Karray et al., 2022). Although modern phototrophic treatment systems remove 70–90 % of target hydrocarbons, scaling from laboratory to industrial operation is still challenged by the high cost of biomass harvesting and the practical difficulties of mechanical separation.

The current research trends in phycoremediation are mainly focused on the search for efficient phototropic microorganisms and the success of this approach substantially depends on the accurate determination of the physiological and morphological characteristics of cultures under stress conditions (Romero-López et al., 2012). Additionally, cyanobacteria directly isolated from refinery wastewater are able to perform hydrocarbon compounds degradation to survive in harsh environments (Akoijam et al., 2015; Haberle et al., 2020). They can also form consortia that are suspected to be effective against complex pollutants. Microalgal–cyanobacterial consortia are more efficient in degrading petroleum hydrocarbons than monocultures (Hamouda et al., 2023). This has been possible due to several synergistic mechanisms, including photosynthetic oxygenation, co-metabolism, biosurfactant-mediated hydrocarbon emulsification, and mutualistic nutrient exchange. Therefore, stable artificial consortia are considered promising, so screening for hydrocarbon-tolerant cultures requires detailed taxonomic and structural validation at multiple levels.

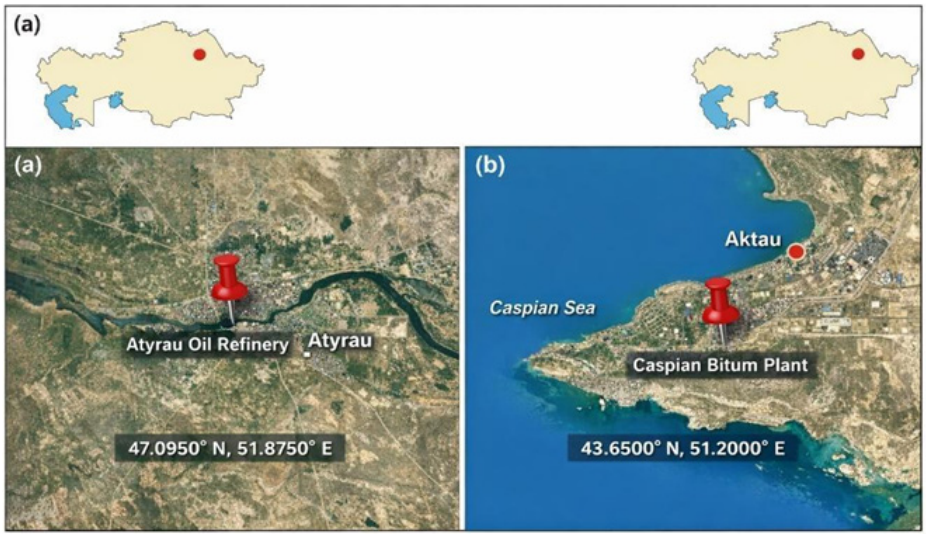
In Kazakhstan, significant advancements have been achieved by local investigators who have determined the ecotoxicological risks of heavy oil fractions on regional water bodies and analyzed multi-stage purification matrices to mitigate industrial hazards (Yernazarova et al., 2021). Microalgae and cyanobacteria in these areas have endured long-term natural selection, yet their enzymatic plasticity and adaptation remain underexplored. Furthermore, there is a lack of comparative data on the link between morphological changes in phototrophic microorganisms and their resistance in petroleum-contaminated wastewater treatment. The study focused on isolating and characterising novel axenic cultures of microalgae and cyanobacteria from petroleum-contaminated wastewater at the Atyrau Oil Refinery and LLP ‘’Caspi Bitum’’ aiming to evaluate their bioremediation potential.

Materials and methods

2.1 Sampling collection

The subjects of the study were newly isolated axenic cultures of microalgae and cyanobacteria obtained from the oil-polluted wastewater of two oil refineries in western Kazakhstan (fig.1):

Figure 1
Location of the research sites in Kazakhstan



(a) Atyrau Oil Refinery (47.0950° N, 51.8750° E, Atyrau); (b) LLP «Caspian Bitum» (43.6500° N, 51.2000° E, Aktau)

Atyrau Oil Refinery (AOR) (47.0950° N, 51.8750° E, Atyrau): Samples were collected from 5 units accumulating effluents from primary crude oil distillation (ELOU-AT, ELOU-AVT) and atmospheric-vacuum furnaces.

LLP «Caspi Bitum» (43.6500° N, 51.2000° E, Aktau): Material was obtained from technological points M-13 and M-4 within the heavy hydrocarbon contamination area.

Sampling was conducted in the autumn period. The water temperature at the monitoring points ranged from 20 to 25°C and was recorded using an immersion thermometer with a measurement accuracy of ±0.5°C. The pH was determined directly *in situ* using a digital pH meter (HM Digital PH-80, USA) pre-calibrated with standard buffer solutions (pH 4.01, 7.00, and 10.01). Transportation to the laboratory was carried out in thermally insulated containers with cooling packs (18 ± 1°C) for 6 hours.

2.2 Enrichment and isolation of microalgae and cyanobacteria

The initial microbiological processing of the samples began no later than 6 hours after collection, which allowed for the preservation of the native structure of the microbiocenosis and the viability of phototrophic microorganisms (Baird et al., 2017). To obtain accumulation cultures, 0.5 mL samples of wastewater were inoculated into sterile Erlenmeyer flasks (250 and 500 mL volumes) containing 100 mL of liquid BG-11 nutrient medium. To ensure optimal gas exchange and aeration, the medium-to-flask volume ratio was kept at 1:5 and 1:10.

Agarized media blocks were used to isolate axenic cultures via the streak-plate method. Individual colonies were identified and selected based on distinctive morphological diagnostic criteria such as colouration, geometry, and colony consistency. Pure cultures were maintained in a range of selective and universal media: BG-11, Tamiya, Gromova, BBM, F/2, and Zarrouk (Zayadan et al., 2013). Culture purity and axenicity were strictly verified by subculturing isolates onto meat-peptone agar (MPA). The total absence of heterotrophic bacterial or fungal growth following incubation at 30°C for 48–72 hours served as the verification metric for culture purity, supplemented by regular phase-contrast microscopic monitoring to confirm structural homogeneity.

2.3 Characteristics of Isolated Microorganisms

The experimental objects comprised 10 novel isolated cultures of cyanobacteria and microalgae. The cyanobacteria group was represented by the genera *Anabaena* sp., *Nostoc* sp., *Phormidium* sp., *Oscillatoria* sp., and *Synechococcus* sp. The green microalgae group (*Chlorophyta*) included *Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp., *Desmodesmus* sp., and *Pediastrum* sp. Additionally, the isolates included diatoms represented by the genus *Navicula* sp.

2.4 Cultivation and growth monitoring

Cultivation was carried out in a KS-200 SPU luminescent chamber (Russia) at a temperature of 25±1°C, with a light intensity of 55 µmol photons·m^{-2}·s^{-1} and a photoperiod of 12 h light:12 h dark (Zayadan et al., 2013). Primary growth was recorded after 7–10 days. Growth dynamics were assessed every 48 hours using UV-VIS-15 spectrophotometer. To ensure accurate biomass assessment and minimize interference from photosynthetic pigments, the optical density (OD) of green microalgae, diatoms, and cyanobacteria was measured at 750 nm.

2.5 Bioremediation experiments

Bioremediation experiments were conducted in triplicate using 250 mL Erlenmeyer flasks containing 100 mL of sterilized wastewater at different dilution levels (25%, 50%, 75%, and undiluted oil-contaminated wastewater). The operational volume was limited to 100 mL to ensure an adequate head space and optimal gas exchange. Each flask was inoculated with 10 mL of actively growing and pre-adapted microalgal or cyanobacterial culture prepared according to the procedure described in Section 2.4.

All experiments were performed in a controlled climate chamber under identical environmental conditions for 10 days. The cultures were maintained at a constant temperature of 25°C and a 16:8 h light:dark photoperiod, under a light intensity ranging from 40 to 55 µmol photons·m^{-2}·s^{-1} with continuous agitation on an orbital shaker at 120 rpm. The bioremediation efficiency was evaluated by determining the degradation of petroleum hydrocarbons at the end of the cultivation period.

Following 14 days of incubation, to account for both bio-absorbed and dissolved fractions, residual petroleum hydrocarbons were extracted directly from the whole culture broth (including biomass). Hexane was used as the organic solvent at a solvent-to-sample volumetric ratio of 1:5 (22 mL of hexane per 110 mL of the total mixture). The mixture was vigorously shaken for 15 min to ensure efficient extraction of hydrocarbon compounds. Subsequently,

the phases were separated by centrifugation at 4,000 rpm for 15 min. The concentration of residual petroleum hydrocarbons in the resulting organic phase (hexane supernatant) was determined spectrophotometrically at a wavelength of 254 nm according to the method described by Lurie (1984).

The hydrocarbon degradation efficiency (HDE, %) was calculated using the following equation:

$$HDE\ (\%) = C_0 - C_{10}/C_0 x100$$

Where C_0 is the initial concentration of petroleum hydrocarbons in the wastewater (mg\ L^{-1}), and C_{10} is the residual concentration of petroleum hydrocarbons after 10 days of bioremediation (mg\ L^{-1}).

2.6 Statistical Analysis

All tests were carried out in triplicate, and the results were reported with standard error of the mean (SEM). Data analysis and charting were performed using Microsoft Excel (MS 2016), and one-way analysis of variance (ANOVA) followed by Duncan's multiple range test at a significance level of $p \leq 0,05$ using SPSS software (version 16.0) (Minitab LLC, 2019).

Results and discussion

3.1 Screening, Isolation, and Taxonomic Diversity of Phototrophic Isolates

Comprehensive screening of petroleum-contaminated wastewater samples collected from industrial facilities in Western Kazakhstan enabled the isolation and purification of 25 axenic cultures of phototrophic microorganisms. Of the total isolates, 16 pure cultures were obtained from five technological units of the Atyrau Oil Refinery (AOR), while the remaining 9 cultures were isolated from sites heavily contaminated with petroleum products (samples M-13 and M-4) at LLP "Caspi Bitum" in Aktau city. Taxonomic analysis of the isolated microorganisms revealed (fig 2) the predominance of microalgae and cyanobacteria in the investigated petroleum-contaminated wastewater samples (table 1).

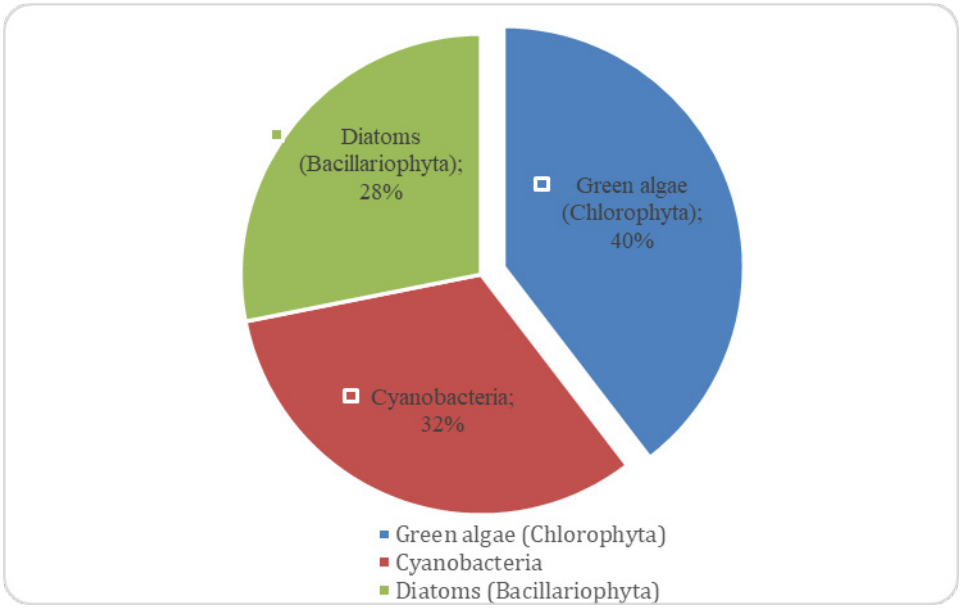
Table 1

Sampling sites and composition of isolated microalgae and cyanobacterial cultures from oil-contaminated wastewater in Western Kazakhstan

№	Sampling Site	Coordinates	Sampling Month	Sample Type	Isolated Cultures
1	Atyrau Oil Refinery (AOR), Atyrau Region	47.0950° N, 51.8750° E	October	Oil-contaminated wastewater	Cyanobacteria: *Anabaena* sp., *Nostoc* sp., *Oscillatoria* sp.; Green microalgae: *Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp.; Diatoms: *Navicula* sp
2	LLP «Caspian Bitum» Mangystau Region (Aktau)	43.6500° N, 51.2000° E	October	Oil-contaminated wastewater	Cyanobacteria: *Phormidium* sp., *Oscillatoria* sp., *Synechococcus* sp.; Green microalgae: *Desmodesmus* sp., *Pediastrum* sp., Diatoms: *Navicula* sp

Green microalgae (*Chlorophyta*), namely *Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp., *Desmodesmus* sp., and *Pediastrum* sp., made up 40% of the isolated cultures. Cyanobacteria accounted for 32% of isolates and were mainly represented by filamentous forms such as *Phormidium* sp., *Oscillatoria* sp., *Anabaena* sp., *Nostoc* sp., and unicellular *Synechococcus* sp., which were mainly found in samples from LLP "Caspi Bitum." Diatoms (*Bacillariophyta*) accounted for 28% of isolates and were mainly represented by *Navicula* sp. The results show that the species are highly tolerant to hydrocarbon pollution. The numerical dominance of filamentous cyanobacteria in wastewater containing bitumen is probably associated with the presence of a strong cell wall in these microorganisms and their ability to produce extracellular polymeric substances (EPS), which reduce the toxicity of petroleum products. In addition, the detection of *Chlorella* sp. The technological units of the Atyrau Oil Refinery demonstrate that these microalgae are adaptable and possess efficient enzymatic systems under the influence of petroleum hydrocarbons.

Figure 2
Taxonomic structure and percentage distribution of phototrophic microorganism groups isolated from oil-contaminated wastewater of AOR and LLP "Caspi Bitum"



3.2 Validation of the Axenic Nature of Isolated Cultures and Morphological Features

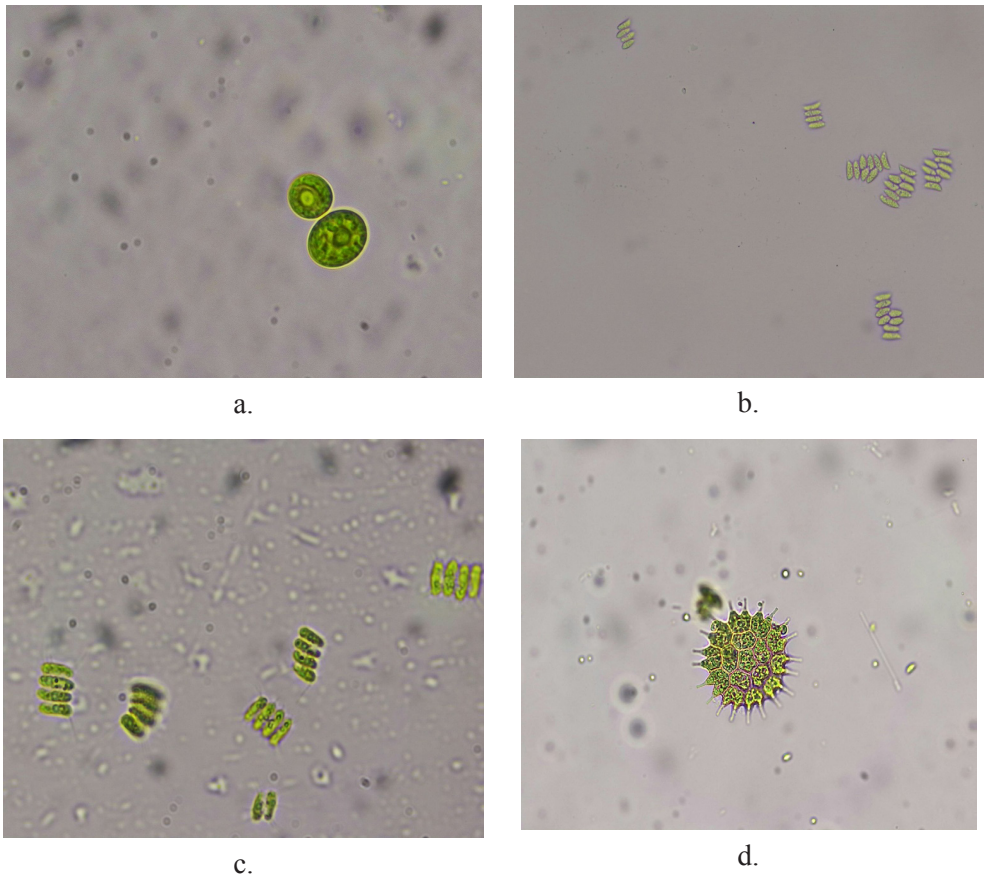
The purity of microalgae and cyanobacteria cultures was tested for all ten isolates by the meat-peptone agar (MPA) plating method. After incubation at 30°C for 48–72 h, no growth of foreign bacterial and fungal microflora was detected, confirming the axenicity of cultures. However, conventional plate tests have their limitations and more rigorous cultivation-independent methods are required for definitive verification of axenicity. Microscopic examination confirmed the uniformity of cells within the studied monocultures (Prescott, 1973).

Microalgal and cyanobacterial cultures were identified morphologically by means of an optical light microscope (MicroOptix MX 300T, Austria) with a digital camera for visualization. Morphological analysis is a conventional first step in the identification of microalgae and focuses on size, shape and cellular structures. These observations contributed to the description of cytological features of the isolates and showed adaptive changes due to prolonged exposure to petroleum hydrocarbons. Microalgae have shown tolerance to oil contamination through physiological acclimatization, where exposure to petroleum derivatives can induce cell wall thickening and accumulation of protective compounds, thereby forming a barrier against the oil toxicity. Moreover, stress conditions have been linked to changes in cell shape and organelle structure during acclimation, as well as the dynamic accumulation of lipid bodies as a stress response.

In the isolates obtained from the wastewater of an oil refinery, *Chlorella* sp. cells preserved their spherical or broadly ellipsoidal morphology, with the average cell diameter increasing by 15 to 20% (from 4,5 to 7,0 μm). It was observed in fig 3.a that cell walls were thickened and lipid inclusions formed in the cytoplasm, which perform a protective function in relation to petroleum products. The chloroplasts maintained a uniform bright green colour during the process (Guiry & Guiry, 2026).

As seen in fig 3.b and 3.c, the cells had a typical spindle-shaped or slightly curved form with pointed ends and formed coenobia of 4–8 cells being a distinct feature of *Tetradesmus* sp. and *Desmodesmus* sp. microalgae. Under oil stress conditions, there was an intense accumulation of lipid inclusions; however, the overall structure of the colonies wasn't show any visible deformations. Under the influence of petroleum hydrocarbons, there is no visible colony deformations observed in the fig 3.d; however, a moderate increase in cell size and the accumulation of lipid inclusions in the cytoplasm were noted, which indicates the culture's adaptation to stressful environmental conditions (Jacinto et al., 2023) *Pediastrum* sp. cultures formed characteristic flat star-shaped coenobia with a dense arrangement of cells.

Figure 3
Microphotography of axenic culture of green microalgae



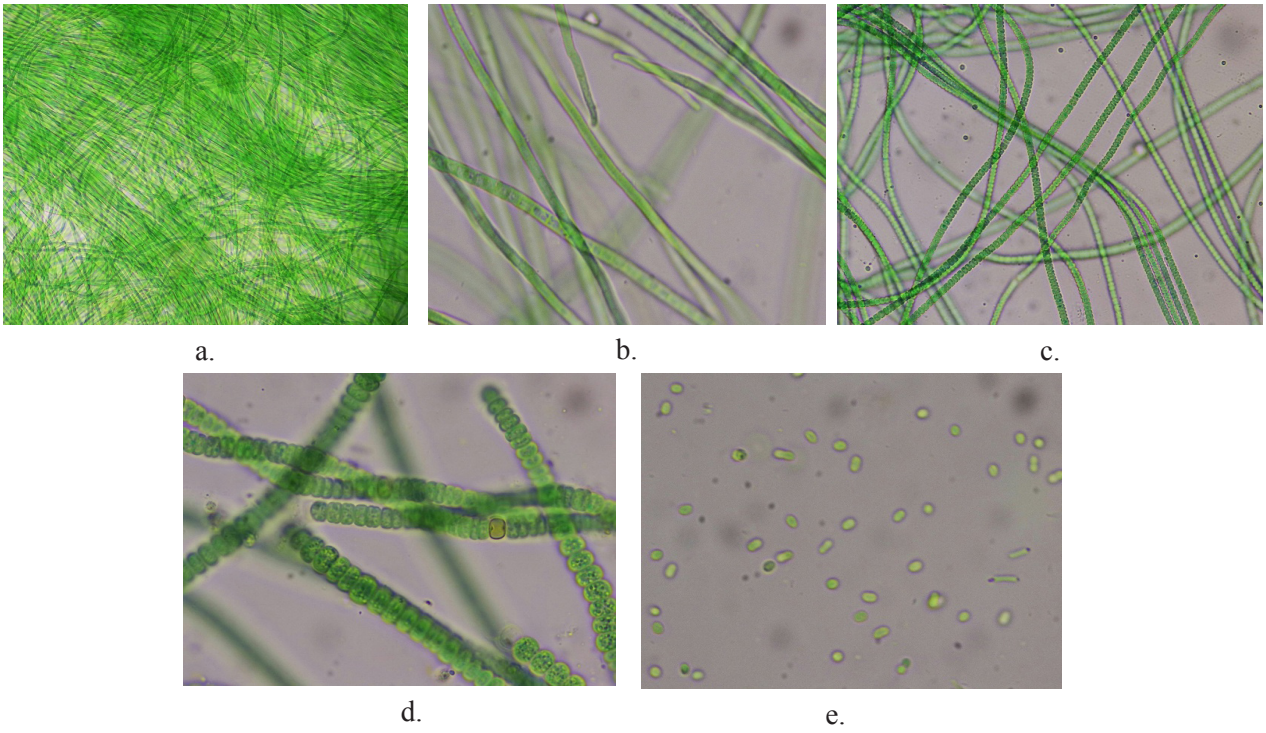
A – Chlorella sp.; B – Tetradesmus sp; C – Desmodesmus sp.; D – Pediastrum sp.; under x100 magnification

Phormidium sp. and *Oscillatoria* sp. have filamentous forms consisting of cylindrical cells united into long unbranched trichomes with a diameter of 3,5–6,0 µm. Isolates from Caspi Bitum LLP exhibited active formation of mucous sheaths due to the secretion of exopolysaccharides (Zutshi & Fatma, 2015) . The fig 4.c showed that the *Anabaena* sp has filamentous forms (trichomes) consisting of chains of rounded and barrel-shaped vegetative cells. The filaments' structure consist of well-defined heterocyst – specialized cells responsible for atmospheric nitrogen fixation. The ability to fix nitrogen provides high competitiveness and stable growth in the wastewater of oil refineries, which are often characterized by an imbalance and deficiency of available biogenic elements (Zutshi & Fatma, 2015).

The *Nostoc* sp. culture is characterized macroscopically and microscopically by the formation of chain structures of rounded cells, among which intercalary heterocyst are regularly localized. Under hydrocarbon stress conditions, a key feature observed in this isolates is the formation of an abundant extracellular mucus sheath. The dense exopolysaccharide coat acts as a protective biobarrier: it is effectively localised. and binds oil components at the periphery, preventing their direct toxic impact on cell membranes. It is the presence of a developed mucous matrix that determines the high tolerance of the culture and its ability to selectively degrade complex, high-molecular-weight hydrocarbon fractions (Rippka et al., 1979).

The *Synechococcus* sp. cells had a rod-shaped or oval form measuring 2.0–4.5 µm. Under the influence of heavy bitumen fractions, a slight increase in size and local bending of the cells was observed; however, the ability to actively divide was maintained.

Figure 4
Microphotography of axenic culture of cyanobacteria



A –Phormidium sp; B – Oscillatoria sp.; C – Anabaena sp; D – Nostoc sp.; E – Synechococcus sp; under x100 magnification

The cells in fig 4.f were solitary, with a typical symmetrical boat-shaped form. The well-defined siliceous shell in *Navicula* sp served a protective function, limiting the impact of toxic oil components. The internal structure of the cells and the distribution of pigments remained unchanged (Round et al., 1990).

Figure 5
Microphotography of axenic culture of diatom



Note: Navicula sp under x100 magnification

The isolated cultures ability to change their properties and appearance demonstrates their exceptional adaptation to harsh living conditions. These phototrophic microorganisms are a promising raw material for biotechnology due to their high resilience. They can be effectively used for the synthesis of beneficial substances, the production of biofuels and the treatment of oil-contaminated wastewater.

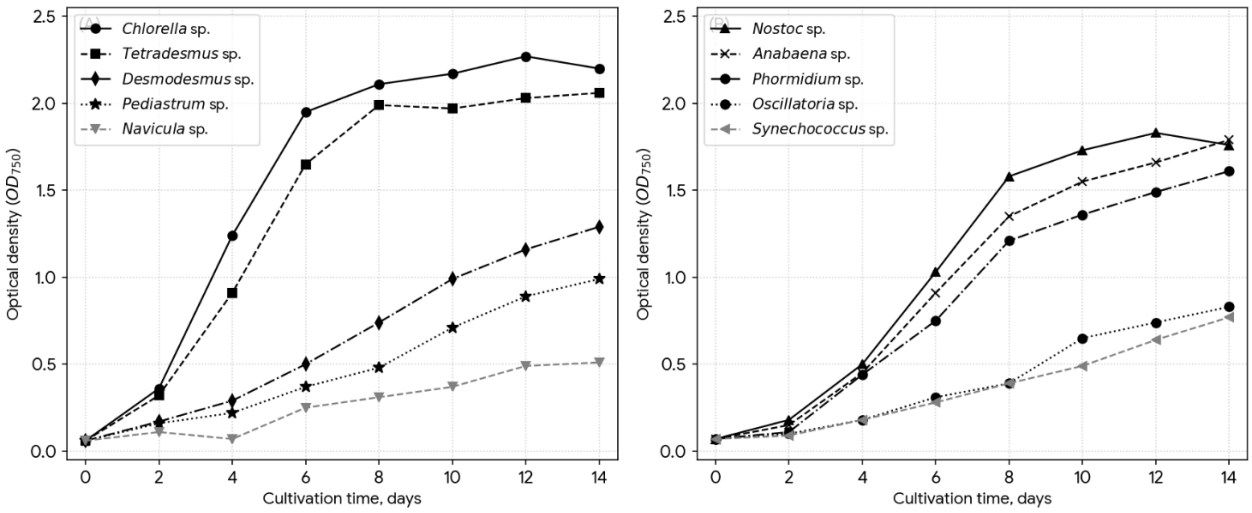
3.3 Screening of Isolated Pure Cultures of Microalgae and Cyanobacteria

For screening the most productive isolates for the treatment of oil-contaminated wastewater, the growth dynamics of isolated microalgae and cyanobacteria cultures were studied. The growth of microalgae and cyanobacteria was evaluated by the change in optical density at a wavelength of 750 nm over a 14-day cultivation period.

During the laboratory experiment, the highest growth rate and intense biomass accumulation were demonstrated by the green microalgae cultures *Chlorella* sp. and *Tetradesmus* sp., which reached maximum optical density values (OD_{750}>2.0) by 12-14 days. Notably, *Nostoc* sp., *Anabaena* sp., and *Phormidium* sp. displayed stable growth profiles, en-

tering the stationary phase by the end of the experiment with elevated optical density values (OD_{750} = 1,6–1,8). In contrast, cultures of *Desmodesmus* sp., *Pediastrum* sp., and *Navicula* sp. (OD_{750}), alongside the cyanobacteria *Oscillatoria* sp. and *Synechococcus* sp. (OD_{750}), exhibited moderate growth dynamics, with final optical density values stabilizing within a narrow range of 0,5 to 1,3.

Figure 6
The growth dynamics of microalgae and cyanobacteria isolates from oil refinery wastewater



Note: On the x-axis – 0, 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14 – days of cultivation; on the y-axis – optical density (OD). a – microalgae genera monitored by (OD_{750}); b – cyanobacteria genera monitored by (OD_{750}).

3.4 Degradation efficiency of pure cultures of microalgae and cyanobacteria in oil-contaminated wastewater

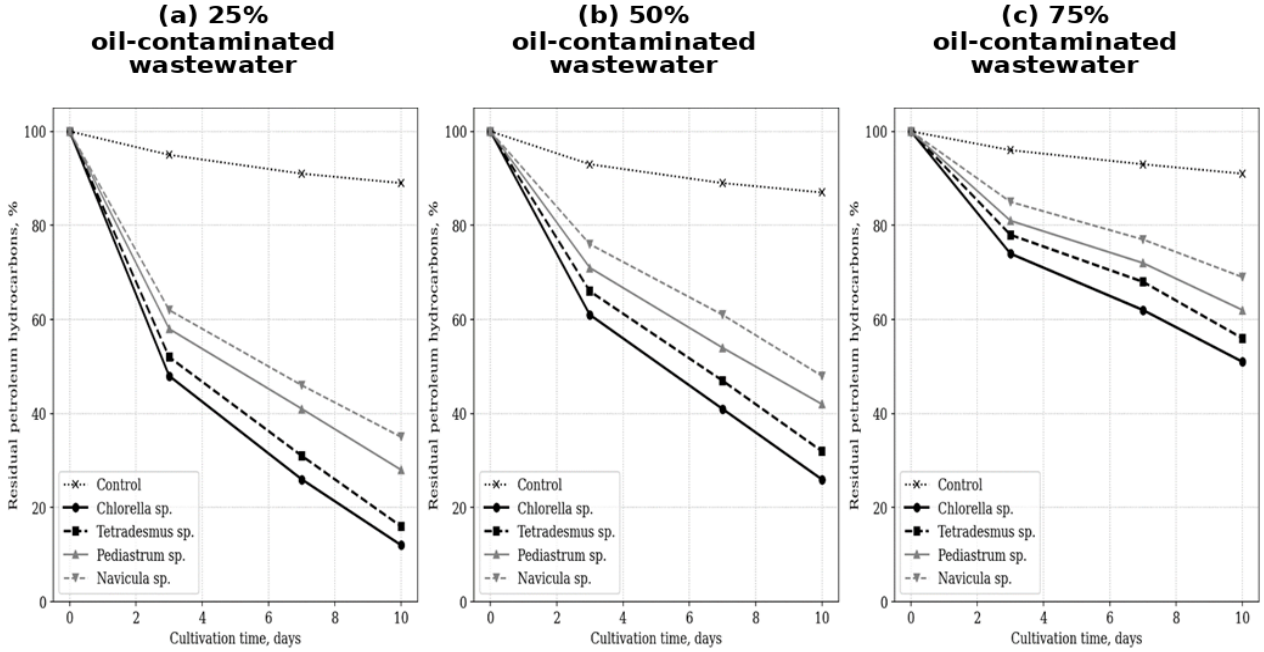
The degradation efficiency toward petroleum hydrocarbons by pure cultures of microalgae (*Pediastrum* sp., *Navicula* sp., *Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp.) and cyanobacteria (*Oscillatoria* sp., *Synechococcus* sp., *Nostoc* sp., *Anabaena* sp., *Phormidium* sp.) was evaluated spectrophotometrically (Fig. 7, 8).

The dynamics of petroleum hydrocarbon removal during the cultivation of the microalgal strains *Chlorella* sp., *Tetradesmus* sp., *Pediastrum* sp., and *Navicula* sp. were investigated over a 10-day period (Figure 7). The obtained results demonstrated that the treatment efficiency depended both on the microalgal species and the degree of wastewater dilution.

At a wastewater concentration of 25%, all studied cultures exhibited the highest petroleum hydrocarbon degradation efficiency (Figure 7a). The most intensive reduction in pollutant concentration occurred during the first three days of cultivation, after which the purification process proceeded more gradually. *Chlorella* sp. showed the highest efficiency, reducing the residual petroleum hydrocarbon content to 12% by the end of the experiment, corresponding to a removal efficiency of 88%. Similar results were obtained for *Tetradesmus* sp., which achieved an 84% removal efficiency with a residual hydrocarbon content of 16%. *Pediastrum* sp. and *Navicula* sp. were less effective, leaving residual pollutant levels of 28% and 35%, corresponding to removal efficiencies of 72% and 65%, respectively.

Increasing the wastewater concentration to 50% resulted in a decline in treatment efficiency due to the enhanced toxic effects of pollutants on microalgal cells (Figure 7b). Nevertheless, *Chlorella* sp. and *Tetradesmus* sp. maintained high degradative activity. *Chlorella* sp. achieved a petroleum hydrocarbon removal efficiency of 74%, leaving a residual concentration of 26%. *Tetradesmus* sp. provided 68% degradation, with 32% of the initial hydrocarbon content remaining in the medium. In contrast, *Pediastrum* sp. and *Navicula* sp. exhibited noticeable inhibition of growth and metabolic activity, resulting in residual petroleum hydrocarbon levels of 42% and 48%, respectively.

Figure 7
The effect of wastewater dilution on residual petroleum product content (%) during treatment with microalgae



Note: x-axis – cultivation time, days; y-axis – residual petroleum hydrocarbons, %. Wastewater dilution: (a) 25%; (b) 50%; (c) 75%. Control – untreated wastewater from an oil refinery corresponding to the dilution (without culture)

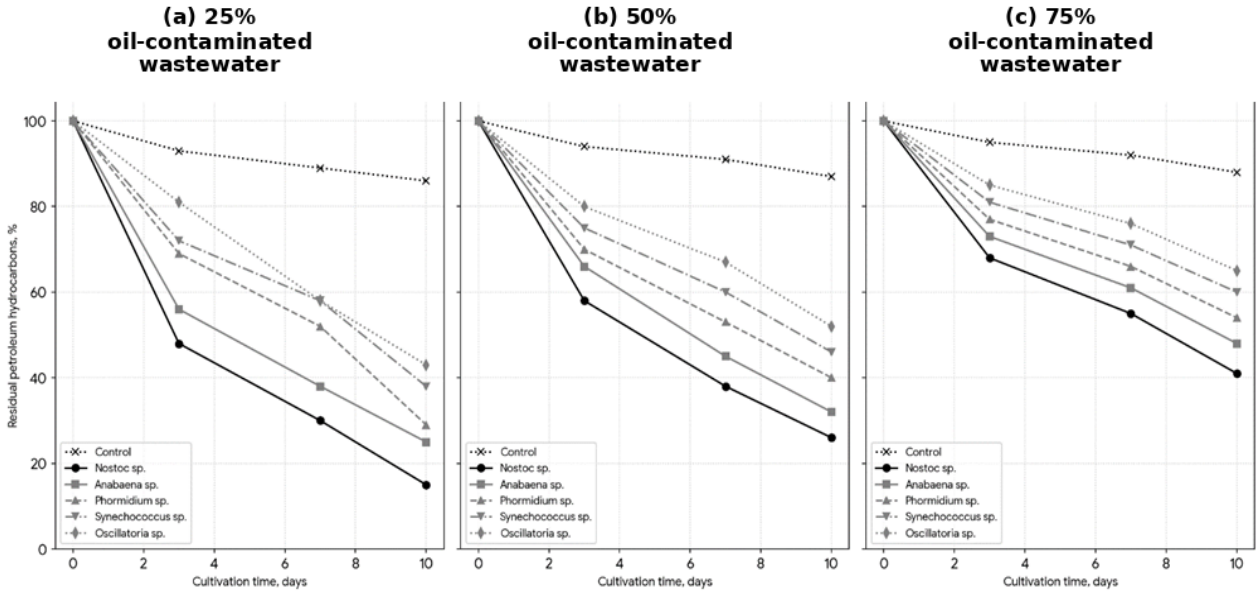
At the highest wastewater concentration (75%), the inhibitory effect of pollutants became significantly stronger, leading to a further decline in treatment efficiency across all experimental variants (Figure 7c). *Chlorella* sp. proved to be the most resistant strain, achieving 49% petroleum hydrocarbon degradation and leaving a residual concentration of 51%. *Tetradesmus* sp. demonstrated a removal efficiency of 44%. *Pediastrum* sp. and *Navicula* sp. were the most sensitive to pollutant toxicity, exhibiting degradation efficiencies of only 38% and 31%, respectively. As a result, more than 60% of the initial pollutant load remained in the medium by the end of the experiment.

In the control variants (wastewater without the addition of microalgae), no significant reduction in petroleum hydrocarbon content was observed during the 10-day period. The natural loss of petroleum products, mainly due to evaporation and abiotic transformation processes, amounted to only 9–13%, while the residual pollutant content remained within the range of 87–91%. These results indicate that the introduced microalgal cultures played the principal role in petroleum hydrocarbon degradation in the experimental systems.

The dynamics of residual petroleum hydrocarbon content during the cultivation of the cyanobacterial strains *Nostoc* sp., *Anabaena* sp., *Phormidium* sp., *Synechococcus* sp., and *Oscillatoria* sp. under different wastewater concentrations (25%, 50%, and 75%) over a 10-day period are presented in Figure 8.

At a wastewater concentration of 25%, the most intensive petroleum hydrocarbon biodegradation was observed (Figure 8a). *Nostoc* sp. exhibited the highest treatment efficiency among all tested strains. By the 10th day of cultivation, the residual petroleum hydrocarbon content had decreased to only 15%, corresponding to a removal efficiency of 85%. High degradative activity was also demonstrated by *Anabaena* sp., which reduced the hydrocarbon content by 75%, leaving a residual concentration of 25%. The removal efficiencies of *Phormidium* sp. and *Synechococcus* sp. reached 71% and 62%, respectively. The lowest degradation efficiency was recorded for *Oscillatoria* sp., which achieved a removal efficiency of 57%, leaving 43% of the hydrocarbons undegraded. In the control variant, the reduction in petroleum hydrocarbon concentration did not exceed 14%, and the residual pollutant content remained at 86%.

Figure 8
The effect of wastewater dilution on residual petroleum product content (%) during treatment with cyanobacteria



Note: x-axis – cultivation time, days; y-axis – residual petroleum hydrocarbons, %. Wastewater dilution: (a) 25%; (b) 50%; (c) 75%. Control – untreated wastewater from an oil refinery corresponding to the dilution (without culture)

When the wastewater concentration was increased to 50%, biodegradation efficiency declined due to the increased toxic load; however, *Nostoc* sp. and *Anabaena* sp. maintained their leading positions (Figure 8b). *Nostoc* sp. reduced the petroleum hydrocarbon concentration by 74%, leaving only 26% of the initial pollutant load in the medium. *Anabaena* sp. demonstrated a removal efficiency of 68%, with a residual hydrocarbon content of 32%. The treatment efficiencies of *Phormidium* sp. and *Synechococcus* sp. were 54% and 60%, respectively. The lowest efficiency was again observed for *Oscillatoria* sp., which degraded 48% of the petroleum hydrocarbons, leaving 52% of the pollutants in the medium.

At the highest wastewater concentration (75%), pronounced inhibition of cyanobacterial metabolic activity was observed, resulting in a further decline in treatment efficiency (Figure 8c). *Nostoc* sp. remained the most resistant strain to toxic stress, achieving 59% petroleum hydrocarbon degradation and leaving a residual pollutant content of 41%. *Anabaena* sp. demonstrated a removal efficiency of 52%, leaving 48% of the initial hydrocarbon content in the medium. For *Phormidium* sp., *Synechococcus* sp., and *Oscillatoria* sp., the removal efficiencies were 46%, 40%, and 35%, respectively. Consequently, the residual petroleum hydrocarbon content in these variants ranged from 54% to 65%. In the control variant, the reduction in petroleum hydrocarbon concentration amounted to only 12%, indicating the negligible contribution of natural self-purification processes to hydrocarbon removal.

Conclusion

In this study, 25 cultures of phototrophic microorganisms were isolated from oil-contaminated wastewater collected from industrial enterprises of Western Kazakhstan (Atyrau Oil Refinery and Caspi Bitum LLP). Based on their high growth rates and resistance to petroleum hydrocarbons, 10 of the most promising isolates representing green microalgae, cyanobacteria, and diatoms were selected for further investigation. Microscopic analysis revealed several morphological adaptations of the studied strains to petroleum contamination, including cell wall thickening, accumulation of lipid inclusions, and the formation of protective exopolysaccharide structures. During the preliminary screening, the optical density (OD) of the cultures increased from an initial value of 0.15 to 0.95–1.85, depending on the strain.

Bioremediation experiments demonstrated that the highest petroleum hydrocarbon removal efficiency was achieved at a wastewater concentration

of 25%. The greatest degradation efficiencies over the 10-day cultivation period were exhibited by the green microalgae *Chlorella* sp. and *Tetradesmus* sp., with removal efficiencies of 88% and 84%, respectively, as well as by the cyanobacteria *Nostoc* sp. and *Anabaena* sp., which removed 85% and 75% of petroleum hydrocarbons, respectively. These findings indicate the high biotechnological potential of the isolated indigenous phototrophic strains for the bioremediation of oil-contaminated wastewater. In the future, these cultures may serve as the basis for developing stable algal–cyanobacterial consortia for environmentally friendly industrial wastewater treatment systems, with the additional benefit of producing biomass suitable for conversion into biofuels and other valuable bioproducts.

Acknowledgments

This work was supported by grant AP23485836, «Development of technology for bioremediation of petroleum-contaminated wastewater based on an algal-cyanobacterial consortium for potential biofuel production» (2024-2026), funded by the Ministry of Higher Education and Science of the Republic of Kazakhstan.

Funding

This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan within the framework of project AP23485836.

Author contribution

A.A. Dauletova: Conceptualization, Investigation, Methodology, Data curation, Formal analysis, Writing – original draft, Writing – review & editing; K. Bolatkhan: Project administration, Funding acquisition, Validation; A.A. Kakimova: Language editing, Writing – review & editing; G.A. Akhmetova: ORCID registration, Software; A. Askar: Software, Language editing, Writing – review & editing; D. Ozcimen: Methodology, Scientific supervision; B.K. Zayadan: Conceptualization, Scientific supervision, Funding acquisition, Writing – review & editing.

References

Abdel-Raouf, N., Al-Homaidan, A. A., & Ibraheem, I. B. M. (2012). Microalgae and wastewater treatment. *Saudi Journal of Biological Sciences*, *19*(3), 257–275. https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2012.04.005

Abdur Razzak, S., Bahar, K., Islam, K. O., Haniffa, A. K., Faruque, M. O., Hossain, S. Z., & Hossain, M. M. (2024). Microalgae cultivation in photobioreactors: Sustainable solutions for a greener future. *Green Chemical Engineering*, *5(4)*, 418–439. https://doi.org/10.1016/j.gce.2023.10.004

Akoijam, C., Langpoklakpam, J. S., Chettri, B., & Singh, A. K. (2015). Cyanobacterial diversity in hydrocarbon-polluted sediments and their possible role in bioremediation. *International Biodeterioration & Biodegradation*, *103*, 97–104. https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2015.03.035

Al-Jabri, H., Das, P., Khan, S., Thaher, M., & AbdulQuadir, M. (2020). Treatment of wastewaters by microalgae and the potential applications of the produced biomass–A review. *Water*, *13*(1), 27. https://doi.org/10.3390/w13010027

Baird, R. B., Eaton, A. D., & Rice, E. W. (Eds.). (2017). Standard methods for the examination of water and wastewater (23rd ed.). American Public Health Association.

Bekzhigitov, E. T., & Zhonova, Sh. E. (2022). Work experience of the LLP "JV" CASPI BITUM" in prevention of environmental risks. *Hydrometeorology and Ecology*, *106*(3), 49–55.

Griffiths, M. J., Garcin, C., van Hille, R. P., & Harrison, S. T. L. (2011). Interference by pigment in the estimation of microalgal biomass concentration by optical density. *Journal of Microbiological Methods*, *85*(2), 119–123. https://doi.org/10.1016/j.mimet.2011.02.005

Guiry, M. D., & Guiry, G. M. (2026). *AlgaeBase*. https://www.algaebase.org

Haberle, I., Hrustić, E., Petrić, I., Pritišanac, E., Šilović, T., Magić, L., Geček, S., Budiša, A., & Blažina, M. (2020). Adriatic cyanobacteria potential for cogeneration biofuel production with oil refinery wastewater remediation. *Algal Research*, *50*, 101978. https://doi.org/10.1016/j.algal.2020.101978

Hamouda, A. A., Alhumairi, A. M., & Saddiq, A. A. (2023). Simultaneous bioremediation of petroleum hydrocarbons and production of biofuels by the micro-green alga, cyanobacteria, and its consortium. *Heliyon*, *9*(6), e16656. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e16656

Jacinto, G. S. S., Cruz, G., Cabral, A. A., Bezerra, G. V. P., Peña Garcia, R. R., Magalhães, U. N., & Gomes, W. C. (2023). Biotechnological investigation of *Pediastrum boryanum* and *Desmodesmus subspicatus* microalgae species for a potential application in bioenergy. *Algal Research*, *75*, 103266. https://doi.org/10.1016/j.algal.2023.103266

Kadri, M. S., Nayana, K., Fassi Fihri, R., Abdi, G., Sukumar, C., & Kulanthaiyesu, A. (2024). Greening the oil industry: Microalgae biorefinery for sustainable oil-produced water treatment and resource recovery. *Journal of Water Process Engineering*, *60*, 105259. https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2024.105259

Karray, R., Elloumi, W., Ben Ali, R., Loukil, S., Chamkha, M., Karray, F., & Sayadi, S. (2022). A novel bioprocess combining anaerobic co-digestion followed by ultra-filtration and microalgae culture for optimal olive mill wastewater treatment. *Journal of Environmental Management*, *303*, 114188. https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2021.114188

Kazim, M., Dauletova, A., Sandybayeva, S., Bukharbayeva, Z., & Zayadan, B. (2024). Isolation and study of cyanobacterial cultures from oil refinery wastewaters. *BIO Web of Conferences*, *100*, 02019. https://doi.org/10.1051/bioconf/202410002019

Khoufi, S., Louhichi, A., & Sayadi, S. (2015). Optimization of anaerobic co-digestion of olive mill wastewater and liquid poultry manure in batch condition and semi-continuous jet-loop reactor. *Bioresource Technology*, *182*, 67–74. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.01.092

Kondaveeti, S., Govindarajan, D., Mohanakrishna, G., Thatikayala, D., Abu-Reesh, I. M., Min, B., Nambi, I. M., Al-Raoush, R. I., & Aminabhavi, T. M. (2023). Sustainable bioelectrochemical systems for bioenergy generation via waste treatment from petroleum industries. *Fuel*, *331*, 125632. https://doi.org/10.1016/j.fuel.2022.125632

Lurie, Yu. Yu. (1984). *Analiticheskaya khimiya promyshlennykh stochnykh vod* [Analytical chemistry of industrial wastewater]. Khimiya. (In Russian)

Madhubalaji, C. K., Reddy, M. M. S., Chauhan, V. S., & Sarada, R. (2024). Petrochemical wastewater remediation by microalgae. In G. A. Ravishankar, A. R. Rao, S. K. Kim (Eds.), *Algae mediated bioremediation: Industrial prospectives* (pp. 439–456). Wiley.

Minitab LLC (2019). *Minitab Statistical Software* (Version 19). https://www.minitab.com

Oswald, W. J., & Gotaas, H. B. (1957). Photosynthesis in sewage treatment. Transactions of the American Society of Civil Engineers, 122(1), 73-97.

Pal, S., Banat, F., Almansoori, A., & Abu Haija, M. (2016). Review of technologies for biotreatment of refinery wastewaters: progress, challenges and future opportunities. *Environmental Technology Reviews*, *5*(1), 12–38. https://doi.org/10.1080/21622515.2016.1164252

Pancha, I., Chokshi, K., & Mishra, S. (2019). Industrial wastewater-based microalgal biorefinery: A dual strategy to remediate waste and produce microalgal bioproducts. In S. K. Gupta & F. Bux (Eds.), *Application of microalgae in wastewater treatment: Volume 2. Biorefinery approaches of wastewater treatment* (pp. 173–193). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-030-13909-4_8

Radelyuk, I., Tussupova, K., Zhapargazinova, K., Yelubay, M., & Persson, M. (2019). Pitfalls of wastewater treatment in oil refinery enterprises in Kazakhstan–A system approach. *Sustainability*, *11*(6), 1618. https://doi.org/10.3390/su11061618

Radice, R. P., De Fabrizio, V., Donadoni, A., Scopa, A., & Martelli, G. (2023). Crude oil bioremediation: From bacteria to microalgae. *Processes*, *11*(2), 442. https://doi.org/10.3390/pr11020442

Rippka, R., Stanier, R. Y., Deruelles, J., Herdman, M., & Waterbury, J. B. (1979). Generic assignments, strain histories and properties of pure cultures of cyanobacteria. *Microbiology*, *111*(1), 1–61. https://doi.org/10.1099/00221287-111-1-1

Romero-Lopez, J., Lopez-Rodas, V., & Costas, E. (2012). Estimating the capability of microalgae to physiological acclimatization and genetic adaptation to petroleum and diesel oil contamination. *Aquatic Toxicology*, *124–125*, 227–237. https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2012.08.001

Round, F. E., Crawford, R. M., & Mann, D. G. (1990). *The diatoms: Biology and morphology of the genera*. Cambridge University Press.

Touliabah, H. E. S., El-Sheekh, M. M., Ismail, M. M., & El-Kassas, H. (2022). A review of microalgae- and cyanobacteria-based biodegradation of organic pollutants. *Molecules*, *27*(3), 1141. https://doi.org/10.3390/molecules27031141

Wang, R., Zhu, W., Sun, J., Zhang, C., Dai, H., & Qu, T. (2024). Novel three-stage microalgal cultivation system for lipid production utilizing nutrients derived from refinery waste. *Bioresource Technology*, *414*, 131623. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2024.131623

Yernazarova, G. I., Bukharbayeva, Zh. M., Zayadan, B. K., Turasheva, S. K., & Omarova, G. K. (2021). Development of technology for biological treatment of oily wastewater with a consortium of microorganisms, microalgae and aquatic plants. *Bulletin of the Karaganda University "Biology medicine geography Series"*, *102*(2), 30–36. https://doi.org/10.31489/2021bmg2/30-36

Zayadan, B. K., Akmukhanova, N. R., & Sadvakasova, A. K. (2013). *Kollektsiya mikrovodorosley i metody ikh kul'tivirovaniya* [Collection of microalgae and methods for their cultivation]. Liter. (In Russian)

Zutshi, S., & Fatma, T. (2015). Cyanobacteria. In D. Sahoo & J. Seckbach (Eds.), *The Algae World* (pp. 57–89). Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-017-7321-8_3

Information about the authors:

Dauletova Aliyam – PhD student in the Department of biotechnology of the Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: dauletova.aliyam13@gmail.com).

Bolatkhan Kenzhegul – PhD, associate professor in the Department of biotechnology of the Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: bkenzhegul23@gmail.com).

Kakimova Ardak – PhD, Senior Lecturer in the Department of biotechnology of Al-Farabi Kazakh National University, Associate Professor at the Kazakh National Research Technical University named after K. I. Satbayev (Almaty, Kazakhstan, e-mail: ardakkakimova1@gmail.com).

Akhmetova Gulnaz – PhD student, Senior Lecturer in the Department of biotechnology of the Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: gulnaz_akhmetova92@mail.ru).

Askar Aidana – Master student in in the Department of biotechnology of the Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: aydana.askr.04@mail.ru).

Didem Ozcimen – Professor in Bioengineering department, Chemical and Metallurgical Engineering Faculty, Yıldız Technical University (Turkey, İstanbul, e-mail: didem.ozcimen@gmail.com)

Zayadan Bolatkhan (Corresponding author) – Doctor of Biological Sciences, academician of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, professor of Biotechnology Department, director of the International Research Center "AlgaBioTech"in Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: zbolatkhan@gmail.com).

Авторлар туралы мәлімет:

Даулетова Алиям Абликимовна – әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің биотехнология кафедрасының докторанты (Алматы, Қазақстан, e-mail:dauletova.aliyam13@gmail.com).

Болатхан Кенжегүл – PhD, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің биотехнология кафедрасының ассоциирленген профессоры (Алматы, Қазақстан, e-mail: bkenzhegul23@gmail.com).

Какимова Ардақ Болатовна – PhD, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің биотехнология кафедрасының аға оқытушысы, Қ.И. Сәтбаев атындағы Қазақ ұлттық техникалық зерттеу университеті қауымдастырылған профессоры (Алматы, Қазақстан, e-mail: ardakkakimova1@gmail.com).

Ахметова Гүлнәз Асқарқызы – PhD-докторанты, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің биотехнология кафедрасының аға оқытушысы (Алматы, Қазақстан, e-mail: gulnaz_akhmetova92@mail.ru).

Асқар Айдана – әл-Фараби атындағы ҚазҰУ-дың биология және биотехнология факультетінің биотехнология кафедрасының магистранты (Алматы, Қазақстан, e-mail: aydana.askr.04@mail.ru).

Дидем Озчимен – Йылдыз техникалық университетінің химия және металлургия инженериясы факультетінің биоинженерия кафедрасының профессоры (Ыстамбул, Түркия, e-mail: didem.ozcimen@gmail.com).

Заядан Болатхан Казыханұлы (корреспонденттік автор) – биология ғылымдарының докторы, ҮҒА-ң Академигі, биотехнология кафедрасының профессоры, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің «AlgaBioTech» халықаралық ғылыми-зерттеу орталығының директоры (Алматы, Қазақстан, e-mail: zbolatkhan@gmail.com).

Сведения об авторах:

Даулетова Алиям Абликимовна – PhD-докторант кафедры биотехнологии факультета биологии и биотехнологии КазНУ им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: dauletova.aliyam13@gmail.com).

Болатхан Кенжегүл – PhD, и. о. профессора кафедры биотехнологии КазНУ им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: bkenzhegul23@gmail.com).

Какимова Ардак Болатовна – PhD, старший преподаватель кафедры биотехнологии КазНУ им. аль-Фараби, ассоциированный профессор КазНИТУ им. К. Сатпаева (Алматы, Казахстан, e-mail: ardakkakimova1@gmail.com).

Ахметова Гулназ Асқарқызы – PhD-докторант, старший преподаватель кафедры биотехнологии факультета биологии и биотехнологии КазНУ им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: gulnaz_akhmetova92@mail.ru).

Аскар Айдана – магистрант кафедры биотехнологии факультета биологии и биотехнологии КазНУ им. аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: aydana.askr.04@mail.ru).

Дидем Озчимен – профессор кафедры биоинженерии факультета химической и металлургической инженерии Технического университета Йылдыз (Стамбул, Турция, e-mail: didem.ozcimen@gmail.com).

Заядан Болатхан Казыханулы (автор-корреспондент) – доктор биологических наук, академик НАН РК, профессор кафедры биотехнологии, директор международного научно-исследовательского центра «AlgaBioTech» при Казахском национальном университете имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: zbolatkhan@gmail.com).

Received January 10, 2025
Re-uploaded May 7, 2026
Accepted September 15, 2026

ҒТАМР 69.25.15 https://doi.org/10.26577/bb1083202611

Д. Салауат[1]* , Д.С. Батаева[2] , Г.Б. Джумаханова[1,3] ,
С.Т. Алимова[1] , Ж.С. Омарова[1] , А. Йылдыз[4]

[1]Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
[2]«Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті» КеАҚ, Жаратылыстану институты, Алматы, Қазақстан
[3]Ботаника және фитоинтродукция институты, Алматы, Қазақстан
[4]Акдениз университеті, Балық шаруашылығы факультеті, Анталия, Түркия

*e-mail: salauat.damys@mail.ru

ARTHROSPIRA PLATENSIS ZTS-2024 ШТАММЫМЕН БАЙЫТЫЛҒАН *ARTEMIA PARTHENOGENETICA*-НЫҢ БИОХИМИЯЛЫҚ ЖӘНЕ МИКРОБИОЛОГИЯЛЫҚ БАҒАСЫ

Artemia туысына жататын тірі жемдер аквакультурада кеңінен қолданылады, алайда олардың қоректік құндылығы мен микробиологиялық сапасы өсіру жағдайларына тәуелді және биологиялық байыту арқылы жақсартылуы мүмкін. Зерттеудің мақсаты *Artemia parthenogenetica*-ны *Arthrospira platensis ZTS-2024* штаммымен байытудың оның биохимиялық көрсеткіштері мен микробиологиялық сапасына әсерін бағалау болды. Балқаш көлінің оңтүстік-шығыс тұзды аймағынан (Жетісу облысы, Қазақстан) бөлініп алынған *Arthrospira platensis ZTS-2024* штаммы *Artemia parthenogenetica*-ны 18 және 24 сағат бойы байыту үшін қолданылды. Аминқышқылдық және май қышқылдық құрам, культивацияланатын бактериялардың жалпы саны, *Vibrio spp.* және гемолитикалық бактериялар саны анықталды. Тәжірибе үш биологиялық қайталанымда жүргізіліп, деректер екі факторлы дисперсиялық талдау және Тьюки тесті арқылы өңделді. Байыту бірқатар аминқышқылдары мен көпқанықпаған май қышқылдарының, соның ішінде эйкозапентаен (EPA) және докозагексаен (DHA) қышқылдарының мөлшерін арттырды; ең айқын өзгерістер 24 сағаттан кейін байқалды. Осы мерзімде байытылған топтағы культивацияланатын бактериялардың жалпы саны 670 ± 430 КТБ·дара$^{-1}$ болды, бұл тиісті бақылаудан 87,1 %-ға төмен; гемолитикалық бактериялар саны 93,6 %-ға, ал *Vibrio spp.* саны 90,8 %-ға азайды. Жұмыс жергілікті *Arthrospira platensis* штаммын қолдану арқылы *Artemia*-ның биохимиялық және микробиологиялық құндылығын бір мезгілде жақсарту жөніндегі деректерді толықтырады. Нәтижелердің практикалық маңызы *Arthrospira platensis ZTS-2024* штаммын аквакультураға арналған тірі жемді дайындау технологиясында пайдалану мүмкіндігімен байланысты.

Түйін сөздер: *Arthrospira platensis ZTS-2024*, *Artemia parthenogenetica*, биологиялық байыту, көпқанықпаған май қышқылдары.

D. Salauat[1]*, D.S. Batayeva[2], G.B. Jumakhanova[1,3],
S.T. Alimova[1], Zh.S. Omarova[1], A. Yildiz[4]

[1]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
[2]Institute of Natural Sciences, Kazakh National Women's Teacher Training University, Almaty, Kazakhstan
[3]Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan
[4]Faculty of Fisheries, Akdeniz University, Antalya, Türkiye
*e-mail: salauat.damys@mail.ru

Biochemical and microbiological assessment of *Artemia parthenogenetica* enriched with *Arthrospira platensis* ZTS-2024

Live feeds of the genus *Artemia* are widely used in aquaculture, but their nutritional value and microbiological quality depend on culture conditions and can be improved through biological enrichment. This study evaluated the effect of enriching *Artemia parthenogenetica* with the *Arthrospira platensis* ZTS-2024 strain on biochemical characteristics and microbiological quality. The strain, isolated from the southeastern saline area of Lake Balkhash (Jetisu Region, Kazakhstan), was used for 18- and 24-h enrichment. Amino acid and fatty acid compositions, total culturable bacterial counts, *Vibrio spp.* abundance, and hemolytic bacterial counts were determined. The experiment included three biological replicates, and the data were analyzed by two-way ANOVA followed by Tukey's test. Enrichment increased several amino acids and polyunsaturated fatty acids, including eicosapentaenoic acid (EPA) and docosahexae-

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

noic acid (DHA), with the greatest changes after 24 h. At 24 h, total culturable bacteria in the enriched group were 670 ± 430 CFU·individual^{-1}, an 87.1% reduction relative to the corresponding control; hemolytic bacteria decreased by 93.6%, and *Vibrio spp.* by 90.8%. The study extends evidence on the combined nutritional and microbiological benefits of using a local *Arthrospira platensis* strain for *Artemia* enrichment. The practical value of the results lies in the potential use of *Arthrospira platensis* ZTS-2024 in live-feed preparation for aquaculture.

Keywords: *Arthrospira platensis* ZTS-2024, *Artemia parthenogenetica*, biological enrichment, polyunsaturated fatty acids.

Д. Салауат[1*], Д.С. Батаева[2], Г.Б. Джумаханова[1, 3],
С.Т. Алимова[1], Ж.С. Омарова[1], А. Йылдыз[4]

[1]Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[2]НАО «Казахский национальный женский педагогический университет», Институт естествознания, Алматы, Казахстан
[3]Институт ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан
[4]Университет Акдениз, факультет рыбного хозяйства, Анталья, Турция
*e-mail: salauat.damys@mail.ru

Биохимическая и микробиологическая оценка *Artemia parthenogenetica*, обогащённой *Arthrospira platensis* ZTS-2024

Живые корма рода *Artemia* широко применяются в аквакультуре, однако их пищевая ценность и микробиологическое качество зависят от условий культивирования и могут быть улучшены посредством биологического обогащения. Целью исследования была оценка влияния обогащения *Artemia parthenogenetica* штаммом *Arthrospira platensis* ZTS-2024 на её биохимические показатели и микробиологическое качество. Штамм *Arthrospira platensis* ZTS-2024, выделенный из юго-восточной солёной зоны озера Балхаш (область Жетысу, Казахстан), использовали для обогащения *Artemia parthenogenetica* в течение 18 и 24 ч. Определяли аминокислотный и жирнокислотный состав, общее количество культивируемых бактерий, численность *Vibrio* spp. и гемолитических бактерий. Эксперимент выполняли в трёх биологических повторностях, данные анализировали методом двухфакторного дисперсионного анализа с последующим тестом Тьюки. Обогащение сопровождалось повышением содержания ряда аминокислот и полиненасыщенных жирных кислот, включая эйкозапентаеновую (EPA) и докозагексаеновую (DHA) кислоты; наиболее выраженные изменения наблюдались через 24 ч. В этот срок общее количество культивируемых бактерий в обогащённой группе составило 670 ± 430 КОЕ·особь$^{-1}$, что на 87,1 % ниже соответствующего контроля; количество гемолитических бактерий снизилось на 93,6 %, а *Vibrio* spp. – на 90,8 %. Работа расширяет данные о комплексном применении локального штамм *Arthrospira platensis* для одновременного улучшения биохимического состава и микробиологического качества *Artemia*. Практическое значение результатов состоит в возможности использования *Arthrospira platensis* ZTS-2024 при подготовке живых кормов для аквакультуры.

Ключевые слова: *Arthrospira platensis ZTS-2024*, *Artemia parthenogenetica*, биологическое обогащение, полиненасыщенные жирные кислоты.

Кіріспе

Бекіре тұқымдас балықтарды қоректендіру биотехнологиясындағы ең күрделі кезеңдердің бірі – дернәсілдердің экзогенді қоректенуге көшуі және олардың жасанды жемді қабылдауға бейімделуі (Sarpanah et al., 2026). Экзогенді қоректенуге көшу бекіре балықтарының ерте онтогенезіндегі аса маңызды әрі сындарлы кезең болып табылады және бұл уақытта өлімжітім деңгейінің жоғарылауы байқалуы мүмкін (Ruban, 2020). Сонымен қатар бекіре дернәсілдерін жасанды жемге бейімдеу барысында да олардың жаппай қырылу жағдайлары жиі кездеседі. *Artemia* жоғары тұздылық жағдайларына бейімделген және аквакультурада кеңінен қолданылатын тірі жемдердің бірі болып саналады (Madkour et al., 2023). Бұл оның бірқатар маңызды биологиялық және технологиялық артықшылықтарымен түсіндіріледі: өсіру мен пайдаланудың қарапайымдылығы, қоршаған ортаның әртүрлі жағдайларына жоғары бейімделгіштігі, талғамсыз сүзгілеу типті қоректенуі және өте жоғары отырғызу тығыздығында тіршілік етіп, дами алу қабілеті (Dhont et al., 2002). Әртүрлі географиялық аймақтардан алынған *Artemia* штамдарының қоректік құндылығы айтарлықтай ерекшеленеді (Sorgeloos et al., 2001). Мұндай айырмашылықтар өсірілетін балықтар мен шаянтәрізділердің тіршілік ету деңгейі мен өсу қарқынына елеулі әсер етуі мүмкін (Reitan et al., 1997). Микробалдырлар балық дернәсілдерінің

қоректенуінің бастапқы кезеңдерінде маңызды рөл атқарады. Олардың оң әсері, негізінен, тірі жемдердің қоректік құндылығын арттырумен және су ортасындағы микробиологиялық тепетеңдікті тұрақтандырумен байланысты (Vadstein et al., 2018). Аквакультуралық жүйелерде тірі жемдер балық дернәсілдеріне бактериялардың негізгі тасымалдаушыларының бірі болуы мүмкін (Najafpour et al., 2023). Сонымен қатар тірі жемдермен ассоциацияланған бактериялар саны мен дернәсілдердің өлім-жітім деңгейі арасында өзара байланыс бар екені анықталған (Tinh et al., 2008). Көптеген жағдайларда тірі жемдермен байланысты бактериялар гемолиздік белсенділік танытады (Macpherson et al., 2012). Сондай-ақ микробалдырлардың өсіру жүйесіндегі бактериялық қауымдастықтардың құрамын өзгертуге қабілетті екені көрсетілген (Lian et al., 2024; Skjermo & Vadstein, 1993). Бұдан бөлек, көптеген теңіз балықтарының эйкозапентаен және докозагексаен қышқылдарын қоса алғанда, ұзын тізбекті полиқанықпаған май қышқылдарын эндогенді жолмен синтездеу қабілеті шектеулі. Сондықтан бұл қосылыстардың организмге жем арқылы жеткілікті мөлшерде түсуі аса маңызды (Tocher, 2010). *Arthrospira platensis* құрамындағы ақуыздардың, алмастырылмайтын аминқышқылдарының, полиқанықпаған май қышқылдарының, дәрумендер мен биологиялық белсенді қосылыстардың жоғары мөлшеріне байланысты тірі жемдерді биологиялық жолмен байытуға арналған перспективалы компонент ретінде ерекше қызығушылық тудырады (Ibrahim et al., 2026). *Artemia*-ны микробалдырлармен байыту онымен ассоциацияланған бактериялық микрофлораның құрамын реттеуге, соның ішінде *Vibrionaceae* тұқымдасына жататын ықтимал патогенді бактериялардың санын төмендетуге ықпал етеді (Pintado et al., 2023). Тірі жемдерді байыту үшін микробалдырлар мен цианобактериялардың кеңінен қолданылуына қарамастан, *Arthrospira platensis*-тің нақты штамдарының *Artemia parthenogenetica*-ның аминқышқылдық және майқышқылдық құрамына, сондай-ақ қысқа мерзімді байытудың әртүрлі ұзақтығында оның микробиологиялық жүктемесінің өзгеруіне кешенді әсері туралы мәліметтер әлі де жеткіліксіз. Зерттеу нысаны – *Artemia parthenogenetica*, ал зерттеу пәні – *Arthrospira platensis* ZTS-2024 штамының әсерінен оның биохимиялық және микробиологиялық көрсеткіштерінің өзгеруі. Зерттеудің жұмыс гипотезасы байыту ұзақтығын 18 сағаттан 24 сағатқа дейін арттыру қоректік компоненттердің жинақталуын күшейтіп, сонымен қатар бактериялық жүктеменің төмендеуіне ықпал етеді деген болжамға негізделді. Зерттеудің мақсаты – *A. parthenogenetica*-ны *A. platensis* ZTS-2024 штамымен 18 және 24 сағат бойы байытудың оның аминқышқылдық және майқышқылдық құрамына, культивацияланатын бактериялардың жалпы санына, гемолиздік бактериялар мен *Vibrio* spp. санына әсерін бағалау. Осы мақсатқа жету үшін *A. platensis* ZTS-2024 биомассасын және *A. parthenogenetica* науплиустарын дайындау, 18 және 24 сағаттық байыту тәжірибелерін жүргізу, аминқышқылдық және майқышқылдық құрамды, микробиологиялық көрсеткіштерді және морфологиялық ерекшеліктерді анықтау, сондай-ақ алынған нәтижелерді статистикалық түрғыдан салыстыру міндеттері қойылды. Зерттеуде микробиологиялық талдау, газдық хроматография (GC-FID), аминқышқылдық хроматографиялық талдау, жарық микроскопиясы және гистологиялық зерттеу әдістері қолданылды; алынған деректер екі факторлы дисперсиялық талдау (two-way ANOVA) және Tukey HSD тесті арқылы бағаланды. Зерттеудің ғылыми маңызы жергілікті *A. platensis* ZTS-2024 штамының *A. parthenogenetica*-ның қоректік құрамы мен микробиологиялық көрсеткіштеріне кешенді әсерін сипаттаумен, ал практикалық маңызы осы штамды аквакультурада тірі жемді биологиялық байыту технологиясында пайдалану мүмкіндігін бағалаумен байланысты.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Зерттеу *A. parthenogenetica*-ны *A. platensis* ZTS-2024 штаммымен 18 және 24 сағат бойы байытудың оның аминқышқылдық және май қышқылдарының құрамына, культивацияланатын бактериялардың жалпы санына, гемолиздік бактериялар мен *Vibrio* spp. санына әсерін анықтауға бағытталды. Жұмыс гипотезасы байыту ұзақтығын 18 сағаттан 24 сағатқа дейін арттыру қоректік компоненттердің жинақталуын күшейтіп, бактериялық жүктемені төмендетеді деген болжамға негізделді. Зерттеу төрт негізгі кезеңнен түрды: (1) *A. platensis ZTS-2024* биомассасы мен *A. parthenogenetica* науплиустарын дайындау; (2) 18 және 24 сағаттық бақылау және байыту тәжірибелерін жүргізу; (3) микробиологиялық, аминқышқылдық, майқышқылдық және морфологиялық талдауларды орындау; (4) алынған деректерді статистикалық өңдеу және топтар арасындағы айырмашылықтарды бағалау.

2.1 Arthrospira platensis ZTS-2024 штамын өсіру

Arthrospira platensis ZTS-2024 цианобактериялық штамы әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің Биотехнология кафедрасына қарасты фототрофты микроорганизмдер коллекциясынан алынды. Аталған штамм бастапқыда Балқаш көлінің оңтүстік-шығыс бөлігінен бөлініп алынған және жоғары өсу қарқынымен әрі едәуір мөлшерде биомасса жинақтау қабілетімен сипатталады. Таксономиялық жіктелуі бойынша штамм *Cyanobacteria* бөліміне және *Arthrospira* туысына жатады. Штамды өсіру Заррук тың сұйық қоректік ортасында 28–30 °C температурада және тұрақты жарықтандыру жағдайында (50–200 мкмоль фотон·м$^{-2}$·с$^{-1}$) жүргізілді (Bolatkhan et al., 2025; Chotchindakun et al., 2024; Kiefer et al., 2024). Биомассаны алу осы температуралық режим сақталған, жарықтандырылатын фотобиореакторларда жүзеге асырылды (Vonshak et al., 1997).

2.2 Artemia parthenogenetica-ны өсіру жолдары

Зерттеуде Қазақстан аумағындағы Үлкен Арал теңізі өңірінен алынған *Artemia parthenogenetica* цисталары пайдаланылды. Цисталар STIK IL-161HI инкубаторында (Қытай) 28 °C температурада, тұрақты жарықтандыру және үздіксіз қарқынды аэрация жағдайында инкубацияланды. Инкубация басталғаннан кейін 16–20 сағатта эмбриондық массаның циста қабығынан шығуы және «қолшатыр» сатысының (*umbrella stage)* қалыптасуы байқалды, одан еркін жүзетін науплиустар жарып шықты. Науплиустар циста қабықтарынан ажыратылып, теңіз суымен жуылды. Зерттеу Акдениз университетінің (Анталия, Түркия) Балық шаруашылығы факультетінің № 6 зертханасында жүргізілді. Бастапқы өсіру кезеңінде *A. parthenogenetica* 10 л аквариумдарда 35 ‰ тұздылықта, 28 °C температурада және үздіксіз аэрация жағдайында ұсталды; әр екі тәулікте су көлемінің 75 %-ы жаңа теңіз суымен алмастырылды. Екі тәуліктік науплиустар эксперименттік кезең үшін 30 л резервуарларға 10 дара·мл$^{-1}$ тығыздықпен орналастырылды. Тәжірибеде бақылау және байытылған топтар құрылды. Тәжірибелік топқа A. platensis ZTS-2024 биомассасы 0,027 г/л концентрацияда енгізілді, ал бақылау тобына баламалы мөлшерде азықтық ашытқы берілді. Температура 28 ± 1 °C, еріген оттегі 6,0–7,0 мг/л деңгейінде сақталды. Сынамалар қоректендіру басталғаннан кейін 18 және 24 сағатта алынды.

Бақылау тобында қорек ретінде коммерциялық наубайханалық ашытқы (*Saccharomyces cerevisiae*) пайдаланылды. Ашытқы тәулігіне 0,027 г/л мөлшерінде екі тең бөлікке бөлініп, таңертең және кешке берілді (әр қоректендіруде 0,0135 г/л). Қоректендіру кезінде ашытқы бөлшектерінің су ортасында біркелкі таралуын қамтамасыз ету үшін үздіксіз аэрация сақталды. Бұл режим тәжірибе кезеңінде *Artemia* науплиустары үшін қоректік бөлшектердің тұрақты қолжетімділігін қамтамасыз етті.

2.3 Микробиологиялық талдау және бактериялық изоляттардың фенотиптік сипаттамасы

Бактериологиялық талдау жүргізу үшін *A. parthenogenetica* үлгілері қоректендіру басталғаннан кейін 18 және 24 сағат өткен соң бақылау және тәжірибелік топтардан алынды. Кездейсоқ іріктелген даралар *Potter–Elvehjem* гомогенизаторының көмегімен гомогенизацияланды. Зерттеу барысында *ISOLAB GmbH* (Германия) автоклавы және қоректік орталарды дайындау барысында зертханалық қыздыру пеші (*TERMAL*, Түркия), электронды таразы (*DESIS,* Түркия), центрифуга (*DAIHAN* WiseSpin, Оңтүстік Корея) қолданылды. Алынған гомогенаттың көлемі стерильді теңіз суымен 10 мл-ге дейін жеткізілді. Бастапқы гомогенаттан стерильді теңіз суын пайдалана отырып ондық бірізді сұйылтулар (10^{-1}–10^{-4}) дайындалды. Әрбір сұйылтудан 0,1 мл көлемде M65 теңіз агарына, қан агарына және TCBS-агарға үш техникалық қайталанымда егілді. Культивацияланатын бактериялардың жалпы саны M65 теңіз агарында, гемолиздік бактериялар қан агарында, ал *Vibrio* туысына жататын бактериялар селективті TCBS-агарда анықталды (Letchumanan et al., 2014). Себінділер диаметрі 90 мм Петри табақшаларында 28 °C температурада 48 сағат бойы инкубацияланды, содан кейін өскен колониялардың саны есептелді (Austin et al., 2007). Таза дақылдарды бөліп алу үшін M65 агарындағы бастапқы себінділерден кейін 18 Петри табақшасынан кездейсоқ таңдап алынған жекелеген колониялар стерильді бактериологиялық ілмек көмегімен штрихтық егу әдісімен қайта себілді. Себінділер 28 °C температурада 24–48 сағат бойы инкубацияланды. Морфологиялық белгілері біртекті колониялар таза дақылдар ретінде қарастырылып, кейін микроскопиялық зерттеуге алынды.

Микроскопиялық (*Shanghai Optical Instrument,* Қытай) зерттеу барысында изоляттардың Грам бойынша боялу сипаты және жасуша морфологиясы бағаланды. Колониялардың пішіні, түсі және иісі культуралық белгілер ретінде сипатталды. Зерттеу барысында олардың TCBS және CLED агарларында өсу қабілеті, сахарозаны ферментациялауы, оксидазалық реакциясы, *Hugh–Leifson* (O/F) тесті, ONPG гидролизі, Фогес–Проскауэр реакциясы және индол түзу сынамасы бағаланды (Gómez-León et al., 2005; MacFaddin, 2000). Бөлініп алынған микроорганизмдердің морфологиялық, культуралық және биохимиялық қасиеттері ГОСТ ISO 7218–2015 талаптарына сәйкес зерттелді.

2.4 Artemia parthenogenetica-ның биохимиялық құрамын талдау

2.4.1 Май қышқылдарының құрамын анықтау

Artemia parthenogenetica-ның май қышқылдық құрамы жалпы липидтік фракцияны экстракциялағаннан кейін анықталды. Алынған липидтер май қышқылдарының метил эфирлерін (FAME) түзе отырып, трансэтерификацияланды. Май қышқылдарының метил эфирлері жалынды-ионизациялық детекторлы газдық хроматография (GC-FID) әдісімен талданды. Жекелеген май қышқылдарын сәйкестендіру зерттелетін компоненттердің ұсталу уақытын май қышқылдары метил эфирлерінің стандартты қоспасындағы сәйкес компоненттердің ұсталу уақытымен салыстыру арқылы жүргізілді. Жекелеген май қышқылдарының мөлшері тиісті хроматографиялық шыңдардың ауданы бойынша есептеліп, құрғақ заттың 100 грамына шаққандағы граммен (г/100 г құрғақ зат) көрсетілді. Зерттеу барысында полиқанықпаған май қышқылдарының, соның ішінде эйкозапентаен қышқылының (EPA, 20:5 n-3) және докозагексаен қышқылының (DHA, 22:6 n-3) мөлшерін анықтауға ерекше назар аударылды.

2.4.2 Аминқышқылдық құрамды анықтау

A. parthenogenetica-ның аминқышқылдық құрамы катионалмастырғыш хроматография әдісімен анықталды. Аминқышқылдарын анықтау колонкадан кейін нингидринмен дериватизациялау және түзілген қосылыстарды спектрофотометриялық детекциялау арқылы жүргізілді. Аминқышқылдарының сандық мөлшері S433 аминқышқылдық анализаторында (Sykam, Германия) анықталды. Қышқылдық гидролиз жүргізу үшін 100 мг лиофилизацияланған биомасса құрамында 1 % фенол бар 5 мл 1 н HCl ерітіндісінде қайта суспензияланды. Оттегіні жою мақсатында алынған суспензия арқылы 1 минут бойы газ тәрізді азот өткізілді. Гидролиз 110 °C температурада 24 сағат бойы жүргізілді. Гидролиз аяқталғаннан кейін үлгілер салқындатылып, сүзілді. Аминқышқылдарын бөлу өлшемі 4,6 × 150 мм LCA K06/Na хроматографиялық колонкасында (Sykam, Германия) жүзеге асырылды. Детекция 440 және 570 нм толқын ұзындықтарында жүргізілді. Бір аналитикалық циклдің ұзақтығы 60 минутты құрады.

2.5 Artemia цисталары мен науплиустарын морфологиялық және гистологиялық зерттеу

Морфологиялық дамуды бағалау үшін *A. parthenogenetica*-ның әртүрлі даму сатыларындағы цисталары мен науплиустары іріктеліп алынды. Микроскопиялық зерттеу барысында циста қабығының құрылымы, оның ішінде сыртқы кутикулярлық және ішкі кортикальды мембраналары, сондай-ақ эмбриондық масса шығатын кезде қабықтың жарылу аймағы бағаланды. Науплиустардың жарып шығу үдерісі және одан кейінгі дамуы жарық микроскопиясы әдісімен зерттелді. «Қолшатыр» (*umbrella stage)* кезеңі және II науплиустық саты тіркеліп, олардың морфологиялық ерекшеліктері сипатталды. Морфологиялық өзгерістерді тіркеу үшін микрофотографиялау әдісі қолданылды. Қосымша көрсеткіш ретінде цисталардың құрғақ массасының алынған науплиустардың ылғалды биомассасына қатынасы анықталды. Гистологиялық зерттеу жүргізу үшін бақылау және тәжірибелік топтарынан *Artemia parthenogenetica* дарақтары алынды. Дарақтардан гистологиялық кесінділер дайындалып, кейін гематоксилин және эозинмен (H&E) боялды. Негізгі тәжірибеде әр топ үш қайталаудан түрды, әр қайталауда 150 дарақтан, жалпы әр топта 450 дарақ алынды. Зерттеу барысында *Artemia* дарақтары бөлшектелмей, толық күйінде пайдаланылды және алдын ала иммобилизациялау жүргізілген жоқ. Үлгілер 10%-дық бейтарап формалин ерітіндісінде 24 сағат бойы фиксацияланды. Қалыңдығы 5 мкм гистологиялық кесінділер ротациялық микротомның (Kalstein, Франция) көмегімен дайындалды. Кесінділер стандартты гистологиялық әдістемеге сәйкес гематоксилин және эозинмен (H&E) боялды. Дайындалған гистологиялық препараттарға микроскопиялық талдау Leica DM 600 микроскопының (Leica c-Reichert, Германия) көмегімен жүргізілді. Микрофотосуреттер IS Capture бағдарламалық жасақтамасы (Ambala Cantt, Үндістан) арқылы алынды.

2.6 Статистикалық талдау

Барлық сандық деректер орташа мән ± стандартты ауытқу (mean ± SD) түрінде ұсынылды. Эксперименттер үш тәуелсіз биологиялық қайталанымда жүргізілді, ал әрбір өлшеу үш техникалық қайталанымда орындалды. Деректердің қалыпты таралуы Шапиро–Уилк критерийі арқылы, ал дисперсиялардың біртектілігі Левен критерийі арқылы бағаланды. *A. platensis ZTS-2024*-пен байытудың, инкубация ұзақтығының (18 және 24 сағат), сондай-ақ осы факторлардың өзара әсерінің ықпалы екі факторлы дисперсиялық талдау (two-way ANOVA) әдісімен бағаланды. Топтар арасындағы айырмашылықтарды кейінгі салыстыру үшін Тьюкидің көптік салыстыру тесті (Tukey HSD) қолданылды. Айырмашылықтар $p < 0,05$ болған жағдайда статистикалық түрғыдан мәнді деп қабылданды. Статистикалық өңдеу IBM SPSS Statistics 26.0 бағдарламалық жасақтамасында (IBM Corp., АҚШ) жүргізілді.

Зерттеу нәтижелері және оларды талдау

Бактериологиялық зерттеу нәтижелері

Бактериологиялық талдау зерттелген барлық қоректік орталарда бақылау және байытылған топтар арасында айырмашылықтар бар екенін көрсетті. 18 сағаттан кейін M65 агарында культивацияланатын бактериялардың жалпы саны бақылау тобында (А) 23 000 ± 9 800 КТБ·дара$^{-1}$, ал байытылған топта (ТА) 4 700 ± 3 400 КТБ·дара$^{-1}$ құрады, бұл көрсеткіштің 79,6 %-ға төмендегенін көрсетті. 18 сағаттан кейін гемолиздік бактериялардың саны А тобында 2 600 ± 1 200 КТБ·дара$^{-1}$, ал ТА тобында 1 850 ± 1 600 КТБ·дара$^{-1}$ болды, яғни 28,8 %-ға төмендеді. TCBS-агарында анықталған *Vibrio spp.* саны А тобында 13 000 ± 8 900 КТБ·дара$^{-1}$, ал ТА тобында 4 200 ± 4 800 КТБ·дара$^{-1}$ құрап, 67,7 %-ға азайды. 24 сағаттан кейін культивацияланатын бактериялардың жалпы саны А24 бақылау тобында 5 200 ± 1 150 КТБ·дара$^{-1}$, ал ТА24 тобында 670 ± 430 КТБ·дара$^{-1}$ құрады. Бұл сәйкес 24 сағаттық бақылау тобымен салыстырғанда бактериялар санының 87,1 %-ға төмендегенін көрсетті. Гемолиздік бактериялардың саны 2 500 ± 2 200 КТБ·дара$^{-1}$-ден 160 ± 120 КТБ·дара$^{-1}$-ге дейін төмендеді, яғни 93,6 %-ға азайды. *Vibrio spp.* саны 2 600 ± 2 900 КТБ·дара$^{-1}$-ден 240 ± 100 КТБ·дара$^{-1}$-ге дейін төмендеп, 90,8 %-ға азайды. 24 сағаттан кейін орташа мәндер бойынша гемолиздік бактериялардың саны бақылау тобымен салыстырғанда 93,6 %-ға, ал *Vibrio* spp. саны 90,8 %-ға төмен болды. Алайда кейінгі статистикалық талдау бұл айырмашылықтардың статистикалық мәнді болмағанын көрсетті ($p > 0,05$). Осылайша, орташа мәндер бойынша бактериялық жүктеменің ең айқын төмендеу үрдісі *A. platensis ZTS-2024* штамымен 24 сағат бойы байытылған A. parthenogenetica тобында байқалды. Гемолиздік бактериялардың санын анықтау үшін қан агары, *Vibrio spp* бактерияларын анықтау үшін TCBS-агар, ал культивацияланатын бактериялардың жалпы санын анықтау үшін M65 агары пайдаланылды. «Изоляттарды бөліп алу тәжірибесі» бағанында келтірілген мәндер M65 агарынан таза дақылдарды бөліп алу барысында алынған нәтижелерді көрсетеді.

1-кесте

Әртүрлі қоректік орталарда анықталған A. parthenogenetica және A. platensis ZTS-2024 үлгілеріндегі культивацияланатын бактериялардың саны

Топ	M65 агары – бактериялардың жалпы саны, КТБ·дара$^{-1}$, орташа мән ± SD	Изоляттарды бөліп алу тәжірибесі
А	23000 ± 9800	26000 ± 6000
ТА	4700 ± 3400	2850 ± 1300
А24	5200 ± 1150	3800 ± 2400
ТА24	670 ± 430	270 ± 80
Топ	Қанды агар – гемолиздік бактериялар, КТБ·дара$^{-1}$, M ± SD	Изоляттарды бөліп алу тәжірибесі
А	2600 ± 1200	970 ± 830
ТА	1850 ± 1600	160 ± 100
А24	2500 ± 2200	460 ± 240

Кестенің жалғасы

ТА24	160 ± 120	120 ± 80
Топ	*TCBS-агар – Vibrio spp. саны, КТБ·дара⁻¹, M ± SD*	Изоляттарды бөліп алу тәжірибесі
А	13000 ± 8900	18500 ± 1300
ТА	4200 ± 4800	1400 ± 370
А24	2600 ± 2900	460 ± 50
ТА24	240 ± 100	130 ± 20
Қоректік орта	*A. platensis ZTS-2024*, КТБ·мл⁻¹, орташа мән ± SD	Изоляттарды бөліп алу тәжірибесі
Қанды агар	1100 ± 900	450 ± 350
TCBS	850 ± 1200	3100 ± 400
М65 (г	7,8 ± 4,7	11 ± 3,1

Ескерту: деректер орташа мән ± SD түрінде берілген, n = 3 биологиялық қайталаным. А және А24 – бақылау топтары; ТА және ТА24 – A. platensis ZTS-2024-пен байытылған топтар. p < 0,05 статистикалық мәнді деп қабылданды.

Екі факторлы дисперсиялық талдау байыту факторы мен инкубация ұзақтығының микробиологиялық көрсеткіштерге әсерінің әртүрлі болғанын көрсетті. М65 агарында анықталған культивацияланатын бактериялардың жалпы санына *A. platensis* ZTS-2024-пен байытудың әсері статистикалық мәнді болды ($F(1, 8) = 14,33$; $p = 0,005$), сондай-ақ инкубация ұзақтығының әсері де мәнді болды ($F(1, 8) = 13,10$; $p = 0,007$). Байыту × уақыт факторларының өзара әсері статистикалық мәнділік шегіне жақын болғанымен, $p < 0,05$ деңгейіне жеткен жоқ ($F(1, 8) = 5,21$; $p = 0,052$). Tukey HSD тесті 18 сағатта бақылау (А) және байытылған (ТА) топтар арасында статистикалық мәнді айырмашылық бар екенін көрсетті ($p = 0,011$), ал 24 сағатта А24 және ТА24 топтары арасындағы айырмашылық статистикалық мәнді болған жоқ ($p = 0,720$).

Гемолиздік бактериялар саны бойынша байыту факторының ($F(1, 8) = 3,24$; $p = 0,110$), инкубация ұзақтығының ($F(1, 8) = 1,09$; $p = 0,328$) және олардың өзара әсерінің ($F(1, 8) = 0,86$; $p = 0,382$) статистикалық мәнді әсері анықталған жоқ. Tukey HSD бойынша бақылау және байытылған топтар арасындағы айырмашылық 18 сағатта да ($p = 0,924$), 24 сағатта да ($p = 0,290$) статистикалық мәнді болған жоқ. *Vibrio* spp. санына инкубация ұзақтығының әсері статистикалық мәнді болды ($F(1, 8) = 5,59$; $p = 0,046$), ал байыту факторының әсері ($F(1, 8) = 3,38$; $p = 0,103$) және байыту × уақыт өзара әсері ($F(1, 8) = 1,12$; $p = 0,320$) статистикалық мәнді болған жоқ. Tukey HSD тестінде А және ТА топтары арасында 18 сағатта ($p = 0,248$), сондай-ақ А24 және ТА24 топтары арасында 24 сағатта ($p = 0,944$) статистикалық мәнді айырмашылық анықталған жоқ. Осыған қарамастан, орташа мәндер бойынша байытылған топтарда бактериялық жүктеменің төмендеу үрдісі байқалды.

Vibrio alginolyticus-қа фенотиптік түрғыдан ұқсас изоляттар бастапқы *Artemia* үлгілерінде басым болды, алайда 24 сағаттан кейін олардың саны айтарлықтай төмендеді. *A. platensis ZTS-2024* үлгілерінде *Vibrio* туысына жататын микроорганизмдер аз мөлшерде ғана анықталды. *Pseudomonas/Alcaligenes* және *Flavobacterium* топтары *A. platensis* үлгілерінде жиірек кездесті, бұл, ықтимал, цианобактериялық дақылға тән өзіндік микробиотаның ерекшеліктерін көрсетеді.

Бактериялық изоляттарды бөліп алу және сипаттау

Бөлініп алынған изоляттардың басым бөлігі грамтеріс, пигмент түзбейтін, қозғалғыш бактериялар болды. Олар оксидазаға оң реакция беріп, *Hugh–Leifson* жіктемесіне сәйкес ферментативтік типке жатқызылды. TCBS-агарында аталған изоляттар сахарозаны ферментациялау реакциясының оң нәтижесін көрсететін сары түсті колониялар түзді.

Зерттеу барысында барлығы 156 бактериялық изолят бөлініп алынды. Олардың біреуі грамоң кокк түрінде анықталса, қалған 155 изолят грамтеріс бактерияларға жатқызылды. Грамтеріс изоляттар морфологиялық, культуралық және биохимиялық белгілерінің жиынтығы бойынша сипатталды. Культуралық және биохимиялық белгілерінің жиынтығы бойынша сипатталды. Морфологиялық, культуралық және биохимия-

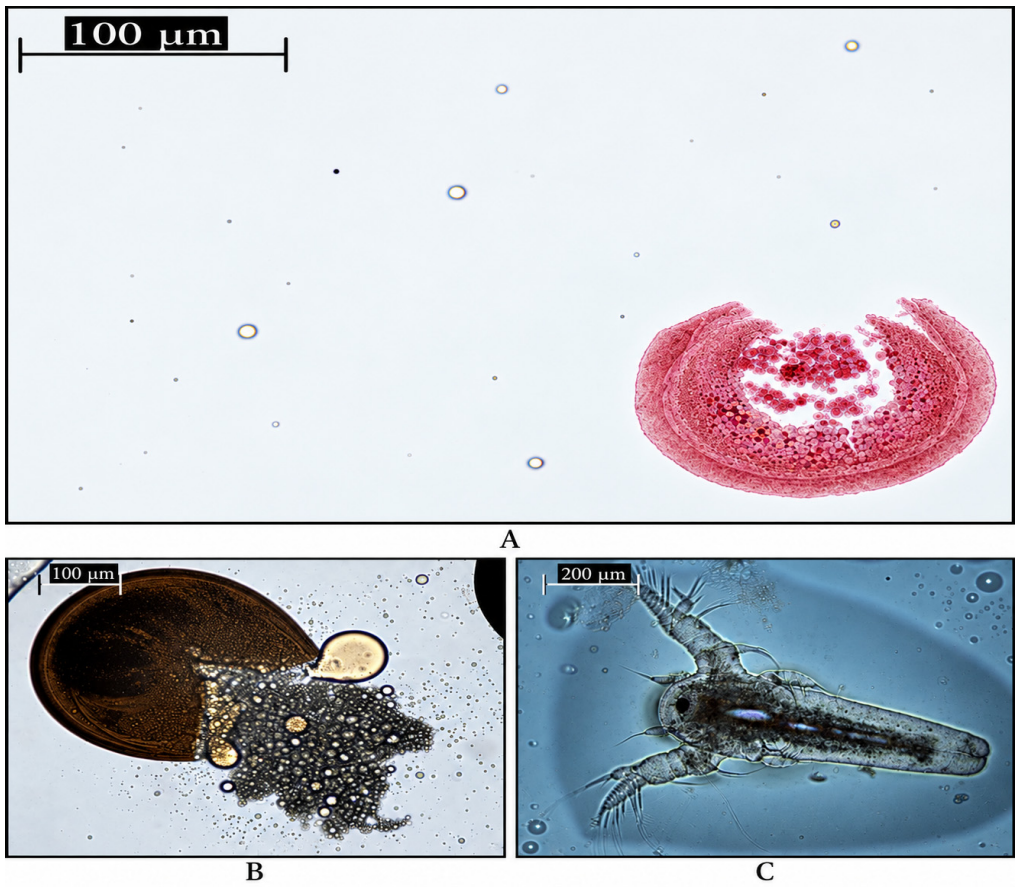
лық белгілерін салыстыру нәтижесінде изоляттар бірнеше фенотиптік топқа бөлінді. *Vibrio alginolyticus*-қа фенотиптік түрғыдан ұқсас изоляттар бастапқы *Artemia* үлгілерінде басым болды, ал 24 сағаттық байытудан кейін олардың үлесі төмендеді. *A. platensis* ZTS-2024 үлгілерінде *Vibrio* туысының өкілдері салыстырмалы түрде аз мөлшерде анықталды. Сонымен қатар *Pseudomonas/Alcaligenes* және *Flavobacterium* топтарының өкілдері тіркелді.

***Artemia parthenogenetica* цисталары мен науплиустарының морфологиялық ерекшеліктері**

Цисталардың құрғақ массасының науплиустардың ылғалды биомассасына қатынасы 1:2,5 құрады, бұл зерттеуде пайдаланылған цисталардың жақсы сапасын көрсетеді. Цисталардың гистологиялық кесінділерінде сыртқы кутикулярлық және ішкі кортикальды мембраналар, сондай-ақ эмбриондық масса шығатын кезде қабықтың жарылу аймағы анық байқалды (1A-сурет). Жарып шығу үдерісі барысында жұқа мембранамен қоршалған эмбрионның сыртқа шығуы байқалды, бұл «қолшатыр» сатысына (*umbrella stage*) сәйкес келеді (1B-сурет). Жарып шыққаннан кейін науплиустар асқорыту жолының функционалдық қалыптасуымен және экзогенді қоректенудің басталуымен сипатталатын дамудың II сатысына өтті. Сарыуыз қапшығындағы қор заттарының біртіндеп сарқылуына байланысты науплиустар белсенді қоректенуге көшті (1C-сурет).

1-сурет

Әртүрлі даму сатыларындағы A. parthenogenetica цисталары мен науплиустарының морфологиялық ерекшеліктері



(A) Цистаның гистологиялық кесіндісінің микрофотографиясы: 1 – сыртқы кутикулярлық мембрана; 2 – кортикальды мембрана; 3 – қабықтың жарылу аймағы. Бояу әдісі: гематоксилин және эозин (H&E). Үлкейту: ×100.
(B) Artemia эмбрионының цистадан шығу үдерісінің микрофотографиясы: 1 – эмбриондық масса; 2 – сыртқы қою пигменттелген қабық. Масштаб = 100 мкм.
(C) Artemia метанауплиусы. Масштаб = 200 мкм.

18 және 24 сағаттық байытудың Artemia parthenogenetica-ның аминқышқылдық және майқышқылдық құрамына әсері

Artemia-ның азықтық ашытқыны сіңіру тиімділігі ашытқы штамына және оның жасуша қабырғасының құрылымына байланысты (Patterson et al., 2023; Sultana et al., 2024). Бақылау және тәжірибелік топтардың биохимиялық көрсеткіштерін салыстыру нәтижесінде аминқышқылдық және май қышқылдық құрам бойынша айырмашылықтар анықталды. *A. platensis ZTS-2024* қолданылған топта бірқатар аминқышқылдары мен полиқанықпаған май қышқылдарының мөлшері бақылау тобымен салыстырғанда жоғары болды. Бұл өзгерістер 24 сағаттық байыту кезінде 18 сағаттық кезеңмен салыстырғанда анағұрлым айқын байқалды. *A. parthenogenetica*-ны *A. platensis ZTS-2024* штамымен 18 және 24 сағат бойы байыту оның аминқышқылдық және май қышқылдарының құрамындағы өзгерістермен сипатталды. Аминқышқылдық талдау нәтижелері *A. parthenogenetica*-ны *A. platensis ZTS-2024* штамымен 18 және 24 сағат бойы байыту бірқатар аминқышқылдарының мөлшерінің артуымен қатар жүргенін көрсетті. 24 сағаттық инкубациядан кейін бақылау және байытылған топтар арасындағы ең айқын айырмашылықтар бірнеше аминқышқылы бойынша байқалды. Аргинин мөлшері 9,21-ден 13,4 г/100 г құрғақ затқа дейін, лейцин – 13,3-тен 15,4 г/100 г-ға дейін, пролин – 8,1-ден 9,2 г/100 г-ға дейін, валин – 4,7-ден 5,9 г/100 г-ға дейін, ал глицин – 3,5-тен 5,1 г/100 г құрғақ затқа дейін артты.

2-кесте

A.platensis ZTS-2024 – пен 18 және 24 сағат бойы байытудың A. parthenogenetica-ның аминқышқылдарының құрамына әсері, г/100 г құрғақ зат

Аминқышқылдар	*A. parthenogenetica* – бақылау тобы (азықтық ашытқы, 18 сағ).	*A. parthenogenetica – A. platensis ZTS-2024* штаммымен байытылған топ (18 сағ).	*A. parthenogenetica* – бақылау тобы (азықтық ашытқы, 24 сағ).	*A. parthenogenetica – A. platensis ZTS-2024* штаммымен байытылған топ (24 сағ).
Аргинин	7,21 ± 0,32	7,45 ± 0,45	9,21 ± 0,11	13,4 ± 0,22
Глицин	0,9 ± 0,26	2,1 ± 0,12	3,5 ± 0,44	5,1 ± 0,60
Валин	2,7 ± 0,50	3,9 ± 0,40	4,7 ± 0,32	5,9 ± 0,19
Пролин	6,1 ± 0,01	6,2 ± 0,3	8,1 ± 0,17	9,2 ± 0,09
Лейцин	10,3 ± 0,23	11,4 ± 0,19	13,3 ± 0,45	15,4 ± 0,18
Гистидин	1,71 ± 0,10	1,92 ± 0,12	2,91 ± 0,23	3,92 ± 0,19
Фенилаланин	1,08 ± 0,07	2,3 ± 0,1	3,18 ± 0,002	5,7 ± 0,02

Ескерту. А – бақылау тобы (азықтық ашытқы, 18 сағ); ТА – A. platensis ZTS-2024-пен байытылған топ (18 сағ); А24 – бақылау тобы (азықтық ашытқы, 24 сағ); ТА24 – A. platensis ZTS-2024-пен байытылған топ (24 сағ). Деректер орташа мән ± стандартты ауытқу (SD) түрінде, 100 г құрғақ затпен берілді. Айырмашылықтар p < 0,05 болған жағдайда статистикалық тұрғыдан мәнді деп есептелді.

Екі факторлы ANOVA нәтижелері *A. platensis* ZTS-2024-пен байыту факторының зерттелген барлық аминқышқылдарының мөлшеріне статистикалық мәнді әсер еткенін көрсетті ($F(1, 8) = 31,50–2741,95$; барлық жағдайда $p < 0,001$). Инкубация ұзақтығының әсері де барлық аминқышқылдары бойынша статистикалық мәнді болды ($F(1, 8) = 87,51–5929,82$; $p < 0,001$). Байыту × уақыт өзара әсері аргинин ($F(1, 8) = 128,10$; $p < 0,001$), пролин ($F(1, 8) = 23,60$; $p = 0,001$), лейцин ($F(1, 8) = 9,26$; $p = 0,016$), гистидин ($F(1, 8) = 16,93$; $p = 0,003$) және фенилаланин ($F(1, 8) = 331,29$; $p < 0,001$) үшін статистикалық мәнді болды. Глицин ($F(1, 8) = 0,76$; $p = 0,410$) және валин ($F(1, 8) < 0,01$; $p = 1,000$) үшін факторлардың өзара әсері статистикалық мәнді болған жоқ. Tukey HSD бойынша 18 сағаттық кезеңде бақылау және байытылған топтар арасында глицин ($p = 0,025$), валин ($p = 0,017$), лейцин ($p = 0,006$) және фенилаланин ($p < 0,001$) мөлшері бойынша статистикалық мәнді айырмашылықтар анықталды. Аргинин ($p = 0,768$), пролин ($p = 0,899$) және гистидин ($p = 0,466$) бойынша айырмашылықтар статистикалық мәнді болған

жоқ. 24 сағаттық кезеңде зерттелген барлық жеті аминқышқылы бойынша бақылау және байытылған топтар арасында статистикалық мәнді айырмашылықтар анықталды ($p < 0,05$).

Май қышқылдық құрамды талдау *A. parthenogenetica*-ны *A. platensis ZTS-2024* штамымен байытқаннан кейін бірқатар май қышқылдарының мөлшері артқанын көрсетті. Бұл өзгерістер 24 сағаттық инкубация кезінде анағұрлым айқын байқалды. Атап айтқанда, α-линолен, октадекатетраен, эйкозатриен, эйкозапентаен және докозагексаен қышқылдарының мөлшері жоғарылады.

3-кесте

A.platensis ZTS-2024 – 18 және 24 сағат бойы байытудың A. parthenogenetica-ның май қышқылдарының құрамына әсері, г/100 г құрғақ зат

Май қышқылдар	*A. parthenogenetica* – бақылау тобы (азықтық ашытқы, 18 сағ).	*A. parthenogenetica – A. platensis ZTS-2024* штаммымен байытылған топ (18 сағ).	*A. parthenogenetica* – бақылау тобы (азықтық ашытқы, 24 сағ).	*A. parthenogenetica – A. platensis ZTS-2024* штаммымен байытылған топ (24 сағ).
Миристин қышқылы (14:0)	0,2 ± 0,01	0,3 ± 0,01	0,4 ± 0,01	0,7 ± 0,01
Пентадекан қышқылы (15:0)	0,03 ± 0,02	0,08 ± 0,03	1,1 ± 0,01	2,1 ± 0,01
Пальмитин қышқылы (16:0)	11,2 ± 0,03	15,1 ± 0,01	17,2 ± 0,01	18,1 ± 0,02
Стеарин қышқылы (18:0)	0,69 ± 0,02	1,1 ± 0,02	2,0 ± 0,03	4,1 ± 0,02
Пальмитолеин қышқылы (16:1)	0,5 ± 0,03	0,8 ± 0,01	1,0 ± 0,02	2,3 ± 0,01
Линол қышқылы (18:2 n-6)	5,68 ± 0,01	7,1 ± 0,01	10,0 ± 0,01	11,2 ± 0,01
α-Линолен қышқылы (18:3 n-3)	8,0 ± 0,02	10,52 ± 0,01	14,8 ± 0,01	16,0 ± 0,02
Октадекатетраен қышқылы (18:4 ω-3)	2,1 ± 0,02	4,11 ± 0,02	3,1 ± 0,01	5,11 ± 0,02
Эйкозатриен қышқылы (20:3 ω-3)	0,20 ± 0,01	0,51 ± 0,32	0,78 ± 0,02	0,92 ± 0,01
Эйкозапентаен қышқылы (ЭПК, EPA) (20:5 ω-3)	3,8 ± 0,03	5,2 ± 0,01	6,19 ± 0,01	8,23 ± 0,01
Докозагексаен қышқылы (ДГК, DHA) (22:6 ω-3)	0,01 ± 0,01	0,07 ± 0,02	0,14 ± 0,01	0,27 ± 0,01

Ескерту: деректер орташа мән ± SD түрінде берілген (n = 3 биологиялық қайталаным). Байыту, инкубация ұзақтығы және олардың өзара әсері екі факторлы ANOVA арқылы бағаланды; топтар арасындағы кейінгі салыстыру Tukey HSD тестімен жүргізілді. p < 0,05 статистикалық мәнді деп қабылданды.

Май қышқылдық құрамға жүргізілген екі факторлы ANOVA байыту факторының зерттелген барлық май қышқылдарының мөлшеріне статистикалық мәнді әсер еткенін көрсетті ($F(1, 8) = 5,90–51483,00$; $p \leq 0,041$). Инкубация ұзақтығының негізгі әсері де барлық анықталған май қышқылдары бойынша статистикалық мәнді болды ($F(1, 8) = 28,55–531723,00$; $p < 0,001$). Эйкозапентаен қышқылы (EPA) үшін байыту факторының ($F(1, 8) = 29584,00$; $p < 0,001$), уақыттың ($F(1, 8) = 73441,00$; $p < 0,001$) және олардың өзара әсерінің ($F(1, 8) = 1024,00$; $p < 0,001$) статистикалық мәнді әсерлері анықталды. Докозагексаен қышқылы (DHA) үшін де байыту ($F(1, 8) = 154,71$; $p < 0,001$), инкубация ұзақтығы ($F(1, 8) = 466,71$; $p < 0,001$) және факторлардың өзара әсері ($F(1, 8) = 21,00$; $p = 0,002$) статистикалық мәнді болды. Tukey HSD тесті EPA мөлшерінің байытылған топтарда бақылаумен салыстырғанда 18 және 24 сағатта да статистикалық мәнді жоғары болғанын көрсетті (екі жағдайда да $p < 0,001$). DHA мөлшері бойынша да 18 сағатта ($p = 0,002$) және 24 сағатта ($p < 0,001$) статистикалық мәнді айырмашылық анықталды. Май қышқылдарының көпшілігінде бақылау және байытылған топтар арасындағы айырмашылықтар статистикалық мәнді болды. Ерекшелік ретінде 18 сағатта пентадекан қыш-

қылы (p = 0,053) мен эйкозатриен қышқылы (p = 0,162), ал 24 сағатта эйкозатриен қышқылы (p = 0,717) бойынша айырмашылық статистикалық мәнді болған жоқ.

Алынған нәтижелер *A. parthenogenetica*-ны *A. platensis ZTS-2024* штамымен байыту тірі жемнің сапасына кешенді әсер ететінін, оның биохимиялық құрамын өзгертіп, сонымен қатар культуралық әдістермен анықталатын бактериялар санын төмендететінін көрсетті. Осыған байланысты аталған штамды қолдану науплиустардың қоректік құндылығын арттыру тәсілі ретінде ғана емес, олардың микробиологиялық сапасын жақсартуға бағытталған биотехнологиялық тәсілдердің бірі ретінде де қарастырылуы мүмкін (Vijayaram et al., 2024). Байытылған *A. parthenogenetica*-ның аминқышқылдық құрамындағы өзгерістер *A. platensis ZTS-2024* биомассасының компоненттерінің қоректік бөлшектермен бірге түсуімен және олардың кейіннен науплиустар организмінде жинақталуымен байланысты болуы мүмкін. Аргинин, лейцин, валин, гистидин және фенилаланин мөлшерінің айқын артуы маңызды қоректік мәнге ие, өйткені бұл аминқышқылдары ақуыз синтезіне, өсу үдерістеріне және балық организмінің физиологиялық жағдайын сақтауға қатысады. Лейцин, валин, гистидин, фенилаланин және аргинин алмастырылмайтын аминқышқылдарына жатады және балық организміне қорек арқылы түсуі тиіс (Xing et al., 2024). Алынған нәтижелер *Arthrospira* биомассасының жоғары қоректік құндылығы туралы мәліметтермен де үйлеседі. Оның биомассасы ақуыздардың, аминқышқылдарының, дәрумендердің, минералдық және биологиялық белсенді қосылыстардың жоғары мөлшерімен сипатталады (Durdakova et al., 2024; Chang et al., 2024). Глицин мен пролин мөлшерінің анықталған артуы да тірі жемнің аминқышқылдық құрамының және жалпы қоректік құндылығының өзгергенін көрсетуі мүмкін. Бактериялық жүктеменің төмендеуі қоректік компоненттер мен өсіру жағдайларының тірі жемдер мен өсіру ортасындағы микробтық қауымдастықтардың құрамын өзгерте алатыны жөніндегі қазіргі ғылыми деректермен сәйкес келеді (Peralta-Sánchez et al., 2025; Paralika et al., 2025; Skliros et al., 2024). Микробалдырлар мен цианобактерияларды аквакультурада қолдану қоректік организмдердің қоректік құндылығын арттыруға ықпал етеді және олардың балық дернәсілдерін қоректендіруге жарамдылығын жақсартуы мүмкін. Осыған байланысты осы зерттеуде анықталған аминқышқылдары мөлшерінің артуы *Artemia*-ның сүзгілеу типті қоректенуімен және *A. platensis* жасушалары мен органикалық компоненттерін тұтынуымен байланысты болуы мүмкін. 18 сағаттық байытумен салыстырғанда 24 сағаттық экспозициядан кейін аминқышқылдық құрамдағы өзгерістердің анағұрлым айқын болуы байыту тиімділігінің науплиустардың цианобактериялық биомассаға әсер ету ұзақтығына тәуелді екенін көрсетеді. Байыту ұзақтығы *Artemia*-ның қоректік құндылығының өзгеру дәрежесін анықтайтын факторлардың бірі болып табылады (Zhang et al., 2025). Ұзағырақ инкубация қоректік заттардың қосымша тұтынылуы мен жинақталуын қамтамасыз еткен болуы ықтимал. Сонымен қатар байыту ұзақтығын науплиустардың физиологиялық жағдайын ескере отырып бағалау қажет. Осы зерттеуде қарастырылған режимдердің ішінде 24 сағаттық экспозиция ең айқын өзгерістермен сипатталды. Алайда байытудың оңтайлы ұзақтығын түпкілікті анықтау үшін қосымша уақыт аралықтарын қамтитын зерттеулер жүргізу қажет. Май қышқылдық құрамдағы өзгерістер де *A. parthenogenetica*-ның биологиялық байыту үдерісі барысында липидтік компоненттер мөлшерін өзгерте алатынын көрсетеді. α-Линолен, октадекатетраен және эйкозатриен қышқылдары мөлшерінің артуы ω-3 тұқымдасына жататын полиқанықпаған май қышқылдарының үлесі жоғарылағанын көрсетеді. Эйкозапентаен және докозагексаен қышқылдары – ЭПК және ДГК (EPA және DHA) мөлшерінің артуы ерекше маңызды, өйткені ұзын тізбекті ω-3 полиқанықпаған май қышқылдары жасушалық мембраналардың құрылымын қалыптастыруда, жүйке жүйесінің дамуында, иммундық реакцияларда және балықтардың физиологиялық бейімделуінде маңызды рөл атқарады (Carr et al., 2023; Penionez et al., 2026). Көптеген теңіз балықтарының қарқынды өсу үшін қажетті мөлшерде ұзын тізбекті полиқанықпаған май қышқылдарын синтездеу қабілеті шектеулі болғандықтан, олардың тірі жем құрамымен жеткілікті мөлшерде түсуі ерекше маңызға ие. Аминқышқылдары мен ω-3 полиқанықпаған май қышқылдары мөлшерінің бір мезгілде артуы және бактериялық жүктеменің төмендеуі *A. platensis ZTS-2024* штамын тірі жемдерді дайындау технологиясында пайдалануға перспективалы компонент ретінде қарастыруға мүмкіндік береді. Осылайша, зерттеу нәтижелері кіріспеде қойылған ғылыми сұраққа жауап беріп, *A. platensis ZTS-2024* штамының

A. parthenogenetica-ны кешенді биологиялық байыту үшін қолдануға жарамды екенін көрсетті. Зерттелген режимдердің ішінде 24 сағаттық инкубация аминқышқылдық және май қышқылдық құрамдағы ең айқын оң өзгерістермен, сондай-ақ культивацияланатын бактериялар, гемолиздік микроорганизмдер және *Vibrio*-тәрізді бактериялар санының неғұрлым айқын төмендеуімен сипатталды. Осыған байланысты аталған штамды аквакультурада қолданылатын тірі жемдердің қоректік және микробиологиялық сапасын арттыруға арналған перспективалы биотехнологиялық компонент ретінде қарастыруға болады.

Қорытынды

Жүргізілген зерттеу *A. platensis ZTS-2024* штамымен байыту *A. parthenogenetica*-ның биохимиялық құрамын жақсартумен және микробиологиялық көрсеткіштердің орташа мәндерінің төмендеу үрдісімен сипатталғанын көрсетті. *A. parthenogenetica*-ны 18 және 24 сағат бойы байыту бірқатар аминқышқылдары мен полиқанықпаған май қышқылдарының, соның ішінде эйкозапентаен (EPA) және докозагексаен (DHA) қышқылдарының мөлшерінің артуымен сипатталды. Биохимиялық құрамдағы неғұрлым айқын өзгерістер 24 сағаттық инкубациядан кейін байқалды. Микробиологиялық талдау нәтижелері байытылған топтарда сәйкес бақылау топтарымен салыстырғанда культивацияланатын бактериялардың жалпы санының, гемолиздік бактериялардың және *Vibrio spp* санының төмендегенін көрсетті. Бактериялық жүктеменің ең айқын төмендеуі де 24 сағаттық инкубациядан кейін тіркелді. Алынған нәтижелер *A. platensis ZTS-2024* штамын аквакультурада тірі жем ретінде пайдаланылатын *A. parthenogenetica*-ның қоректік құндылығын арттыру және микробиологиялық сапасын жақсарту мақсатында қолданудың перспективалы екенін көрсетеді. Зерттеу деректері 18 сағаттық режиммен салыстырғанда 24 сағаттық байытудың әсері анағұрлым айқын болады деген жұмыс гипотезасын қолдайды. Алынған нәтижелер балық дернәсілдеріне арналған тірі жемдерді дайындау режимдерін әзірлеу барысында пайдаланылуы мүмкін. Алдағы зерттеулердің перспективалы бағыты ретінде байытылған *Artemia*-ның балық дернәсілдерін қоректендіру тәжірибелеріндегі тиімділігін бағалау және байыту ұзақтығының оңтайлы мерзімін кеңірек уақыт аралығында нақтылау ұсынылады.

Алғыс сөз

Авторлар зерттеуді ұйымдастыруға және зертханалық жұмыстарды жүргізуге көрсеткен қолдауы үшін әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті Биология және биотехнология факультетінің «*AlgaBioTech*» халықаралық ғылыми-зерттеу орталығына және Акдениз университетінің (Анталия, Түркия) Балық шаруашылығы факультетінің № 6 зертханасына алғыс білдіреді.

Авторлардың үлесі

Д. Салауат: тұжырымдама жасау, зерттеу жүргізу, мақаланы жазу; Г.Б. Джумаханова: әдістеме дайындады, талдау жүргізді; Д.С. Батаева: Ғылыми жетекші, нәтижелерді тексерді; А. Йылдыз: бастапқы мәтінді дайындады, артемия өсіруін жүргізді; С.Т. Алимова: мәтінді тексерді, мақаланы редакциялау және толтыру; Ж.С. Омарова: барлық авторлар қолжазбаның соңғы нұсқасын оқып, мақұлдады.

Әдебиеттер

Austin, B., & Austin, D. A. (2007). *Bacterial fish pathogens: Diseases of farmed and wild fish*. Springer.

Bolatkhan, K., Salauat, D., Shalgimbayeva, S. M., Akmukhanova, N. R., Zayadan, B. K., Askar, A., & Gökoğlu, M. (2025). Enrichment of *Artemia* nauplius with cyanobacterium *Arthrospira platensis* ZTS-2024 for feeding young Russian sturgeon (*Acipenser gueldenstaedtii* Brandt, 1833). *ES Food and Agroforestry, 23*, Article 1987.

Carr, I., Glencross, B., & Santigosa, E. (2023). The importance of essential fatty acids and their ratios in aquafeeds to enhance salmonid production, welfare, and human health. *Frontiers in Animal Science, 4*, Article 1147081. https://doi.org/10.3389/fanim.2023.1147081

Chang, M., & Liu, K. (2024). *Arthrospira platensis* as future food: A review on functional ingredients, bioactivities and application in the food industry. *International Journal of Food Science & Technology, 59*(3), 1197–1212. https://doi.org/10.1111/ijfs.16882

Chotchindakun, K., Buddhasiri, S., & Kuntanawat, P. (2024). Enhanced growth and productivity of *Arthrospira platensis* H53 in a nature-like alkalophilic environment and its implementation in sustainable *Arthrospira* cultivation. *Sustainability, 16*(19), Article 8627. https://doi.org/10.3390/su16198627

Dhont, J., & Sorgeloos, P. (2002). Applications of *Artemia*. In T. J. Abatzopoulos, J. A. Beardmore, J. S. Clegg, & P. Sorgeloos (Eds.), *Artemia: Basic and applied biology* (pp. 251–277). Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-017-0791-6

Durdakova, M., Kolackova, M., Ridoskova, A., Cernei, N., Pavelicova, K., Urbis, P., Richtera, L., Pelcova, P., Adam, V., & Huska, D. (2024). Exploring the potential nutritional benefits of *Arthrospira maxima* and *Chlorella vulgaris*: A focus on vitamin B12, amino acids, and micronutrients. *Food Chemistry, 452*, Article 139434. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2024.139434

Gómez-León, J., Villamil, L., Lemos, M. L., Novoa, B., & Figueras, A. (2005). Isolation of *Vibrio alginolyticus* and *Vibrio splendidus* from aquacultured carpet shell clam (*Ruditapes decussatus*) larvae associated with mass mortalities. *Applied and Environmental Microbiology, 71*(1), 98–104. https://doi.org/10.1128/AEM.71.1.98-104.2005

Ibrahim, M. E. E. D., Demirel, S., Yıkmış, S., Tokatlı Demirok, N., Ahmed, M. B. O., & Amin, A. K. (2026). Spirulina as a sustainable functional ingredient: Nutrient density, bioactives, and food applications. *Frontiers in Nutrition, 13*, Article 1810841. https://doi.org/10.3389/fnut.2026.1810841

Kiefer, M., Bottenbruch, B., Sprißler, A. K., Knörle, S., Witt, A., & Frühwirth, H. (2024). Analytically monitored cultivation of *Arthrospira platensis* on food waste extracts to compose a sustainable, low-prized, Zarrouk-based medium. *CyTA–Journal of Food, 22*(1), Article 2331067.

Letchumanan, V., Chan, K. G., & Lee, L. H. (2014). *Vibrio parahaemolyticus*: A review on the pathogenesis, prevalence, and advance molecular identification techniques. *Frontiers in Microbiology, 5*, Article 705. https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00705

Lian, C., Xiang, J., Cai, H., Ke, J., Ni, H., Zhu, J., Zheng, Z., Lu, K., & Yang, W. (2024). Microalgae inoculation significantly shapes the structure, alters the assembly process, and enhances the stability of bacterial communities in shrimp-rearing water. *Biology, 13*(1), Article 54. https://doi.org/10.3390/biology13010054

MacFaddin, J. F. (2000). *Biochemical tests for identification of medical bacteria* (3rd ed.). Lippincott Williams & Wilkins.

Macpherson, H. L., Bergh, Ø., & Birkbeck, T. H. (2012). An aerolysin-like enterotoxin from *Vibrio splendidus* may be involved in intestinal tract damage and mortalities in turbot, *Scophthalmus maximus* (L.), and cod, *Gadus morhua* L., larvae. *Journal of Fish Diseases, 35*(2), 153–167.

Madkour, K., Dawood, M. A., & Sewilam, H. (2023). The use of *Artemia* for aquaculture industry: An updated overview. *Annals of Animal Science, 23*(1), 3–10. https://doi.org/10.3390/biology13010054

Najafpour, B., Pinto, P. I., Sanz, E. C., Martinez-Blanch, J. F., Canario, A. V., Moutou, K. A., & Power, D. M. (2023). Core microbiome profiles and their modification by environmental, biological, and rearing factors in aquaculture hatcheries. *Marine Pollution Bulletin, 193*, Article 115218. https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2023.115218

Paralika, V., & Makridis, P. (2025). Microbial interactions in rearing systems for marine fish larvae. *Microorganisms, 13*(3), Article 539. https://doi.org/10.3390/microorganisms13030539

Patterson, R., Rogiewicz, A., Kiarie, E. G., & Slominski, B. A. (2023). Yeast derivatives as a source of bioactive components in animal nutrition: A brief review. *Frontiers in Veterinary Science, 9*, Article 1067383. https://doi.org/10.3389/fvets.2022.1067383

Penionez, J. L. F., Ellar, G. M. L., Manzano, A. T., Mayakie, Z. A., Pandili, X. R., Fuerzas, C. P., & Cortes, J. R. (2026). Microalgal omega-3 oils in salmonid aquaculture: Nutritional, immunological, and sustainability perspectives beyond fish oil. *Frontiers in Aquaculture, 5*, Article 1880980. https://doi.org/10.3389/faquc.2026.1880980

Peralta-Sánchez, J. M., Rabelo-Ruiz, M., Martín-Platero, A. M., Arizcun, M., Galafat, A., Alarcón-López, F. J., & Martínez-Bueno, M. (2025). Effects of dietary inclusion of crude or hydrolyzed *Arthrospira platensis* on intestinal microbiota in gilthead seabream (*Sparus aurata*) fry. *Discover Animals, 2*(1), Article 99. https://doi.org/10.1007/s44338-025-00152-0

Pintado, J., Ruiz, P., Del Olmo, G., & Makridis, P. (2023). Co-culturing microalgae with Roseobacter clade bacteria as a strategy for Vibrionaceae control in microalgae-enriched *Artemia*. *Microorganisms, 11*(11), Article 2715. https://doi.org/10.3390/microorganisms11112715

Reitan, K. I., Rainuzzo, J. R., Øie, G., & Olsen, Y. (1997). A review of the nutritional effects of algae in marine fish larvae. *Aquaculture, 155*(1–4), 207–221. https://doi.org/10.1016/S0044-8486(97)00118-X

Ruban, G. I. (2020). Exogenous feeding in the early life stages of sturgeon (Acipenseridae). *Inland Water Biology, 13*(4), 613–619. https://doi.org/10.1134/S1995082920040094

Sarpanah, A., Pajand, Z., Yousefi, S., Hassani, M. H. S., Jourdehi, A. Y., Vaghei, R. G., Mohseni, M., Golalipour, Y., Hashemi, O., Monsef Shokri, M., & Sohrabi, T. (2026). Impact of different weaning strategies on growth indices, biochemical composition, and digestive enzyme activity in Stellate sturgeon (*Acipenser stellatus*) larvae. *Animal Feed Science and Technology, 336*, Article 116696. https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2026.116696

Skjermo, J., & Vadstein, O. (1993). Characterization of the bacterial flora of mass cultivated *Brachionus plicatilis*. *Hydrobiologia, 255*(1), 185–191. https://doi.org/10.1007/BF00025838

Skliros, D., Kostakou, M., Kokkari, C., Tsertou, M. I., Pavloudi, C., Zafeiropoulos, H., & Flemetakis, E. (2024). Unveiling emerging opportunistic fish pathogens in aquaculture: A comprehensive seasonal study of microbial composition in Mediterranean fish hatcheries. *Microorganisms, 12*(11), Article 2281. https://doi.org/10.3390/microorganisms12112281

Sorgeloos, P., Dhert, P., & Candreva, P. (2001). Use of the brine shrimp, *Artemia* spp., in marine fish larviculture. *Aquaculture, 200*(1–2), 147–159. https://doi.org/10.1016/S0044-8486(01)00698-6

Sultana, S., Biró, J., Kucska, B., & Hancz, C. (2024). Factors affecting yeast digestibility and immunostimulation in aquatic animals. *Animals, 14*(19), Article 2851. https://doi.org/10.3390/ani14192851

Tinh, N. T. N., Dierckens, K., Sorgeloos, P., & Bossier, P. (2008). A review of the functionality of probiotics in the larviculture food chain. *Marine Biotechnology, 10*(1), 1–12. https://doi.org/10.1007/s10126-007-9054-9

Tocher, D. R. (2010). Fatty acid requirements in ontogeny of marine and freshwater fish. *Aquaculture Research, 41*(5), 717–732. https://doi.org/10.1111/j.1365-2109.2008.02150.x

Vadstein, O., Attramadal, K. J., Bakke, I., Forberg, T., Olsen, Y., Verdegem, M., & Bossier, P. (2018). Managing the microbial community of marine fish larvae: A holistic perspective for larviculture. *Frontiers in Microbiology, 9*, Article 1820. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01820

Vijayaram, S., Ringø, E., Ghafarifarsani, H., Hoseinifar, S. H., Ahani, S., & Chou, C. C. (2024). Use of algae in aquaculture: A review. *Fishes, 9*(2), Article 63.

Vonshak, A. (Ed.). (1997). *Spirulina platensis (Arthrospira): Physiology, cell-biology and biotechnology*. Taylor & Francis.

Xing, S., Liang, X., Zhang, X., Oliva-Teles, A., Peres, H., Li, M., Wang, H., Mai, K., Kaushik, S. J., & Xue, M. (2024). Essential amino acid requirements of fish and crustaceans, a meta-analysis. *Reviews in Aquaculture*, 16(3), 1069–1086. https://doi.org/10.1111/raq.12886

Zhang, Z., Zhang, P., Su, K., Tan, P., Wang, L., Jiang, R., & Xu, D. (2025). *Schizochytrium* sp. as a promising *Artemia tibetiana* nauplii fortifier for yellow drum (*Nibea albiflora*) larviculture. *Aquaculture Reports, 42*, Article 102840.

Авторлар туралы мәлімет:

Дамыс Салауат (хат-хабар авторы) – PhD докторанты, зоология, гистология және цитология кафедрасы, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, әл-Фараби даңғылы (Алматы, Қазақстан, e-mail: salauat.damys@mail.ru).

Батаева Дарига Серікқызы – PhD, қауымдастырылған профессор міндетін атқарушы, Жаратылыстану институты, «Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті» КеАҚ, Әйтеке би көшесі (Алматы, Қазақстан, e-mail: batayeva.d@qyzpu.edu.kz).

Джумаханова Гаухар Бактияровна – PhD, ғылыми қызметкер, Ботаника және фитоинтродукция институты, Тимирязев көшесі (Алматы, Қазақстан, e-mail: Gkaznu@gmail.com).

Алимова Софиахан Тилешовна – PhD, доцент міндетін атқарушы, зоология, гистология және цитология кафедрасы, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, әл-Фараби даңғылы (Алматы, Қазақстан, e-mail: alimovasofiya@gmail.com).

Омарова Жанар Сағатовна – аға оқытушы, биология ғылымдарының кандидаты, зоология, гистология және цитология кафедрасы, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, әл-Фараби даңғылы (Алматы, Қазақстан, e-mail: omarova.zh19@gmail.com).

Алпер Йылдыз – PhD, ғылыми ассистент, Акдениз университетінің Балық шаруашылығы факультеті (Анталия, Түркия, e-mail: alperyildiz@akdeniz.edu.tr).

Information about the authors:

Damys Salauat (corresponding author) – PhD doctoral student, Department of Zoology, Histology and Cytology, Al-Farabi Kazakh National University, Al-Farabi Avenue (Almaty, Kazakhstan, e-mail: salauat.damys@mail.ru).

Dariga Serikkyzy Batayeva – PhD, Acting Associate Professor, Institute of Natural Sciences, Kazakh National Women's Teacher Training University, Aiteke Bi Street (Almaty, Kazakhstan, e-mail: batayeva.d@qyzpu.edu.kz).

Gaukhar Bakhtiyarovna Jumakhanova – PhD, Researcher, Institute of Botany and Phytointroduction, Timiryazev Street (Almaty, Kazakhstan, e-mail: Gkaznu@gmail.com).

Sofiakhan Tileshovna Alimova – PhD, Acting Associate Professor, Department of Zoology, histology and cytology, Al-Farabi Kazakh National University, Al-Farabi Avenue (Almaty, Kazakhstan, e-mail: alimovasofiya@gmail.com).

Zhanar Sagatovna Omarova – Senior Lecturer, Candidate of Biological Sciences, Department of Zoology, Histology and Cytology, Al-Farabi Kazakh National University, Al-Farabi Avenue (Almaty, Kazakhstan, e-mail: omarova.zh19@gmail.com).

Alper Yıldız – PhD, Research Assistant, Faculty of Fisheries, Akdeniz University (Antalya, Türkiye, e-mail: alperyildiz@akdeniz.edu.tr).

Сведения об авторах:

Дамыс Салауат (автор для корреспонденции) – PhD-докторант кафедры зоологии, гистологии и цитологии Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: salauat.damys@mail.ru).

Батаева Дарига Сериккызы – PhD, исполняющая обязанности ассоциированного профессора Института естествознания НАО «Казахский национальный женский педагогический университет» (Алматы, Казахстан, e-mail: batayeva.d@qyzpu.edu.kz).

Джумаханова Гаухар Бахтияровна – PhD, научный сотрудник Института ботаники и фитоинтродукции (Алматы, Казахстан, e-mail: Gkaznu@gmail.com).

Алимова Софиахан Тилешовна – PhD, и. о. доцента кафедры зоологии, гистологии и цитологии, Казахский национальный университет имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: alimovasofiya@gmail.com).

Омарова Жанар Сагатовна – старший преподаватель, кандидат биологических наук, кафедра зоологии, гистологии и цитологии Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: omarova.zh19@gmail.com).

Алпер Йылдыз – PhD, научный ассистент факультета рыбного хозяйства Университета Акдениз (Анталья, Турция, e-mail: alperyildiz@akdeniz.edu.tr).

Келіп түсті: 8 қаңтар 2026 жыл
Қайта жүктелді: 13 мамыр 2026 жыл
Қабылданды: 15 қыркүйек 2026 жыл

IRSTI 34.27.19 https://doi.org/10.26577/bb1083202612

Y.M. Gochmuradov[1], M.G. Gochmuradov[1], A.S. Damullayeva[2], T.A. Serikov[2]*, V.S. Sakhanin[1], G.A. Jamalova[2]

[1]P.S.UNIQUE LLP, Almaty, Kazakhstan
[2]Satbayev University, Almaty, Kazakhstan
* e-mail: s_tima@bk.ru

INFLUENCE OF PHYSICO-CHEMICAL FACTORS ON THE PROCESS OF *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* MASS FORMATION DURING CULTIVATION ON MODIFIED NUTRIENT MOLASSES

The aim of the study was to investigate the effect of physico-chemical factors on the process of *Saccharomyces cerevisiae* mass formation during cultivation on modified nutrient molasses. The composition of molasses and the production of *Saccharomyces cerevisiae* mass during cultivation are influenced by genetic, environmental and technological factors. Therefore, molasses from different manufacturers vary in their biological, environmental, and technological characteristics. Molasses from three manufacturers (Aksu-kant, Koksu-Kant and Cheremnovsky Sugar Plant) was used in the research. Chemical studies showed that they had relatively similar indicators in terms of specific gravity (1.38-1.39 kg/m3) and the amount of fermentable sugars (44.36-46.23), and in terms of the mass fraction of sucrose, molasses from the manufacturer «Koksu-Kant» showed the highest values in terms of direct polarization and sucrose content (50.4%; 44.82%, respectively), whereas the lowest values were observed for Aksu-Kant molasses (45.98%; 42.57%, respectively). All three types of molasses met the quality and biosafety requirements. The cultivation temperature of 34 °C and the pH of the molasses-based nutrient medium of 5.07 are the most favorable conditions for growth of *Saccharomyces cerevisiae* in culture. The maximum biomass accumulation of *Saccharomyces cerevisiae* during cultivation on modified molasses was obtained with the addition of vitamin B6 (42.1 g/l).

Keywords: *Saccharomyces cerevisiae*, aerobic cultivation, modified nutrient molasses, yeast biomass.

Ы.М. Гочмурадов[1], М.Г. Гочмурадов[1], А.С. Дамуллаева[2], Т.А. Сериков[2]*, В.С. Саханин[1], Г.А. Джамалова[2]

[1]ТОО «P.S.UNIQUE», Алматы, Қазақстан
[2]Satbayev University, Алматы, Қазақстан
* e-mail: s_tima@bk.ru

Модификацияланған қоректік мелассада өсіру кезінде *Saccharomyces cerevisiae* масса түзілу процесіне физика-химиялық факторлардың әсері

Зерттеудің мақсаты физика-химиялық факторлардың модификацияланған қоректік мелассада өсіру кезінде *Saccharomyces cerevisiae* масса түзілу процесіне әсерін зерттеу болды. Мелласса құрамы мен масса өндірісіне *Saccharomyces cerevisiae* өсіру кезінде генетикалық, экологиялық және технологиялық факторлар әсер етеді. Сондықтан әртүрлі өндірушілердің мелассасы биологиялық-экологиялық және технологиялық көрсеткіштер бойынша айырмашылықтарға ие. Зерттеулерде үш өндірушінің мелассасы қолданылды (“Ақсу-кант”,” Көксу-кант “ және “Черемновский қант зауыты”). Химиялық зерттеулер олардың меншікті салмағы (1,38-1,39 кг/м3) және ашытылған қанттардың қосындысы (44,36-46,23) бойынша салыстырмалы түрде ұқсас көрсеткіштерге ие екенін көрсетті, ал тікелей поляризация мен сахароза құрамындағы сахарозаның массалық үлесі бойынша “Кокс-кант” өндірушісінің мелассасы (тиісінше 50,4 %; 44,82 %), ал ең кішісі – “Ақсу-кант” мелассасы (тиісінше 45,98 %; 42,57%). Мелассаның барлық үш түрі сапа-биоқауіпсіздік талаптарына сәйкестігін көрсетті. Мәдениеттегі *Saccharomyces cerevisiae* дамуы үшін ең қолайлы-мелласса негізіндегі өсіру температурасы 34 °С және қоректік ортаның pH 5,07. Модификацияланған мелассада өсіру кезінде *Saccharomyces cerevisiae* массасының максималды жинақталуы B6 дәрумені (42,1 г/л) қосылған кезде алынды.

Түйін сөздер: *Saccharomyces cerevisiae*, аэробты өсіру, өзгертілген қоректік мелласса, ашытқы биомассасы.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

Ы.М. Гочмурадов[1], М.Г. Гочмурадов[1], А.С. Дамуллаева[2],
Т.А. Сериков[2*], В.С. Саханин[1], Г.А. Джамалова[2]
[1]ТОО «P.S.UNIQUE», Алматы, Казахстан
[2]Satbayev University, Алматы, Казахстан
*e-mail: s_tima@bk.ru

Влияние физико-химических факторов на процесс массообразования *Saccharomyces Cerevisiae* при культивировании на модифицированной питательной мелассе

Целью исследования было изучение влияния физико-химических факторов на процесс массообразования *Saccharomyces cerevisiae* при культивировании на модифицированной питательной мелассе. На состав мелассы и производство массы *Saccharomyces cerevisiae* при культивировании влияют генетические, экологические и технологические факторы. Поэтому меласса от разных производителей имеет различия по биолого-экологическим и технологическим показателям. В исследованиях использовалась меласса от трёх производителей («Аксу-кант», «Коксу-кант» и «Черемновский сахарный завод»). Химические исследования показали, что они имели относительно схожие показатели по удельному весу (1,38–1,39 кг/м^3) и сумме сбраживаемых сахаров (44,36–46,23), а по массовой доле сахарозы по прямой поляризации и содержанию сахарозы наибольшее значение имела меласса от производителя «Коксу-кант» (50,4 %; 44,82 % соответственно), а наименьшее – меласса «Аксу-кант» (45,98 %; 42,57 % соответственно). Все три вида мелассы показали соответствие по требованиям качества – биобезопасности. Наиболее благоприятным для развития *Saccharomyces cerevisiae* в культуре служат температура культивирования 34 °С и pH питательной среды на основе мелассы 5,07. Максимальное накопление массы *Saccharomyces cerevisiae* при культивировании на модифицированной мелассе было получено с добавлением витамина В6 (42,1 г/л).

Ключевые слова: *Saccharomyces cerevisiae*, аэробное культивирование, модифицированная питательная меласса, биомасса дрожжей.

Introduction

Relevance. Yeast production is a key segment of the food industry (production of food additives, bakery, and alcoholic beverages) as well as feed manufacturing. Therefore, optimizing the composition of molasses-based culture media is important for improving the efficiency of *S. cerevisiae* biomass production.

Sugar beet molasses, a by-product of sugar production, contains a total of 45–55% sucrose, glucose, fructose, raffinose, melibiose, and galactose (Kassa et al., 2024). In 2024, sugar beet yield in Kazakhstan reached 54 t/ha. A total of 549 thousand tons of sugar beet were produced from an area of 10 thousand hectares, of which 432 thousand tons were delivered for processing (Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan, 2024). Considering that 7 tons of sugar beet yield 0.25–0.35 tons of molasses (Schmid et al., 2019), or that 100 kg of processed plant raw material yield 3.5–4.5 kg of molasses (Ahmed, 2017), it can be concluded that in 2024 Kazakhstan's sugar factories produced between 15.1–19.4 thousand and 15.4–21.6 thousand tons of molasses. Because molasses can be stored at temperatures of up to 45°C, the use of molasses at yeast and feed plants as a nutrient medium for *Saccharomyces cerevisiae* biomass production is economically efficient.

Objective. To study the effect of physicochemical factors on the biomass accumulation process of *Saccharomyces cerevisiae* when cultivated on modified molasses-based nutrient media.

Tasks: To study the physicochemical and microbiological properties of molasses from three producers: «Aksu-Kant», «Koksu-Kant», and «Cheremnovsky Sugar Plant»; To study the effect of physicochemical factors on the growth characteristics of *Saccharomyces cerevisiae* during cultivation; To determine biomass accumulation of yeast when cultivated on modified molasses.

Scientific and practical significance. Studying the influence of physicochemical factors (temperature, pH) on the biomass accumulation process of *Saccharomyces cerevisiae* when cultivated on modified molasses-based nutrient media will make it possible to determine the optimal composition of the nutrient medium and the optimal cultivation regime, thereby improving the productivity of *Saccharomyces cerevisiae.*

Materials and methods

The materials for this study were *Saccharomyces cerevisiae* and molasses from three manufacturers: «Aksu-Kant», «Koksu-Kant», and «Cheremnovsky Sugar Plant».

Sampling of sugar beet molasses, determination of organoleptic characteristics, pH, and mass fraction of sucrose by direct polarization were carried out in accordance with GOST 30561-2017 (2017). The total fermentable sugars, sucrose content, and invert sugar content were determined according to the procedure described by Uprkhleb Minpishcheproma SSSR (1984). The specific gravity of molasses was determined according to GOST 18995.1-73 (1973).

The collected molasses samples were analyzed using microbiological methods to determine the presence of wild yeasts and molds (GOST 10444.12-2013, 2013), mesophilic aerobic and facultative-anaerobic microorganisms (CFU) (GOST 10444.15-94, 1994), and coliform bacteria (CB) (GOST 31747-2012, 2012) using the following agar media: Lysine, Sabouraud, Meat-Peptone Agar (MPA), and Endo agar, respectively. The content of nitrite-producing bacteria (NPB) in molasses was determined in accordance with GOST 32257-2013 (2013). Biomass accumulation by yeast during cultivation on modified molasses was carried out according to the procedure described by Uprkhleb Minpishcheproma SSSR (1984).

Results and discussion

Physicochemical and Microbiological Characteristics of Molasses

According to organoleptic parameters (appearance, color, odor, solubility in water), molasses from the three manufacturers – «Aksu-Kant», «Koksu-Kant» and «Cheremnovsky Sugar Plant» (Figure 1) – complied with the requirements of GOST 30561-2017 (thick and viscous, dark brown in color, with no foreign odor).

The results of physicochemical analyses of molasses are presented in Table 1.

As can be seen from Table 1, the physicochemical parameters of molasses from the three manufacturers are relatively similar in terms of specific gravity (1.38–1.39 kg/m³) and total fermentable sugars (44.36–46.23). However, the following differences were observed:

- pH: Molasses from «Aksu-Kant» exhibited a slightly acidic value (6.98), while molasses from «Koksu-Kant» and «Cheremnovsky Sugar Plant» showed alkaline values (8.13 and 7.65, respectively).

- mass fraction of sucrose (by direct polarization) and sucrose content: The highest values were found in molasses from «Koksu-Kant» (50.4% and 44.82%, respectively), whereas the lowest were observed in molasses from «Aksu-Kant» (45.98% and 42.57%, respectively).

- invert sugar: Molasses from «Aksu-Kant» contained higher levels of invert sugar (1.74%) compared to molasses from «Koksu-Kant» (0.32%) and «Cheremnovsky Sugar Plant» (0.25%).

Figure 1
Study of organoleptic characteristics of molasses from three manufacturers: «Aksu-Kant», «Koksu-Kant» and «Cheremnovsky Sugar Plant».



In addition to the above, it should be noted that variability among the three types of molasses was almost negligible (from 0 to 4.2%) for such parameters as specific gravity (0–0.59%), pH value (0–4.2%), mass fraction of sucrose (0.4–1.4%), total fermentable sugars (0.6–1.8%), and sucrose content (0.8–1.7%). For invert sugar content, the variability was low (9.4–24.9%).

Table 1
Physicochemical characteristics of molasses

Physicochemical indicator	Statistical indicator	Sugar Plant		
		«Aksu-Kant»	«Koksu-Kant»	«Cheremnovsky Sugar Plant»
Specific gravity	$\bar{X} \pm m_{\bar{x}}$, kg/m^3	1,38	1,39 ± 0,004	1,39 ± 0,005
	C_v, %	0	0,47	0,59
pH value	$\bar{X} \pm m_{\bar{x}}$	6,98	8,13 ± 0,20	7,65 ± 0,10
	C_v, %	0	4,2	2,4
Mass fraction of sucrose (direct polarization)	$\bar{X} \pm m_{\bar{x}}$, %	45,98 ± 0,10	50,4 ± 0,3	49,48 ± 0,40
	C_v, %	0,4	1,2	1,4
Total fermentable sugars	$\bar{X} \pm m_{\bar{x}}$, %	44,36 ± 1,02	46,23 ± 0,22	45,70 ± 0,15
	C_v, %	1,8	0,8	0,6
Sucrose content	$\bar{X} \pm m_{\bar{x}}$, %	42,57 ± 0,36	44,82 ± 0,21	44,03 ± 0,44
	C_v, %	1,5	0,8	1,7
Invert sugar content	$\bar{X} \pm m_{\bar{x}}$, %	1,74 ± 0,08	0,32 ± 0,02	0,25 ± 0,04
	C_v, %	9,4	9,5	24,9

The composition of molasses is influenced by genetic factors (sugar beet variety), ecological and geographical factors (climatic, geographical, and soil conditions), and technological factors (production season, agronomic conditions of sugar beet cultivation, processing methods, and storage conditions of molasses). Therefore, molasses from different manufacturers differs in taste, color, viscosity, and nutrient composition.

Table 2
Microbiological characteristics of molasses

Microbial contamination, CFU	Sugar Plant		
	«Aksu-Kant»	«Koksu-Kant»	«Cheremnovsky Sugar Plant»
Mesophilic aerobic and facultative-anaerobic microorganisms	75	48	23
Molds / Yeasts	2/2	-	9/-
Wild yeasts	-	-	-
Coliforms	-	-	-
Nitrite-forming bacteria (NFB)	-	-	-

As can be seen, the parameters presented in Table 1 meet the requirements of the standards (GOST 10444.12-2013, 2013; GOST 30561-2017, 2017) applicable to molasses.

Microbiological control of molasses is necessary to ensure biosafety during yeast biomass production.

Molasses, as an object of control, is tested for the presence of mesophilic aerobic and facultative anaerobic microorganisms (MAFAM), which allows detection of violations in molasses storage technology (Moiseyak et al., 2022); coliform bacteria (BGC), which serve as sanitary indicators of potential contamination (Martin et al., 2016)

and are capable of fermenting lactose with acid and gas formation at 32–35 °C (Davidson et al., 2004); their presence in raw material at levels of 1,000–5,000 cells/g can reduce yeast reproduction and weaken fermentation activity (Ponomareva, 2008); and mold fungi, whose presence indicates contamination and potential mycotoxin production (SanPiN 2.3.2.1078-01, 2004; TR TS 021/2011, 2011).

The presence of nitrites in molasses can be determined, according to GOST 32257-2013 (2013), by detecting nitrite-forming bacteria (NFB). It is known that nitrites are extremely toxic (Chamandoost et al., 2016). A concentration of 0.0005% in the medium inhibits normal yeast budding; 0.004% leads to a 40–50% reduction in yeast biomass accumulation; and 0.02% not only almost completely suppresses yeast growth and reproduction but also causes partial cell death (Eknikom et al., 2022; Saratovskiy GAU, 2016).

Microbiological studies showed, as presented in Table 2, that wild yeasts, coliform bacteria, and nitrite-forming bacteria were absent in all three types of molasses. Mold fungi were detected (no more than 10 colonies) in molasses from the «Aksu-Kant» and «Cheremnovsky Sugar Plant» producers, while in molasses from «Koksu-Kant» no mold fungi were found.

MAFAM contamination in the three types of molasses was determined at the following levels: 23 colonies («Cheremnovsky Sugar Plant»), 48 («Koksu-Kant»), and 75 («Aksu-Kant»).

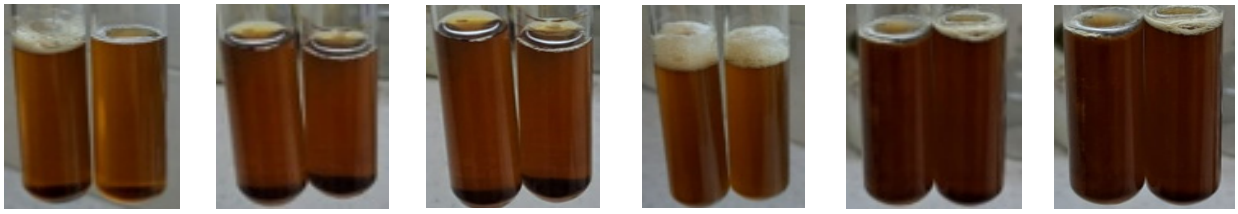
The obtained results indicate that all three types of molasses meet biosafety quality requirements (SanPiN 2.3.2.1078-01, 2004; TR TS 021/2011, 2011).

Influence of Physicochemical Factors on the Growth Characteristics of Saccharomyces cerevisiae During Cultivation on Sterile Molasses

Figures 2 and 3 present photographic images showing the results of 72-hour yeast cultivation depending on the medium's pH (5.07; 7.8) and temperature regime (34 °C, 37 °C).

Figure 2

Yeast cultivation at 34 °C on the first (A1, A2; B1, B2), second (A3, A4; B3, B4), and third (A5, A6; B5, B6) day of subculturing at pH 5.07 (a: A1, A2, A3, A4, A5, A6) and pH 7.8 (b: B1, B2, B3, B4, B5, B6)

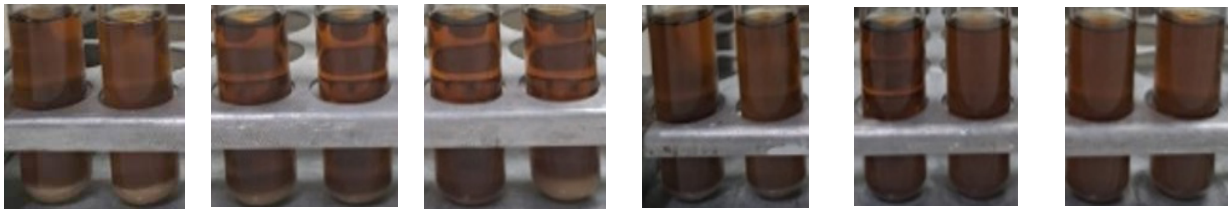


A1, A2 A3, A4 A5, A6 B1, B2 B3, B4 B5, B6

a) b)

Figure 3

Yeast cultivation at 37 °C on the first (C1, C2; D1, D2), second (C3, C4; D3, D4), and third (C5, C6; D5, D6) day of subculturing at pH 5.07 (a: D1, D2, D3, D4, D5, D6) and pH 7.8 (b: C1, C2, C3, C4, C5, C6)



D1, D2 D3, D4 D5, D6 C1, C2 C3, C4 C5, C6

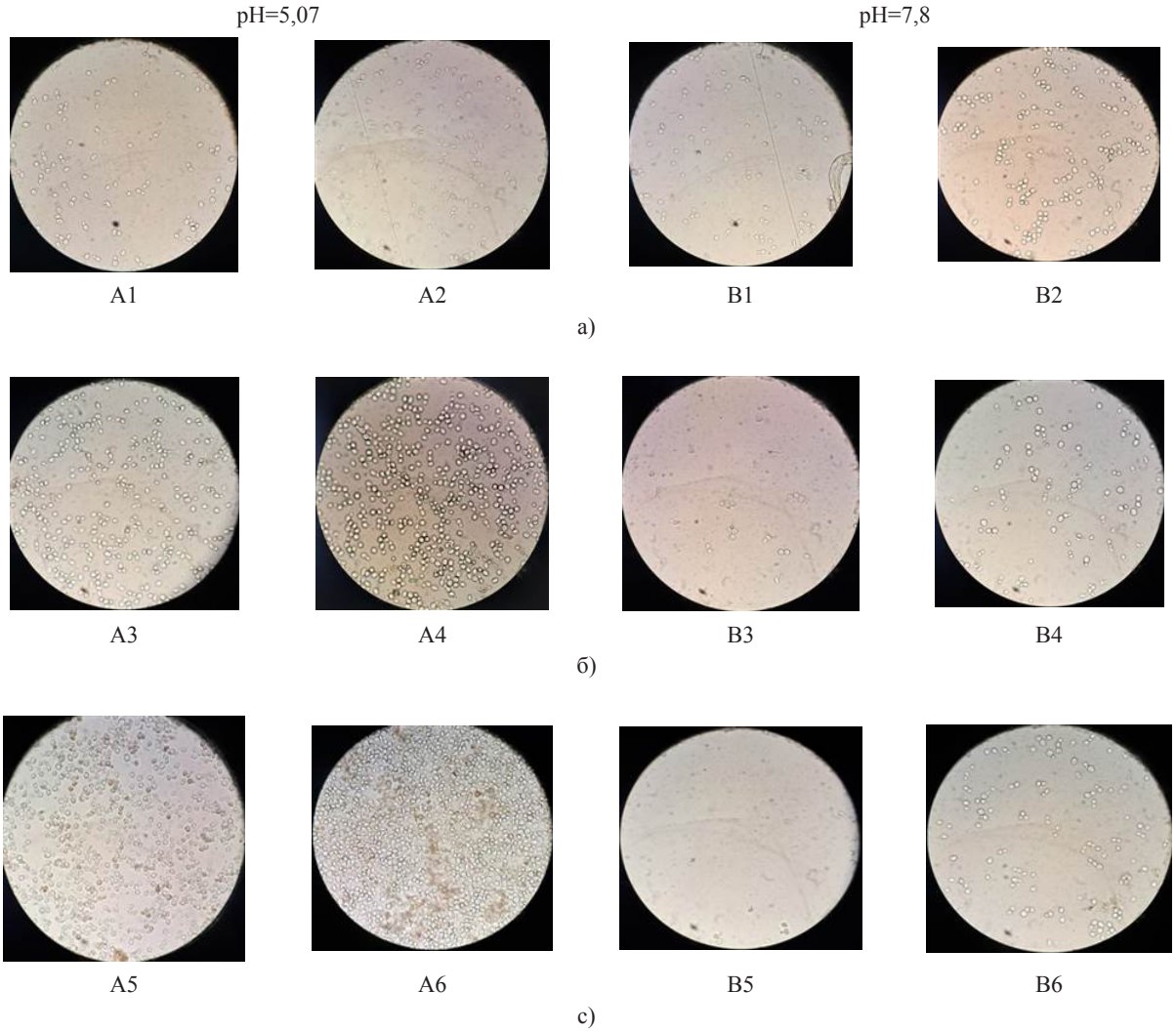
a) b)

Yeast was cultivated at 34 °C (Figure 2) and 37 °C (Figure 3) in molasses-based nutrient media at pH 5.07 and 7.8. As observed in the photographic images in Figure 2, foam formation was more pronounced during the first (A1, B1, B2) and second days (B1, B2) of cultivation, indicating high yeast activity at these stages. In contrast, under the 37 °C regime (Figure 3), foam formation was minimal. With each subsequent subculturing step, the foam volume gradually decreased across all media in series A, B, C, and D. This decline is associated with nutrient depletion during cultivation, accumulation of metabolic by-products, and reduced yeast cell activity. In experiments from series A and D (pH 5.07), sediment formation was observed in the tubes due to acidification of the medium by the addition of ammonium and orthophosphoric acids. These additions disrupted the ionic balance, contributing to cell precipitation. In contrast, no sediment formation was observed in experiments from series B and C (pH 7.8). These results suggest that foam formation is influenced not only by cultivation temperature and medium acidity but also by the degree of substrate consumption.

Photographic images in Figures 4 (34 °C) and 5 (37 °C), as well as data presented in Tables 3 (34 °C) and 4 (37 °C), provide further evidence of the growth characteristics of yeast in the investigated nutrient media.

Figure 4

Yeast growth at pH 5.0 (experiment group A) and pH 7.8 (experiment group B) on the first (a), second (b), and third (c) day of molasses subculturing



As shown in the photographic images in Figures 4 and 5, the surface of the solid nutrient medium during cultivation was more actively colonized by yeast at a temperature of 34 °C and pH 5.07 (experiment series A) compared to pH 7.8 (series B). A similar result was observed for yeast cultivated at 37 °C in experiment series D (pH 5.07), in comparison with series C (pH 7.8).

Overall, yeast cells were able to adapt to the tested temperature values (34 °C, 37 °C) and pH levels (5.07, 7.8); however, the most favorable conditions for their development were 34 °C and pH 5.07.

When comparing the temperature regimes (34 °C vs. 37 °C) and experiment series A and D at pH 5.07, a more pronounced and intensive yeast cell growth was observed under the conditions of 34 °C and pH 5.07 (series A).

In the study by Wasungu and Simard (1982), the continuous growth of baker's yeast was examined under temperatures ranging from 15 °C to 40 °C and pH values from 2.5 to 6.0 under steady-state conditions in 1% ethanol. The results showed that 30 °C and pH 4.5 were optimal, as they yielded the highest growth compared to other experimental conditions.

Yalcin and Ozbas (2008) demonstrated that high specific growth rates and dry cell mass of baker's yeast were achieved at 30 °C and pH 4.0.

In our study, under locally defined conditions, the temperature of 34 °C and pH 5.07 were found to be optimal for increasing the specific growth rate of baker's yeast.

Figure 5

Yeast growth at pH 5.0 (experiment group D) and pH 7.8 (experiment group C) on the first (a), second (b), and third (c) day of molasses subculturing at 37 °C

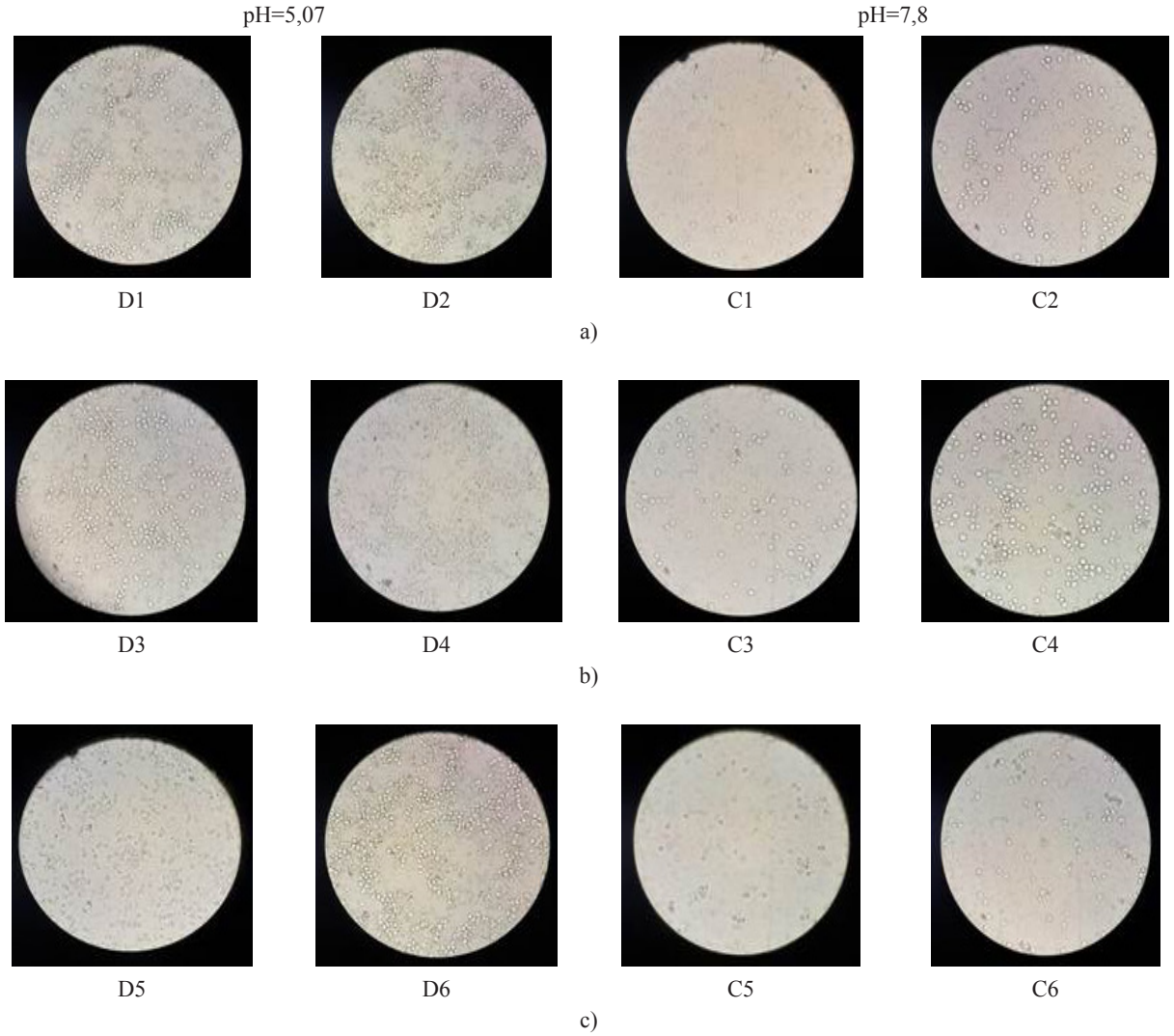


Table 3
Growth characteristics of Saccharomyces cerevisiae on different subculturing days at 34 °C

Group	pH	Subculturing Day					
		First		Second		Third	
		Subgroup	Cell morphology description	Subgroup	Cell morphology description	Subgroup	Cell morphology description
A	5,07	A1	Small, round, uniform	A3	Small, round, uniform	A5	Many well-developed budding cells. Some dead cells observed
		A2	Small, round, uniform. Some large cells observed	A4	Large, uniform	A6	Many well-developed budding cells. Some dead cells observed
B	7,8	B1	Round, uniform	B3	Small and large cells	B5	Underdeveloped with small buds
		B2	Large budding cells	B4	Many single large budding cells	B6	Small

Table 4
Growth characteristics of Saccharomyces cerevisiae on different subculturing days at 37 °C

Group	pH	Subculturing Day					
		First		Second		Third	
		Subgroup	Cell morphology description	Subgroup	Cell morphology description	Subgroup	Cell morphology description
D	5,07	D1	Predominantly small, round cells; few cells with small buds	D3	Cells are round, oval, medium-sized. Some large oval cells observed, most with clearly visible buds	D5	Many oval, medium- and large-sized cells. Budding is actively expressed, buds are larger. Some dead cells observed
		D2		D4		D6	
C	7,8	C1	Small and round cells; budding weakly expressed	C3	Small and large budding cells	C5	Small cells; some dead cells present
		C2		C4		C6	

At the next stage of the research, as shown in Tables 3 and 4, the growth characteristics of *Saccharomyces cerevisiae* on different days of cultivation at different temperatures (34 °C, 37 °C) and pH (5.07; 7.8) were studied:

1) at the initial stage of growth (after 24 hours of cultivation), when adaptation to the environment occurs, the studied yeast cells at a temperature of:

- 34 °C were small and rounded (pH 5.07) and large budding (pH 7.8),
- 37 °C were small and rounded (pH 7.8), but there were also cells with small buds (pH 5.07);

2) during the active reproduction phase (after 48 hours of cultivation), the yeast cells studied at a temperature of

- 34 °C was small (A3) at pH 5.07, but large homogeneous (A4) cells were also found, and at pH 7.8, small and large with particulate inclusions (B3) and single large cells (B4),
- 37 °C, both small and large cells with particulate inclusions were found, while there were many single large cells in the field of view (pH 7.8: D3, D4), as well as numerous round and oval cells of medium to large size with clearly visible buds (pH 5.07: C3, C4);

3) at the peak of the lag phase of growth, the yeast under study showed active division at temperatures of

- 34 °C at pH 5.07, many swollen, developed cells and dead cells (A5, A6) were found, and at pH

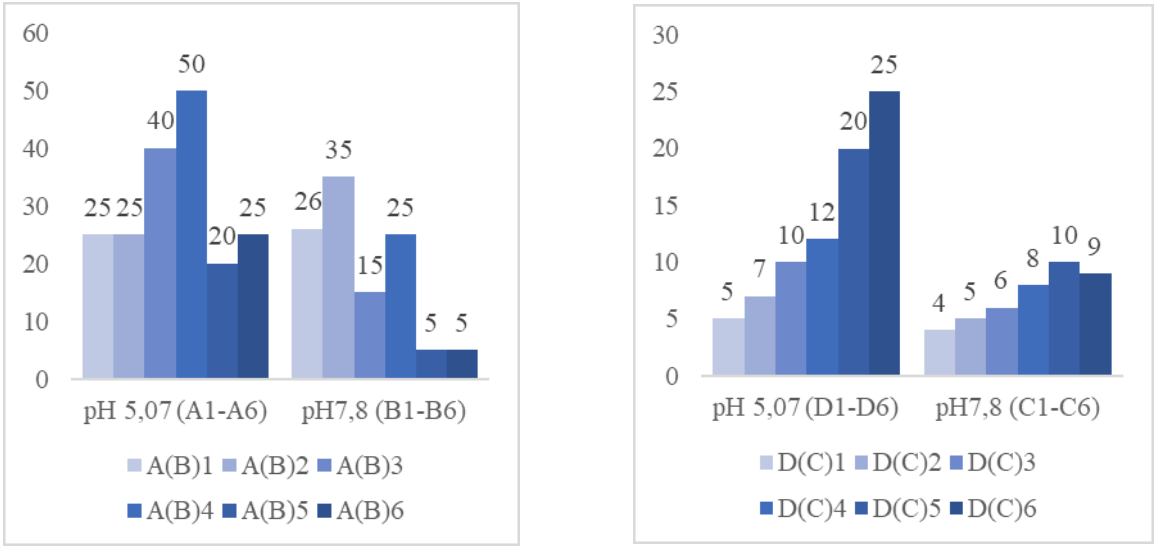
7.8, underdeveloped with small buds (B5) and small (B6);

- 37 °C oval, medium and large cells were found, while budding was actively expressed and the buds were large, swollen and dead (pH 5.07: D5, D6), small and dead (pH 7.8: C5, C6).

As a result of the analysis of bioassays, it was revealed that the yeast reaches optimal growth on the 3rd day of re-cultivation at pH 5.07. Yeast growth at pH 7.8 on the first day of subculturing was abundant, but with each subsequent subculturing, yeast reproduction became slow and low yeast growth was observed, and there were more dead cells. There were fewer budding cells under two pH regimes (5.07; 7.8) by the third subculturing.

Figure 6

Budding rate of Saccharomyces cerevisiae on different subculturing days at temperatures of 34 °C (a) and 37 °C (b), and at pH 5.07 and 7.8



a) b)

The x-axis represents experimental groups at pH 5.07 and 7.8 at 34 °C (a) and 37 °C (b); subgroups 1–2, 3–4, and 5–6 correspond to the first, second, and third days of subculturing, respectively. The y-axis represents the proportion of budding cells (% of the total cell population).

According to the study by Meledina and Davydenko (2015), the obtained yeast cells met the morphological requirements–oval and round cell shapes with clear and smooth contours–as well as the expected budding rate. In the active growth phase (A4, B4), the proportion of budding cells was no less than 40–50% of the total population (Figure 6). A low percentage of budding cells in the active growth phase (below 40%) may indicate reduced metabolic activity or unfavorable cultivation conditions. As shown in Figure 6 (b), the budding rate of yeast cultivated at 37 °C was lower compared to that of yeast grown at 34 °C.

In terms of organoleptic properties, the yeast produced during cultivation met the requirements of GOST 171-81 (1981): they exhibited a uniform light creamy color, had a dense and friable texture, and possessed a characteristic yeast-specific aroma and taste.

Biomass Accumulation by Yeast During Cultivation on Modified Molasses

Yeast biomass accumulation during cultivation on modified molasses was assessed by filtering the cells.

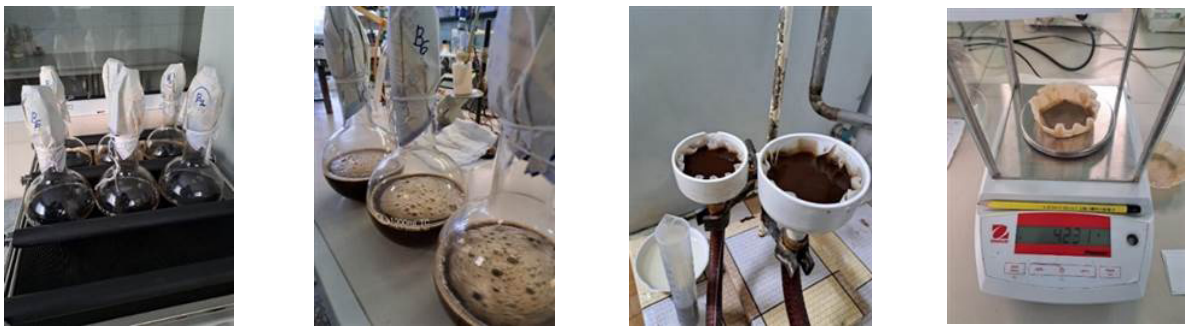
The modified sterile molasses, diluted with distilled water to a volume of 3 L, had a density of 17°Bx and contained the following components: 27 g NaCl, 0.25 g $MgSO_4$, 0.25 g Zn, and 0.0025 g $C_4H_6O_4$. Depending on the vitamin added, two experimental variants were used: a medium supplemented with vitamin B1 and a medium supplement-

ed with vitamin B6. The control medium consisted of sterile molasses without any additives.

The prepared media were inoculated with yeast and cultivated on a shaker for 24 hours (Figure 7, a).

After 24 hours of cultivation, the yeast biomass concentration was determined using a Büchner funnel (Figure 7, b), assessing the effect of vitamin supplementation on biomass accumulation in the medium. Biomass collection on the Büchner funnel took 15–20 minutes, after which the collected mass was weighed using analytical scales (Table 5).

Figure 7
Cultivation of Saccharomyces cerevisiae on modified molasses



a) Yeast cultivation

b) Determination of yeast biomass accumulation

The growth of *Saccharomyces cerevisiae* in molasses-based media at pH = 5.07–without vitamins (a), with the addition of vitamin B1 (b), and with vitamin B6 (c)–is shown in Figure 8.

Based on the results presented in Figure 8 and Table 5, the following conclusions can be drawn:

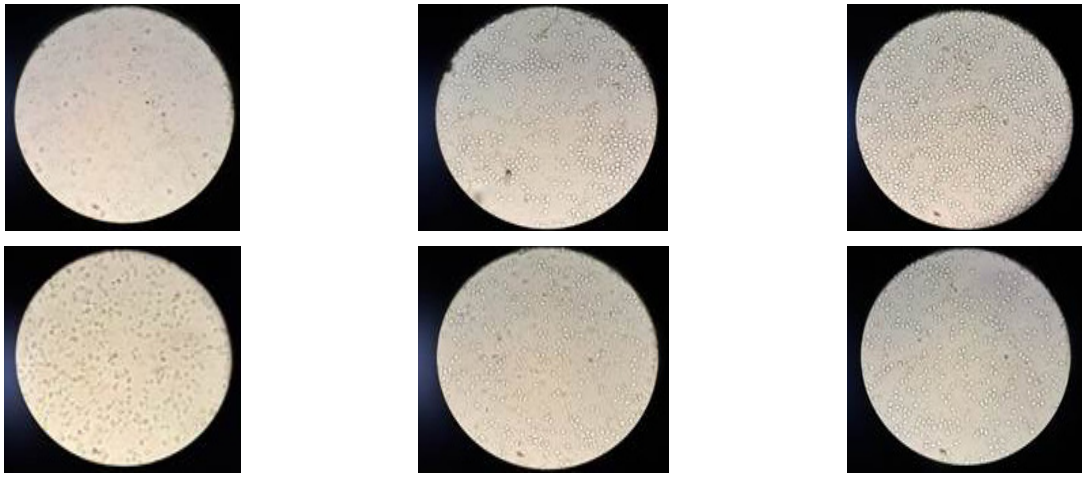
1) Modified media supplemented with vitamins yielded a higher biomass compared to the control group: 37.8 and 42.1 g/L versus 30.7 g/L, respectively;

2) Vitamin B6 resulted in the highest yeast biomass production (42.1 ± 5.4 g/L), compared to vitamin B1 (37.8 ± 3.2 g/L);

3) In media without additives, yeast cells appeared smaller, whereas in vitamin-enriched media, the cells exhibited larger morphological forms.

As shown, the best results were achieved with yeast cultivated in the modified medium supplemented with vitamin B6 (pyridoxine).

Figure 8
Growth of Saccharomyces cerevisiae in molasses-based media at pH = 5.07 without additives (a) and with the addition of vitamins B1 (b) and B6 (c)



a) b) c)

Table 5
Biomass formation of Saccharomyces cerevisiae during cultivation on modified molasses

Modified medium	Indicator	
	Statistical parameter	Experimentally obtained value
Control	$\bar{X} \pm m_{\bar{X}}$, g/l	30,7 ± 1,9
	C_v, %	10
With vitamin B1 (thiamine)	$\bar{X} \pm m_{\bar{X}}$, g/l	37,8 ± 3,2
	C_v, %	10
With vitamin B6 (pyridoxine)	$\bar{X} \pm m_{\bar{X}}$, g/l	42,1 ± 5,4
	C_v, %	20

Thus, aerobic cultivation on a modified nutrient medium based on beet molasses enables a high biomass yield of *Saccharomyces cerevisiae*. Under aerobic conditions, the biomass yield per cell can reach up to 0.5 g^{-1}. With an initial inoculation of 20 g/L, the final yeast concentration may reach 55–60 g/L (George et al., 1998; Martin & Chan, 2024).

In the study by Nasr and Zaky (2011), biomass production during cultivation in a medium with pH 5.0 on a shaker at 30 °C and 200 rpm for 3 days demonstrated that an initial yeast concentration of 10^3–10^4 CFU/mL was the most optimal for achieving higher biomass yield. In another study (Jamir et al., 2021), it was found that further optimization of medium components significantly enhanced biomass production of *Saccharomyces cerevisiae.*

Conclusion

The research was aimed at studying the influence of physico-chemical factors on the process of *Saccharomyces cerevisiae* mass formation during cultivation on modified nutrient molasses. Analysis of the physicochemical properties of molasses from three manufacturers – Aksu-Kant, Koksu-Kant, and Cheremnovsky Sugar Plant – showed relatively similar specific gravity (1.38–1.39 kg/m^3) and total fermentable sugar content (44.36–46.23%). Koksu-Kant molasses showed the highest mass fraction of sucrose determined by direct polarization (50.4%) and the highest sucrose content (44.82%), whereas the lowest values were observed for Aksu-Kant molasses (45.98% and 42.57%, respectively). The invert sugar content in Aksu-kant molasses had higher values (1.74%) compared to molasses from the manufacturers Koksu-kant (0.32%) and Cheremnov Sugar Factory (0.25%).

Microbiological studies have shown the absence of wild yeast, BGCP and nitrite-forming bacteria in any of the three molasses samples. The content of mold fungi was recorded (no more than 10 colonies) for molasses from the manufacturers Aksu-kant and Cheremnovsky Sugar Plant, and no mold fungi were found in the molasses of Koksu-kant. The CMFAM contamination for the three molasses samples was determined at the level of 23 (Cheremnov Sugar Factory), 48 (Koksu-kant) and 75 (Aksu-kant) colonies. The results obtained indicate that all three types of molasses comply with biosafety quality requirements. The study of the influence of physico-chemical factors (temperature, pH) on the growth characteristics of *Saccharomyces cerevisiae* during their cultivation showed that 34 °C and pH 5.07 are the most favorable for their development. Studying the process of accumulation of biomass by yeast during their cultivation on modified molasses, it was shown that the highest biomass yield was obtained with the addition of vitamin B6 (pyridoxine): 42.1 g /l compared with vitamin B1 (37.8 g/l) and control (30.7 g/l).

Funding

The work was funded by P.S.UNIQUE LLP (Protocol No. 01 dated 04/03/2025) under the initiative research program based on BIOTRON GROUP LLP. (the project's state registration number is No. 0125RKI0104).

Author Contributions

G.A. Jamalova: Conceptualization, Methodology, Supervision, Project Administration, Validation, Writing – Review & Editing; Y.M. Gochmuradov: Conceptualization, Investigation, Resources, Funding Acquisition, Project Administration, writing – Original Draft Preparation, Writing – Review & Editing; M.G. Gochmuradov: Methodology, Investigation, Formal Analysis, Resources, Validation, Writing – Review & Editing; V.S. Sakhanin: Investigation, Data Curation, Formal Analysis, Visualization; T.A. Serikov: Investigation, Data Curation, Visualization, Writing – Original Draft Preparation; A.S. Damullayeva: Investigation, Data Curation, Visualization.

References

Ahmed, S. M. H. (2017). *Impact of added graded levels of sugar cane molasses to drink water on performance of broiler chicks* [Master's thesis, Sudan University of Science and Technology]. Sudan University of Science and Technology Repository. http://repository.sustech.edu/handle/123456789/18497

Chamandoost, S., Moradi, M., & Hosseini, M.-J. (2016). A review of nitrate and nitrite toxicity in foods. *Journal of Human, Environment, and Health Promotion, 1*, 80–86. https://doi.org/10.29252/jhehp.1.2.80

Davidson, P. M., Roth, L. A., & Gambrel-Lenarz, S. A. (2004). Coliform and other indicator bacteria. In H. M. Wehr & J. F. Frank (Eds.), *Standard methods for the examination of dairy products* (17th ed., pp. 187–227). American Public Health Association.

Eknikom, S., Nasuno, R., & Takagi, H. (2022). Molecular mechanism of ethanol fermentation inhibition via protein tyrosine nitration of pyruvate decarboxylase by reactive nitrogen species in yeast. *Scientific Reports, 12*, 4664. https://doi.org/10.1038/s41598-022-08568-4

George, S., Larsson, G., Olsson, K., & Enfors, S. O. (1998). Comparison of the baker's yeast process performance in laboratory and production scale. *Bioprocess Engineering, 18*(2), 135–142. https://doi.org/10.1007/PL00008979

GOST 10444.12-2013. (2013). *Mikrobiologiya pishchevykh produktov i kormov dlya zhivotnykh. Metod vyyavleniya i podscheta kolichestva drozhzhey i plesnevykh gribov [Microbiology of food and animal feeding stuffs. Method for detection and enumeration of yeasts and moulds]*.

GOST 10444.15-94. (1994). *Produkty pishchevye. Metody opredeleniya kolichestva mezofilnykh aerobnykh i fakultativno-anaerobnykh mikroorganizmov [Food products. Methods for determination of mesophilic aerobic and facultative anaerobic microorganisms]*.

GOST 171-81. (1981). *Drozhzhi khlebopekarnye pressovannye [Compressed baker's yeast]*.

GOST 18995.1-73. (1973). *Produkty khimicheskie zhidkie. Metody opredeleniya plotnosti [Chemical liquid products. Methods for determination of density]*.

GOST 30561-2017. (2017). *Melassa sveklovichnaya. Tekhnicheskie usloviya [Beet molasses. Technical specifications]*.

GOST 31747-2012. (2012). *Produkty pishchevye. Metody vyyavleniya i opredeleniya kolichestva bakteriy gruppy kishechnoy palochki (koliformnykh bakteriy) [Food products. Methods for detection and enumeration of coliform bacteria]*.

GOST 32257-2013. (2013). *Moloko i molochnaya produktsiya. Metod opredeleniya nitratov i nitritov [Milk and dairy products. Method for determination of nitrates and nitrites]*.

Jamir, L., Kumar, V., Kaur, J., Kumar, S., & Singh, H. (2021). Composition, valorization and therapeutical potential of molasses: A critical review. *Environmental Technology Reviews, 10*(1), 131–142. https://doi.org/10.1080/21622515.2021.1892203

Kassa, M. G., Asemu, A. M., Belachew, M. T., Satheesh, N., Abera, B. D., & Teferi, D. A. (2024). Review on the application, health usage, and negative effects of molasses. *CyTA – Journal of Food, 22*(1), 2321984. https://doi.org/10.1080/19476337.2024.2321984

Martin, G., & Chan, S. (2024). Future production of yeast biomass for sustainable proteins: A critical review. *Sustainable Food Technology, 2*, 1592–1609. https://doi.org/10.1039/D4FB00164H

Martin, N. H., Trmčić, A., Hsieh, T.-H., Boor, K. J., & Wiedmann, M. (2016). The evolving role of coliforms as indicators of unhygienic processing conditions in dairy foods. *Frontiers in Microbiology, 7*, 1549. https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01549

Meledina, T. V., & Davydenko, S. G. (2015). *Drozhzhi Saccharomyces cerevisiae: morfologiya, khimicheskiy sostav, metabolizm: Uchebnoe posobie [Yeast Saccharomyces cerevisiae: Morphology, chemical composition, metabolism: Study guide]*. ITMO University.

Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan. (2024, October 23). *V 2024 godu ozhidaetsya rekordnyy urozhay sakharnoy svekly [A record sugar beet harvest is expected in 2024]*. Government of the Republic of Kazakhstan. https://www.gov.kz/memleket/entities/moa/press/news/details/870004?lang=ru

Moiseyak, M. B., Ilyashenko, N. G., & Grishin, A. G. (2022). Mikrobiologicheskaya bezopasnost pri proizvodstve pishchevykh produktov [Microbiological safety in food production]. *Vestnik Meditsinskogo Instituta Nepreryvnogo Obrazovaniya*, (3), 64–67. https://cyberleninka.ru/article/n/mikrobiologicheskaya-bezopasnost-pri-proizvodstve-pischevyh-produktov

Nasr, N. F., & Zaky, A. S. (2011, May 26–29). *Five major factors affecting the production of baker's yeast using sugar cane molasses* [Conference paper]. International Food Congress: Novel Approaches in Food Industry, Çeşme, İzmir, Turkey. https://www.researchgate.net/publication/315838486_Five_major_factors_affecting_the_production_of_baker%27s_yeast_using_sugar_cane_molasses

Ponomareva, O. I. (2008). Mikrobiologicheskie aspekty kachestva khlebopekarnykh drozhzhey [Microbiological aspects of the quality of baker's yeast]. *Pishchevaya Promyshlennost*, (1), 46–48. https://cyberleninka.ru/article/n/mikrobiologicheskie-aspekty-kachestva-hlebopekarnyh-drozhzhey

SanPiN 2.3.2.1078-01. (2004). *Gigienicheskie trebovaniya bezopasnosti i pishchevoy tsennosti pishchevykh produktov: Sanitarno-epidemiologicheskie pravila i normativy [Hygienic requirements for food safety and nutritional value: Sanitary and epidemiological rules and regulations]*. Federalnyy tsentr Gossanepidnadzora Minzdrava Rossii.

Saratovskiy GAU. (2016). *Tekhnologiya proizvodstva pishchevykh drozhzhey: Kratkiy kurs lektsiy [Technology of food yeast production: Lecture notes]*. FGBOU VO "Saratovskiy GAU im. N. I. Vavilova".

Schmid, M. T., Song, H., Raschbauer, M., Emerstorfer, F., Omann, M., Stelzer, F., & Neureiter, M. (2019). Utilization of desugarized sugar beet molasses for the production of poly(3-hydroxybutyrate) by halophilic Bacillus megaterium uyuni S29. *Process Biochemistry, 86*, 9–15. https://doi.org/10.1016/j.procbio.2019.08.001

TR TS 021/2011. (2011). *Tekhnicheskiy reglament Tamozhennogo soyuza o bezopasnosti pishchevoy produktsii [Technical Regulation of the Customs Union on food safety]*.

Uprkhleb Minpishcheproma SSSR. (1984). *Instruktsiya po mikrobiologicheskomu i tekhnokhimicheskomu kontrolyu drozhzhevogo proizvodstva [Guidelines for microbiological and techno-chemical control of yeast production]*. Legkaya i pishchevaya promyshlennost.

Wasungu, K. M., & Simard, R. E. (1982). Growth characteristics of bakers' yeast in ethanol. *Biotechnology and Bioengineering, 24*(5), 1125–1134. https://doi.org/10.1002/bit.260240509

Yalcin, S. K., & Ozbas, Z. Y. (2008). Effects of pH and temperature on growth and glycerol production kinetics of two indigenous wine strains of Saccharomyces cerevisiae from Turkey. *Brazilian Journal of Microbiology, 39*(2), 325–332. https://doi.org/10.1590/S1517-83822008000200024

Information about the authors:

Gochmuradov Vlas Muradovich – Candidate of Veterinary Sciences, employee of the Federal State Budgetary Institution «Federal Center for Animal Health Protection» (Vladimir, Russia, e-mail:gochmuradov@arriah.ru).

Gochmuradov Murad Gazakovich – Candidate of Veterinary Sciences, General Director of «Vetimpuls» LLC (Vladimir, Russia, gochmuradov@mail.ru).

Amina Damullayeva Sardarovna – Master of Technical Sciences, Microbiologist of «Almaty Yeast Plant» JSC (Almaty, Kazakhstan, amina.damullayeva@bk.ru)

Serikov Temirlan Aidarovich – Master of Engineering and Technology, postdoctoral fellow at Satbayev University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: s_tima@bk.ru).

Sakhanin Vladislav Sergeevich – Director of «P.S.UNIQUE» LLP (Almaty, Kazakhstan, e-mail: unique_ps@mail.ru).

Jamalova Gulya Abaevna – Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Associate Professor at the Department of Chemical and Biochemical Engineering, Satbayev University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: g.jamalova@satbayev.university).

Авторлар туралы мәлімет:

Гочмурадов Ыхлас Мурадович – «Федералдық жануарлар денсаулығын қорғау орталығы» ФМБУ қызметкері, ветеринария ғылымдарының кандидаты (Владимир, Ресей, e-mail: gochmuradov@arriah.ru).

Гочмурадов Мурад Газакович – ветеринария ғылымдарының кандидаты, «Ветимпульс» ЖШҚ бас директоры (Владимир, Ресей, gochmuradov@mail.ru).

Дамуллаева Амина Сардаровна – техника ғылымдарының магистрі, «Алматы ашытқы зауыты» АҚ микробиологы (Алматы, Қазақстан, amina.damullayeva@bk.ru).

Серіков Темірлан Айдарұлы – техника және технология магистрі, Satbayev University постдокторанты (Алматы, Қазақстан, e-mail: s_tima@bk.ru).

Саханин Владислав Сергеевич – «P. S. UNIQUE» ЖШС директоры. (Алматы, Қазақстан, e-mail: unique_ps@mail.ru).

Джамалова Гуля Абаевна – ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, доцент, Химиялық және биохимиялық инженерия кафедрасының қауымдастырылған профессоры, Satbayev University (Алматы, Қазақстан, e-mail: g.jamalova@satbayev.university).

Сведения об авторах:

Гочмурадов Ыхлас Мурадович – кандидат ветеринарных наук, сотрудник ФГБУ «Федеральный центр охраны здоровья животных» (Владимир, Россия, e-mail: gochmuradov@arriah.ru).

Гочмурадов Мурад Газакович – кандидат ветеринарных наук, генеральный директор ООО «Ветимпульс» (Владимир, Россия, e-mail: gochmuradov@mail.ru).

Дамуллаева Амина Сардаровна – магистр технических наук, микробиолог АО «Алматинский дрожжевой завод» (Алматы, Казахстан, e-mail: amina.damullayeva@bk.ru).

Сериков Темирлан Айдарович – магистр техники и технологии, постдокторант Satbayev University (Алматы, Казахстан, e-mail: s_tima@bk.ru).

Саханин Владислав Сергеевич – директор ТОО «P.S.UNIQUE» (Алматы, Казахстан, e-mail: unique_ps@mail.ru).

Джамалова Гуля Абаевна – канд. с.-х. наук, доцент, ассоциированный профессор кафедры химической и биохимической инженерии, Satbayev University (Алматы, Казахстан, e-mail: g.jamalova@satbayev.university).

Received January 18, 2026
Accepted September 15, 2026

ҒТАМР 62.41.31 https://doi.org/10.26577/bb1083202613

К.К. Еркекулова[1,2*], Г.Б. Алпамысова[3], М.А. Туралиева[3], А.Ж. Дарипбек[2], К.Е. Жузжан[4]

[1]М. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің «Биотехнология» Ғылыми орталығы, Шымкент, Қазақстан
[2]Оңтүстік Қазақстан Медициналық Академиясы, Шымкент, Қазақстан
[3]М. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университеті, Шымкент, Қазақстан
[4]С.Д. Асфендияров атындағы Қазақ-Ұлттық медициналық университеті, Алматы, Қазақстан
*e-mail: ekk.33@mail.ru

ФЕРМЕНТТІК ИММУНОСОРБЕНТТІК ТАЛДАУДЫ ҚОЛДАНА ОТЫРЫП, БИЕЛЕРДІҢ БУАЗДЫҒЫН АНЫҚТАУДЫҢ БИОТЕХНОЛОГИЯЛЫҚ ӘДІСІ

Мақалада «жабы» типті қазақы тұқымға жататын биелерде буаздықты анықтаудың әртүрлі әдістерінің тиімділігін салыстырмалы бағалау нәтижелері ұсынылған. Зерттеу барысында дәстүрлі гормондық әдіс – зертханалық тышқандарда жүргізілетін биосынама, ректальды және сыртқы ультрадыбыстық зерттеу (УДЗ), сондай-ақ жаңа биотехнологиялық әдіс – иммуноферменттік талдау (ИФТ) салыстырылды. Эксперимент әртүрлі жас топтарына жататын 39 биеде жүргізілді. Зерттеу нәтижелері бойынша буаздықты анықтау тиімділігі: дәстүрлі әдісте – 71,8%, ректальды УДЗ-де – 82,1%, сыртқы УДЗ-де – 17,9%, ал ИФА әдісінде – 87,2% болды.

Құлынды биелердің қан сарысуындағы ФСГ деңгейі қысыр жануарлармен салыстырғанда сенімді түрде жоғары екені анықталды, бұл биелердің буаздықтың ерте кезеңдеріндегі гормоналдық статусының жоғары екені көрсетеді. Ұрықтандырылғаннан кейін 50-тәулікте қан сарысуындағы ФСГ концентрациясын анықтауға негізделген әзірленген биотехнологиялық диагностикалық әдіс жоғары дәлдікпен, аз инвазивтігімен және нәтижелердің жоғары қайталанымдылығымен сипатталады. ИФА әдісін жылқы шаруашылығы тәжірибесіне енгізу репродуктивтік жұмыстың тиімділігін арттыруға, буаз донорларды уақтылы іріктеуге және асылдандыру бағдарламаларын оңтайландыруға ықпал етеді.

Түйін сөздер: буаздық, бие, фолликулостимулирушы гормон, иммуноферменттік талдау, биотехнология, буаздық диагностикасы, жылқының көбеюі.

K.K. Yerkekulova[1,2*], G.B. Alpamysova[3], M.A. Turaliyeva[3], A. Daripbek[2], K.E. Zhuzzhan[4]

[1]Biotechnology Research Centre, M. Auezov South Kazakhstan University, Shymkent, Kazakhstan
[2]South Kazakhstan Medical Academy, Shymkent, Kazakhstan
[3]M. Auezov South Kazakhstan University, Shymkent, Kazakhstan
[4]Kazakh National Medical University named after S.D. Asfendiyarov, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: ekk.33@mail.ru

A biotechnological method for diagnosing pregnancy in mares using enzyme-linked immunosorbent assay

The article presents the results of comparative studies evaluating the effectiveness of various methods for diagnosing pregnancy in mares of the Kazakh breed of the “Jabe” type. The study compared a traditional hormonal method–bioassay using laboratory mice, rectal and transabdominal ultrasonographic examination (ultrasound), as well as a new biotechnological method – enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). The experiment was conducted on 39 mares of different age groups.

The results showed that the efficiency of pregnancy detection was 71.8% using the traditional method, 82.1% with rectal ultrasound, 17.9% with transabdominal ultrasound, and 87.2% with ELISA. It has been established that the serum FSH level in pregnant mares is significantly higher than in non-pregnant animals, indicating a high hormonal status in mares during early pregnancy.

The developed biotechnological diagnostic method, based on determining the concentration of FSH in blood serum on the 50th day after insemination, provides high accuracy, minimal invasiveness, and reproducibility of results. The introduction of ELISA into horse breeding practice contributes to improving reproductive efficiency, timely selection of pregnant donors, and optimization of breeding programs.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

Keywords: pregnancy, mare, follicle-stimulating hormone, enzyme-linked immunosorbent assay, biotechnology, pregnancy diagnosis, horse reproduction.

К.К. Еркекулова[1, 2], Г.Б. Алпамысова[3],
М.А. Туралиева[3], А.Ж. Дарипбек[2], К.Е. Жузжан[4]
[1]Научный центр «Биотехнология» НАО «Южно-Казахстанского университета
имени М. Ауэзова», Шымкент, Казахстан
[2]Южно-Казахстанская медицинская академия, Шымкент, Казахстан
[3]НАО «Южно-Казахстанский университет имени М. Ауэзова», Шымкент, Казахстан
[4]Казахский национальный медицинский университет имени С.Д. Асфендиярова, Алматы, Казахстан
*e-mail: ekk.33@mail.ru

Биотехнологический способ диагностики жеребости кобыл с использованием иммуноферментного анализа

В статье представлены результаты сравнительных исследований по оценке эффективности различных методов диагностики жеребости у кобыл казахской породы типа «жабе». В ходе исследования проведено сопоставление традиционного гормонального метода- биоопроба на лабораторных мышах, ректального и наружного ультразвукового исследования УЗИ и нового биотехнологического метода ИФА. Эксперимент проведен на 39 кобылах разных возрастных групп. Результаты показали, что эффективность определения жеребости составила: при традиционном методе – 71,8%, при ректальном УЗИ – 82,1%, при наружном УЗИ – 17,9%, а при ИФА – 87,2%. Установлено, что уровень ФСГ в сыворотке крови жеребых кобыл достоверно выше, чем у холостых животных, что свидетельствует о высокой гормональном статусе кобыл на ранних сроках жеребости. Разработанный биотехнологический способ диагностики, основанный на определении концентрации ФСГ в сыворотке крови на 50-е сутки после осеменения, обеспечивает высокую точность, малоинвазивность и воспроизводимость результатов. Внедрение ИФА в практику коневодства способствует повышению эффективности репродуктивной работы, своевременному отбору жеребых доноров и оптимизации программ племенного разведения.

Ключевые слова: жеребость, кобыла, фолликулостимулирующий гормон, иммуноферментный анализ, биотехнология, диагностика жеребости, воспроизводство лошадей.

Қысқартулар мен белгілеулер

ФСГ – фолликулды ынталандыратын гормон, ИФТ – иммуноферменттік талдау; ББҚС – буаз бие қан сарысуы, УДЗ – ультрадыбыстық зерттеу, м.е тышқан бірлігі, МЕ – халықаралық бірлік

Кіріспе

Қазіргі заманғы жылқы шаруашылығы мал шаруашылығының маңызды салаларының бірі ретінде жылқылардың түқымдық және өнімділік қасиеттерін арттыруға бағытталған тиімді әрі ғылыми негізделген өсімін молайту әдістерін талап етеді. Саланы тиімді жүргізудің маңызды факторларының бірі –биелердің буаздығын уақыты әрі нақты диагностикалау. Бұл буаз малдарды ұстау жағдайларын, азықтандыру жүйесін оңтайландыруға және аналық мал басын ұтымды пайдалануға мүмкіндік береді.

Қазіргі уақытта биелердің буаздығын анықтауда гормондық зерттеулерге, ректальді тексеруге және ультрадыбыстық диагностикаға негізделген әдістер кеңінен қолданылады. Алайда олардың бірқатарының өзіндік шектеулері бар. Атап айтқанда, кейбір әдістердің инвазивтілігі, жоғары білікті маманы қажет етуі, буаздықтың ерте кезеңдеріндегі диагностикалық ақпараттылығының жеткіліксіздігі, сондай –ақ нәтижелердің жануардың физиологиялық жағдайы мен жасына тәуелділігі диагностиканың тиімділігін төмендетуі мүмкін. Осыған байланысты биелердің буаздылығын диагностикалаудың неғұрлым дәл, қауіпсіз және заманауи биотехнологиялық әдістерін енгізу қажеттілігі туындайды (Akimbekov et al., 2023; Baimukanov et al., 2024a; Baimukanov et al., 2024b).

Соңғы жылдары ветеринариялық тәжірибеде жануарлардың биологиялық сұйықтарындағы спецификалық гормондар мен ақуыздардың концентрациясын анықтауға мүмкіндік беретін иммуноферменттік талдау (ИФТ) әдістері кеңінен қолданыла бастады. Бұл тәсіл биотехнологиялық диагностика әдістерінің қатарына жатады және физиологиялық жағдайды жоғары сезімталдықпен, спецификалықпен және сандық түрғыдан бағалауға мүмкіндік береді.

Фолликулды ынталандрушы гормон (ФСГ) гипофиздік-гонадалық жүйенің функционалдық

белсенділігін сипаттайтын және биелердің репродуктивтік қызметін реттеуге қатысатын негізгі гонадотроптық гормондардың бірі болып табылады. Қан сарысуындағы ФСГ деңгейін ИФТ әдісімен анықтау жануарлардың гормондық статусын бағалауға және репродуктивтік циклдің әртүрлі кезеңдеріндегі физиологиялық өзгерістерді мониторингтеуге мүмкіндік береді (Allen et al., 2002; Pastorello et al., 2022).

Соңғы жылдары жануарлардың репродуктивтік физиологиясы саласында биотехнологиялық тәсілдердің қарқынды дамуы байқалады. Атап айтқанда, гонадотроптық гомондардың құрылымы мен функционалдық ерекшеліктерін, олардың жыныстық иклді реттеудегі және буаздықты сақтаудағы ролін зерттеуге ерекше көңіл бөлінуде (Gastal, 1999, 2000; Xia et al., 2023).

Lee S. Y. et al. Жүргізген іргелі зерттеулер жылқы хориондық гонадотропиннің (eCG) құрылымдық-функционалдық сипаттамаларына арналған. Зерттеу нәтижелері ақуыз молекуласының N- және O- гликозилденуі оның люteиндеуші гормон\хориондық гонадотропин рецепторларымен (LH\CGR) және фолликулды ынталандырушы гормон рецепторларымен (FSHR) өзара әрекеттесу кезіндегі биологиялық белсенділігін қамтамасыз етуде маңызды рөл атқаратынын көрсетті. Бұл деректер гормондық көрсеткіштердің, соның ішінде ФСГ деңгейінің, жануарлардың репродуктитік статусын сипаттайтын спецификалық биомаркерлер ретінде пайдаланылуы мүмкін екендігін және оларды биотехнологиялық диагностикада қолданудың перспективалығын көрсетеді (Lee et al., 2021; Reis, 2025).

Qin et al. (2025) жүргізген зерттеулерде сүтті ірі қара малдың репродуктивтік функцияларын ынталандыруға арналған рекомбинантты ақуыздық CrFSH препараты әзірленді. Зерттеу нәтижелері табиғи гормондардың аналогтарын жасау үшін гендік инженерия әдістерін қолданудың мүмкіндігін көрсетті. Мұндай рекомбинантты препараттар аналық бездердің функционалдық белсенділігін реттеуге және ұрықтандыру тиімділігін арттыруға мүмкіндік береді.

Осыған ұқсас тәсілдер Zhang et al. (2025) еңбектерінде де сипатталған. Авторлар шошқа шаруашылығында репродуктитік циклдерді бақыланатын түрде реттеуге мүмкіндік беретін ұзақ әсер ететін рекомбинантты ФСГ препаратын әзірлеген. Бұл зерттеулер жануарлардың репродуктивтік функциясын бағалау мен реттеудің дәстүрлі физиологиялық әдістерінен молекулалық және биотехнологиялық тәсілдерге көшу үрдісінің қалыптасып келе жатқанын көрсетеді.

Сонымен қатар, Twiggs, J. A., Hansen, T. R., Winger еңбектерінде репродуктивтік ғылымдардың қазіргі даму бағыты молекулалық биотехнологияны ветеринариялық диагностикамен интеграциялауға негізделетіні атап көрсетілген. Мұндай тәсілдер жануарлардың фертильділігін және буаздықтың ерте кезеңдерін бағалаудың неғұрлым дәл әрі қауіпсіз әдістерін әзірлеуге мүмкіндік береді (Ishak et al., 2018; Khan et al., 2025; Segabinazzi et al., 2023; Twiggs, 2025).

Жоғарыда келтірілген ғылыми деректерді талдау гормондық көрсеткіштерді және иммуноферменттік талдау әдістерін қолдану жануарлардың өсімін молайту биотехнологиясын дамытудың перспективалы бағыттарының бірі екендігін көрсетеді. Осыған байланысты биелердің буаздылығын гормондық зерттеулер негізінде диагностикалаудың жоғары дәлдіктегі әдістерін әзірлеу және жетілдіру ғылыми әрі практикалық тұрғыдан өзекті болып табылады. Зерттеу жұмысының мақсаты – биелердің буаздығын диагностикалаудың әртүрлі әдістерінің тиімділігін салыстырмалы бағалау және қан сарысуындағы ФСГ деңгейін ИФТ әдісімен анықтауға негізделген биотехнологиялық диагностикалау тәсілін жетілдіру болды. Зерттеу мақсатына орай зерттеудің міндеттері болып: биелердің буаздығын анықтауда қолданылатын дәстүрлі ректальді тексеру және сыртқы ультрадыбыстық зерттеу әдістерінің диагностикалық тиімділігін биотехнологиялық ИФТ әдісімен салыстырмалы түрде бағалау; биелердің қан сарысуындағы ФСГ концентрациясын анықтаудың басқа диагносткалық әдістерімен кешенді түрде қолдану мүмкіндігін ғылыми тұрғыдан негіздеу болды.

Материалдар мен зерттеу әдістері

Зерттеу жануарлары: Зерттеуде пайдаланылған BALB/c желісіне жататын жыныстық жетілген және жыныстық жетілмеген ақ зертханалық тышқандар Қазақстан Республикасы Денсаулық сақтау министрлігі Санитарлық – эпидемиологиялық бақылау комитетінің Шымкент обаға қарсы станциясынан алынды. Жануарлар бақыланатын жағдайларда, ауаның салыстырмалы ылғалдылығы 50-60% болатын арнайы бөлмеде ұсталды. Эксперименттік зерттеуге тартылған «Жабы» тұқымды айғырлар мен биелер «Сұлтанбай ата» ЖШС шаруа қожалығына тиесілі мал басынан алынды.

Этикалық нормалардың сақталуы. Зерттеу жұмысының хатамасы М.Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің Жергілікті биоэтика комиссиясының талаптары мен стандартттарына сәйкес әзірленіп бекітілді. Биоэтика комиссиясы отырысының №2 хаттамасы 02.10.2025ж.

Биелердің буаздығын зертханалық ақ тышқандарда дәстүрлі әдіспен анықтау. Биелердің буаздығын дәстүрлі әдіспен анықтау үшін BALB/c желісіне жататын зертханалық ақ тышқандар пайдаланылды. Әрбір қан сынамасынан алынған сарысу 1 мл мөлшерінде 11 мл түзды ерітіндіде сүйылтылды. Алынған ерітіндінің әр сынамасы үшін салмағы 7,5-10 г болатын 17-23 күндік 5 жетілмеген (инфантильді) аналық ақ тышқандар таңдалды және осы ерітіндінің 0,2 мл инъекциясы салынып, осы сәтінен бастап 72 сағаттан кейін, оларды еліткіш эфирмен жансыздандырып, іш қуысына хирургиялық ота жасау арқылы жатырының салынған ерітіндіге реакциясын немесе жатыр көлеміне байланысты бағаланды (ГОСТ 33215-2014). Жатырдың реакциясы келесі критерийлер бойынша анықталды:

Тышқан жатыры қалыпты, бірақ препаратқа рекциясы жоқ (-) қан сарысуы препараты белсенді емес.

Тышқан жатырының қалыпты жағдаймен салыстырғанда 1,5-2 есеге үлғайған, бірақ қан сарысуы препаратының белсенділігі күмәндау (-,+).

Тышқан жатыры қалыпты жағдаймен салыстырғанда 3-4 есеге үлғайған, қан сарысуы препаратының белсенділігі қанағаттандыралық (+).

Тышқан жатырының қалыпты жағдаймен салыстырғанда 5-7 есеге үлғайған, қан сарысуы препаратының белсенділігі жақсы (++).

Тышқан жатырының қалыпты жағдаймен салыстырғанда өте үлкейген немесе тік ішегінің жуандығына теңдей дәрежеге жеткен, гормоналды препараттың белсенділігі өте жоғары (+++)

Биелердің буаздығын ультрадыбыстық диагностика әдісімен анықтау. Биелердің буаздығын анықтау үшін "Esaote" компаниясы MyLab™ Delta VET аппаратының көмегімен қан сынамаларын жинау сәтінен бастап буаздылығының 50 күнінде ректалды, малдың тік ішегіне енгізу және малдың сыртқы құрсақ тұсынан ультрадыбыспен буаздығын анықтау тәсілдерін қолдану арқылы диагностика жүргізілді.

Биелердің буаздығын иммуноферменттік талдау (ИФТ) әдісімен анықтау. Қан сарысуындағы фоликулды ынталандырушы гормон (ФСГ) концентрациясын анықтау. Биелердің қан құрамындағы гонадотропты гормондар (ФСГ, ЛГ) концентрациясы имунноферментті талдауға арналған Thermo Scientific Multiskan FC фотометрлік планшетінде (Қытай) жүргізілді, ол ФСГ және ЛГ гормондарының концентрациясын сандық анықтауға арналған "Гонадотропин ИФА-ФСГ" және "Гонадотропин ИФА-ЛГ" реагенттер жиынтығының көмегімен, қолдану жөніндегі нұсқаулыққа сәйкес анықталды. Тәжірибе әдісі ретінде 39 бас биелердің қан сынамасындағы ФСГ және ЛГ гонадотропты гормондардың көрсеткіштері ИФА әдісімен анықталып, олардың көрсеткіштері қысыр кезіндегі көрсеткіштерімен салыстырылып, дәстүрлі әдістермен сынамаланды (Durham et al., 2022; Rev, 2015; Yerkekulova et al., 2023, 2024).

Зерттеу нәтижелерін статистикалық өңдеу. Алынған эксперименттік деректерді статистикалық өңдеу биометрияда жалпы қабылданған әдістемелерге сәйкес жүргізілді (Tasseff et al., 2011).

Зерттеу нәтижелері және оларды талқылау

Жүргізілген зерттеулер «Жабе» типті қазақ тұқымының биелерінде буаздықты ерте диагностикалаудың биотехнологиялық әдістерін жетілдіруге бағытталды. Зерттеу барысында гормондық диагностиканың жоғары сезімталдығы мен нәтижелерінің қайталанымдылығын қамтамасыз ететін әдіс ретінде иммуноферменттік талдау (ИФТ) қолданылды. Салыстырмалы зерттеу барысында биелердің буаздығын анықтаудың төрт әдісінің диагностикалық тиімділігі бағаланды: зертханалық тышқандарға жүргізілетін дәстүрлі гормондық биосынама, ректальді ультрадыбыстық зерттеу (РУДЗ), сыртқы ультрадыбыстық зерттеу және қан сарысуындағы фолликулды ынталандырушы гормон (ФСГ) деңгейін ИФТ әдісімен анықтау.

Буаздықты диагностикалау әдістерінің салыстырмалы тиімділігі. Зерттеу нәтижелерін талдау (1-кесте) буаздықты анықтаудың дәстүрлі гормондық биосынама әдісінің орташа диагностикалық тиімділігі 71,8% болғанын көрсетті. Биелердің жас ерекшеліктеріне байланысты бұл көрсеткіш 40,0-88,9% аралығын көрсетті.

Ректальді УДЗ әдісін қолдану кезінде диагностикалық тиімділіктің неғұрлым жоғары деңгейі байқалды – орташа көрсеткіш 82,1% құрады. Сонымен қатар, жас топтары бойынша нәтижелердің айтарлықтай вариабельділі-

гі анықталды: буаздықты анықтау көрсеткіші 60,0-100,0% аралығында болды. Бұл көрсеткіш ректальді ультрадыбыстық зерттеудің диагностикалық мүмкіндігінің жоғары екенін көрсеткенімен, оның нәтижелілігі жануардың жасына және физиологиялық жағдайына байланысты өзгеруі мүмкін екенін аңғартады. Сыртқы УДЗ әдісін қолдану кезінде буаздықты анықтау деңгейі төмен болды. Әдістің орташа диагностикалық нәтижелілігі небәрі 17,9% құрады. Бұл сыртқы ультрадыбыстық зерттеудің әсіресе далалық жағдайда және буаздықтың ерте кезеңдерінде диагностикалық ақпараттылығының жеткіліксіз екенін көрсетеді.

Ең жоғары диагностикалық көрсеткіш қан сарысуындағы ФСГ деңгейін анықтауға негізделген биотехнологиялық иммуноферменттік талдау әдісін қолдану кезінде алынды. ИФТ нәтижелері бойынша зерттелген биелердің 87,2% буаз деп анықталды. Бұл көрсеткіш жас топтарына байланысты 80,0-100,0% аралығында өзгерді. Алынған нәтижелері қан сарысуындағы ФСГ концентрациясын анықтаудың биелердің репродуктивтік статусын бағалауда жоғары диагностикалық ақпараттылыққа ие болуы мүмкін екенін көрсетеді.

Зерттеу барысында биелердің нақты буаздығын бағалаудың эталондық критерийі ретінде құлын алу фактісі қабылданды. Осылайша, 1- кестеде келтірілген 71,8%, 82,1%, 17,9% және 87,2% көрсеткіштері тиісінше зерттелген жануарлардың тиісті диагностикалық әдіс бойынша оң нәтиже көрсеткен үлесін сипаттайды.

Алынған нәтижелерді салыстырмалы талдау дәстүрлі гормондық биосынама мен сыртқы УДЗ әдістеріне қарағанда қан сарысуындағы ФСГ деңгейін ИФТ әдісімен анықтаудың диагностикалық әлеуеті жоғары екенін көрсетті. Сонымен қатар, ректальді УДЗ әдісі де жоғары диагностикалық көрсеткіштермен сипатталды. Осыған байланысты ФСГ деңгейін ИФТ әдісімен анықтауды ультрадыбыстық зерттеу нәтижелерімен кешенді түрде қолдану биелердің буаздығын диагностикалаудың сенімділігін арттыруға мүмкіндік беретін перспективалы тәсіл ретінде қарастырылуы мүмкін.

1-кесте

Биелердің буаздығын әртүрлі диагностикалық әдістермен анықтау нәтижелері

Биелердің жасы	Биелердің жалпы саны, бас	Буаздықты анықтау әдістері								Буаздықтың нақты критерийі
		Зертханалық ақ тышқандардағы гормондық биосынама, м.е./мл		Ректальді УДЗ		Сыртқы УДЗ		ИФТ, м.е/мл		Алынған құлындар саны, бас
		n	%	n	%	n	%	n	%	n
3-4	5	2	40,0	3	60,0	0	0	4	80,0	4
5-6	6	4	66,7	5	83,3	1	16,7	5	83,3	5
7-8	9	8	88,9	8	88,9	2	22,2	8	88,9	8
9-10	7	5	71,4	7	100	3	42,9	7	100	7
11-12	7	6	85,7	5	71,4	0	0	6	85,7	6
13және жоғары	5	3	60,0	4	80,0	1	20,0	4	80,0	4
Жалпы	39	28	71,8	32	82,1	7	17,9	34	87,2	34

Ескертпе: ИФТ-иммуноферменттік талдау; УДЗ–ультрадыбыстық зерттеу, м.е/мл – тышқан бірлігі\мл

ИФА әдісінің тиімділігін биотехнологиялық бағалау. Фолликулды ынталандырушы гормонның (ФСГ) деңгейін анықтау үшін иммуноферменттік талдау (ИФА) әдісін қолдану биелердің гипоталамус –гипофиз-гонадалық жүйесінің функционалдық жағдайын объективті бағалауға мүмкіндік береді. Буаз биелердегі ФСГ концентрациясының өзгеруі ұрықтанудан кейінгі гормондық фонның өзгеруімен және фетопланцентарлық кешеннің қалыптаса

бастауымен байланысты. Осы кезеңде лютеиндеуші гормонның (ЛГ) секрециясы төмендеп, бұл биелердегі фолликулдардың жетілуін ынталандыруға бағытталған ФСГ секрециясының компенсаторлық қолдауымен немесе жергілікті жоғарылауымен қатар жүреді. Зерттеу нәтижелері буаз және қысыр биелер арасындағы ФСГ мөлшерінің айырмашылығын көрсетті. Биелердің қан сарысуындағы ФСГ концентрациясын сандық анықтау буаздықты кешкенді диагностикалау кезінде қосымша гормондық көрсеткіш ретінде қолданылуы мүмкін. Әдістің биотехнологиялық құндылығы оның жоғары ақпараттылығымен, салыстырмалы түрде аз инвазивтілігімен және автоматтандыру мүмкіндігімен сипатталады. Бұл өз кезегінде әдісті жаппай скрининг жүргізуде және асылдандыру бағдарламаларына енгізуде қолдану перспективаларын кеңейтеді.

Нәтижелердің ғылыми-практикалық маңызы. Алынған нәтижелер негізінде биелердің буаздығын диагностикалаудың жетілдірілген биотехнологиялық тәсіліусынылды. Тәсіл биелерден қысыр кезеңінде және ұрықтандырылғаннан кейінгі 50-тәулікте қан сынамаларын алуды, кейіннен ФСГ деңгейін салыстырмалы түрде бағалауды қамтиды. Диагностикалық критерий ретінде қысыр биелердегі көрсеткіштерімен салыстырғанда ФСГ деңгейінің жоғарылағаны белгілігі болды. Бұл ретте, осы зерттеуде ұрықтандырылғаннан кейінгі 50-тәулік ФСГ деңгейін анықтау үшін қан сынамасын алу мерзімі ретінде қарастырылады, ал биелердің буаздығын диагностикалаудың ең ерте мүмкін болатын мерзімі ретінде қарастырылмайды. Әзірленген тәсіл буаздықты диагностикалау дұрыстығын дәстүрлі әдістермен салыстырғанда орта есеппен 15,4-64,2% арттыруға; буаздықты диагностикалау үрдісін оңтайландыруға, жануарларға түсетін жарақаттық әсер мен стресті болдырмауға, көбею биотехнологиясы бағдарламаларында пайдалану үшін буаз донор өндіруші биелерді уақытылы іріктеуге мүмкіндік береді.

Алынған нәтижелерді әдеби дереккөздермен салыстыру ауылшаруашылығы малдарының гормондық статусын бағалауда ИФА әдісін қолдану аясының кеңейіп келе жатқанын көрсетеді. УДЗ және биологиялық сынама әдістерінен айырмашылығы, ИФА жануардың физиологиялық жағдайын молекулалық деңгейде жоғары дәлдікпен және аз инвазивті араласу арқылы бағалауға мүмкіндік береді. Осылайша, биелердің буаздығын диагностикалауға ұсынылған биотехнологиялық әдіс- әдістің объективтілігін, дәлдігін және әмбебабтығын қамтамасыз етеді, сонымен қатар жылқы шаруашылығындағы мал басының өсімін молайту жүйесін басқарудың тиімді құралдарының бірі ретінде пайдалануға мүмкіндік береді. Кесте 1-де келтірілген нәтижелерге сәйкес, зертханалық тышқандарды қолдануға негізделген дәстүрлі гормондық әдіс биелердің орта есеппен 71,8% буаздықты анықтауға мүмкіндік берді. Бұл көрсеткіш жас ерекшелігіне байланысты 40,0 -88,9% аралығында өзгерді. Ең жоғары көрсеткіштер 7-8 жастағы жануарларда байқалды, бұл осы кезеңдегі биелердің репродуктивтік функцияларының физиологиялық тұрғыдан оңтайлы болуымен байланысты болуы мүмкін. Жасы кіші (3-4 жастағы) және 13 жастан асқан биелерде диагностикалық дұрыстықтың төмендеуі байқалды. Бұл жағдай гормондық фонның тұрақсыздығымен және эндокриндік реттелудегі жасқа байланысты өзгерістермен байланысты болуы ықтимал. Ректальді УДЗ жоғарырақ тиімділікті көрсетті: буаз биелерді анықтаудың орташа көрсеткіші 82,1% құрап, диагностикалық дәлдік 60-100% аралығында өзгерді. Ең жоғары көрсеткіштер 9-10 жастағы биелер тобында тіркеліп бұл жаста диагностикалық дәлдік 100% жетті, демек бұл тәсілді орта жасар биелердің буаздығын анықтауда тиімділігі өте жоғары, алайда, бұл шараға тиісті құрал жабдықтар және осы саланы жетік меңгерген маман қажет. Осы себепті бұл тәсілді жылқы шаруашылығы практикасында сирек қолданады.

Сыртқы УДЗ әдісін қолдану ең төмен ақпараттылықты көрсетті. Сыртқы УДЗ әдісі арқылы диагностикалық дұрыстықтың орташа көрсеткіші 17,9% құрады. Сыртқы УДЗ әдісінің тиімділінің төмен болуына басты себеп, биенің шыныққан бұлшық еттері және ондағы едәуір қалың май қабаты бие ішіндегі төлді құрсақ сыртынан көзбен шолып және қолмен сипап байқаудың немесе ультрадыбыс арқылы анықтаудың мүмкіндігін шектеуші факторлар болғанына байланысты деп болжам айтуға тура келеді, сондықтан бұл әдәс далалық жағдайда және буаздылық мезгілін ертерек анықтауда қолдану тиімсіз деп айтуға болады.

Жүргізілген зерттеу барысында ең перспективалы әдіс қан сарысуындағы ФСГ мөлшерін анықтауға негізделген ИФА әдісі болды. Буаз биелердегі ФСГ мөлшері қысыр биелермен салыстырғанда статистикалық тұрғыдан сенімді түрде жоғары екені анықталды. Зерттеу нәтиже-

лері бойынша биелердің 87,2% буаз деп танылды. Бұл көрсеткіш дәстүрлі әдістің нәтижесінен 15,4%, ректальді УДЗ көрсеткішінен 5,1% және сыртқы УДЗ көрсеткішінен 69,3%% жоғары болды. Сонымен қатар, жас топтары арасындағы нәтижелердің өзгергіштігі салыстырмалы түрде төмен болып, 80,0-100,0% аралығында тіркелді, бұл ИФА әдісінің диагностикалық нәтижелердің жоғары қайталанғыштығын көрсетеді.

Сонымен, зерттеу нәтижелері ИФА әдісінің биелердің буаздығын ерте диагностикалаудың жоғары дәлдікті және әмбебап әдіс екенін көрсетті. Бұл әдісті жаппай экспресс-диагностика жүргізу үшін қолдану асыл тұқымды және репродуктивтік мал шаруашылығында донорларды уақытылы іріктеу және аналық мал басын ұтымды пайдалану тұрғысынан практикалық маңызға ие.

Алынған нәтижелер негізінде биелердің буаздығын анықтаудың жетілдірілген тәсілі әзірленді. Ол қысыр кезеңде және ұрықтандырғаннан кейінгі 50-тәулікте қан үлгілерін алуды және кейіннен қан сарысуындағы ФСГ деңгейін ИФА әдісімен анықтауды қамтиды. ФСГ концентрациясы қысыр биелердің көрсеткіштерінен жоғары болған биелер буаз деп бағаланады. Бұл әдіс жануарлардың жасына және физиологиялық жағдайына қарамастан сенімді гәтижелер алуға мүмкіндік береді, бұл оның жоғары диагностикалық құндылығын және жылқы шаруашылығы практикасына кеңінен енгізу перспективалылығын айғақтайды.

Қорытынды

«Жабы» типті қазақ тұқымы биелерінің қан сарысуындағы фолликулды ынталандырушы гормон (ФСГ) деңгейін иммуноферменттік талдау (ИФТ) әдісімен анықтау буаздықты диагностикалаудың ақпараттылығы жоғары әдісі болып табылады. ФСГ деңгейін ИФТ әдсімен анықтау биологиялық әдіспен және ультрадыбыстық дәлдікпен сипатталды. Зерттеу нәтижелері бойынша ИФТ әдісінің көмегімен биелердің буаздығын анықтау дәлдігі 87,2% құрады. Бұл көрсеткіш дәстүрлі гормондық әдістің нәтижесінен 15,4%, рекатльді УДЗ әдісінен 5,1%, ал сыртқы УДЗ әдісінен 69,3 % жоғары болды.

Үрықтанғаннан кейін 50 тәулікте биелердің қан сарысуындағы ФСГ концентрациясын анықтау буаздықты ерте кезеңде диагностикалауға және диагностикалық нәтижелердің нақтылығын арттыруға мүмкіндік береді. Осыған байланысты ФСГ деңгейін ИФТ әдісімен анықтау «Жабы» типті қазақ тұқымы биелерінің репродуктивтік жағдайын бағлауда және буаздықты ерте диагностикалауда қолдануға болатын перспективалы биотехнологиялық әдіс ретінде ұсынылды.

Қаржыландыру көзі

Зерттеу Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитетінің AP26193941 «Мал шаруашылығын қарқынды дамыту мақсатында өсімін молайтуда пайдаланылатын отандық гонадотроптық препаратты алудың қалдықсыз технологиясын әзірлеу» гранттық жобасы шеңберінде, 06.10.2025ж. №391/25-27-ГҚ шарт негізінде қаржыландырылды.

Авторлардың үлесі

К.К. Еркекулова: зерттеу жүргізу, эксперименттік жұмыстарды орындау, зерттеу деректерін жинау және бастапқы материалдарды қалыптастыру; Г.Б. Алпамысова: алынған нәтижелерді валидациялау, зерттеу нәтижелері мен эксперименттердің қайталанымдылығын тексеру; М.А. Туралиева: алынған нәтижелерді визуализациялау, қолжазбаны дайындау және жарияланымға әзірлеу; А.Ж. Дарипбек: зерттеу жұмыстарын жүргізу, эксперименттік үдерістерге қатысу, деректер мен ғылыми дәлелдерді жинау; К.Е. Жузжан: зерттеу деректерін талдау және синтездеу үшін статистикалық, математикалық, есептеу және өзге де формальды әдістерді қолдану.

Әдебиеттер

Aggarwal, B. B., Licht, P., Papkoff, H., & Bona-Gallo, A. (1980). Interaction of equine luteinizing hormone with binding sites for follicle-stimulating hormone in the rat seminiferous tubule. *Endocrinology, 107*(3), 725–731. https://doi.org/10.1210/endo-107-3-725

Akimbekov, A. R., Uskenov, R. B., Iskhan, K. Z., Assanbayev, T. S., Sharapatov, T. S., & Baimukanov, D. A. (2023). Creation of smart farms in the herd horse breeding of Kazakhstan (results of using trackers). *OnLine Journal of Biological Sciences, 23*(1), 44–49. https://doi.org/10.3844/ojbsci.2023.44.49

Allen, W. R., Wilsher, S., Stewart, F., Ousey, J., & Fowden, A. (2002). The influence of maternal size on placental, fetal and postnatal growth in the horse. II. Endocrinology of pregnancy. *Journal of Endocrinology, 172*(2), 237–246. https://doi.org/10.1677/joe.0.1720237

Baimukanov, D. A., Semenov, V. G., Ombayev, A. M., Shamshidin, A. S., Abylgazinova, A. T., & Bissembayev, A. T. (2024a). Realization of reproductive qualities of cows and productivity of young stock. *Brazilian Journal of Biology, 84*, Article e283234. https://doi.org/10.1590/1519-6984.283234

Baimukanov, A. D., Bissembayev, A. T., Yuldashbayev, Y. A., Chindaliyev, A. E., Shamshidin, A. S., Amerkhanov, K. A., Saginbayev, A. K., & Aubakirov, K. A. (2024b). Reproductive indicators of the Alatau cattle breed of Kazakhstan population. *OnLine Journal of Biological Sciences, 24*(1), 64–70. https://doi.org/10.3844/ojbsci.2024.64.70

Durham, A. E., Potier, J. F., & Huber, L. (2022). The effect of month and breed on plasma adrenocorticotropic hormone concentrations in equids. *The Veterinary Journal, 286*, Article 105857. https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2022.105857

Gastal, E. L. (1999). Role of luteinizing hormone in follicle deviation based on manipulating progesterone concentrations in mares. *Biology of Reproduction, 61*(6), 1492–1498. https://doi.org/10.1095/biolreprod61.6.1492

Gastal, E. L., Gastal, M. O., Nogueira, G. P., Bergfelt, D. R., & Ginther, O. J. (2000). Temporal interrelationships among luteolysis, FSH and LH concentrations and follicle deviation in mares. *Theriogenology, 53*(4), 925–940. https://doi.org/10.1016/S0093-691X(00)00240-5

GOST 33215–2014. (2016). *Rukovodstvo po soderzhaniyu i ukhodu za laboratornymi zhivotnymi. Pravila oborudovaniya pomeshcheniy i organizatsii protsedur [Guidelines for the housing and care of laboratory animals. Rules for facility equipment and organization of procedures]*. Standartinform.

Ishak, G. M., Bashir, S. T., Dutra, G. A., Gastal, G. D. A., Gastal, M. O., Cavinder, C. A., Feugang, J. M., & Gastal, E. L. (2018). In vivo antral follicle wall biopsy: A new research technique to study ovarian function at the cellular and molecular levels. *Reproductive Biology and Endocrinology, 16*, Article 71. https://doi.org/10.1186/s12958-018-0380-8

Khan, I. U., Khairullah, A. R., Khan, A. Y., Rehman, A. U., & Mustofa, I. (2025). Strategic approaches to improve equine breeding and stud farm outcomes. *Veterinary World, 18*(2), 311–328. https://doi.org/10.14202/vetworld.2025.311-328

Lee, S.-Y., Byambaragchaa, M., Choi, S.-H., Kang, H.-J., Kang, M.-H., & Min, K.-S. (2021). Roles of N-linked and O-linked glycosylation sites in the activity of equine chorionic gonadotropin in cells expressing rat luteinizing hormone/chorionic gonadotropin receptor and follicle-stimulating hormone receptor. *BMC Biotechnology, 21*, Article 52. https://doi.org/10.1186/s12896-021-00712-8

Pastorello, M., Gastal, M. O., Godoi, D. B., & Gastal, E. L. (2022). Emergence and selection of the dominant follicle and gonadotropin dynamics in postpartum lactating versus non-postpartum cycling mares. *Reproductive Biology, 22*(2), Article 100618. https://doi.org/10.1016/j.repbio.2022.100618

Qin, X., Zhang, H., Liu, T., Cui, Z., Gao, K., Lin, P., & Jin, Y. (2025). Development a recombinant protein (CrFSH) as a reproductive hormone for the assisted reproduction of dairy cows. *Animals, 15*(10), Article 1430. https://doi.org/10.3390/ani15101430

Reis, B. S. M. R. (2025). *Comparison of the effect of dephereline versus buserelin on the synchronization of ovulation for fixed-time artificial insemination in Holstein Friesian cows* [Dissertation, Universidade de Lisboa, Faculdade de Medicina Veterinária]. http://hdl.handle.net/10400.5/98935

Segabinazzi, L. G. T. M., Gilbert, R. O., Ambrosia, R. L., Bergfelt, D. R., Samper, J. C., Peterson, E. W., & French, H. M. (2023). Structural and functional dynamics of the ovary and uterus during the estrous cycle in donkeys in the Eastern Caribbean. *Animals, 13*(1), Article 74. https://doi.org/10.3390/ani13010074

Spencer, K. M., Podico, G., Megahed, A. A., Jones, K. L., Bittar, J. H. J., & Canisso, I. F. (2022). Ovulatory response to GnRH agonist during early and late fall in mares. *Theriogenology, 185*, 140–148. https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2022.03.003

Tasseff, R., & Varner, J. (2011). Mathematical models in biotechnology. In *Comprehensive biotechnology*. Elsevier. https://doi.org/10.1016/B978-0-08-088504-9.00075-1

Twiggs, J. A., Hansen, T. R., & Winger, Q. A. (2025). *The seventeenth annual Rocky Mountain reproductive sciences symposium: Scientific proceedings*. https://hdl.handle.net/10217/241108

Xia, X., Zhang, Y., Cao, M., Yu, X., Gao, L., Qin, L., Wu, W., Cui, Y., & Liu, J. (2023). Adverse effect of assisted reproductive technology-related hyperoestrogensim on the secretion and absorption of uterine fluid in superovulating mice during the peri-implantation period. *Frontiers in Endocrinology, 14*, Article 859204. https://doi.org/10.3389/fendo.2023.859204

Yerkekulova, K. K., Alibayev, N., Alikhanov, O., & Beketauov, O. (2023). Innovative method for determining the activity of gonadotropic raw materials in the production of the biological preparation of PMS. *E3S Web of Conferences, 474*, Article 03018. https://doi.org/10.1051/e3sconf/202447403018

Yerkekulova, K. K., Alibaev, N., Beketauov, O., Alikhanov, O., & Yusupov, Sh. (2023). Synchronization of the reproductive function of ewes in the mating season. In *Materials of the International Scientific and Practical Conference "Modern Trends in the Development of Chemical and Biological Technologies"* (p. 213). Tashkent International University KIMYO.

Yerkekulova, K. K., Alibayev, N., Yuldashbayev, Y. A., Alikhanov, O., Beketauov, O., & Baimukanov, D. A. (2024). Advance in the diagnostics of mare pregnancy and assessing the activity of gonadotropin in serum of in-foal mare. *OnLine Journal of Biological Sciences, 24*(3), 395–402. https://doi.org/10.3844/ojbsci.2024.395.402

Zhang, J., Shi, L., Zhong, X., Bai, Y., Dou, J., Zhang, L., Shi, X., Wu, B., Tan, Z., Yan, L., Yu, J., Zhang, J., Han, G., Xiong, J., Zhang, H., Cao, X., & Luo, H. (2025). Development of highly bioactive long-acting recombinant porcine FSH for batch production management of sows. *Scientific Reports, 15*, Article 4775. https://doi.org/10.1038/s41598-025-89356-8

Авторлар туралы мәлімет:

Еркекулова Калия – М. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің «Биотехнология» кафедрасының докторанты, Оңтүстік Қазақстан медицина академиясының аға оқытушысы (Шымкент, Қазақстан Республикасы, e-mail: ekk.33@mail.ru).

Алпамысова Гульжайна – PhD, ассоц. профессор, М. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің «Биотехнология» кафедрасы (Шымкент, Қазақстан Республикасы, e-mail: e-mail:xap68@mail.ru).

Туралиева Молдир – PhD, М. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің «Биотехнология» кафедрасының доценті (Шымкент, Қазақстан Республикасы, e-mail: nazanovamoldir@mail.ru).

Дарипбек Айгуль – Оңтүстік Қазақстан медицина академиясының аға оқытушысы (Шымкент, Қазақстан Республикасы, e-mail: daripbek.aygul.80@mail.ru).

Жузжан К.Е. – С.Д. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медициналық университеті кафедрасының лекторы, (Алматы, Казақстан, e-mail: akp.773@mail.ru).

***Information about the authors**:*

Kaliya Yerkekulova – Doctoral student of the Department of Biotechnology of M. Auezov South Kazakhstan University, Senior Lecturer, South Kazakhstan Medical Academy (Shymkent, Kazakhstan, e-mail: ekk.33@mail.ru).

Alpamysova Gulzhaina – PhD, associate professor, department "Biotechnology" of South Kazakhstan University. M. Auezova, (Shymkent, Kazakhstan, e-mail: xap68@mail.ru).

Turaliyeva Moldir – PhD, Associate Professor of the Department of Biotechnology of M. Auezov South Kazakhstan University, (Shymkent, Kazakhstan, e-mail: nazanovamoldir@mail.ru).

Aigul Daripbek – Senior Lecturer, South Kazakhstan Medical Academy (Shymkent, Kazakhstan, e-mail: daripbek.aygul.80@mail.ru).

Zhuzzhan K. E. – lecturer of the Department of the Kazakh National Medical University named after S.D. Asfendiyarov (Almaty, Kazakhstan e-mail: akp.773@mail.ru).

Сведения об авторах:

Еркекулова Калия – докторант кафедры биотехнологии Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова, старший преподаватель Южно-Казахстанской медицинской академии (Шымкент, Казахстан, e-mail: ekk.33@mail.ru).

Алпамысова Гульжайна – PhD, ассоц. профессор кафедры биотехнологии Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова (Шымкент, Казахстан, e-mail: xap68@mail.ru).

Туралиева Молдир – PhD, доцент кафедры биотехнологии Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова (Шымкент, Казахстан, e-mail: nazanovamoldir@mail.ru).

Дарипбек Айгуль – старший преподаватель Южно-Казахстанской медицинской академии (Шымкент, Казахстан, e-mail: daripbek.aygul.80@mail.ru).

К.Е. Жузжан – лектор кафедры Казахского национального медицинского университета имени С.Д. Асфендиярова (Алматы, Казахстан, e-mail: akp.773@mail.ru).

Келіп түсті: 12 мамыр 2025 жыл
Қабылданды: 15 қыркүйек 2026 жыл

МРНТИ 34.15.27 https://doi.org/10.26577/bb1083202614

К.А. Шораева[1], Ж.С. Абсатова[1], С.У. Молдагулова[1], А. Ұланқызы[1], А.Е. Косылганова[2*], К.А. Жапаркулова[2], А.С. Калыкова[3], Т.С. Бекежанова[2], Г.О. Шыныбекова[1], Н.С. Кожабергенов[1], Г.Д. Наханова[1], К.К. Джекебеков[1], О.В. Червякова[1]

[1]ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности», АО «Национальный холдинг QazBioPharm»
[2]НАО «Казахский национальный медицинский университет имени С.Д. Асфендиярова», Алматы, Казахстан
[3]НАО «Казахский национальный университет имени аль-Фараби», Алматы, Казахстан
*e-mail: aknur93@mail.ru; kossylganova.a@kaznmu.kz

ПОДТВЕРЖДЕНИЕ ПОДЛИННОСТИ РЕКОМБИНАНТНЫХ ВИРУСОВ ГРИППА МЕТОДОМ ПЦР – ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ВСТАВОК, КОДИРУЮЩИХ РЕКОМБИНАНТНЫЕ БЕЛКИ *BRUCELLA* SPP.

Разработка вирус-векторных вакцин против бруцеллеза требует строгого контроля подлинности рекомбинантных штаммов, используемых в качестве вакцинных кандидатов. Одним из ключевых этапов молекулярной характеристики таких штаммов является подтверждение наличия гетерологичных генетических вставок, кодирующих антигены *Brucella*. Целью настоящего исследования являлась оценка подлинности рекомбинантных гриппозных штаммов путем определения наличия бруцеллезных генетических вставок методом обратной транскрипции полимеразной цепной реакции (ОТ-ПЦР). Объектами исследования служили рекомбинантные штаммы вируса гриппа Flu-NS1-80-Omp16, Flu-NS1-80-L7/L12, Flu-NS1-80-Omp19 и Flu-NS1-80-Cu-Zn SOD, содержащие гены иммунодоминантных белков *Brucella*. Оценка аналитической чувствительности проводилась с использованием серийных десятикратных разведений положительного контроля с известной концентрацией РНК. Специфичность метода подтверждена наличием ампликонов строго ожидаемого размера (**~1250–1300 п.о. для рекомбинантных конструкций и ~890 п.о. для контрольного вируса**) и отсутствием неспецифической амплификации в отрицательных контролях. В ходе анализа рекомбинантных штаммов (Flu-NS1-80-OMP16, Flu-NS1-80-OMP19, Flu-NS1-80-SOD, Flu-NS1-80-L7/L12) во всех образцах выявлены целевые фрагменты, что свидетельствует об успешной интеграции вставок *Brucella spp*. в геном вируса. Оценка воспроизводимости показала 100% совпадение результатов в 10 независимых повторностях для всех исследуемых образцов. Чувствительность метода составила 100%, положительные и отрицательные контроли продемонстрировали ожидаемые результаты, что подтверждает корректность постановки реакции и отсутствие контаминации. Полученные результаты подтверждают подлинность рекомбинантных гриппозных штаммов и наличие в их геноме бруцеллезных генетических вставок, что свидетельствует о корректности конструкции вирусных векторов и возможности их дальнейшего использования при разработке вакцинных препаратов против бруцеллеза.

Ключевые слова: ПЦР, рекомбинантные штаммы гриппа, бруцеллезные вставки, валидация, верификация.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

K.A. Shoraeva[1], Zh.S. Absatova[1], S.U. Moldagulova[1], A. Ulanqyzy[1],
A.E. Kossylganova[2]*, K.A. Zhaparkulova[2], A.S. Kalykova[3], T.S. Bekezhanova[2],
G.O. Shynybekova[1], N.S. Kozhabergenov[1], G.D. Nakhanova[1],
K.K. Dzhekebekov[1], O.V. Chervyakova[1]

[1]Research Institute for Biological Safety Issues LLP, National Holding QazBioPharm JSC
[2]Asfendiyarov Kazakh National Medical University NPJSC
[3]Al-Farabi Kazakh National University NPJSC
*e-mail: kossylganova.a@kaznmu.kz

Authentication of recombinant influenza viruses by PCR-based identification of genetic inserts encoding recombinant *Brucella* spp. proteins

The development of viral vector vaccines against brucellosis requires strict control of the authenticity of recombinant strains used as vaccine candidates. One of the key stages in the molecular characterization of such strains is confirmation of the presence of heterologous genetic inserts encoding *Brucella* antigens.

The aim of this study was to assess the authenticity of recombinant influenza strains by detecting brucellosis-related genetic inserts using reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR). The study objects were recombinant influenza virus strains Flu-NS1-80-Omp16, Flu-NS1-80-L7/L12, Flu-NS1-80-Omp19, and Flu-NS1-80-Cu-Zn SOD, containing genes encoding immunodominant *Brucella* proteins. Analytical sensitivity was evaluated using serial tenfold dilutions of a positive control with a known RNA concentration.

The specificity of the method was confirmed by the presence of amplicons of the expected size, approximately 1250–1300 bp for recombinant constructs and approximately 890 bp for the control virus, as well as by the absence of nonspecific amplification in negative controls. During the analysis of recombinant strains Flu-NS1-80-OMP16, Flu-NS1-80-OMP19, Flu-NS1-80-SOD, and Flu-NS1-80-L7/L12, target fragments were detected in all samples, indicating successful integration of *Brucella* spp. inserts into the viral genome.

Reproducibility assessment showed 100% concordance of results in 10 independent replicates for all tested samples. The positive and negative controls demonstrated the expected results, confirming the correct performance of the reaction and the absence of contamination.

The obtained results confirm the authenticity of the recombinant influenza strains and the presence of brucellosis-related genetic inserts in their genome, indicating the correctness of the viral vector constructs and their potential for further use in the development of vaccine preparations against brucellosis.

Key words: PCR, recombinant influenza strains, brucellosis-related inserts, validation, verification.

К.А. Шораева[1], Ж.С. Абсатова[1], С.У. Молдагулова[1], А. Ұланқызы[1],
А.Е. Қосылғанова[2]*, К.А. Жапаркулова[2], А.С. Калыкова[3], Т.С. Бекежанова[2],
Г.О. Шыныбекова[1], Н.С. Кожабергенов[1], Г.Д. Наханова[1],
К.К. Джекебеков[1], О.В. Червякова[1]

[1]Биологиялық қауіпсіздік проблемаларының ғылыми-зерттеу институты ЖШС,
«QazBioPharm» Ұлттық холдингі АҚ, Жамбыл облысы, Қазақстан
[2]КЕ АҚ С.Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті, Алматы, Қазақстан
[3]КЕ АҚ Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті , Алматы, Қазақстан
*e-mail: kossylganova.a@kaznmu.kz

Brucella spp. рекомбинантты ақуыздарын кодтайтын генетикалық кірістірмелерді ПТР әдісімен идентификациялау арқылы рекомбинантты тұмау вирустарының түпнұсқалығын растау

Бруцеллезге қарсы вирустық-векторлық вакциналарды әзірлеу вакциналық кандидаттар ретінде қолданылатын рекомбинантты штаммдардың түпнұсқалығын қатаң бақылауды талап етеді. Мұндай штаммдарды молекулалық сипаттаудың негізгі кезеңдерінің бірі *Brucella* антигендерін кодтайтын гетерологиялық генетикалық кірістірмелердің болуын растау болып табылады. Осы зерттеудің мақсаты кері транскрипциялы полимеразды тізбекті реакция (КТ-ПТР) әдісі арқылы бруцеллездік генетикалық кірістірмелердің болуын анықтау негізінде рекомбинантты тұмау штаммдарының түпнұсқалығын бағалау болды. Зерттеу объектілері ретінде *Brucella* иммунодоминантты ақуыздарының гендерін қамтитын Flu-NS1-80-Omp16, Flu-NS1-80-L7/L12, Flu-NS1-80-Omp19 және Flu-NS1-80-Cu-Zn SOD рекомбинантты тұмау вирусы штаммдары қолданылды. Аналитикалық сезімталдықты бағалау белгілі РНҚ концентрациясы бар оң бақылаудың он еселік сериялық сұйылтуларын пайдалану арқылы жүргізілді. Әдістің спецификалығы күтілетін өлшемдегі ампликондардың болуымен расталды: рекомбинантты конструкциялар үшін шамамен 1250–

1300 ж.н. және бақылау вирусы үшін шамамен 890 ж.н.; теріс бақылауларда спецификалық емес амплификация байқалмады. Рекомбинантты штаммдарды талдау барысында Flu-NS1-80-OMP16, Flu-NS1-80-OMP19, Flu-NS1-80-SOD және Flu-NS1-80-L7/L12 үлгілерінің барлығында мақсатты фрагменттер анықталды, бұл *Brucella* spp. кірістірмелерінің вирус геномына сәтті интеграцияланғанын көрсетеді. Қайталанғыштықты бағалау барлық зерттелген үлгілер бойынша 10 тәуелсіз қайталауда нәтижелердің 100% сәйкес келуін көрсетті. Оң және теріс бақылаулар күтілетін нәтижелерді көрсетті, бұл реакцияның дұрыс қойылғанын және контаминацияның жоқтығын растайды. Алынған нәтижелер рекомбинантты тұмау штаммдарының түпнұсқалығын және олардың геномында бруцеллездік генетикалық кірістірмелердің болуын дәлелдейді, бұл вирустық векторлар конструкциясының дұрыстығын және оларды бруцеллезге қарсы вакциналық препараттарды әзірлеуде әрі қарай қолдану мүмкіндігін көрсетеді.

Түйін сөздер: ПТР, рекомбинантты тұмау штаммдары, бруцеллездік кірістірмелер, валидация, верификация.

Сокращения и обозначения

ПЦР – полимеразная цепная реакция; ОТ-ПЦР – обратная транскрипция с последующей полимеразной цепной реакцией; NS1 – неструктурный белок 1 вируса гриппа; Cu-Zn SOD – медьцинковая супероксиддисмутаза.

Введение

Бруцеллез – зоонозная инфекция, вызываемая бактериями рода *Brucella*. Заболевание поражает как животных, так и человека, характеризуется хроническим течением и тяжелыми осложнениями (Corbel, 2006; Pappas, 2006). Традиционные вакцины против бруцеллеза основаны на живых аттенуированных штаммах (*B. abortus* S19, *B. melitensis* Rev-1), однако они имеют ряд недостатков: остаточная вирулентность, риск инфицирования человека, невозможность применения у беременных животных (Schurig et al., 2002).

В связи с указанными ограничениями в последние десятилетия активно ведется поиск альтернативных вакцинных платформ, основанных на современных биотехнологических подходах. К числу перспективных направлений относятся субъединичные, ДНК-вакцины, наночастичные вакцины и вирус-векторные вакцины, способные индуцировать специфический иммунный ответ без использования живых бактерий (Avila-Calderón, 2013; Khan & Zahoor, 2018). Особый интерес представляют вирусные векторы, которые позволяют эффективно доставлять антигенные детерминанты патогена в клетки организма и индуцировать как гуморальный, так и клеточный иммунитет (Perkins et al., 2010).

Одной из перспективных платформ являются рекомбинантные вирусы гриппа, используемые в качестве вирусных векторов. Вирус гриппа обладает рядом преимуществ для создания векторных вакцин, включая высокую иммуногенность, возможность генетической модификации с использованием технологий обратной генетики и способность индуцировать мощный системный и мукозальный иммунный ответ (Gerlach et al., 2019). В таких системах гены, кодирующие иммунодоминантные антигены патогена, встраиваются в геном вируса гриппа, чаще всего в открытую рамку считывания гена NS1. Укорочение или модификация белка NS1 приводит к аттенуации вируса и повышению его безопасности при использовании в качестве вакцинного вектора (Richt & García-Sastre, 2009).

В качестве векторной платформы используется модифицированный вирус гриппа, в геном которого интегрируют гены *Brucella*, кодирующие ключевые иммунные белки, такие как рибосомный L7/L12, наружные мембранные белки Omp16, Omp19, а также фермент Cu-Zn SOD и другие. После введения такой вектор способен экспрессировать эти антигены внутри организма, вызывая специфическую иммунную реакцию против *Brucella*, при этом полностью исключая применение живых бактерий. Данный подход рассматривается как перспективный метод создания вакцин как для животных, так и для человека (Bugybayeva et al., 2021).

Наиболее активно изучаемыми антигенами являются L7/L12, Omp16, Omp19 и Cu-Zn SOD. Ряд исследований продемонстрировал, что комбинация нескольких белков, например Omp19 вместе с L7/L12, формирует более широкий и эффективный иммунный ответ по сравнению с использованием каждого антигена по отдельности (Arenas-Gamboa et al., 2011). Рекомбинантные вирусные вакцины на основе вируса гриппа обычно создаются с укороченным белком NS1, что приводит к аттенуации вируса и обеспечивает безопасное и эффективное выражение гетерологичных антигенов (Gerlach et al., 2019; Richt & García-Sastre, 2009).

Несмотря на значительные успехи в разработке вирус-векторных вакцин против бруцеллеза, важным этапом их создания является молекулярно-генетическая характеристика рекомбинантных штаммов. В частности, необходимо подтверждение наличия и стабильности гетерологичных генетических вставок, кодирующих антигены *Brucella*, в геноме вирусного вектора. В процессе получения и пассирования рекомбинантных вирусов возможны генетические перестройки или утрата вставленных последовательностей, что может привести к снижению экспрессии антигена и уменьшению иммуногенности вакцины (Dorneles et al., 2015).

Поэтому подтверждение подлинности рекомбинантных штаммов является важным этапом контроля качества вакцинных кандидатов. Особое значение данная процедура имеет при разработке вакцин для медицинского применения у человека, где требования к безопасности и воспроизводимости биологических препаратов особенно высоки (Tabynov et al., 2014).

Таким образом, подтверждение наличия генов *Brucella* в составе рекомбинантных гриппозных штаммов является необходимым этапом их молекулярной характеристики и стандартизации. Исходя из этого, **целью данной работы является** оценка подлинности рекомбинантных гриппозных штаммов путем определения наличия бруцеллезных генетических вставок.

Материалы и методы исследования

2.1 Объекты исследования. Объектами исследования являются рекомбинантные штаммы векторы гриппа Flu-NS1-80-Omp16, Flu-NS1-80-L7/L12, Flu-NS1-80-Omp19, Flu-NS1-80-Cu–Zn SOD, подготовленные в лабораторных условиях и экспонирующие вставки бруцеллезных генов (Higuchi, 1992; Mullis & Faloona, 1987).

Методом исследования выбрана постановка полимеразной цепной реакции с использованием специфических праймеров рассчитанные на гены, кодирующие бруцеллезные белки Omp16, Omp19, L7/L12 и SOD для оценки подлинности рекомбинантных гриппозных штаммов с помощью определения наличия бруцеллезных вставок.

2.2 Выделение РНК. Выделение вирусной РНК проводили с использованием набора **innuPREP Virus DNA/RNA Kit** (Германия) согласно инструкции производителя (Shiroguchi et al., 2012). Концентрацию и чистоту выделенной РНК оценивали спектрофотометрически по соотношению 260/280 нм (Gibson et al., 1996; Shiroguchi et al., 2012).

2.3 Постановка ПЦР. Наличие бруцеллезных вставок в штаммах было проведено с помощью ПЦР анализа с набором одношаговой системы «Super Script One-Step RT-PCR» фирмы Invitrogen, согласно протоколу производителя, с использованием олигонуклеотидных праймеров: NS1 – AGCAAAAGCAGGGTGACAAAG и NS834 – CTCTTGCTCCACTTCAAGC.

Реакционная смесь ПЦР была приготовлена согласно протоколу набора «Super Script One-Step RT-PCR»: 12,5 μL – 2X Reaction Mix, 0,5 μL – $MgSO_4$, 1 μL – NS1 primer (10 μM), 1 μL – NS834 primer (10 μM), 0,5 μL – SuperScript™ III RT/Platinum™ Taq High Fidelity Enzyme Mix, 0,5 μL – dNTP, 1 μL – RNA, 5 μL – вода для ПЦР.

Условия амплификации: пре-денатурация 45°C – 15 мин, 95°C – 2 мин 1 цикл; денатурация – 94°C – 15 сек, отжиг – 55°C – 30 сек, элонгация – 68°C – 1 мин 40 цикл; фин. элонгация – 68°C – 5 мин 1 цикл; хранение 4°C – ∞.

Амплификацию фрагментов *РНК* генов кодирующие бруцеллезные белки Omp16, Omp19, L7/L12 и SOD проведен на амплификаторе ProFlex PCR System, applied biosystems by Thermo Fisher Scientific (Сингапур).

2.4 Электрофоретический анализ. Продукты ПЦР анализировали методом электрофореза в **1,5% агарозном геле** с TAE-буфером и бромистым этидием (Ivanova et al., 2025; Moulana et al., 2016). Визуализацию проводили с использованием системы **omni DOC** (Cleaver Scientific Ltd) с 5-мегапиксельной камерой (Richt & García-Sastre, 2009).

Оптимизация ОТ-ПЦР проводили с учетом концентрации Mg^{2+}, концентрации праймеров, температуры отжига, числа циклов и длительности этапов (Avila-Calderón, 2013; Khan & Zahoor, 2018). Это обеспечивало максимальную специфичность и чувствительность амплификации.

2.5 Верификация и валидация. Контроль специфичности реакции проводили с использованием позитивного контроля (РНК с известной вставкой) и негативного контроля (без шаблона) (Khan & Zahoor, 2018; Perkins et al., 2010).

Валидация включала оценку специфичности (наличие только целевого продукта), чувствительности (минимальное количество копий для надежного выявления), воспроизводимости (повторные измерения в разных сериях экспериментов) (Gerlach et al., 2019; Khan & Zahoor, 2018).

2.6 Статистическая обработка данных. Данные обрабатывали с использованием про-

граммы GraphPad Prism 9, применяли описательную статистику, тесты на нормальность распределения, t-тест или ANOVA, а также оценку коэффициента вариации для воспроизводимости (Bugybayeva et al., 2021).

Результаты исследования и их обсуждение

Для оценки чувствительности метода ОТ-ПЦР в рекомбинантных штаммах на основе вируса гриппа А были использованы образцы с известной концентрацией целевой РНК (Таблица 1). Образцы были получены путем серийного десятикратного разведения стандартного положительного контроля. Это позволило определить минимальное количество копий РНК, которое может быть достоверно обнаружено данным методом.

Результаты определения чувствительности исследуемого метода представлены на рисунке 1.

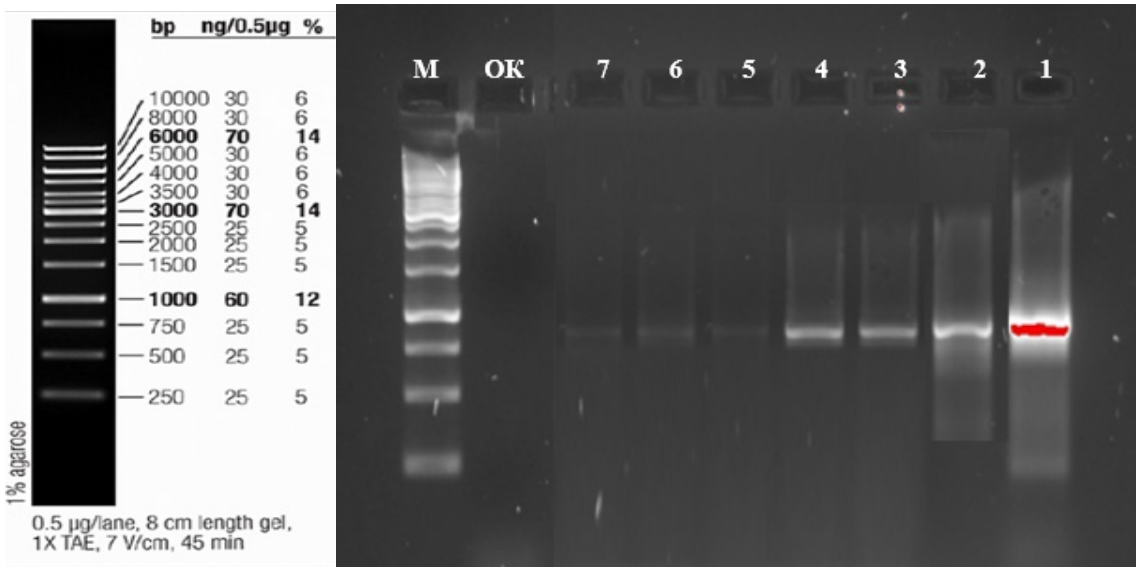
Таблица 1

Степень разведения положительного контроля для оценки чувствительности

№	Диапазон разведении, копия	Концентрация плазмидной ДНК, ПК	Объем в одной реакций, мкл
1	1000000	0,3 пг	3
2	100000	3 пг	3
3	10000	0,3 нг	3
4	1000	3 нг	3
5	100	0,3 мкг	3
6	10	3 мкг	3
7	1	30 мкг	3
8	Отрицательный контроль (свободная от РНК/ДНК-аз вода)	-	3

Рисунок 1

Чувствительность метода при постановке ОТ-ПЦР



М – маркер молекулярной массы; ОК – отрицательный контроль; 1–7 – десятикратные разведения положительного контроля, содержащие 10□, 10□, 10□, 10^3, 10^2, 10 и 1 копию РНК в реакции соответственно. Ожидаемый размер ампликона – ~890 п.о.

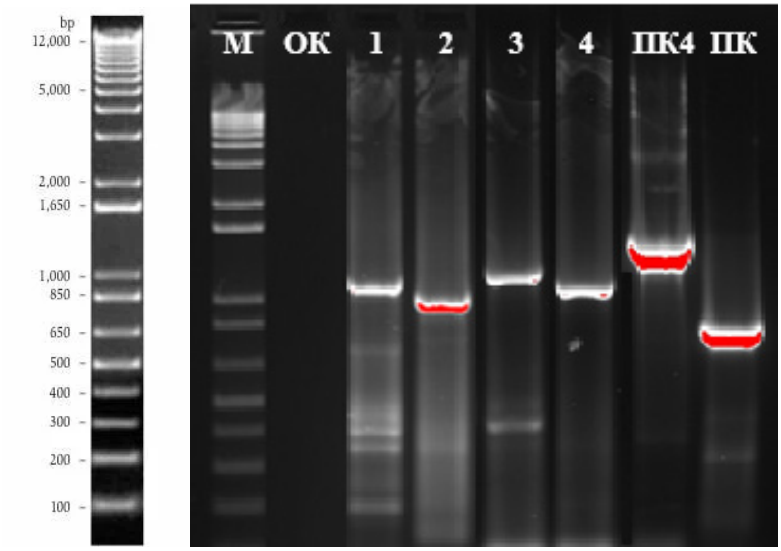
На основании данных, представленных на рисунке 1, можно отметить, что метод ОТ-ПЦР демонстрирует высокую чувствительность при концентрациях РНК положительного контроля в диапазоне от 10□ до 10 копий. Во всех протестированных разведениях были четко амплифицированы ПЦР-фрагменты, соответствующие ожидаемому размеру (~890 п.о.), что указывает на надежное обнаружение целевой последовательности.

Полученные результаты ОТ-ПЦР показали, что предлагаемый метод является чувствительным и воспроизводимым, и может быть эффективно использован для идентификации вставок *Brucella spp.* в рекомбинантных штаммах на основе вируса гриппа А.

В процессе создания рекомбинантных штаммов вируса гриппа А, экспрессирующих антигены *Brucella spp.*, важным этапом является подтверждение наличия целевых вставок в вирусном геноме. Для этого была проведена оптимизация метода обратной транскрипции с последующей полимеразной цепной реакцией (ОТ-ПЦР), позволяющего специфически выявлять фрагменты генов *Brucella* в культуральных материалах.

Рисунок 2

Определение наличия вставок Brucella spp. в рекомбинантных штаммах вируса гриппа методом ОТ-ПЦР



М – маркер, ОК – отрицательный контроль, культуральные материалы 1 – Flu-NS1-80-OMP16, 2 – Flu-NS1-80-L7/L12, 3 – Flu-NS1-80- SOD, 4 – Flu-NS1-80-OMP19, ПК4 – положительный контроль (плазмидная ДНК – 1500 п.о.), ПК – РНК A/chicken/Akmola/KZ/62/2021 (H5N8) (~890 п.о.)

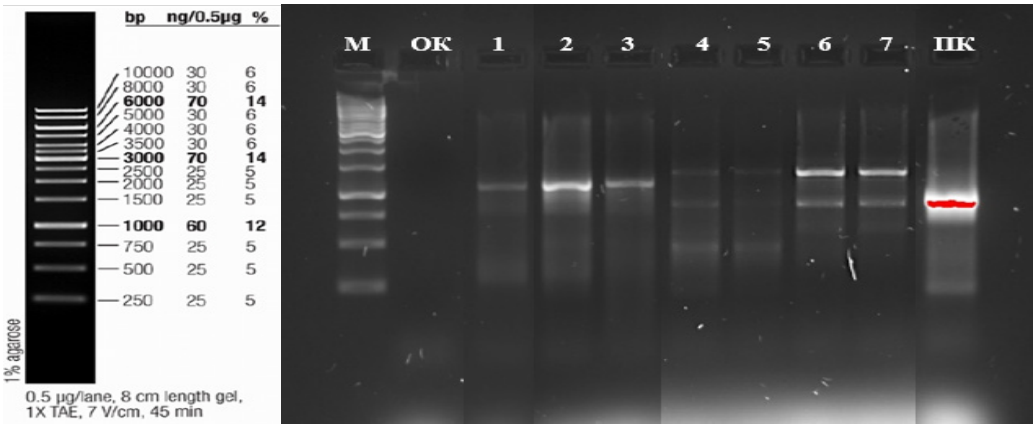
В результате проведения ОТ-ПЦР было установлено наличие специфических ампликонов соответствующего размера во всех исследуемых образцах рекомбинантных вирусов (дорожки 1-4), что свидетельствует об успешной интеграции генетических вставок *Brucella spp.* в геном вируса гриппа А. В отрицательном контроле (ОК) амплификация отсутствовала, что подтверждает отсутствие контаминации в реакционной смеси. В положительном контроле (ПК4) наблюдался четкий ампликон ожидаемого размера (~1400 п.о.), подтверждающий корректность работы праймеров и условий реакции.

Контрольный вирусный штамм (ПК) не содержал вставок *Brucella spp.*, что подтверждается наличием специфической полосы в области ~890 п.о., и служит дополнительным подтверждением специфичности используемого ОТ-ПЦР метода.

Валидацию метода по обнаружению вставок *Brucella spp. (L7/L12, OMP16, OMP19, Cu-Zn-SOD)* в рекомбинантных штаммах вакцины на основе вируса гриппа А путем оценки специфичности проводили с использованием образцов РНК рекомбинантных штаммов вируса гриппа с бруцеллезными вставками (Рисунок 3).

Рисунок 3

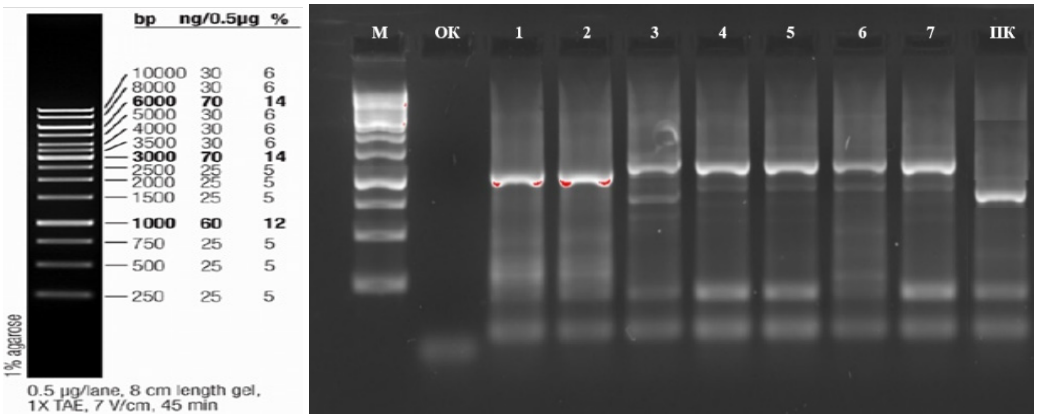
Специфичность метода идентификации вставок Brucella spp. (L7/L12, Omp16) в рекомбинантных штаммах на основе вируса гриппа А



М – маркер молекулярной массы 1 kb; ОК – отрицательный контроль; 1–3 – образцы рекомбинантного штамма Flu-NS1-80-L7/L12; 4–7 – образцы рекомбинантного штамма Flu-NS1-80-Omp16; ПК – положительный контроль РНК вируса гриппа А (H5N8).

Рисунок 4

Специфичность метода идентификации вставок Brucella spp. (L7/L12, OMP16, OMP19, Cu-Zn-SOD) в рекомбинантных штаммах на основе вируса гриппа А



М – 1 кб маркер, ОК – ПЦР вода, 1 – Flu-NS1-80-L7/L12; 2 – Flu-NS1-80-L7/L12; 3 – Flu-NS1-80-OMP16; 4 – Flu-NS1-80- OMP19; 5 – Flu-NS1-80- OMP19; 6 – Flu-NS1-80- SOD; 7 – Flu-NS1-80- SOD; ПК – РНК (H5N8) (~890 п.о.)

Как видно из рисунка 4, ОТ-ПЦР-амплификация прошла успешно, так в образце положительного контроля (ПК) был получен ампликон ожидаемого размера 890 п.о. гена NS, что подтверждает корректность проведения реакций. В отрицательном контроле (ОК) амплификация отсутствует, что свидетельствует об отсутствии контаминации и высокой специфичности метода. В образцах №1 и 2 были получены фрагменты размером ~1250 п.о., соответствующие гену NS с бруцеллезной вставкой L7/L12. В то же время, в образцах №3, 4, 5, 6 и 7 наблюдались образование ПЦР-продуктов размером ~1300 п.о., что подтверждает наличие вставок в конструкциях Flu-NS1-80-OMP16, Flu-NS1-80-OMP19 и Flu-NS1-80- SOD, соответственно.

Для оценки воспроизводимости и валидации метода ОТ-ПЦР для идентификации вставок *Brucella spp. (L7/L12, OMP16, OMP19, Cu-Zn-SOD)* в рекомбинантных штаммах на основе

вируса гриппа А в качестве объекта исследования были использованы РНК конструкции Flu-NS1-80-OMP16, Flu-NS1-80-MP19, Flu-NS1-80- SOD, Flu-NS1-80- L7/L12. Постановку ОТ-ПЦР осуществляли в одинаковых условиях с применением одного и того же оборудования с одинаковыми условиями в 10 повторностях (Таблица 2).

Таблица 2

Воспроизводимость метода ОТ-ПЦР для идентификации вставок Brucella spp. в рекомбинантных гриппозных штаммах

Повторность постановки ОТ-ПЦР	Образцы рекомбинантных конструкций			
	Flu-NS1-80-OMP16	Flu-NS1-80-MP19	Flu-NS1-80- SOD	Flu-NS1-80- L7/L12
1	+	+	+	+
2	+	+	+	+
3	+	+	+	+
5	+	+	+	+
6	+	+	+	+
7	+	+	+	+
8	+	+	+	+
9	+	+	+	+
10	+	+	+	+
Процент чувствительности	100 %	100 %	100 %	100 %
ПК	+	+	+	+
ОК	-	-	-	-

Примечание: «+» – положительный; «-» – отрицательный.

Результаты, представленные в таблице 2, демонстрируют высокую воспроизводимость и надежность разработанного метода ОТ-ПЦР. Во всех 10 повторностях для всех исследованных рекомбинантных конструкций (Flu-NS1-80-OMP16, Flu-NS1-80-MP19, Flu-NS1-80-SOD и Flu-NS1-80-L7/L12) были получены положительные результаты амплификации, что свидетельствует о стабильности метода при неизменных условиях проведения эксперимента.

Чувствительность метода составила 100% для всех анализируемых вставок *Brucella* spp., что подтверждает его высокую диагностическую эффективность. При этом положительный контроль (ПК) во всех случаях дал ожидаемый положительный результат, а отрицательный контроль (ОК) – отрицательный, что указывает на отсутствие контаминации и корректность постановки реакции.

Таким образом, разработанный метод ОТ-ПЦР обеспечивает достоверную и воспроизводимую идентификацию генетических вставок *Brucella* spp. (L7/L12, OMP16, OMP19, Cu-Zn-SOD) в составе рекомбинантных штаммов на основе вируса гриппа А и может быть рекомендован для дальнейшего применения в лабораторной практике.

В настоящей работе проведена оценка подлинности рекомбинантных гриппозных штаммов, экспрессирующих иммунодоминантные антигены *Brucella* (L7/L12, Omp16, Omp19, Cu-Zn SOD), с использованием одношаговой ОТ-ПЦР с праймерами к гену NS.

Полученные результаты свидетельствуют о высокой чувствительности, специфичности и воспроизводимости разработанного метода ОТ-ПЦР для идентификации вставок *Brucella* spp. в рекомбинантных штаммах вируса гриппа А, что соответствует современным требованиям к молекулярно-генетическим методам диагностики и сопоставимо с данными зарубежных исследований (Corman, 2020; Tahamtan & Ardebili, 2020).

Особое значение имеет высокая специфичность метода, подтвержденная отсутствием амплификации в отрицательных контролях и наличием продуктов строго ожидаемого размера для каждой конструкции. Это согласуется с данными зарубежных авторов, подчеркиваю-

щих, что специфичность ОТ-ПЦР при детекции рекомбинантных вирусов определяется, прежде всего, дизайном праймеров и отсутствием перекрестной реактивности с геномом вируса-хозяина (Thornton & Basu, 2011). В представленном исследовании четкое различие размеров ампликонов (~1250–1300 п.о. для вставок и ~890 п.о. для контрольного вируса) дополнительно подтверждает точность идентификации целевых последовательностей.

Результаты анализа воспроизводимости демонстрируют 100% совпадение результатов во всех 10 повторностях, что указывает на высокую надежность метода. Подобные показатели воспроизводимости соответствуют международным рекомендациям по валидации молекулярных методов, согласно которым коэффициент воспроизводимости должен превышать 95% (Broeders et al., 2014). Это делает разработанный подход пригодным не только для научных исследований, но и для рутинной лабораторной диагностики.

Следует отметить, что использование вируса гриппа А в качестве векторной платформы для экспрессии антигенов *Brucella spp*. является перспективным направлением современной вакцинологии. В ряде недавних исследований показано, что рекомбинантные гриппозные вирусы способны эффективно экспрессировать чужеродные антигены и индуцировать как гуморальный, так и клеточный иммунный ответ (Isakova-Sivak, 2016; Krammer, 2019). В этом контексте разработанный метод ОТ-ПЦР представляет собой важный инструмент контроля качества таких вакцинных конструкций.

В контексте активного развития вирус-векторных вакцин против бруцеллеза, включая платформы на основе модифицированного вируса гриппа с укороченным NS1 (Carascal et al., 2022), валидированный нами ОТ-ПЦР-подход закрывает важный пробел именно в стандартизированном контроле подлинности таких векторов. Это особенно критично при разработке препаратов для медицинского применения у человека, где требования к стабильности и воспроизводимости генетических конструкций максимально жесткие.

В дальнейшем целесообразно дополнить разработанный подход количественной ОТ-ПЦР и/или секвенированием для оценки уровня экспрессии и целостности вставок при длительном пассировании.

Заключение

Метод одношаговой обратной транскрипции ПЦР, разработанный в данном исследовании, продемонстрировал чувствительность и стабильность метода, а также полную специфичность и 100 % воспроизводимость при идентификации всех проверяемых бруцеллезных вставок в рекомбинантных гриппозных векторах строго с ожидаемыми размерами продукта (~890 п.о. – контрольный вирус; ~1250–1300 п.о. – рекомбинантные конструкции). Оценка воспроизводимости показала 100% совпадение результатов в 10 повторностях для всех исследуемых конструкций (Flu-NS1-80-OMP16, Flu-NS1-80-OMP19, Flu-NS1-80-SOD, Flu-NS1-80-L7/L12).

Это позволяет использовать ОТ-ПЦР как надежный инструмент контроля качества при создании вирус-векторных вакцин против бруцеллеза и обеспечивает основу для дальнейшего масштабирования и клинической валидации подобных вакцинных кандидатов.

Источник финансирования

Работа выполнена в рамках программно-целевого финансирования Министерства здравоохранения Республики Казахстан на 2024-2026 годы (ИРН BR25293294).

Благодарности

Выражаем сотрудникам НИИПББ и КазНМУ имени С.Д. Асфендиярова, которые принимали непосредственное участие в экспериментальных этапах настоящей работы.

Вклад авторов

К.А. Шораева: концептуализация, методология, рецензирование и редактирование рукописи, администрирование проекта; К.А. Жапаркулова: концептуализация, научное руководство, администрирование проекта; А.Е. Косылганова: концептуализация, валидация, рецензирование и редактирование рукописи; Ж.С. Абсатова: методология, проведение исследований; А. Ұланқызы: методология, подготовка первоначального текста; Т.С. Бекежанова: валидация, рецензирование и редактирование рукописи; А.С. Калыкова: валидация, курирование данных; Н.С. Кожабергенов: формальный анализ, кури-

рование данных; К.К. Джекебеков: формальный анализ, ресурсы; С.У. Молдагулова: проведение исследований, подготовка первоначального текста; Г.О. Шыныбекова: проведение исследований, визуализация; О.В. Червякова: ресурсы, научное руководство, получение финансирования; Г.Д. Наханова: курирование данных, подготовка первоначального текста, визуализация.

Литература

Arenas-Gamboa, A. M., Rice-Ficht, A. C., Kahl-McDonagh, M. M., & Ficht, T. A. (2011). Protective efficacy and safety of *Brucella melitensis* 16MΔmucR against intraperitoneal and aerosol challenge in BALB/c mice. *Infection and Immunity, 79*(9), 3653–3658. https://doi.org/10.1128/IAI.05330-11

Avila-Calderón, E. D., Lopez-Merino, A., Sriranganathan, N., Boyle, S. M., & Contreras-Rodríguez, A. (2013). A history of the development of *Brucella* vaccines. *BioMed Research International, 2013*, Article 743509. https://doi.org/10.1155/2013/743509

Broeders, S., Huber, I., Grohmann, L., Berben, G., Taverniers, I., Mazzara, M., Roosens, N., & Morisset, D. (2014). Guidelines for validation of qualitative real-time PCR methods. *Trends in Food Science & Technology, 37*(2), 115–126. https://doi.org/10.1016/j.tifs.2014.03.008

Bugybayeva, D., Kydyrbayev, Z., Zinina, N., Assanzhanova, N., Yespembetov, B., Kozhamkulov, Y., Zakarya, K., Ryskeldinova, S., & Tabynov, K. (2021). A new candidate vaccine for human brucellosis based on influenza viral vectors: A preliminary investigation for the development of an immunization schedule in a guinea pig model. *Infectious Diseases of Poverty, 10*(1), Article 13. https://doi.org/10.1186/s40249-021-00801-y

Carascal, M. B., Pavon, R. D. N., & Rivera, W. L. (2022). Recent progress in recombinant influenza vaccine development toward heterosubtypic immune response. *Frontiers in Immunology, 13*, Article 878943. https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.878943

Corbel, M. J. (2006). *Brucellosis in humans and animals*. World Health Organization. https://iris.who.int/handle/10665/43597

Corman, V. M., Landt, O., Kaiser, M., Molenkamp, R., Meijer, A., Chu, D. K. W., Bleicker, T., Brünink, S., Schneider, J., Schmidt, M. L., Mulders, D. G. J. C., Haagmans, B. L., van der Veer, B., van den Brink, S., Wijsman, L., Goderski, G., Romette, J.-L., Ellis, J., Zambon, M., … Drosten, C. (2020). Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *Eurosurveillance, 25*(3), Article 2000045. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045

Dorneles, E. M., Sriranganathan, N., & Lage, A. P. (2015). Recent advances in *Brucella abortus* vaccines. *Veterinary Research, 46*, Article 76. https://doi.org/10.1186/s13567-015-0199-7

Gerlach, T., Elbahesh, H., Saletti, G., & Rimmelzwaan, G. F. (2019). Recombinant influenza A viruses as vaccine vectors. *Expert Review of Vaccines, 18*(4), 379–392. https://doi.org/10.1080/14760584.2019.1582338

Gibson, U. E., Heid, C. A., & Williams, P. M. (1996). A novel method for real time quantitative RT-PCR. *Genome Research, 6*(10), 995–1001. https://doi.org/10.1101/gr.6.10.995

Higuchi, R., Dollinger, G., Walsh, P. S., & Griffith, R. (1992). Simultaneous amplification and detection of specific DNA sequences. *Bio/Technology, 10*(4), 413–417. https://doi.org/10.1038/nbt0492-413

Isakova-Sivak, I., Tretiak, T., & Rudenko, L. (2016). Cold-adapted influenza viruses as a promising platform for viral-vector vaccines. *Expert Review of Vaccines, 15*(10), 1241–1243. https://doi.org/10.1080/14760584.2016.1208088

Ivanova, Z., Grigorova, N., Petrova, V., Vachkova, E., & Beev, G. (2025). Comparative evaluation of computational methods for validating housekeeping gene RT-qPCR data in 3T3-L1 cells. *Biomedicines, 13*(8), Article 2036. https://doi.org/10.3390/biomedicines13082036

Khan, M. Z., & Zahoor, M. (2018). An overview of brucellosis in cattle and humans, and its serological and molecular diagnosis in control strategies. *Tropical Medicine and Infectious Disease, 3*(2), Article 65. https://doi.org/10.3390/tropicalmed3020065

Krammer, F. (2019). The human antibody response to influenza A virus infection and vaccination. *Nature Reviews Immunology, 19*(6), 383–397. https://doi.org/10.1038/s41577-019-0143-6

Moulana, Z., Hasanjani Roushan, M. R., & Marashi, S. M. A. (2016). Evaluation of different primers for detection of *Brucella* by using PCR method. *Electronic Physician, 8*(11), 3222–3227. https://doi.org/10.19082/3222

Mullis, K. B., & Faloona, F. A. (1987). Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology, 155*, 335–350. https://doi.org/10.1016/0076-6879(87)55023-6

Pappas, G., Papadimitriou, P., Akritidis, N., Christou, L., & Tsianos, E. V. (2006). The new global map of human brucellosis. *The Lancet Infectious Diseases, 6*(2), 91–99. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(06)70382-6

Perkins, S. D., Smither, S. J., & Atkins, H. S. (2010). Towards a *Brucella* vaccine for humans. *FEMS Microbiology Reviews, 34*(3), 379–394. https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2010.00211.x

Richt, J. A., & García-Sastre, A. (2009). Attenuated influenza virus vaccines with modified NS1 proteins. *Current Topics in Microbiology and Immunology, 333*, 177–195. https://doi.org/10.1007/978-3-540-92165-3_9

Schurig, G. G., Sriranganathan, N., & Corbel, M. J. (2002). Brucellosis vaccines: Past, present and future. *Veterinary Microbiology, 90*(1–4), 479–496. https://doi.org/10.1016/S0378-1135(02)00255-9

Shiroguchi, K., Jia, T. Z., Sims, P. A., & Xie, X. S. (2012). Digital RNA sequencing minimizes sequence-dependent bias and amplification noise with optimized single-molecule barcodes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 109*(4), 1347–1352. https://doi.org/10.1073/pnas.1118018109

Tabynov, K., Kydyrbayev, Z., Ryskeldinova, S., Yespembetov, B., Zinina, N., Assanzhanova, N., Kozhamkulov, Y., Inkarbekov, D., Gotskina, T., & Sansyzbay, A. (2014). Novel influenza virus vectors expressing *Brucella* L7/L12 or Omp16 proteins in cattle

induced a strong T-cell immune response, as well as high protectiveness against *B. abortus* infection. *Vaccine, 32*(18), 2034–2041. https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2014.02.058

Tahamtan, A., & Ardebili, A. (2020). Real-time RT-PCR in COVID-19 detection: Issues affecting the results. *Expert Review of Molecular Diagnostics, 20*(5), 453–454. https://doi.org/10.1080/14737159.2020.1757437

Thornton, B., & Basu, C. (2011). Real-time PCR (qPCR) primer design using free online software. *Biochemistry and Molecular Biology Education, 39*(2), 145–154. https://doi.org/10.1002/bmb.20461

Сведения об авторах:

Шораева Камшат Абитхановна – PhD, заведующая лабораторией ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: k.a.shorayeva@mail.ru; k.shorayeva@biosafety.kz).

Абсатова Жаркинай Серикбаевна – магистр технических наук по направлению «Биотехнология», старший научный сотрудник ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: zh.absatova@biosafety.kz).

Молдагулова Сабина Улановна – магистр биологии, младший научный сотрудник ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности», Национальный холдинг «QazBioPharm» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: sabina_moldagulova@mail.ru).

Уланқызы Ақнұр (автор для корреспонденции) – младший научный сотрудник ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности», Национальный холдинг «QazBioPharm» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: aknur93@mail.ru).

Қосылғанова Айнар Ерланқызы (автор для корреспонденции) – магистр технических наук, PhD-докторант кафедры биотехнологии и общей химической технологии Школы фармации НАО «КазНМУ имени С.Д. Асфендиярова», научный сотрудник (Алматы, Казахстан, e-mail: aynar03031998@gmail.com; kossylganova.a@kaznmu.kz).

Жапаркулова Карлыгаш Алтынбековна – PhD, ассоциированный профессор, заведующая кафедрой биотехнологии и общей химической технологии Школы фармации НАО «КазНМУ имени С.Д. Асфендиярова», ответственный исполнитель научно-технической программы, ведущий научный сотрудник (Алматы, Казахстан, e-mail: zhaparkulova.k@kaznmu.kz).

Калыкова Асем Сериковна – PhD, ассоциированный профессор, заведующая кафедрой фундаментальной медицины факультета медицины и здравоохранения Казахского национального университета имени аль-Фараби, ведущий научный сотрудник (Алматы, Казахстан, e-mail: a.kalykova@gmail.com).

Бекежанова Толкын Слямовна – PhD, ассоциированный профессор кафедры инженерных дисциплин и надлежащих практик НАО «Казахский национальный медицинский университет имени С.Д. Асфендиярова», ведущий научный сотрудник (Алматы, Казахстан, e-mail: bekezhanova.t@kaznmu.kz).

Шыныбекова Гаухар Орынбековна – магистр биологии, старший научный сотрудник ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: gaukhar_1988@bk.ru).

Кожабергенов Нурлан Сиязбекович – старший научный сотрудник ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: nurlanks@gmail.com).

Наханова Гульнур Джолдасбековна – магистр, старший научный сотрудник ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: gal.gulnur@mail.ru).

Джекебеков Куаныш Кайратович – сотрудник ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: k.zhekebekov@biosafety.kz).

Червякова Ольга Викторовна – кандидат биологических наук, профессор, заместитель генерального директора по науке и коммерциализации дочерней организации Национального холдинга «QazBioPharm» – ТОО «Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности» (пгт. Гвардейский, Казахстан, e-mail: o.chervyakova@biosafety.kz).

Information about the authors:

Shorayeva Kamshat Abitkhanovna – PhD, Head of Laboratory, Research Institute for Biological Safety Issues (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: k.a.shorayeva@mail.ru; k.shorayeva@biosafety.kz).

Absatova Zharkynai Serikbaevna – Master of Technical Sciences in Biotechnology, Senior Researcher, Research Institute for Biological Safety Issues (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: zh.absatova@biosafety.kz).

Moldagulova Sabina Ulanovna – Master of Biology, Junior Researcher, Research Institute for Biological Safety Issues, National Holding QazBioPharm (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: sabina_moldagulova@mail.ru).

Ulankyzy Aknur (corresponding author) – Junior Researcher, Research Institute for Biological Safety Issues, National Holding QazBioPharm (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: aknur93@mail.ru).

Kossylganova Ainar Erlanovna (corresponding author) – Master of Technical Sciences, PhD Candidate, Department of Biotechnology and General Chemical Technology, School of Pharmacy, Asfendiyarov Kazakh National Medical University; Researcher (Almaty, Kazakhstan, e-mail: aynar03031998@gmail.com; kossylganova.a@kaznmu.kz).

Zhaparkulova Karlygash Altynbekovna – PhD, Associate Professor, Head of the Department of Biotechnology and General Chemical Technology, School of Pharmacy, Asfendiyarov Kazakh National Medical University; Principal Investigator of the Scientific and Technical Program; Leading Researcher (Almaty, Kazakhstan, e-mail: zhaparkulova.k@kaznmu.kz).

Kalykova Assem Serikovna – PhD, Associate Professor, Head of the Department of Fundamental Medicine, Faculty of Medicine and Healthcare, Al-Farabi Kazakh National University; Leading Researcher (Almaty, Kazakhstan, e-mail: a.kalykova@gmail.com).

Bekezhanova Tolkyn Slyamovna – PhD, Associate Professor, Department of Engineering Disciplines and Good Practices, Asfendiyarov Kazakh National Medical University; Leading Researcher (Almaty, Kazakhstan, e-mail: bekezhanova.t@kaznmu.kz).

Shynybekova Gauhar Orynbekovna – Master of Biology, Senior Researcher, Research Institute for Biological Safety Issues (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: gaukhar_1988@bk.ru).

Kozhabergenov Nurlan Siyazbekovich – Senior Researcher, Research Institute for Biological Safety Issues (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: nurlanks@gmail.com).

Nakhanova Gulnur Dzholdasbekovna – Master of Biology, Senior Researcher, Research Institute for Biological Safety Issues (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: gal.gulnur@mail.ru).

Jackebekov Kuanysh Kairatovich – Researcher, Research Institute for Biological Safety Issues (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: k.zhekebekov@biosafety.kz).

Chervyakova Olga Viktorovna – Candidate of Biological Sciences, Professor, Deputy General Director for Science and Commercialization of the subsidiary organization of National Holding QazBioPharm – Research Institute for Biological Safety Issues (Gvardeyskiy settlement, Kazakhstan, e-mail: o.chervyakova@biosafety.kz).

Авторлар туралы мәлімет:

Шораева Камшат Әбитханқызы – PhD, зертхана меңгерушісі, «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: k.a.shorayeva@mail.ru; k.shorayeva@biosafety.kz).

Абсатова Жарқынай Серікбайқызы – «Биотехнология» бағыты бойынша техника ғылымдарының магистрі, аға ғылыми қызметкер, «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: zh.absatova@biosafety.kz).

Молдағұлова Сабина Ұланқызы – биология магистрі, кіші ғылыми қызметкер, «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, «QazBioPharm» ұлттық холдингі (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: sabina_moldagulova@mail.ru).

Ұланқызы Ақнұр (хат-хабарға жауапты автор) – кіші ғылыми қызметкер, «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, «QazBioPharm» ұлттық холдингі (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: aknur93@mail.ru).

Қосылғанова Айнар Ерланқызы (хат-хабарға жауапты автор) – техника ғылымдарының магистрі, «С. Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті» КЕАҚ Фармация мектебінің биотехнология және жалпы химиялық технология кафедрасының PhD-докторанты, ғылыми қызметкер (Алматы, Қазақстан, e-mail: aynar03031998@gmail.com; kossylganova.a@kaznmu.kz).

Жапаркулова Карлығаш Алтынбекқызы – PhD, қауымдастырылған профессор, «С.Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті» КЕАҚ Фармация мектебінің биотехнология және жалпы химиялық технология кафедрасының меңгерушісі, ғылыми-техникалық бағдарламаның жауапты орындаушысы, жетекші ғылыми қызметкер (Алматы, Қазақстан, e-mail: zhaparkulova.k@kaznmu.kz).

Калыкова Асем Сериккызы – PhD, қауымдастырылған профессор, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті Медицина және денсаулық сақтау факультетінің іргелі медицина кафедрасының меңгерушісі, жетекші ғылыми қызметкер (Алматы, Қазақстан, e-mail: a.kalykova@gmail.com).

Бекежанова Толқын Слямқызы – PhD, қауымдастырылған профессор, «С. Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті» КЕАҚ инженерлік пәндер және тиісті практикалар кафедрасының қызметкері, жетекші ғылыми қызметкер (Алматы, Қазақстан, e-mail: bekezhanova.t@kaznmu.kz).

Шыныбекова Гаухар Орынбекқызы – биология магистрі, аға ғылыми қызметкер, «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: gaukhar_1988@bk.ru).

Қожабергенов Нұрлан Сиязбекұлы – аға ғылыми қызметкер, «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: nurlanks@gmail.com).

Наханова Гульнур Джолдасбековна – магистр, аға ғылыми қызметкер, «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: gal.gulnur@mail.ru).

Джекебеков Куаныш Кайратович – «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС қызметкері (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: k.zhekebekov@biosafety.kz).

Червякова Ольга Викторовна – биология ғылымдарының кандидаты, профессор, «QazBioPharm» ұлттық холдингінің еншілес ұйымы – «Биологиялық қауіпсіздік проблемалары ғылыми-зерттеу институты» ЖШС бас директорының ғылым және коммерцияландыру жөніндегі орынбасары (Гвардейский кенті, Қазақстан, e-mail: o.chervyakova@biosafety.kz).

Поступило 1 декабря 2025 года
Повторно загружено 16 мая 2026 года
Принято 15 сентября 2026 года

5-бөлім
ЭКОЛОГИЯ

Section 5
ECOLOGY

Раздел 5
ЭКОЛОГИЯ

МРНТИ 87.03.17 https://doi.org/10.26577/bb1083202615

Т.Б. Аймухан*, С.Т. Нуртазин, С.А. Манкибаева

Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
*e-mail: nilkemat@gmail.com

КОМПЛЕКСНАЯ ОЦЕНКА ДЕГРАДАЦИОННОГО РИСКА АРИДНЫХ ТЕРРИТОРИЙ ИЛИЙСКОГО РАЙОНА НА ОСНОВЕ СПУТНИКОВЫХ ИНДЕКСОВ И КЛИМАТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ

В статье представлена комплексная оценка деградационного риска аридных территорий Илийского района Алматинской области на основе спутниковых индексов Sentinel-2, продукционного показателя MODIS NPP и климато-гидрологических переменных ERA5-Land. Цель исследования заключалась в выявлении пространственного распределения риска деградации и определении связи состояния почвенно-растительного покрова с водными и температурными факторами за 2020–2025 гг. Интегральная карта риска построена по четырём нормализованным компонентам: NDVI, BSI, альбедо и VCI. Дополнительно проанализированы NPP за 2020–2024 гг., осадки, температура воздуха, скорость ветра, водный эквивалент снега и влажность почвы 0–28 см. Установлено, что классы высокого и очень высокого интегрального риска занимают 7318,9 км², или 88,91% территории, тогда как строгие hotspot-зоны составляют 24,7 км² (0,30%). Наиболее значимые связи выявлены между NPP и осадками май–сентябрь ($r = 0,954$; $p = 0,0118$), а также между NPP и влажностью почвы 0–28 см ($r = 0,962$; $p = 0,0087$). NDVI и VCI положительно связаны с водным эквивалентом снега, а NDVI отрицательно связан с температурой май–сентябрь. Критерий Манна–Уитни подтвердил, что hotspot-зоны имеют более низкие значения NPP и влажности почвы, чем фоновая территория. Полученные результаты показывают, что деградационный риск в районе формируется сочетанием снижения растительности, оголённости почвы, повышения отражательной способности поверхности и дефицита влаги.

Ключевые слова: Илийский район, деградация земель, NDVI, BSI, альбедо, VCI, NPP, ERA5-Land, влажность почвы, SWE, hotspot.

T.B. Aimukhan*, S.T. Nurtazin, S.A. Mankibaeva

Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: nilkemat@gmail.com

Comprehensive assessment of degradation risk in the arid territories of the ili district based on satellite indices and climatic factors

This article presents a comprehensive assessment of degradation risk in the arid territories of the Ili district, Almaty region, based on Sentinel-2 satellite indices, MODIS NPP and ERA5-Land hydroclimatic variables. The aim of the study was to identify the spatial distribution of degradation risk and to determine how the condition of the soil-vegetation cover is related to moisture and temperature factors during 2020–2025. The integrated risk map was produced using four normalized components: NDVI, BSI, surface albedo and VCI. MODIS NPP for 2020–2024, precipitation, air temperature, wind speed, snow water equivalent and 0–28 cm soil moisture were used as additional explanatory variables. High and very high integrated risk classes occupy 7318.9 km², or 88.91% of the analysed area, whereas strict hotspot zones cover 24.7 km² (0.30%). The strongest significant relationships were found between NPP and May–September precipitation ($r = 0.954$; $p = 0.0118$) and between NPP and 0–28 cm soil moisture ($r = 0.962$; $p = 0.0087$). NDVI and VCI were positively associated with snow water equivalent, while NDVI showed a negative relationship with May–September temperature. The Mann–Whitney test confirmed that hotspot areas have lower NPP and soil moisture than non-hotspot areas. The results indicate that degradation risk is formed by the combined effects of reduced vegetation condition, increased soil exposure, higher surface reflectance and moisture deficit.

Keywords: Ili district, land degradation, NDVI, BSI, albedo, VCI, NPP, ERA5-Land, soil moisture, SWE, hotspot.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

Т.Б. Аймухан*, С.Т. Нуртазин, С.А. Манкибаева
Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан
*e-mail: nilkemat@gmail.com

Іле ауданының аридті аумақтарының деградациялық қаупін спутниктік индекстер мен климаттық факторлар негізінде кешенді бағалау

Мақалада Алматы облысының Іле ауданы аридті аумақтарының деградациялық қаупі Sentinel-2 спутниктік индекстері, MODIS NPP өнімділік көрсеткіші және ERA5-Land климаттық-гидрологиялық айнымалылары негізінде кешенді бағаланды. Зерттеудің мақсаты 2020–2025 ж. аралығында деградация қаупінің кеңістіктік таралуын анықтау және топырақ-өсімдік жамылғысының жағдайын ылғалдану мен температуралық факторлармен байланыстыра талдау болды. Интегралдық қауіп картасы төрт нормаланған компонент бойынша құрылды: NDVI, BSI, альбедо және VCI. Қосымша ретінде 2020–2024 ж. MODIS NPP, жауын-шашын, ауа температурасы, жел жылдамдығы, қардың су эквиваленті және 0–28 см топырақ ылғалдылығы қарастырылды. Нәтижелер жоғары және өте жоғары интегралдық қауіп кластары 7318,9 км² немесе аумақтың 88,91%-ын алатынын көрсетті, ал қатаң hotspot-аймақтар 24,7 км² (0,30%) болды. Ең айқын статистикалық байланыстар NPP мен мамыр-қыркүйек жауын-шашыны арасында ($r = 0,954$; $p = 0,0118$), сондай-ақ NPP мен 0–28 см топырақ ылғалдылығы арасында ($r = 0,962$; $p = 0,0087$) анықталды. NDVI және VCI қардың су эквивалентімен оң байланыс көрсетті, ал NDVI мамыр-қыркүйек температурасына кері тәуелді болды. Манн–Уитни критерийі hotspot-аймақтарда NPP және топырақ ылғалдылығы фондық аумаққа қарағанда төмен екенін растады. Зерттеу нәтижелері деградациялық қауіп өсімдік жамылғысының әлсіреуі, ашық топырақ үлесінің артуы, беткі шағылысудың жоғарылауы және ылғал тапшылығының біріккен әсерінен қалыптасатынын көрсетеді.

Түйін сөздер: Ілеауданы, жердеградациясы, NDVI, BSI, альбедо, VCI, NPP, ERA5-Land, топырақылғалдылығы, SWE, hotspot.

Введение

Деградация земель является одной из ключевых экологических проблем аридных и полуаридных территорий, где дефицит влаги, повышение температуры и антропогенная нагрузка могут приводить к снижению продуктивности растительного покрова и росту доли оголённых поверхностей (IPCC, 2021; UNCCD, 2017). В районах с широким распространением пастбищных и слабо покрытых растительностью земель эти процессы проявляются особенно отчётливо.

Илийский район Алматинской области расположен в зоне, где природная аридность сочетается с сельскохозяйственным и инфраструктурным освоением. Поэтому для такой территории важна не только картографическая фиксация участков риска, но и оценка климатических факторов, влияющих на состояние почвенно-растительного покрова.

Дистанционное зондирование позволяет получать сопоставимые показатели состояния поверхности за длительный период и анализировать их пространственное распределение в единой среде обработки данных (Drusch et al., 2012; Gorelick et al., 2017). Индексы NDVI, BSI, альбедо и VCI отражают разные стороны деградационного риска: состояние растительности, степень оголённости почвы, отражательную способность и относительную обеспеченность растительного покрова влагой (Kogan, 1995; Liang, 2001; Rikimaru et al., 2002; Tucker, 1979).

Цель исследования – оценить пространственное распределение деградационного риска на территории Илийского района на основе спутниковых индексов и определить связь риска с климатическими и гидрологическими факторами за 2020–2025 гг.

Дистанционный мониторинг деградации земель

Деградация земель в аридных и полуаридных регионах рассматривается как комплексный процесс, связанный с изменением растительного покрова, водного режима, почвенной поверхности и продуктивности экосистем. В международной практике для оценки таких процессов всё чаще применяются спутниковые данные, поскольку они позволяют получать пространственно сопоставимые показатели на больших территориях и за длительные периоды наблюдений (IPCC, 2021; UNCCD, 2017). Для районов с пастбищной нагрузкой дистанционные индексы особенно полезны, так как они

фиксируют не только локальные очаги деградации, но и общий фон аридизации и ослабления растительности.

Спутниковые данные Sentinel-2 обладают высоким пространственным разрешением и набором спектральных каналов, достаточных для расчёта индексов растительности, оголённости почвы и отражательной способности поверхности (Drusch et al., 2012). Платформа GoogleEarthEngine обеспечивает массовую обработку архивов спутниковых и климатических данных и позволяет воспроизводимо рассчитывать многолетние композиты, временные ряды и тематические карты риска (Gorelick et al., 2017). Поэтому сочетание Sentinel-2, MODIS и ERA5-Land является методически оправданным для комплексного анализа деградационного риска.

Спектральные индексы состояния растительности и поверхности

NDVI является одним из наиболее распространённых индексов для оценки фотосинтетически активной растительности и широко применяется в мониторинге состояния растительного покрова (Tucker, 1979). В условиях аридных территорий низкие значения NDVI обычно указывают на разреженный растительный покров, снижение биомассы или усиление доли открытой поверхности. Однако NDVI отражает главным образом зелёную растительность и не всегда позволяет отделить влияние климата от влияния почвенно-поверхностных условий.

Для уточнения состояния поверхности в исследованиях деградации часто дополнительно используют индексы оголённости почвы. BSI основан на сочетании видимых, ближнего инфракрасного и коротковолнового инфракрасного диапазонов и позволяет выделять открытые или слабо покрытые растительностью участки (Rikimaru et al., 2002). Включение BSI в интегральную оценку важно, потому что деградация пастбищ проявляется не только снижением зелёной биомассы, но и увеличением доли оголённой почвы.

Альбедо используется как характеристика отражательной способности поверхности. Повышенные значения альбедо могут быть связаны с сухими, светлыми и слабо покрытыми растительностью поверхностями, поэтому данный показатель дополняет NDVI и BSI при интерпретации деградационных процессов (Liang, 2001). VCI, в свою очередь, позволяет оценивать состояние растительности относительно диапазона её собственных значений за анализируемый период и применяется для выявления стрессового состояния растительности и засушливых условий (Kogan, 1995).

Продуктивность растительного покрова и климатические факторы

NPP отражает чистую первичную продукцию и является интегральной характеристикой продуктивности растительного покрова. В отличие от спектральных индексов Sentinel-2, продукт MODISNPP имеет более грубое пространственное разрешение, но непосредственно характеризует биологическую продуктивность растительности. Поэтому NPP целесообразно использовать как дополнительный независимый показатель, сопоставляемый с картами риска и климатическими факторами (Running&Zhao, 2019).

Климатические реанализы позволяют дополнить спутниковые индексы данными о водном и термическом режиме территории. ERA5-Land предоставляет согласованные ряды наземных переменных, включая осадки, температуру, ветер, снежный покров и влажность почвы, что делает его полезным источником для анализа факторов, влияющих на растительность и деградационный риск (Hersbach et al., 2020; Muñoz-Sabater et al., 2021). В аридных районах особенно важны сезонные осадки, водный эквивалент снега и влажность верхнего слоя почвы, поскольку они определяют доступность влаги в начале и во время вегетации.

Статистические подходы к оценке связей и трендов

Для проверки связи между климатическими факторами и спутниковыми индексами часто применяются корреляционные методы. Коэффициент Пирсона используется для оценки линейной связи, а коэффициент Спирмена – для ранговой связи, что особенно полезно при коротких временных рядах и возможной нелинейности отклика растительности (Pearson, 1895; Spearman, 1904). В настоящем исследовании оба подхода используются как взаимодополняющие.

Для оценки направленности временных изменений применяются непараметрические методы Манна-Кендалла и наклон Сена, которые не требуют нормальности распределения и устойчивы к выбросам (Kendall, 1975; Mann, 1945; Sen, 1968). Кроме того, для проверки различий между hotspot-зонами и фоновой территорией

применяется критерий Манна-Уитни, позволяющий сравнивать две независимые группы без предположения о нормальном распределении данных (Mann&Whitney, 1947). Такой подход позволяет перейти от картографического описания риска к статистической проверке различий между наиболее проблемными и фоновыми участками.

Таким образом, анализ публикаций, приведённый в составе введения, показывает, что наиболее обоснованным является комплексный подход, объединяющий спектральные индексы состояния поверхности, продукционный показатель NPP, климатические переменные ERA5-Land и непараметрические статистические методы. Такая схема позволяет оценить не только пространственное распределение деградационного риска, но и возможные климато-гидрологические факторы его формирования.

Материалы и методы исследования

Исходные данные

В исследовании использованы данные Sentinel-2 за вегетационные периоды 2020-2025 гг., годовой продукт MODISNPP за 2020-2024 гг., а также климатические показатели ERA5-Land. Sentinel-2 применялся для расчёта индексов состояния поверхности, MODISNPP – для оценки продуктивности растительного покрова, а ERA5-Land – для анализа осадков, температуры, ветра, снежного запаса и влажности почвы (Drusch et al., 2012; Muñoz-Sabater et al., 2021; Running&Zhao, 2019).

Таблица 1
Исходные данные и их назначение

Данные	Период	Разрешение/масштаб	Назначение
Sentinel-2 MSI	2020–2025	10–20 м	NDVI, BSI, альбедо, VCI, интегральный риск
MODIS MOD17A3HGF	2020–2024	500 м	NPP и риск по продуктивности
ERA5-Land	2020–2025	около 9–11 км	Осадки, температура, ветер, снег, влажность почвы
JRC Global Surface Water / MNDWI	период анализа	разное	Исключение водных объектов

Расчёт индексов и интегрального риска

Расчёт индексов выполнялся по сезонным композитам Sentinel-2 за май–сентябрь каждого года. Перед расчётами облачные и некорректные пиксели исключались, водные объекты дополнительно маскировались по данным JRC Global Surface Water и/или MNDWI. Для каждого года формировался вегетационный композит, после чего годовые слои 2020–2025 гг. агрегировались в среднее многолетнее значение для построения итоговых карт риска.

Использованные формулы индексов имели следующий вид: NDVI = (B8 – B4) / (B8 + B4), где B8 – ближний инфракрасный канал, B4 – красный канал Sentinel-2 (Tucker, 1979). Низкие значения NDVI интерпретировались как признак ослабленного растительного покрова и повышенного деградационного риска.

BSI рассчитывался как BSI = ((B11 + B4) – (B8 + B2)) / ((B11 + B4) + (B8 + B2)), где B2 – синий канал, B4 – красный, B8 – ближний инфракрасный, B11 – коротковолновый инфракрасный канал Sentinel-2. Повышенные значения BSI отражают увеличение доли открытой или слабо покрытой растительностью поверхности (Rikimaru et al., 2002).

Альбедо поверхности рассчитывалось по широкополосной аппроксимации: Albedo = 0,356B2 + 0,130B4 + 0,373B8 + 0,085B11 + 0,072B12 – 0,0018, где B12 – второй коротковолновый инфракрасный канал Sentinel-2. Повышенное альбедо рассматривалось как дополнительный индикатор сухих и оголённых поверхностей (Liang, 2001).

VCI рассчитывался как VCI = (NDVIi – NDVImin) / (NDVImax – NDVImin) × 100, где NDVIi – значение NDVI в рассматриваемом году, NDVImin и NDVImax – минимальное и максимальное значения NDVI за период 2020–2025 гг. Низкие значения VCI указывают на стрессовое состояние растительности относительно её собственного многолетнего диапазона (Kogan, 1995).

Для перехода от исходных индексов к единой шкале риска каждый показатель нормализо-

вался в диапазоне 0–1. Для индексов, где низкие значения означают высокий риск, применялась обратная нормализация: Risk = (Xmax – Xi) / (Xmax – Xmin). По этой схеме рассчитывались NDVI-risk и VCI-risk. Для индексов, где высокие значения означают высокий риск, применялась прямая нормализация: Risk = (Xi – Xmin) / (Xmax – Xmin). По этой схеме рассчитывались BSI-risk и Albedo-risk. Итоговый интегральный показатель определялся как среднее арифметическое четырёх нормализованных слоёв: Integrated risk = (NDVI-risk + BSI-risk + Albedo-risk + VCI-risk) / 4.

Hotspot-зоны выделялись по строгому условию одновременного превышения порога 0,75 по всем четырём слоям риска: NDVI-risk ≥ 0,75; BSI-risk ≥ 0,75; Albedo-risk ≥ 0,75; VCI-risk ≥ 0,75. Порог 0,75 выбран как граница верхней четверти нормированной шкалы 0–1 и соответствует классу очень высокого риска. Такой консервативный критерий позволяет выделить не весь фон неблагоприятных условий, а только устойчивые очаги, где одновременно проявляются ослабление растительности, высокая оголённость почвы, повышенное альбедо и низкий VCI. Поэтому площадь hotspot-зон зависит от выбранного порога и при более мягком значении была бы больше, а при более жёстком – меньше; в данной работе использован вариант, минимизирующий ложное отнесение фоновых участков к очагам риска.

Климатические показатели и статистический анализ

По данным ERA5-Land были рассчитаны годовые и сезонные осадки, среднегодовая и сезонная температура воздуха, скорость ветра, водный эквивалент снега, снегопад и влажность почвы. ERA5-Land использовался как согласованный реанализ наземных климатических и гидрологических переменных, что позволяет сопоставлять климатический фон с межгодовой динамикой спутниковых индексов (Hersbach et al., 2020; Muñoz-Sabater et al., 2021).

Связи между климатическими и биофизическими показателями оценивались с использованием коэффициентов корреляции Пирсона и Спирмена (Pearson, 1895; Spearman, 1904). В таблицах результатов отдельно приведены Pearson r и Spearman rho с соответствующими p-значениями. Направленность межгодовых изменений проверялась непараметрическим тестом Манна-Кендалла и наклоном Сена (Kendall, 1975; Mann, 1945; Sen, 1968). Для сравнения hotspot- и non-hotspot-зон применялся критерий Манна-Уитни (Mann & Whitney, 1947).

Выборки для критерия Манна-Уитни формировались в QGIS на основе случайных точек. Было создано 100 точек в пределах hotspot-зон и 100 точек в пределах non-hotspot-зон; для снижения пространственного автокоррелирования использовались минимальные расстояния между точками, заданные в метрической проекции UTM zone 43N (EPSG:32643). В анализ включались только независимые показатели, не использованные непосредственно при построении hotspot-карты: NPP, влажность почвы 0–28 см, SWE и температура май–сентябрь. Различие фактических n для NPP связано с тем, что часть точек попадала на пиксели NoData продукта MODIS NPP после маскирования водных объектов и границ растра; для остальных факторов количество наблюдений составило 100/100.

Результаты исследования и их обсуждение

Интегральный риск деградации

Интегральная карта риска показывает преобладание классов высокого и очень высокого риска. Класс высокого риска занимает 5587,2 км², или 67,87% анализируемой площади, а класс очень высокого риска – 1731,7 км², или 21,04%. В совокупности эти классы составляют 7318,9 км², или 88,91% территории. Низкий и умеренный риск занимают соответственно 405,3 км² и 507,8 км².

Hotspot-зоны деградационного риска

Строгие hotspot-зоны, выделенные по одновременному превышению порога риска 0,75 по NDVI, BSI, альбедо и VCI, занимают 24,7 км², или около 0,30% территории. Небольшая площадь очагов объясняется строгим критерием отбора: участок включался в hotspot только при одновременном проявлении всех неблагоприятных индикаторов.

Рисунок 1
Интегральный риск деградации на территории Илийского района по NDVI, BSI, альбедо и VCI за 2020–2025 гг.

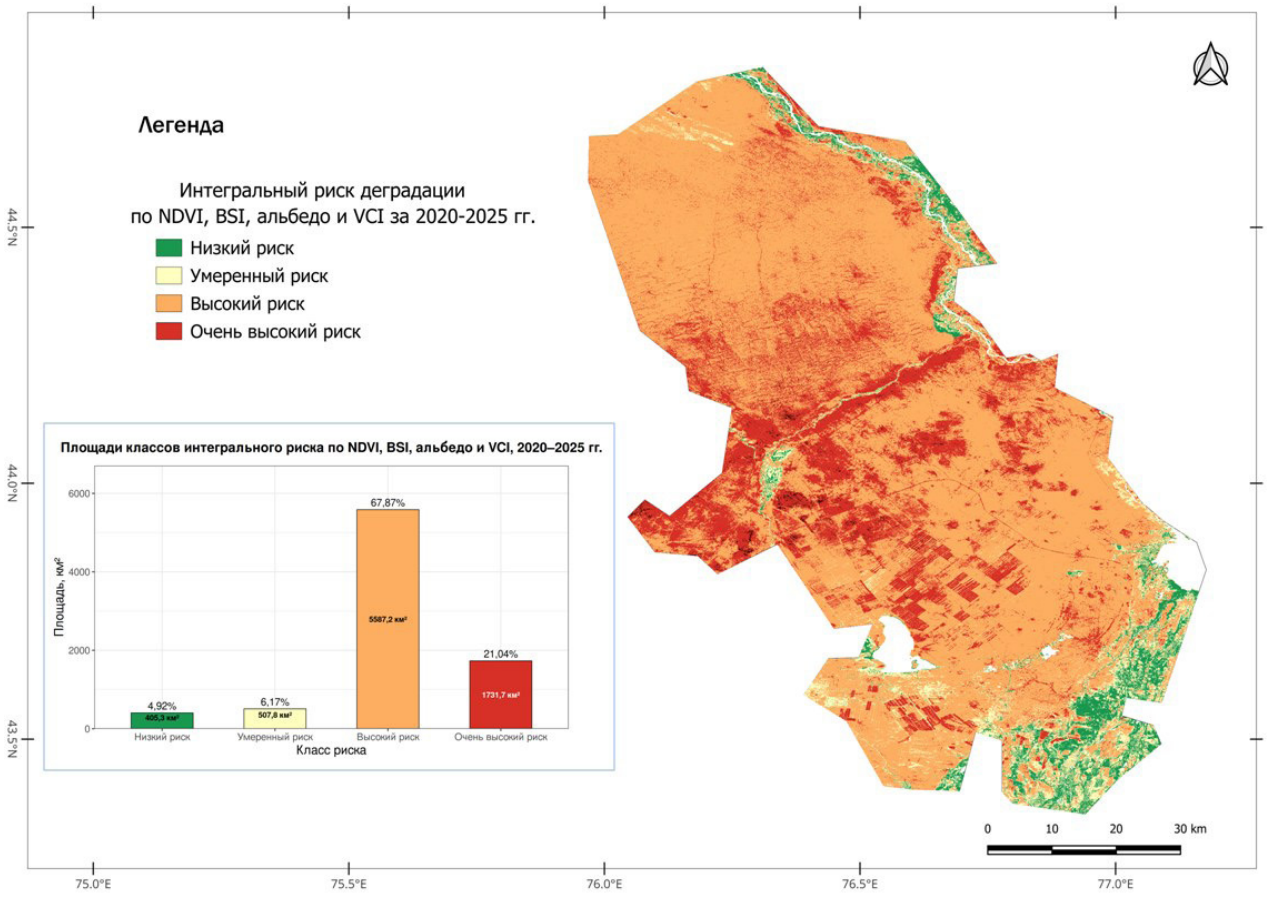
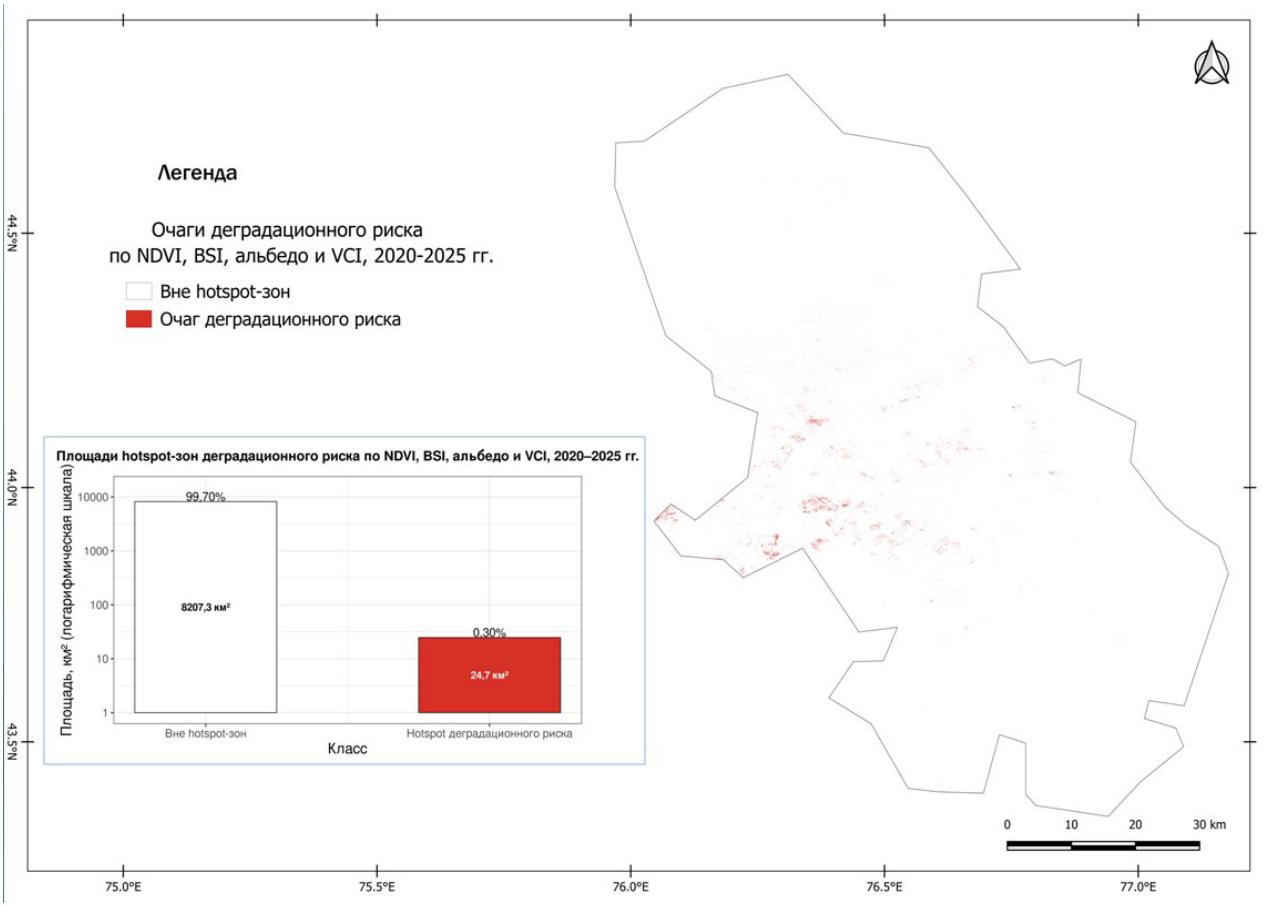


Таблица 2
Площади классов интегрального риска

Класс	Площадь, км²	Доля, %
Низкий риск	405,3	4,92
Умеренный риск	507,8	6,17
Высокий риск	5587,2	67,87
Очень высокий риск	1731,7	21,04

Рисунок 2

Hotspot-зоны деградационного риска по NDVI, BSI, альбедо и VCI за 2020–2025 гг.



NPP как дополнительный продукционный индикатор

NPP использовался как дополнительный показатель продуктивности растительного покрова за 2020–2024 гг. Из-за более грубого пространственного разрешения MODIS этот показатель не включался в основную интегральную карту Sentinel-2, а применялся для сопоставления с общими закономерностями деградационного риска.

По NPP большая часть анализируемой территории относится к классам высокого и очень высокого риска. Высокий риск занимает 3356,0 км², или 43,91%, а очень высокий риск – 4281,0 км², или 56,01%. Умеренный риск составляет 6,5 км², или 0,09%, а низкий риск практически не выявлен.

Суммарная площадь классов NPP составляет около 7643,5 км², что меньше площади, полученной при классификации интегрального риска Sentinel-2 (около 8232,0 км²). Это несоответствие объясняется различиями пространственного разрешения и маскирования данных: интегральный риск рассчитывался по Sentinel-2, тогда как NPP основан на MODIS 500 м. При расчёте NPP часть граничных пикселей, водных объектов и пикселей NoData была исключена из анализа. Поэтому доли классов NPP следует интерпретировать относительно действительной площади валидных MODIS-пикселей, а не как полную административную площадь района.

Рисунок 3
Риск деградации по NPP на территории Илийского района за 2020–2024 гг.

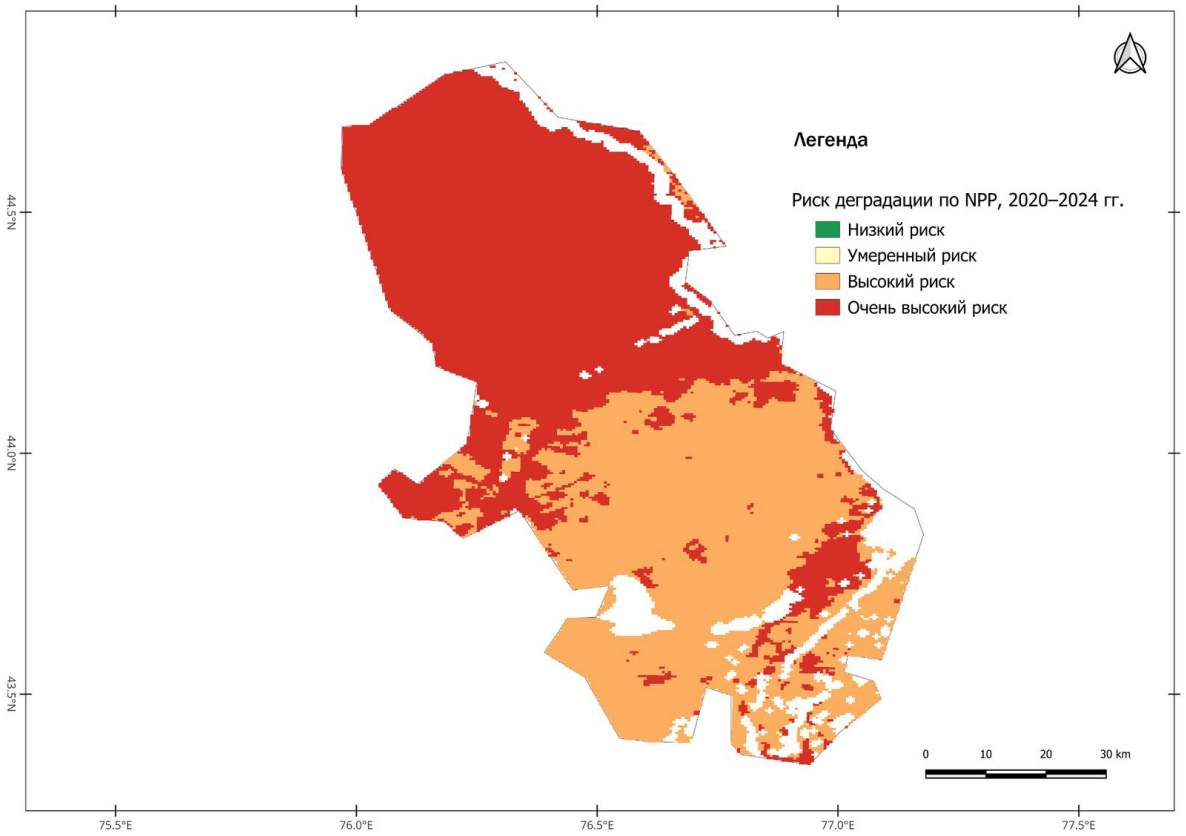


Рисунок 4
Распределение площадей классов риска по NPP за 2020–2024 гг. Ось Y представлена в логарифмическом масштабе

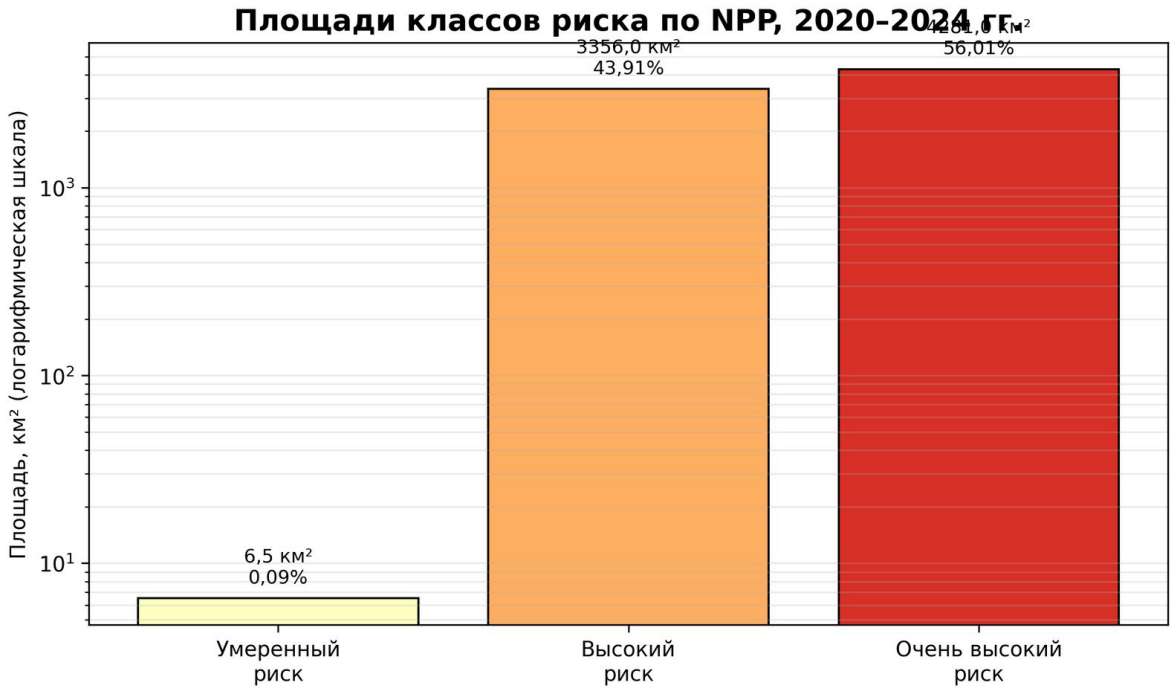


Рисунок 5
Динамика среднего NPP Илийского района за 2020–2024 гг.



Осадки и продуктивность растительности

Годовые и вегетационные осадки ERA5-Land изменялись неравномерно. Максимум годовых осадков отмечен в 2024 г. – 411,4 мм, минимум – в 2025 г. – 254,6 мм. Осадки за май–сентябрь также достигли максимума в 2024 г. – 121,7 мм, а минимум был в 2021 г. – 74,1 мм.

Корреляционный анализ показал статистически значимую положительную связь между NPP и осадками за май–сентябрь: r = 0,954 при p = 0,0118. Это указывает на важную роль сезонного увлажнения в формировании продуктивности растительного покрова.

Рисунок 6
Динамика годовых и вегетационных осадков ERA5-Land в Илийском районе за 2020–2025 гг.

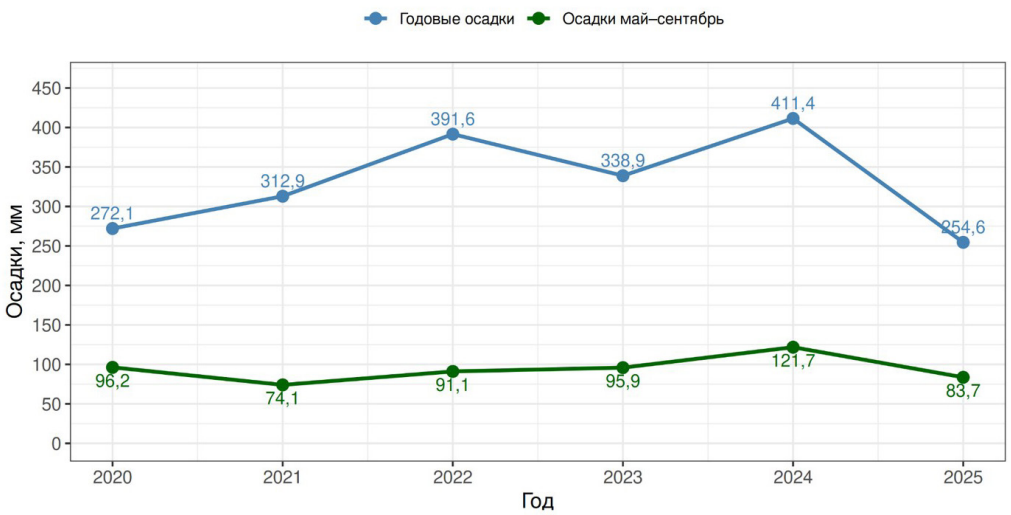


Рисунок 7
Пространственное распределение средних осадков за май–сентябрь за 2020–2025 гг. по данным ERA5-Land

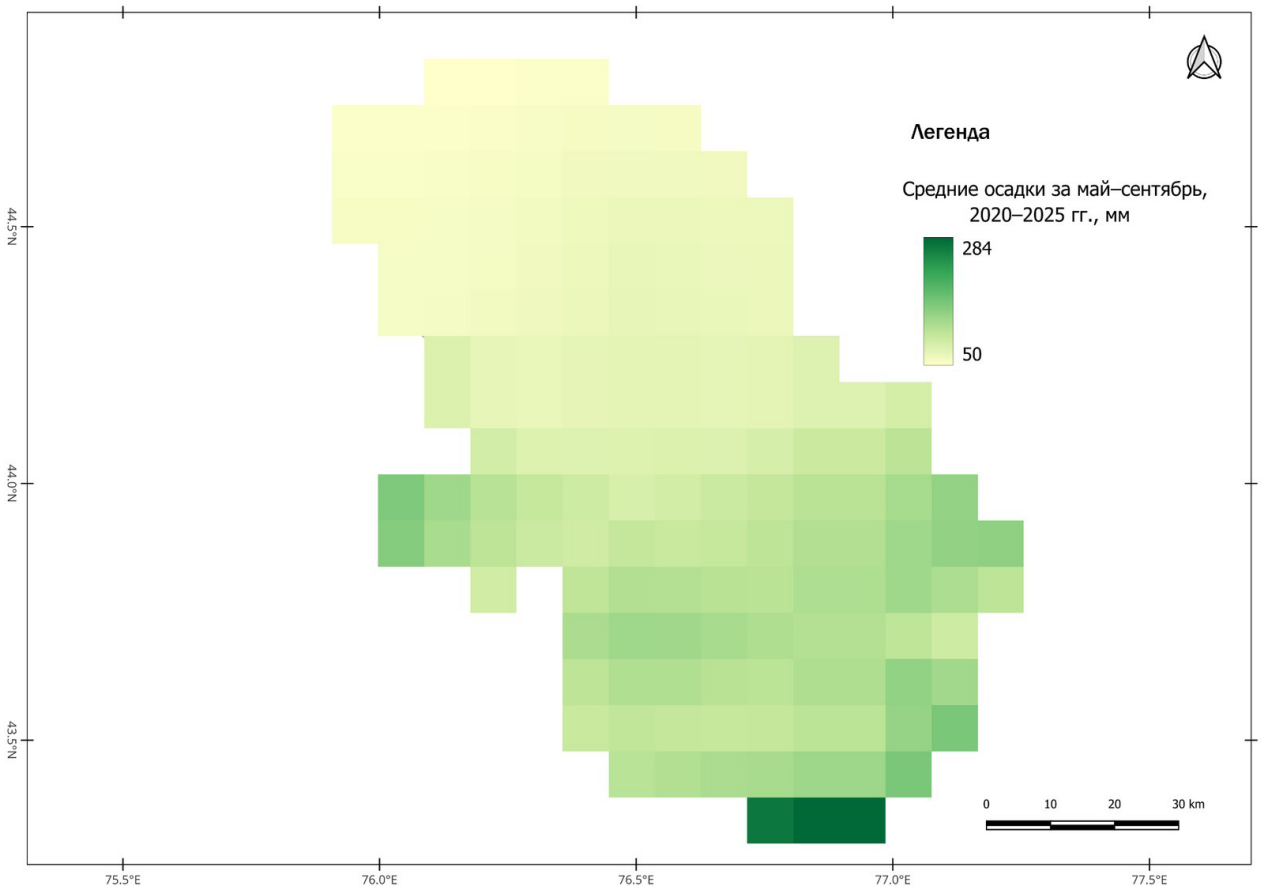
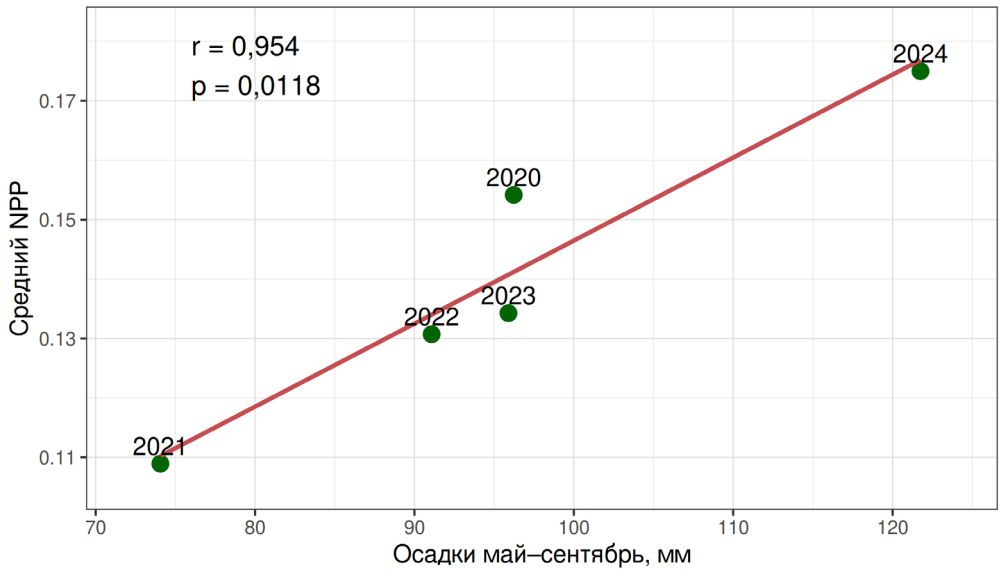


Рисунок 8
Связь среднего NPP с осадками за май–сентябрь в Илийском районе за 2020–2024 гг.



Температурный фактор

Среднегодовая температура воздуха за 2020–2025 гг. изменялась от 10,8 до 12,6 °C, а температура за май–сентябрь – от 22,7 до 24,5°C. Тест Манна–Кендалла показал статистически значимый рост среднегодовой температуры (τ = 0,733; p = 0,0388; наклон Сена = 0,214 °C/год).

Рисунок 9

Динамика среднегодовой и вегетационной температуры ERA5-Land в Илийском районе за 2020–2025 гг.

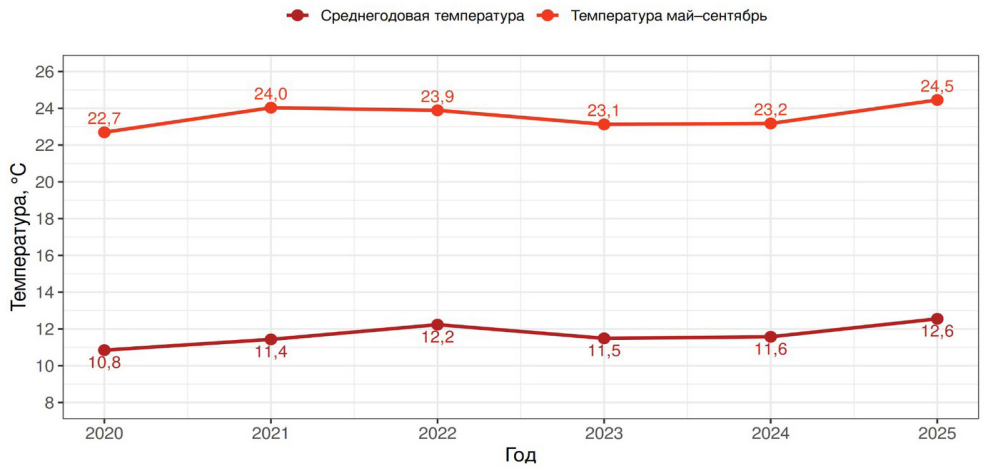
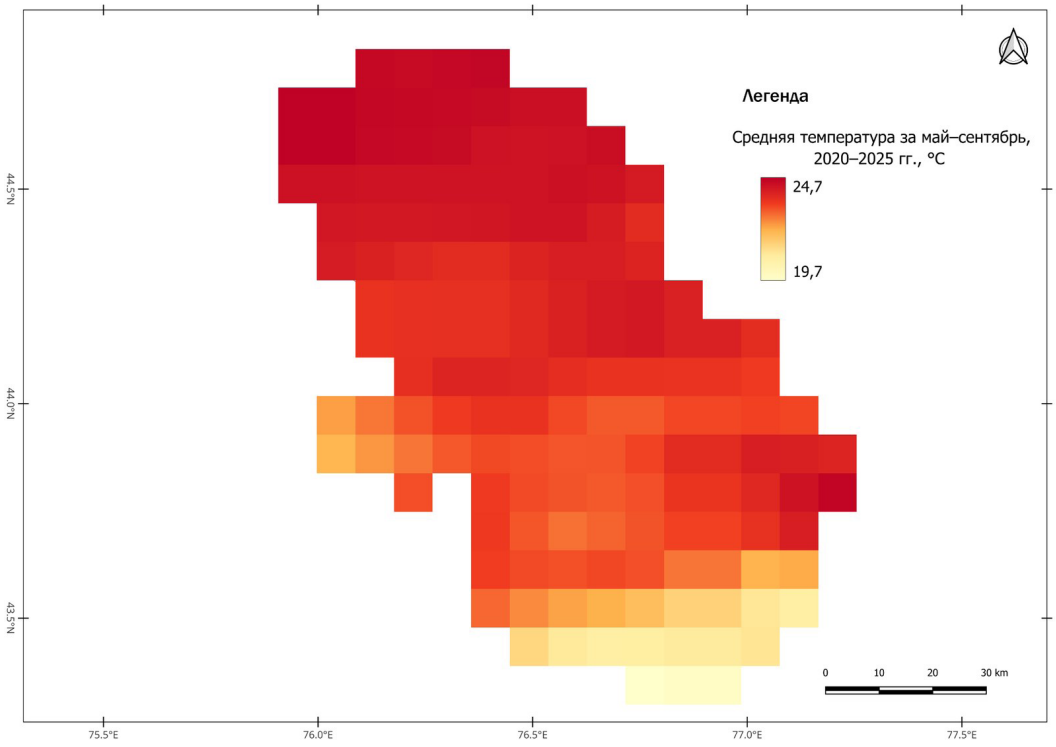


Рисунок 10

Пространственное распределение средней температуры воздуха за май–сентябрь за 2020–2025 гг. по данным ERA5-Land



Повышение температуры связано с ухудшением состояния растительности: для NDVI получена значимая отрицательная корреляция с температурой май–сентябрь (r = -0,820; p = 0,0457), а для VCI – сильная отрицательная связь, близкая к статистически значимой (r = -0,804; p = 0,0541). Одновременно температура положительно связана с альбедо и BSI, что отражает усиление сухости поверхности.

Скорость ветра

Скорость ветра рассматривалась как дополнительный фактор, способный усиливать иссушение поверхности и дефляционные процессы. По данным ERA5-Land средняя скорость ветра за май–сентябрь варьировала от 0,86 до 1,15 м/с. Связи ветра с NPP, NDVI и VCI имеют отрицательное направление, но статистически значимыми не являются.

Рисунок 11

Связь среднего NPP с температурой май–сентябрь за 2020–2024 гг.

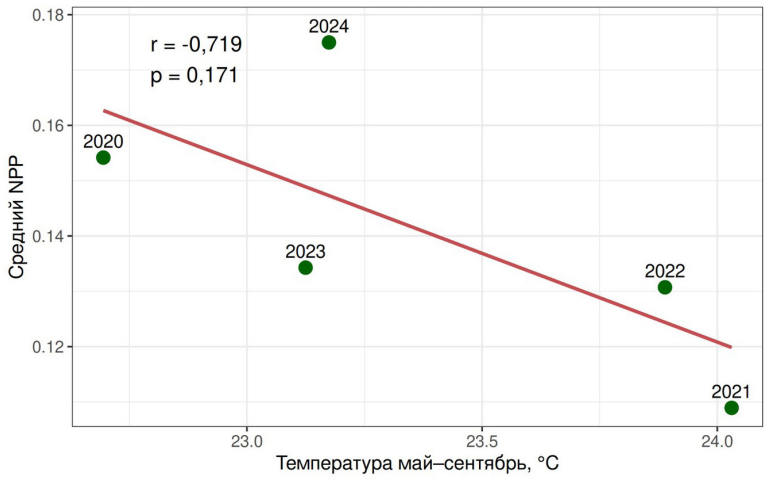


Рисунок 12

Пространственное распределение средней скорости ветра за май–сентябрь за 2020–2025 гг. по данным ERA5-Land

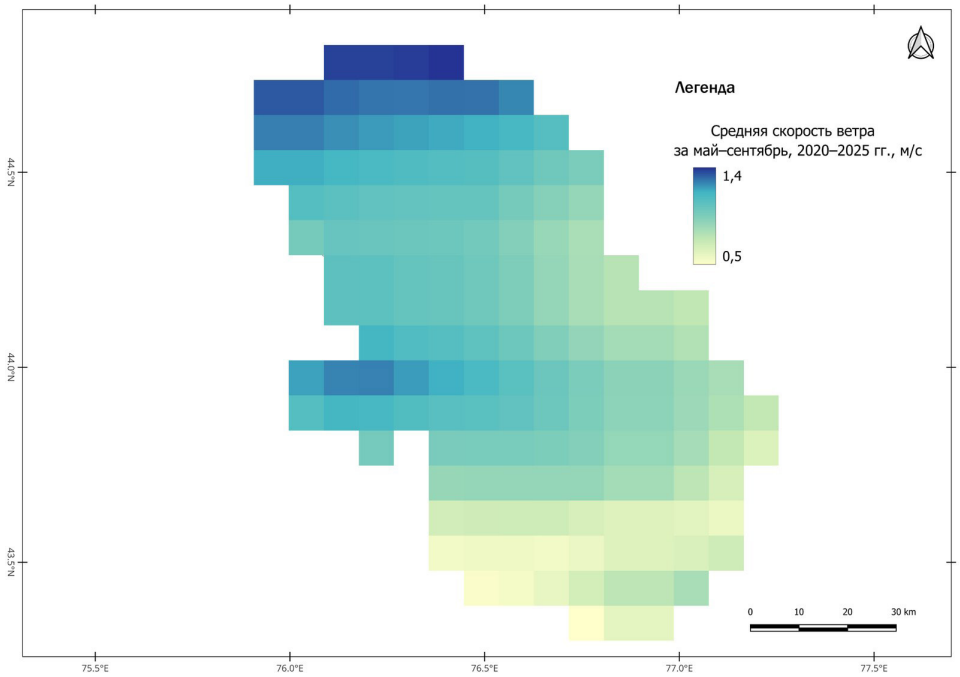
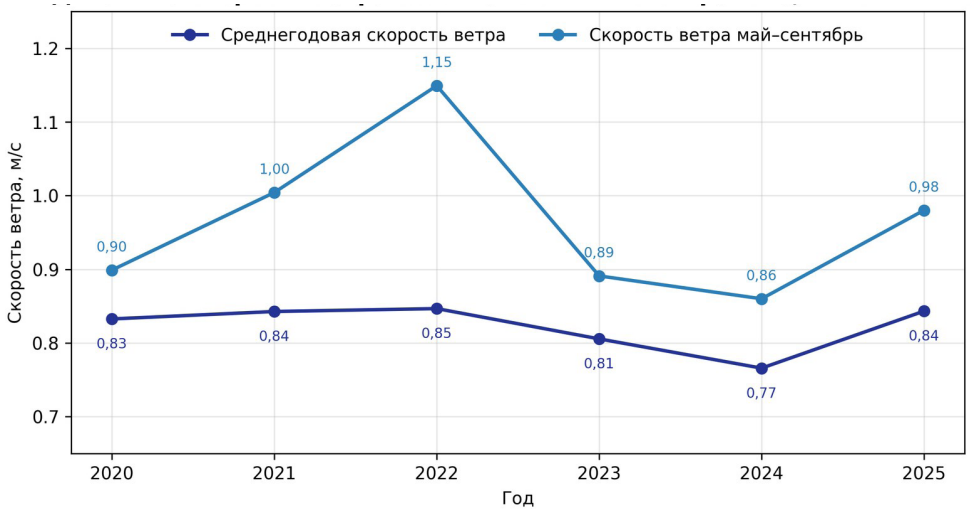


Рисунок 13

Динамика скорости ветра ERA5-Land в Илийском районе за 2020–2025 гг.



Снежный покров и водный эквивалент снега

Снежные показатели рассматривались как фактор предвегетационного увлажнения. Наиболее высокие значения SWE отмечены в 2020 г. (8,45 мм) и 2024 г. (7,77 мм), а минимальное значение – в 2022 г. (1,62 мм). Суммарный снегопад за ноябрь–март достиг максимума в 2024 г. – 85,8 мм.

Рисунок 14

Пространственное распределение среднего снегопада за ноябрь–март за 2020–2025 гг. по данным ERA5-Land

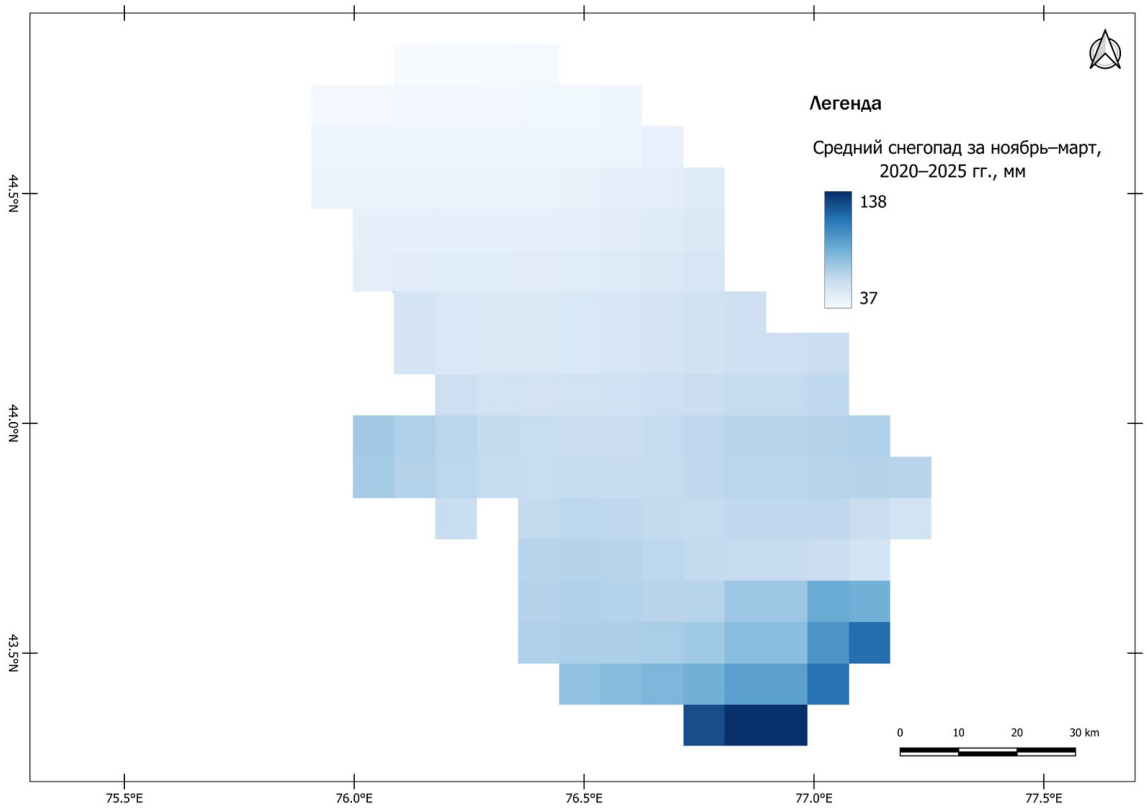
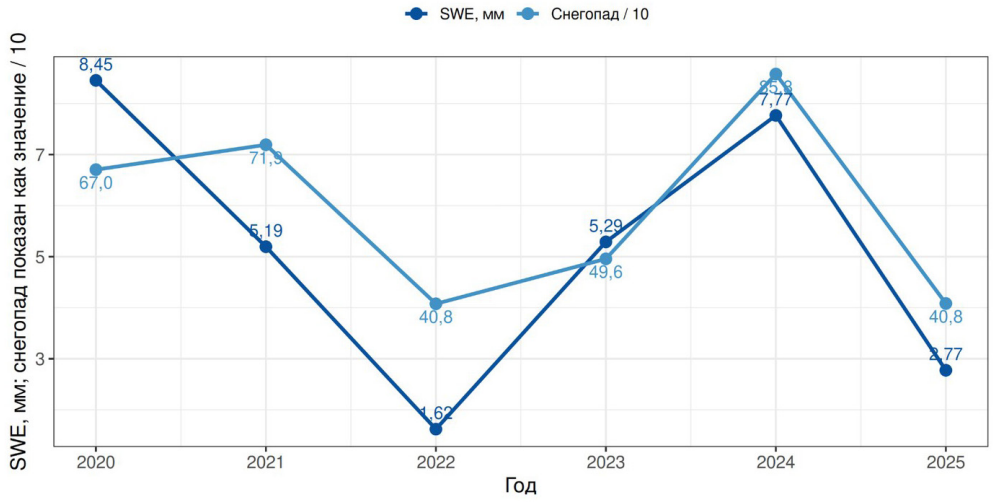


Рисунок 15

Динамика снежных показателей ERA5-Land в Илийском районе за 2020–2025 гг. Примечание: снегопад показан как значение, делённое на 10



SWE статистически значимо связан с NDVI ($r = 0{,}854$; $p = 0{,}0304$) и VCI ($r = 0{,}860$; $p = 0{,}0279$). Это подтверждает роль зимне-весеннего запаса влаги в формировании состояния растительного покрова последующего вегетационного периода.

Рисунок 16

Связь среднего NDVI с водным эквивалентом снега за ноябрь–март за 2020–2025 гг.

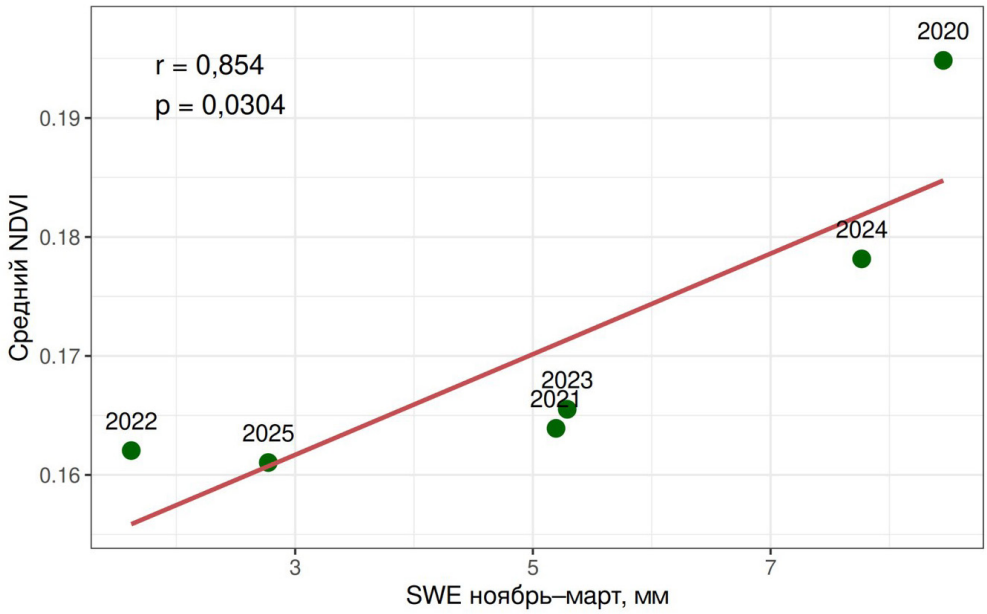
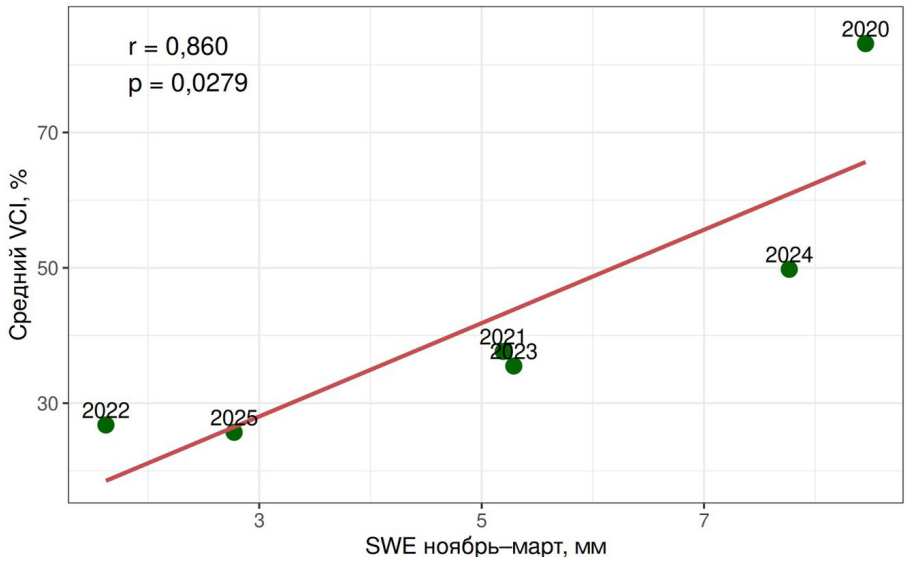


Рисунок 17

Связь среднего VCI с водным эквивалентом снега за ноябрь–март за 2020–2025 гг.

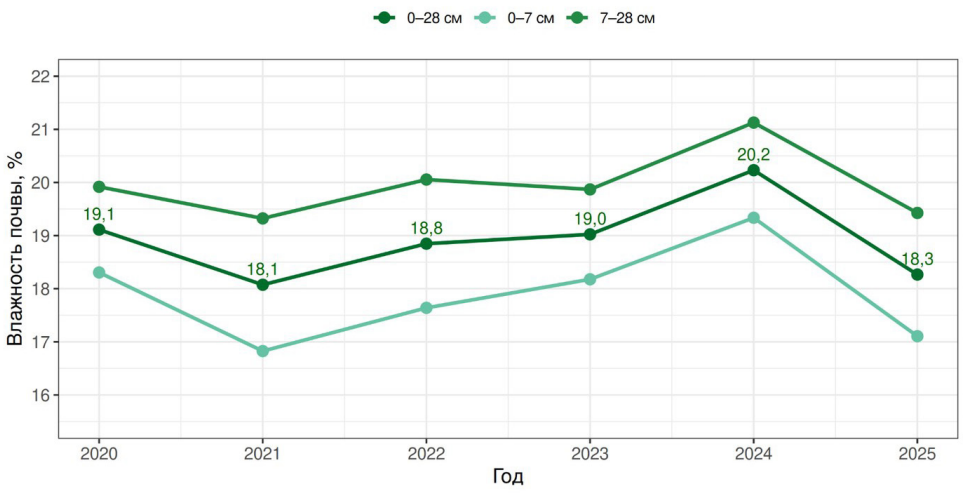


Влажность почвы

Влажность почвы ERA5-Land была рассчитана для слоёв 0–7 см, 7–28 см и усреднённого слоя 0–28 см за май–сентябрь. Средняя влажность почвы 0–28 см была минимальной в 2021 г. (18,1%) и максимальной в 2024 г. (20,2%).

Рисунок 18

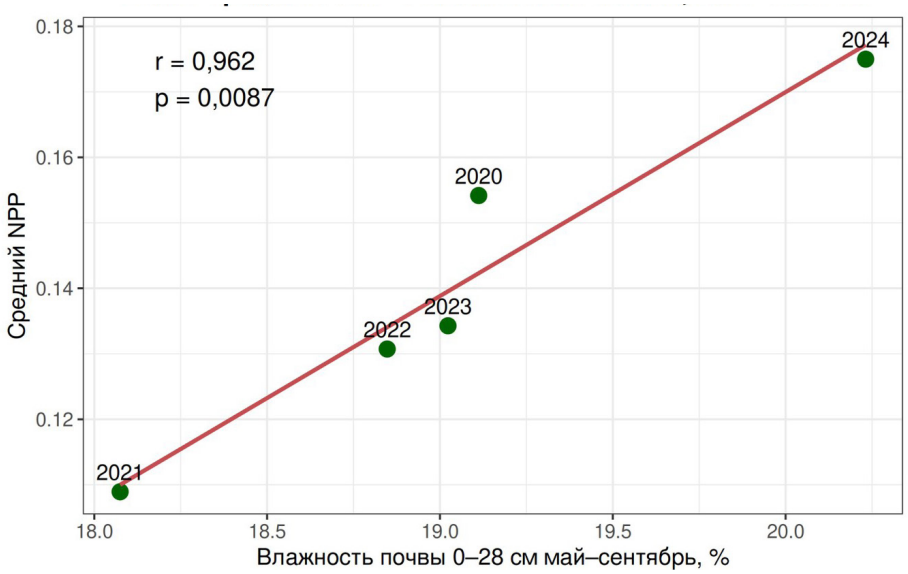
Динамика влажности почвы ERA5-Land в Илийском районе за май–сентябрь 2020–2025 гг.



Наиболее сильная связь выявлена между влажностью почвы 0–28 см и NPP: r = 0,962 при p = 0,0087. Это является одним из наиболее значимых статистических подтверждений роли влагообеспеченности верхнего почвенного слоя в формировании продуктивности растительности.

Рисунок 19

Связь среднего NPP с влажностью почвы 0–28 см за май–сентябрь за 2020–2024 гг.



Обобщение корреляционного и трендового анализа

Сводная таблица показывает, что наиболее устойчивые связи связаны с водным режимом: NPP положительно связан с осадками и влажностью почвы, а NDVI и VCI – с водным эквивалентом снега. В таблице представлены как коэффициенты Пирсона, отражающие линейную связь, так и коэффициенты Спирмена, характеризующие ранговую согласованность показателей. Температурный фактор имеет преимущественно отрицательную связь с показателями состояния растительности и положительную связь с альбедо и BSI.

Таблица 3

Основные корреляционные связи климатических и биофизических показателей

Пара показателей	n	Pearson r (p)	Spearman rho (p)	Интерпретация
NPP – осадки май–сентябрь	5	0,954 (p=0,0118)	1,000 (p=0,0000)	сильная положительная, значимая
NPP – влажность почвы 0–28 см	5	0,962 (p=0,0087)	1,000 (p=0,0000)	сильная положительная, значимая
NDVI – SWE ноябрь–март	6	0,854 (p=0,0304)	0,943 (p=0,0048)	сильная положительная, значимая
VCI – SWE ноябрь–март	6	0,860 (p=0,0279)	0,886 (p=0,0188)	сильная положительная, значимая
NDVI – температура май–сентябрь	6	-0,820 (p=0,0457)	-0,886 (p=0,0188)	сильная отрицательная, значимая
VCI – температура май–сентябрь	6	-0,804 (p=0,0541)	-0,714 (p=0,1108)	сильная отрицательная, близкая к значимой
Альбедо – температура май–сентябрь	6	0,735 (p=0,0961)	0,600 (p=0,2080)	положительная тенденция
BSI – температура май–сентябрь	6	0,552 (p=0,2565)	0,657 (p=0,1562)	положительная, незначимая

Таблица 4
Тест Манна–Кендалла и наклон Сена

Показатель	τ	p	Наклон Сена/год	Направление
Годовые осадки	0,200	0,5730	12,981	рост
Осадки май–сентябрь	0,067	0,8510	2,399	рост
Среднегодовая температура	0,733	0,0388	0,214	рост, значимый
Температура май–сентябрь	0,333	0,3476	0,120	рост
NDVI	-0,333	0,3476	-0,00187	снижение
BSI	0,467	0,1885	0,00256	рост
Альбедо	0,600	0,0909	0,00161	рост
VCI	-0,467	0,1885	-4,900	снижение
NPP	0,400	0,3272	0,00894	рост

Сравнение hotspot и non-hotspot зон

Для проверки различий между hotspot-зонами и фоновой территорией был применён критерий Манна-Уитни. В анализ включены только независимые показатели, не использованные при построении hotspot-карты: NPP, влажность почвы 0–28 см, SWE и температура май–сентябрь. На первом этапе в QGIS были сформированы две выборки случайных точек: 100 точек в hotspot-зонах и 100 точек вне hotspot-зон. Затем для каждой точки были извлечены значения соответствующих растров. Для NPP после исключения NoData осталось 98 наблюдений в hotspot-зонах и 86 наблюдений вне hotspot-зон; для остальных факторов объём выборок составил 100/100. Результаты показали, что hotspot-зоны статистически значимо отличаются по NPP и влажности почвы.

Таблица 5
Результаты критерия Манна–Уитни для hotspot и non-hotspot зон

Показатель	n hotspot	n non-hotspot	Среднее hotspot	Среднее non-hotspot	p	Вывод
NPP	98	86	0,1333	0,1450	0,0057	ниже в hotspot
Влажность почвы 0–28 см	100	100	16,4001	18,8457	0,0339	ниже в hotspot
SWE ноябрь–март	100	100	4,6267	5,5687	0,5283	различия незначимы
Температура май–сентябрь	100	100	23,5211	23,4321	0,2011	различия незначимы

Полученные результаты показывают, что деградационный риск на территории Илийского района формируется не одним фактором, а сочетанием состояния растительного покрова, оголённости почвы, отражательной способности поверхности и климато-гидрологических условий. Интегральная карта отражает общий фон риска, тогда как hotspot-анализ выделяет наиболее устойчивые очаги, где одновременно проявляются неблагоприятные значения всех четырёх индикаторов. Поэтому высокая доля классов высокого и очень высокого риска должна интерпретироваться как фоновая напряжённость аридной территории, а не как равномерная степень деградации каждого участка.

Полученная картина в целом согласуется с результатами региональных исследований по Иле-Балхашскому бассейну. Так, в рабо-

те Bissenbayeva et al. (2025) для более крупной территории Иле-Балхашского региона также показано широкое распространение средних, высоких и очень высоких степеней деградации, а для оценки использовались NDVI, альбедо, LST, NPP и климатические факторы. Сходство состоит в том, что в обоих случаях участки повышенного риска связаны с разреженной растительностью, высоким отражением поверхности и аридными условиями. Различие связано с масштабом анализа: в настоящем исследовании рассмотрен только Илийский район и применён строгий hotspot-критерий по четырём нормированным индексам Sentinel-2.

Доля высокого и очень высокого риска в настоящей работе оказалась значительной, что объясняется природной спецификой района. Илийский район относится к аридным и полуаридным ландшафтам юго-восточного Казахстана, где естественно распространены пустынные и полупустынные сообщества, а растительный покров часто имеет разреженный характер. Поэтому результаты следует трактовать с учётом ботанико-географического фона территории: низкие значения NDVI не всегда означают антропогенную деградацию, но в сочетании с повышенными BSI, альбедо и низким VCI они указывают на повышенную вероятность деградационного риска (Рачковская и др., 2003).

Связь продуктивности растительности с осадками и влажностью почвы подтверждает лимитирующую роль влагообеспеченности в условиях Илийского района. Положительная корреляция NPP с осадками май–сентябрь и влажностью почвы 0–28 см показывает, что продуктивность растительного покрова быстро реагирует на изменение водного режима. Это соответствует общим представлениям о функционировании аридных экосистем, где именно доступность влаги является главным ограничивающим фактором для биомассы, сезонного восстановления и устойчивости растительности (IPCC, 2021; UNCCD, 2017).

Значимая связь NDVI и VCI с водным эквивалентом снега показывает, что для территории исследования важны не только осадки вегетационного периода, но и предвегетационный запас влаги. SWE отражает количество воды, заключённой в снежном покрове, и не является показателем испарения. Его положительная связь с NDVI и VCI указывает на то, что зимне-весеннее увлажнение может создавать стартовые условия для развития растительности в начале сезона. Это особенно важно для пастбищных и пустынно-степных ландшафтов, где весенняя влага часто определяет дальнейшее состояние растительного покрова.

Температурный фактор проявляет обратную связь с NDVI и VCI, а также положительную связь с альбедо и BSI. Такая направленность согласуется с результатами аналогичных исследований аридных территорий: рост температуры усиливает испарительный спрос атмосферы, ускоряет иссушение верхнего слоя почвы и может приводить к снижению зелёной биомассы. В то же время связь температуры с NPP оказалась менее однозначной, что может объясняться коротким временным рядом, различиями между разрешением MODIS и Sentinel-2, а также локальной неоднородностью землепользования.

Сравнение hotspot- и non-hotspot-зон с использованием критерия Манна-Уитни усиливает интерпретацию полученной карты. Hotspot-зоны оказались статистически значимо отличными не только по индексам, использованным для их выделения, но и по независимым показателям: сниженной продуктивности NPP и меньшей влажности почвы. Это означает, что выделенные очаги не являются только результатом формальной классификации по спектральным индексам, а имеют самостоятельное экологическое содержание, связанное с худшей влагообеспеченностью и меньшей продуктивностью.

Практическое значение результатов заключается в возможности использовать интегральную карту и hotspot-слой для предварительного ранжирования участков, требующих полевой проверки. В первую очередь внимание следует уделять территориям, где совпадают низкий NDVI и VCI, повышенный BSI и альбедо, а также низкие значения NPP и влажности почвы. Такие участки могут рассматриваться как приоритетные для мониторинга пастбищной нагрузки, оценки состояния почвы, уточнения видового состава растительности и планирования мер по снижению деградационного риска.

Вместе с тем результаты следует интерпретировать с учётом ограничений. ERA5-Land имеет более грубое пространственное разрешение, чем Sentinel-2, а MODIS NPP представлен с разрешением 500 м, поэтому прямое сопоставление всех слоёв возможно только как обобщённый пространственно-статистический анализ. Кроме того, временной ряд 2020–2025 гг. относительно короткий для устойчивого вывода о долгосрочных трендах. В дальнейших исследо-

ваниях целесообразно расширить период наблюдений, добавить почвенные показатели SoilGrids и полевые данные для верификации выделенных hotspot-зон.

Заключение

На основе спутниковых индексов Sentinel-2, показателя MODIS NPP и климато-гидрологических данных ERA5-Land выполнена комплексная оценка деградационного риска на территории Илийского района за 2020–2025 гг. Основная интегральная карта построена по четырём компонентам – NDVI, BSI, альбедо и VCI, которые отражают состояние растительности, степень оголённости почвы, отражательную способность поверхности и относительное состояние растительного покрова.

Установлено, что классы высокого и очень высокого интегрального риска занимают 7318,9 км², или 88,91% анализируемой территории. Это указывает на выраженную экологическую напряжённость аридных ландшафтов района. При этом строгие hotspot-зоны занимают только 24,7 км², или 0,30% территории, поскольку они выделены по одновременному превышению порога риска 0,75 для всех четырёх индексов. Такой подход позволяет отделить общий фон риска от наиболее устойчивых очагов, требующих приоритетной проверки.

Климатический анализ показал, что наиболее информативными факторами являются показатели влагообеспеченности. NPP статистически значимо связан с осадками за май–сентябрь и влажностью почвы 0–28 см, а NDVI и VCI – с водным эквивалентом снега за ноябрь–март. Это подтверждает, что продуктивность и состояние растительного покрова в Илийском районе во многом определяются не только количеством осадков в период вегетации, но и запасом влаги, сформированным в зимне-весенний период.

Температурный фактор имеет преимущественно неблагоприятное направление связи: рост температуры за май–сентябрь сопровождается снижением NDVI и VCI, а также тенденцией к повышению альбедо и BSI. Это указывает на усиление сухости поверхности и увеличение роли открытой почвы при более тёплых условиях. Ветер в данном исследовании не показал статистически значимых связей с основными индексами, однако он может усиливать локальные дефляционные процессы на участках с разреженной растительностью.

Критерий Манна-Уитни подтвердил, что hotspot-зоны отличаются от фоновой территории по независимым показателям. В пределах hotspot-зон выявлены статистически значимо более низкие значения NPP и влажности почвы 0–28 см. Следовательно, выделенные очаги деградационного риска отражают не только спектральные особенности поверхности, но и реальные различия в продуктивности и водном режиме верхнего почвенного слоя.

Практическая значимость исследования заключается в том, что полученные карты и статистические результаты могут использоваться для предварительного экологического районирования, выбора участков полевых обследований и мониторинга пастбищной нагрузки. Наиболее приоритетными для дальнейшей проверки являются зоны, где совпадают высокий интегральный риск, hotspot-признаки, низкий NPP и пониженная влажность почвы. В дальнейшем исследование целесообразно дополнить почвенными характеристиками SoilGrids, расчётом SQI, более длинным временным рядом и полевыми геоботаническими наблюдениями для уточнения причин деградации и разработки практических мер восстановления.

Благодарности

Авторы выражают благодарность разработчикам открытых геопространственных данных Sentinel-2, MODIS, ERA5-Land, JRCGlobalSurfaceWater и GoogleEarthEngine за предоставление инфраструктуры и архивов данных.

Вклад авторов

Аймухан Т.Б.: концептуализация, методология, курирование данных, формальный анализ, проведение исследования, программное обеспечение, визуализация, написание – первоначальный вариант; Нуртазин С.Т.: концептуализация, методология, научное руководство, валидация, написание – рецензирование и редактирование; Манкибаева С.А.: методология, валидация, научное руководство, написание – рецензирование и редактирование.

Литература

Bissenbayeva, S., Salmurzauly, R., Tokbergenova, A., Zhengissova, N., & Xing, J. (2025). Assessment of degraded lands in the Ile-Balkhash region, Kazakhstan. *Frontiers in Earth Science, 12*, Article 1453994. https://doi.org/10.3389/feart.2024.1453994

Drusch, M., Del Bello, U., Carlier, S., Colin, O., Fernandez, V., Gascon, F., Hoersch, B., Isola, C., Laberinti, P., Martimort, P., Meygret, A., Spoto, F., Sy, O., Marchese, F., & Bargellini, P. (2012). Sentinel-2: ESA's optical high-resolution mission for GMES operational services. *Remote Sensing of Environment, 120*, 25–36. https://doi.org/10.1016/j.rse.2011.11.026

Gorelick, N., Hancher, M., Dixon, M., Ilyushchenko, S., Thau, D., & Moore, R. (2017). Google Earth Engine: Planetary-scale geospatial analysis for everyone. *Remote Sensing of Environment, 202*, 18–27. https://doi.org/10.1016/j.rse.2017.06.031

Hersbach, H., Bell, B., Berrisford, P., Hirahara, S., Horányi, A., Muñoz-Sabater, J., Nicolas, J., Peubey, C., Radu, R., Schepers, D., Simmons, A., Soci, C., Abdalla, S., Abellan, X., Balsamo, G., Bechtold, P., Biavati, G., Bidlot, J., Bonavita, M., & Thépaut, J.-N. (2020). The ERA5 global reanalysis. *Quarterly Journal of the Royal Meteorological Society, 146*(730), 1999–2049. https://doi.org/10.1002/qj.3803

Intergovernmental Panel on Climate Change. (2021). *Climate change 2021: The physical science basis*. Cambridge University Press. https://doi.org/10.1017/9781009157896

Kendall, M. G. (1975). *Rank correlation methods* (4th ed.). Charles Griffin.

Kogan, F. N. (1995). Application of vegetation index and brightness temperature for drought detection. *Advances in Space Research, 15*(11), 91–100. https://doi.org/10.1016/0273-1177(95)00079-T

Liang, S. (2001). Narrowband to broadband conversions of land surface albedo I: Algorithms. *Remote Sensing of Environment, 76*(2), 213–238. https://doi.org/10.1016/S0034-4257(00)00205-4

Mann, H. B. (1945). Nonparametric tests against trend. *Econometrica, 13*(3), 245–259. https://doi.org/10.2307/1907187

Mann, H. B., & Whitney, D. R. (1947). On a test of whether one of two random variables is stochastically larger than the other. *The Annals of Mathematical Statistics, 18*(1), 50–60. https://doi.org/10.1214/aoms/1177730491

Muñoz-Sabater, J., Dutra, E., Agustí-Panareda, A., Albergel, C., Arduini, G., Balsamo, G., Boussetta, S., Choulga, M., Harrigan, S., Hersbach, H., Martens, B., Miralles, D. G., Piles, M., Rodríguez-Fernández, N. J., Zsoter, E., Buontempo, C., & Thépaut, J.-N. (2021). ERA5-Land: A state-of-the-art global reanalysis dataset for land applications. *Earth System Science Data, 13*, 4349–4383. https://doi.org/10.5194/essd-13-4349-2021

Pearson, K. (1895). Notes on regression and inheritance in the case of two parents. *Proceedings of the Royal Society of London, 58*, 240–242.

Pekel, J.-F., Cottam, A., Gorelick, N., & Belward, A. S. (2016). High-resolution mapping of global surface water and its long-term changes. *Nature, 540*, 418–422. https://doi.org/10.1038/nature20584

Rachkovskaya, E. I., Volkova, E. A., & Khramtsov, V. N. (Eds.). (2003). *Botanicheskaya geografiya Kazakhstana i Sredney Azii (v predelakh pustynnoy oblasti) [Botanical geography of Kazakhstan and Central Asia (within the desert region)]*. Boston-Spektr.

Rikimaru, A., Roy, P. S., & Miyatake, S. (2002). Tropical forest cover density mapping. *Tropical Ecology, 43*(1), 39–47.

Running, S. W., & Zhao, M. (2019). *MOD17A3HGF MODIS/Terra net primary production gap-filled yearly L4 global 500m SIN grid V061* [Data set]. NASA EOSDIS Land Processes DAAC. https://doi.org/10.5067/MODIS/MOD17A3HGF.061

Sen, P. K. (1968). Estimates of the regression coefficient based on Kendall's tau. *Journal of the American Statistical Association, 63*(324), 1379–1389. https://doi.org/10.1080/01621459.1968.10480934

Spearman, C. (1904). The proof and measurement of association between two things. *The American Journal of Psychology, 15*(1), 72–101. https://doi.org/10.2307/1412159

Tucker, C. J. (1979). Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation. *Remote Sensing of Environment, 8*(2), 127–150. https://doi.org/10.1016/0034-4257(79)90013-0

United Nations Convention to Combat Desertification. (2017). *The global land outlook*.

Сведения об авторах:

Аймухан Таргын Болатулы (корреспондент-автор) – магистрант Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: nilkemat@gmail.com).

Нуртазин Сабыр Темиргалиевич – д. б. н., профессор, старший преподаватель Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: nurtazin.sabir@gmail.com).

Манкибаева Сандугаш Аманжоловна – магистр, старший преподаватель Казахского национального университета имени аль-Фараби (Алматы, Казахстан, e-mail: sandugash.mankibaeva@kaznu.edu.kz).

Information about the authors:

Aimukhan Targyn (corresponding author) – Master's student, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: nilkemat@gmail.com).

Nurtazin Sabir – Doctor of Biological Sciences, professor, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: nurtazin.sabir@gmail.com).

Mankibaeva Sandugash – Master of Science in Biology, Al-Farabi Kazakh National University (Almaty, Kazakhstan, e-mail: sandugash.mankibaeva@kaznu.edu.kz).

Авторлар туралы мәлімет:

Аймухан Тарғын Болатұлы (кореспонденттік автор) – Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің магистранты (Алматы, Қазақстан, e-mail: nilkemat@gmail.com).

Нуртазин Сабыр Темиргалиевич – б.г.д., профессор, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің аға оқытушысы (Алматы, Қазақстан, e-mail: nurtazin.sabir@gmail.com).

Манкибаева Сандугаш Аманжоловна – магистр, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің аға оқытушысы (Алматы, Қазақстан, e-mail: sandugash.mankibaeva@kaznu.edu.kz).

Поступило 21 января 2026 года
Принято 15 сентября 2026 года

ШОЛУ МАҚАЛАЛАР

REVIEW ARTICLES

ОБЗОРНЫЕ СТАТЬИ

ҒТАМР 62.09.39 https://doi.org/10.26577/bb1083202616

А.А. Шайдуллаева[1]*, Б.К. Мусабаева[2], Д.Ш. Жакенов[2], Ф.Ж. Алдынгурова[3], Н.Т. Амирханова[2], А.У. Туякбаева[1], З.С. Сармурзина[2],Г.Н. Бисенова[2]

[1]Л.Н.Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан
[2]«Республикалық микроорганизмдер коллекциясы» ЖШС, Астана, Қазақстан
[3]«Астана су арнасы» МКК, Астана, Қазақстан
*e-mail: Aisholpan.shaidullaeva@gmail.com

АҒЫНДЫ СУЛАРДАҒЫ ПОЛИФОСФАТ ЖИНАҚТАУШЫ ОРГАНИЗМДЕРДІҢ АЛУАНТҮРЛІЛІГІ МЕН МЕТАБОЛИКАЛЫҚ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ

Ағынды сулардағы фосфорды тиімді жою қазіргі экологиялық қауіпсіздік пен су ресурстарын ұтымды басқарудағы мағызды бағыттарының бірі болып отыр. Фосфор (P) – тірі ағзалар үшін керекті биологиялық элемент болғанымен, оның ағынды сулар арқылы табиғи су айдындарына шамадын тыс түсуі эвтрофикация үдерісін күшейтіп, су экожүйесінің деградациясына алып келуі мүмкін. Сонымен қатар P тым көп мөлшері судағы оттегінің тапшылығына алып келіп, нәтижесінде биологиялық әртүрліліктің азаюына түрткі болуы мүмкін. Осыған байланысты, ағынды суларды P-дан тазарту қоршаған ортаны қорғаудың және тұрақты дамудың өзекті мәселелерінің бірі ретінде қарастырылуда. Дәстүрлі физикалық және химиялық әдістер P-ны жоюда белгілі бір тиімділікке ие болғанымен, олар көптеген реагент шығындарын, қосымша тұнбаның түзілуін және пайдалану шығындарының артуын талап етеді. Соңғы жылдары, бұл кемшіліктерді азайту мақсатында фосфорды биологиялық жолмен күшейтілген жою, яғни ФБКЖ технологияларына ерекше көңіл бөлінуде. ФБКЖ жүйесі ағынды сулардағы P-ды химиялық тұндырғыштарды қолданбай-ақ өте төмен деңгейге дейін азайтуға мүмкіндік беретіндігі анықталған. Бұл процесс полифосфат жинақтаушы организмдердің, яғни ПЖО P-ды көптеген мөлшерде сіңіріп алып, оны жасуша ішінде полифосфат (PolyP) түрінде сақтау қабілетіне негізделген. ПЖО анаэробты және аэробты жағдайлар кезектескен кезде P-ды тиімді түрде жоя алады. Сондықтан ФБКЖ технологиясы экологиялық қауіпсіз, экономикалық жағынан тиімді және ұзақ уақыт бойы тұрақты жұмыс істей алатын құрылғы болып табылады. Осылайша, ағынды сулардағы фосфорқұрамды қосылыстарды жоюда микроорганизмдерді қолдану биотехнологиядағы заманауи су тазарту технологияларының перспективалы бағыты болып табылады. Біздің ойымызша, аталған тәсіл судағы экожүйелерді қорғауға, ағынды суларды тазарту тиімділігін арттыруға және антропогендік жүктемені азайтуға мүмкіндік береді. Бұл мақалада біз ағынды сулардан P-ды жоюда қолданылатын микроорганизмдерге қатысты зерттеулердегі бос орындарды қарастырдық. Атап айтқанда, олардың шығу тегі бойынша алуантүрлілігі мен метаболикалық ерекшеліктеріне назар аударадық.

Түйін сөздер: фосфор, эвтрофикация, полифосфаттар, микроорганизмдер және ағынды сулар.

A.A. Shaidullayeva[1*], B.K. Mussabayeva[2], D.SH. Zhakenov[2], F.Zh. Aldyngurova[3], N.T. Amirkhanova[2], A.U. Tuyakbayeva[1], Z.S. Sarmurzina[2], G.N. Bissenova[2]

[1]L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan
[2]LLP «Republican collection of microorganisms», Astana, Kazakhstan
[3]«Astana Su Arnasy» SME, Astana, Kazakhstan
*e-mail: Aisholpan.shaidullaeva@gmail.com

Diversity and metabolic characteristics of polyphosphate-accumulating organisms in wastewater

Efficient phosphorus removal from wastewater has become a critical focus in contemporary environmental safety and sustainable water resource management. Although phosphorus (P) is an essential biological element for living organisms, its excessive discharge into natural water bodies triggers eutrophication, leading to the degradation of aquatic ecosystems. Furthermore, high P concentrations induce oxygen depletion, which ultimately drives a decline in biodiversity. Consequently, mitigating P pollution in wastewater is widely recognized as a pressing challenge for environmental protection and sustainable

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

development. While traditional physical and chemical methods offer certain removal efficiencies, they inherently require substantial chemical reagents, generate secondary sludge, and increase operational costs. To overcome these limitations, enhanced biological phosphorus removal (EBPR) technologies have received significant attention in recent years. The EBPR process has been shown to reduce wastewater P to very low levels without the need for chemical precipitants. This mechanism relies on the capability of polyphosphate-accumulating organisms (PAOs) to take up large amounts of P and store it intracellularly as polyphosphate (PolyP). Under alternating anaerobic and aerobic conditions, PAOs achieve highly efficient P removal. As a result, EBPR technology represents an environmentally friendly, cost-effective, and long-term sustainable system. Thus, leveraging microorganisms to eliminate phosphorus-containing compounds from wastewater stands out as a promising frontier in modern water treatment biotechnology. This approach is expected to protect aquatic ecosystems, enhance wastewater treatment efficiency, and reduce anthropogenic pressure. In this review, we address current knowledge gaps in research regarding the microorganisms employed for P removal, focusing specifically on their phylogenetic diversity and metabolic characteristics.

Keywords: phosphorus, eutrophication, polyphosphates, microorganisms, wastewater.

А.А. Шайдуллаева[1*], Б.К. Мусабаева[2], Д.Ш. Жакенов[2], Ф.Ж. Алдынгурова[3],
Н.Т. Амирханова[2], А.У. Туякбаева[1], З.С. Сармурзина[2], Г.Н. Бисенова[2]

[1]Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан
[2]ТОО «Республиканская коллекция микроорганизмов», Астана, Казахстан
[3]ГКП «Астана су арнасы», Астана, Казахстан
*e-mail: Aisholpan.shaidullaeva@gmail.com

Разнообразие и метаболические особенности полифосфат-аккумулирующих организмов в сточных водах

Эффективное удаление фосфора из сточных вод является одним из ключевых направлений в обеспечении современной экологической безопасности и рационального управления водными ресурсами. Несмотря на то, что фосфор (P) представляет собой жизненно важный биологический элемент, его избыточное поступление со сточными водами в естественные водоемы интенсифицирует процессы эвтрофикации, что приводит к деградации водных экосистем. Кроме того, чрезмерная концентрация фосфора вызывает дефицит растворенного в воде кислорода, провоцируя последующее снижение биологического разнообразия. В связи с этим очистка сточных вод от фосфора рассматривается как одна из актуальных задач охраны окружающей среды и устойчивого развития. Хотя традиционные физико-химические методы демонстрируют определенную эффективность, их применение сопряжено со значительным расходом реагентов, образованием вторичного осадка и высокими эксплуатационными затратами. С целью преодоления данных недостатков в последние годы особое внимание уделяется технологиям усиленного биологического удаления фосфора (УБУФ). Установлено, что системы УБУФ позволяют снизить содержание фосфора в сточных водах до минимальных значений без использования химических осадителей. В основе этого процесса лежит способность полифосфат-аккумулирующих организмов (ПАО) поглощать фосфор в избыточных количествах и депонировать его внутри клеток в форме полифосфатов (PolyP). Высокая эффективность удаления фосфора клетками ПАО достигается в условиях чередования анаэробных и аэробных фаз. Благодаря этому технология УБУФ позиционируется как экологически безопасное, экономически выгодное и стабильно функционирующее в долгосрочной перспективе решение. Таким образом, использование микроорганизмов для деструкции фосфорсодержащих соединений из сточных вод является перспективным направлением в современной биотехнологии очистки воды. По нашему мнению, данный подход позволит обеспечить защиту водных экосистем, повысить общую эффективность очистки сточных вод и снизить антропогенную нагрузку на окружающую среду. В настоящем обзоре систематизированы существующие пробелы в исследованиях микроорганизмов, применяемых для удаления фосфора. Особое внимание уделено их филогенетическому разнообразию и метаболическим особенностям.

Ключевые слова: фосфор, эвтрофикация, полифосфаты, микроорганизмы, сточные воды.

Қысқартулар

Р – фосфор; ПЖО – Полифосфат жинақтаушы организмдер; ФБКЖ – фосфорды биологиялық жолмен күшейтілген жою; PolyP – полифосфат; Полигидроксиалканоаттардың – ПГА.

Кіріспе

Қазіргі уақытта адамның табиғи су көздеріне әсері артып келе жатқандықтан, ағынды суларды ластаушы заттардан тиімді тазарту маңызды мәселеге айналды. Ағынды сулардағы негізгі ластаушы заттарлың бірі – фосфорқұрамды қосылыстар болып табылады. Олар түрмыстық, өндірістік және ауыл шаруашылығы көздерінен су айдындарына түсіп, эвтрофикация үдерісін күшейтуі мүмкін. Эвтрофикация кезінде балдырлар шамадан тыс көбейеді және судағы еріген оттегінің мөлшері азаяды. Осының нәтижесінде судағы организмдердің тіршілігіне қауіп төнеді. Сондықтан, бұл -эвтрофикация процесі бүгінгі күнде маңызды экологиялық мәселелердің бірі болып табылады, ал фософр (Р) оның дамуына әсер ететін негізгі фактор ретінде қарастырылады (Zhang et al., 2024).

Су құрамындағы Р мөлшерінің артуы эвтрофикацияның қарқындылығын күшейтіп, судың «гүлденуіне» себеп болуы мүмкін. Осыған байланысты, су айдындарындағы Р-ды жою су экожүйелерін қорғауда маңызды рөл атқарады.

Эвтрофикация процесінің алдын алу мақсатында тазарту құрылыстарынан шығатын ағын сулардағы Р мөлшеріне шектеулер енгізілген. Мысалы, Еуропалық қоршаған орта агенттігі Р-дың шығарылуын 80%-ға дейін азайтуды немесе тазартылған ағын сулардағы оның мөлшерін 1-2 мг/л деңгейінде ұстауды талап етеді (Environment Agency, 2019). Ал АҚШ-тың қоршаған орта агенттігі ағын сулардағы Р концентрациясы 1 мг/л-ден төмен болуы қажет екенін көрсеткен болатын (Lucas et al., 2025). Осы талаптарды орындау үшін ағын сулардан Р-ды жоюдың әртүрлі химиялық және биологиялық әдістерді қолданылуда (Acevedo et al., 2017).

Фосфорды жоюдағы тұндыру, коагуляция, адсорбция сиықты физикалық және химиялық әдістер бұрыннан қолданылып келе жатқаны белгілі. Соңғы онжылдықтарда бұл тәсілдермен қатар биологиялық әдістер де белсенді түре зерттеліп келеді. Олардың ішінде ерекше орын алатыны -фосфорды биологиялық жолмен күшейтілген жою (ФБКЖ). Бұл әдіс ағынды сулардан фосфордан тазартудың тұрақты және экологиялық жағынан қолайлы тәсілі ретінде танылған (McDaniel et al., 2021). ФБКЖ үдерісінің негізінде полифосфат жинақтаушы организмдер (ПЖО) жатыр. Олар фосфорқұрамды қосылыстарды сіңіріп, жасушаішілік полифосфат түрінде жинақтай алады (Liu et al., 2007). Осы қасиеті ПЖО-ны ғылыми зерттеулер мен практикалық қолдану тұрғысынан өте перспективалы объектіге айналдырады. Дегенмен, микроорганизмдерді пайдаланып фосфорды жою міселесі әлі жеткілікті зерттелмеген. Биологиялық тазарту механизмдерін тереңірек түсіну және оларды өндірістік масштабта қолдануға бейімдеу -бүгінгі биотехнология саласының өзекті міндеттерінің бірі болып отыр.

Ағынды сулардан Р-ды жоюдың экономикалық жағынан тиімді әдісі ретінде ФБКЖ жүйесі ерекше орын алады (Kumari et al., 2025; Schoeppe et al., 2024). Бұл үдерсі барысында бактериялар тіршілік әрекеті кезіндегі қоршған ортадан фосфорды белсенді сіңіріп алды (Matsumoto et al., 2026). Аталған механизм, Р-ды ассимиляциялау деп аталады және тазарту жүйелерінде жойылатын жалпы Р-дың шамамен 50%-ын қамтамасыз етеді (Cyprowski et al., 2018). Алайда жоғары тазарту нәтижесіне қол жеткізу үшін бактериялардың Р-ды қажеттіліктен артық мөлшерде сіңіруі талап етіледі. Дәл осы қабілеті бар ПЖО Р-ды жою үдерісінде басты рөл атқарады. Олардың ерекшелігі Р-ды жасушаның ішінде полфифосфат, яғни PolyP түрінде жинақтайды. ПЖО қызметі негізінен екі кезеңнен тұрады. Аэробты жағдайда олар PolyP синтезі үшін айналасынан Р-ды белсенді сіңіреді. Ал анаэробты фазада керісінше, PolyP гидролизденіп, бөлінген Р энергия өндіруге және субстатты игерүге жұмсайды (Cydzik-Kwiatkowska & Zielinska, 2016).

ФБКЖ үдерісіндегі ПЖО-ның маңызды рөлі бұл микроорганизмдерді жан-жақты зерттеуге қызығушылықтың артуына себеп болуы мүмкін. Соңғы жылдары жаңа ПЖО түрерін анықтауға, олардың метаболизм ерекшеліктерін және филогенеитикалық байланыстарын зерттеуге бағытталған көптеген жұмыстар жарияланған болатын (Dueholm et al., 2023; Fernando et al., 2019; Izadi et al., 2021; Mino et al., 1994; Petriglieri et al., 2021; Singleton et al., 2022). Мысалы, бірқатар шолу мақалаларында ПЖО-ның әртүрлі экожүйелерде таралуы, сондай-ақ, пайдалану жағдайларының олардың белсенділігіне әрсері қарастылыған болатын (Lan et al., 2026). Сонымен қатар, анаэробты метаболизм кезінде қалпына келтіру күшінің

түзілу механизмдері (Tomás-Martínez et al., 2022) және *Ca.* Accemulibacter, *Ca.* Dechloromonas пен *Tetrasphaera* туыстарының метаболизмдік ерекшеліктері талданған болатын. Басқа зерттеулерде ПЖО-ны байыту және таза дақыл ретінде бөліп алу тәсілдері (Tarayre et al., 2016), микроб жасушаларындағы PolyP-ды анықтау әдістері (He et al., 2025), сонай-ақ табиғи ортадағы P қосылыстарын сипаттау әдістемелері қарастырылған (Welles et al., 2017).

Алайда, соған қарамастан, қазіргі шолу жұмыстарында жақында сипатталған *Ca.* Phosphoribacter сияқты жаңа ПЖО туралы мәліметтер жеткіліксіз болып отыр. Сондай-ақ, *Tetrasphaera* туысына жатқызылған кейбір микроорганизмдердің *Ca.* Phosphoribacter, *Knoellia* және *Phycicoccus* туыстарына қайта жіктелуі толық талданбаған, Бұдан бөлек, тазарту құрылыстарындағы ПЖО-ді анықтау және нысаналы түрде мониторинг жүргізу әдістеріне арналған мәліметтер әлі де шектеулі.

Осылайша, ПЖО жайлы жинақталған деректер олардың филогенеткалық және метабизизмдік алуантүрлілігін жүйелейтін жаңартылған шолу мақаласын дайындаудың өзектілігін көрсетеді. Сондықтан, біз, бұл мақалада ПЖО-дің түрлік құрамы, метаболизм ерекшеліктері және осы бағыттағы зерттеулердің қазіргі жағдайын қарастырдық.

Әдебиеттерді іздеу әдістемесі

Ағынды сулардағы полифосфат жинақтаушы организмдердің (PAO, *polyphosphate-accumulating organisms*) алуантүрлілігі мен метаболикалық ерекшеліктерін зерттеу үшін ғылыми әдебиеттер мен деректерге жан-жақты талдау жүргізілді. Зерттеу материалдары ағынды суларды биологиялық тазарту, фосфорды биологиялық жолмен жою, полифосфат жинақтаушы микроорганизмдер, олардың таксономиялық алуантүрлілігі және жасушалық метаболизміне арналған ғылыми жарияланымдарды қамтыды.

Әдебиеттерді іздеу халықаралық Scopus деректер базасында зерттеу тақырыбына сәйкес негізгі кілт сөздер мен олардың комбинациялары бойынша жүргізілді. Іздеу барысында «polyphosphate-accumulating organisms», «PAO», «polyphosphate accumulation», «wastewater treatment», «biological phosphorus removal», «metabolism», «microbial diversity» және «phosphorus removal» сияқты кілт сөздер пайдаланылды.

Іріктелген ғылыми жұмыстар жарияланым түріне қарай зерттеу мақалалары, шолу мақалалар, конференция материалдары, кітап тараулары және басқа да ғылыми жарияланымдар түрінде жіктелді. Әрбір материал бойынша жарияланған жылы, авторлар құрамы, журнал атауы, зерттеу бағыты, зерттелген организмдер, қолданылған әдістер және негізгі ғылыми нәтижелер сияқты библиографиялық және ғылыми метадеректер жинақталды.

Зерттеу барысында полифосфат жинақтаушы организмдердің негізгі таксономиялық топтарына, олардың ағынды суларды тазарту жүйелеріндегі таралуына және фосфорды жасуша ішінде полифосфат түрінде жинақтау қабілетіне ерекше назар аударылды. Сонымен қатар, PAO организмдерінің көміртек көздерін пайдалану ерекшеліктері, энергия алмасуы, фосфор метаболизмі, полифосфаттың түзілуі мен ыдырауы және анаэробты-аэробты жағдайларға бейімделу механизмдері қарастырылды.

Жиналған материалдардың алуантүрлілігі полифосфат жинақтаушы организмдердің экологиялық және метаболикалық ерекшеліктерін кешенді түрде бағалауға, сондай-ақ ағынды сулардан фосфорды биологиялық жолмен жою үдерістерінің микробиологиялық негіздерін анықтауға мүмкіндік береді.

Әдебиетке шолу

ПЖО-дің шығу тегіне байланысты алуантүрлілігі

ПЖО-дің басты ерекшелігі – ортофосфатты қоршаған ортадан сіңіріп, жасуша ішінде PolyP түрінде жинақтау қабілеті. Дәл осы қасиеті оларды ФБКЖ негізіндегі тазарту жүйелерінде P-ды жоюдың тиімді құралына айналдыруға мүмкіндік берді. ПЖО тобы таксономиялық және физиологиялық жағынан біртекті емес. Оның құрамына шығу тегі метабилизмд ерекшеліктері және экологиялық бейімделуі әртүрлі микроорганизмдер кіреді. Бұл алуантүрлілік ұзақ эволюциялық даму барысында қалыптасқан.

ПЖО-дің түрлік және метабилиттік әртүрлілігін зерттеу сұрағы таза теориялық мәселе ғана емес, сонымен қатар, биологиялық P-ды жою тиімділігін арттыруға және тазарту жүйелерін оңтайландыруға тікелей негіз бере алады.

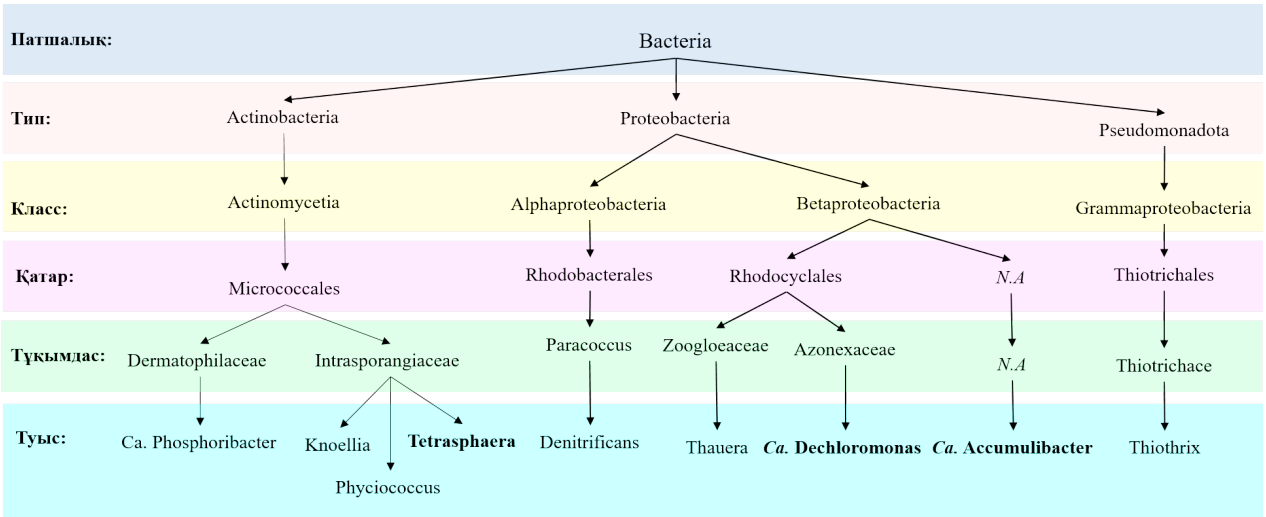
Тіркелген ПЖО-дің ішінде *Candidatus* Accumulibacter, *Candidatus* Dechloromonas және *Tetrasphaera* ағынды суларды тазарту құрылыстарындағы функционалды жағынан маңыз-

ды өкілдер ретінде бөлініп шықты (Сурет 1) (Dueholm et al., 2022). Бұл микроорганизмдер әртүрлі географиялық аймақтар мен технологиялық режимдегі тазарту қондырғыларында жиі анықталады және салыстырмалы түрде саны жағынан көптеу болып келеді. Олардың кең таралуы кездей соқ емес. Биологиялық Р-ды жою процесстерінде аталған туыстардың үстемдік етуі олардың осы ортаға жақсы бейімделгенін көрсетеді. Олар өзгермелі экологиялық жағдайларда да Р-ды тұрақты және тиімді жинақтай алады. Осы қасиеті тазарту жүйелерінің сенімді жұмыс істеуін қамтамасыз ететін негізгі фактор болып табылады.

Ca. Accumulibacter алғашқы анықталған ПЖО болып, кейіннен бұл туыс I және II типтерге жіктелген болатын. Тип I-де A-C кластерлері, тип II-де A-G кластерлері бар, бұл жіктеу *ppk1* геніне негізделген (Baek & Lee, 2024; Zhao et al., 2024). 2023 жылы жаңа *Ca.* Accumulibacter геномдары III тип ретінде классификацияланды (Wang et al., 2023). Бұл организмдер негізінен зертханалық биореакторларда анықталғандықтан, қазіргі уақытта ағынды суларды тазартумен байланысты ПЖО талдауында қарастырылып жүрген жоқ. Бірақ та олардың диметилсульфоксидтен энергия алу қабілетінің ерекше екенін атап өтуіміз маңызды болып табылады (Wang et al., 2023). Осыған байланысты *Ca.* Accumulibacter III типін жоғры концентрациядағы диметилсульфоксид пен Р-ды өңдейтін толық көлемді тазарту құрылыстарына мақсатты түрде енгізу немесе табиғи түрде байыту мүмкіндігі бар (Wang et al., 2023). Ілгерідегі жүргізілген филогенетикалық зерттеулере 16S рРнқ зондтары қолданылған. Соның нәтижесінде GRC түнбасында полифосфат жинақтаған Accumulibacter бактерияларының күлгін түсті кластерлері анықталған болатын (Сурет 2) (Crocetti et al., 2000). Бұл түнбалар биомассасындағы PO_4-P үлесі 15%-дан асатын және жоғары тиімділікпен Р шығаратын ПЖО деп болжанған үлгілерден алынған. Осы талдаулар көрсеткендей, Accumulibacter тобының полифосфат жинақтау қабілеті олардың ағынды сулардан Р-ды тиімді жоюдағы негізгі рөлін анықтайды. Сонымен қатар, біздің ойымызша, алынған нәтижелер бұл микроорганизмдердің әртүрлі экологиялық жағдайларға бейімделу қабілеті жоғары екендігін және ПЖО қауымдастығының құрылымы түнба сипаттамаларына тікелей тәуелді болуы мүмкін екендігін көрсетеді.

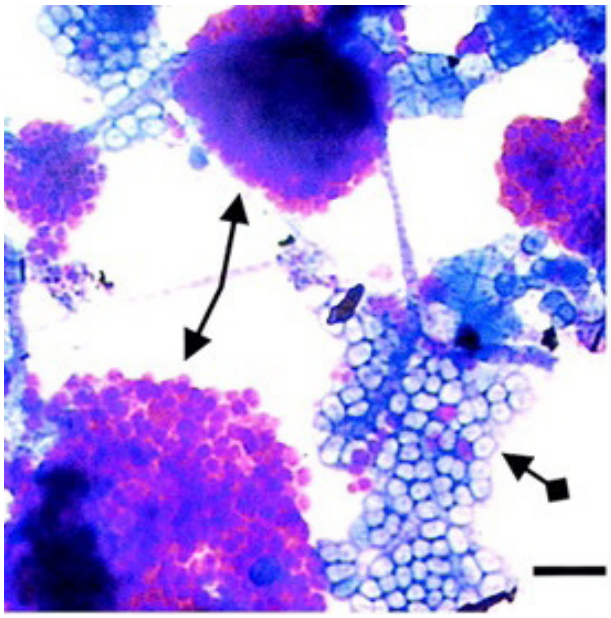
1-сурет

ПЖО-дің таксономиялық жіктелуінің (тоғыз туысының) визуалды сызбасы көрсетілген. Бұл жіктеу NCBI (National Center for Biotechnology Information) таксономия деректер базасындағы ақпаратқа негізделген. N.A – Not Assigned (жіктелуі анықталмаған)



2-сурет

SBR зертханалық реакторындағы Accumulibacter бактерияларының байытылған культураларынан алынған метилен көгімен боялған түнбаның микрофотосуреті. Стандартты жебелермен белгіленген күлгін түсті жасуша шоғырлары полифосфатты қамтиды. Ромб тәрізді жебелермен белгіленген көк түсті жасушаларда полифосфат жоқ. Масштабтық сызық 6 микронға сәйкес (Crocetti et al., 2000).

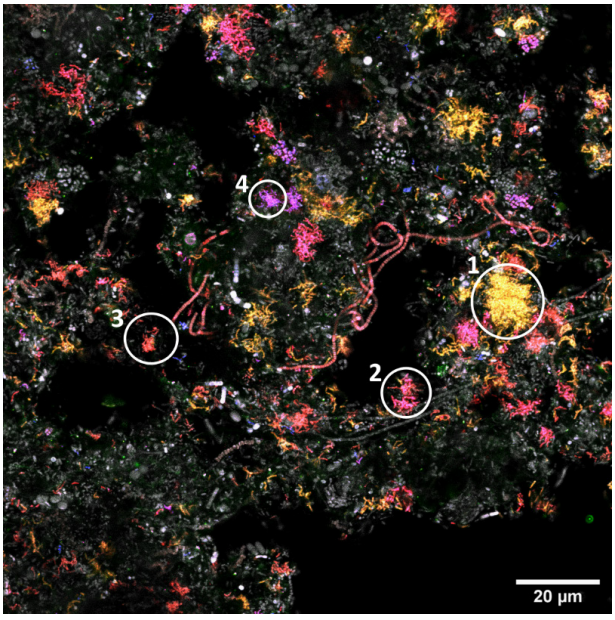


Қазіргі таңда *Tetrasphaera* туысының бірнеше кластары бар, олардың кей біреуі таза мәдениетте әлі өсірілмеген. Дегенмен кей бірі метагеномдық талдаулар арқылы анықталған. Сонымен қатар, соңғы зерттеулер *Tetrasphaera* туысы өкілдерінің метаболикалық жолдары Accumulibacter сияқты классикалық ПЖО-ден едәуір ерекшеленетінін көрсетті. Атап айтқанда, олардың Р-ды жинақтау қабілеті тек полифосфат синтезімен ғана шектелмей, органикалық субстраттарды кең ауқымда пайдалануымен де байланысты болуы мүмкін. Алайда, олардың экожүйедегі нақты рөлі мен белсенділігі әлі де толық ашылмаған және қосымша молекулалық-биологиялық зерттеулерді қажет етеді. Дегенмен, біздің ойымызша, айтылған ерекшелік *Tetrasphaera* туысын ағынды суларды биологиялық тазарту жүйелерінде маңызды топ ретінде қарастыруға негіз болады деп есептейміз.

Осы бағыттағы алғашқы зерттеулердің бірінде полифосфаттарды жинақтай алатын үш актинобактерия изоляты анықталып, кейіннен оларға осы *Tetrasphaera* туысы атауы берілген болатын (Baek & Lee, 2024). Алғашында *Tetrasphaera* туысына сегіз түр кіргізілді: *australiensis* (штамдар Ben 109 және Ben 110), *japonica* (штамм T1-X7) (Dueholm et al., 2022), *elongata* (штамдар Lp2 және ASP12) (Chen et al., 2024; Watanabe et al., 2020), *jenkinsii, veronensis, vanveenii* (Yang et al., 2026), *duodecadis* (Baek & Lee, 2024) және *remsis* (Daims et al., 1999). Кейінгі зерттеулер барысында жаңа *Tetrasphaera* түрлері сиппатталып, бұл туыс үш кластерге бөлінді. Кластерлер 1 және 2 жоғарыда аталған сегіз түрді қамтыса, кластер 3 тек табиғи ортадан алынған реттіліктерді қамтыды (Wang et al., 2023). Алайда соңғы филогенетикалық талдаулар әртүрлі түрлерді қайта жіктеуге алып келді. Масалы *Tetrasphaera elongata* және *Tetrasphaera duodecadis-Pgyciococcus* туысына ауыстырылған, ал *Tetrasphaera remsis* қазір *Knoellia remsis* деп жіктеледі (Seshadri et al., 2022; Oren & Garrity, 2020). Сонымен қатар, кластер 3-тегі *Tetrasphaera* екі түрлі туысқа жатқызылады, яғни олар: Ca. Phosphoribacter және Ca. Lutibacillus (Mino et al., 1994). Және де кластер 1 және 2-ге екі жаңа түр енгізілді: *Tetrasphaera hjor* 1-ге, ал *Tetrasphaera aved* кластер 2-ге қосылды (Сурет 3) (Mino et al., 1994).

3-сурет

Толық ауқымды белсенді түнбада Tetrasphaera-мен байланысты әртүрлі туыстардың көптүсті FISH-микрографы. № 1, сары түсті -Ca. Phosphoribacter baldrii (Phos1260-23S-Pbr1 зондымен, Atto 488). № 2, қызғылт түсті- Ca. Phosphoribacter hodrii (Phos601 зондымен, Dy-681). №3, қызғылт сары түсті- Tetrasphaera (туыстардың көпшілігі Tetra183 зондымен, Atto 532). №4, күлгін түсті – Ca. Lutibacillus (Luti617 зондымен, Atto 594). Барлық бактериялар (сұр түспен) EUBmix зондымен (Atto 633) нысанаға алынды.



Сонымен, *Tetrasphaera* туысы алғашқы ашылуынан бастап қазіргі кездегі филогенетикалық қайта жіктеу кезеңінен өтті. Осылайша, біздің тұжырымымыз бойынша, *Tetrasphaera* туысының таксономиялық өзгерістерін әрі қарай тереңрек зерттеу оның Р-ды биологиялық жою жүйелеріндегі финкционалдық рөлін нақтылауға жол ашады.

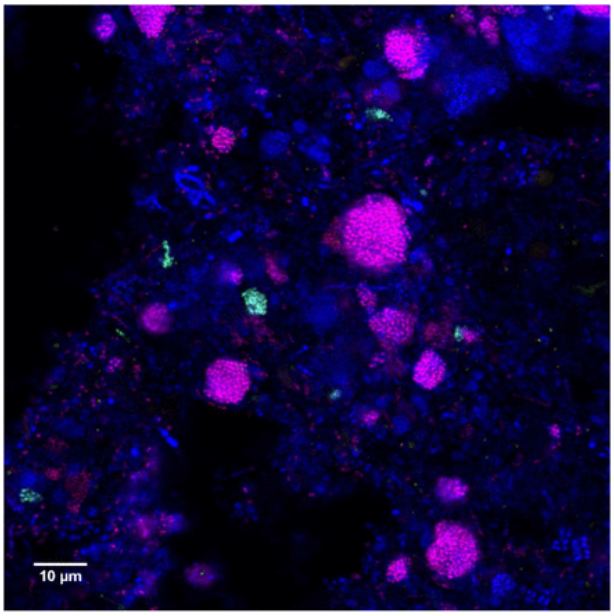
Келесі туыс ол *Dechloromonas* туысы 1999-2000 жылдары алғаш рет сипатталған болатын. Алғашқы зерттеулерде бұл бактериялардың β-протеобактериялар тобына жататыны белгілі болды. Олар хлорорганикалық қосылыстарды тотықтыру арқылы энергия алу қабілетімен сипатталды. Біздің ойымызша, осы сипаттамалар *Dechloromonas* туысының тек хлорорганикалық қосылыстарды ыдыратуда ғана емес, сонымен қатар ағынды сулардағы Р айналымына қатысу мүмкіндігін де жан-жақты зерттеудің маңыздылығын көрсетеді деп есептейміз. Ал фосфатты жинақтау қасиеті аталмыш штамдарда алғаш рет 2005 жылы анықталған болатын (Nielsen et al., 2019). Осы жаңалық оларды ағынды суларды биологиялық тазартудағы функционалды маңызды организмдер қатарына қосқан болатын. Кейінгі зерттеулер нақты ПЖО ретінде екі түрді боліп көрсетті, олар *Ca.* Dechloromonas phosphoritropha және *Ca.* Dechloromonas phosphorivorans (Petriglieri et al., 2021). Бұл бактериялар таза мәдениетте әлі өсірілмегендіктер олар *Candidtus* мәртебесін иеленген болатын. Бұл мәртебе ресми түрде таза культурада расталмаған организмдерге беріледі (Petriglieri et al., 2021).

Petriglieri және әріптестері 16S рРНҚ генін секвенирлеу мен *in situ* флуоресценттік гибридизация (FISH) әдістерін пайдаланып, Даниядағы және басқа елдердегі ағынды суларды тазарту құрылыстарында *Dechloromonas* туысының таралуын зерттеген болатын. Фиксацияланған белсенді түнба үлгілеріне арнайы зондтарды қолдану нәтижесінде *Ca. D.* phosphatis және *Ca. D.* Phosphovora түрлеріне жататын жасушалардың морфологиясы анықталған. Бұл микроорганизмдер сәйкесінше 1,4 х 1,2 мкм және 1,2 х 0,8 мкм өлшеміндегі таяқша тәрізді жасушалардан тұрады және көбіне сфералық микрокологиялар түрінде кездеседі (Сурет 4) (Petriglieri et al., 2021).

Dechloromonas туысының өкілдері алғашында денитрификация үдерісіне қатысатын және хлоорганикалық қосылыстарды ыдыратын бактериялар ретінде сипатталған болатын. Кейіннен олардың фосфат жинақтау қабілеті анықталып, бұл микроорганизмдердің ағынды суларды биологиялық тазарту жүйелеріндегі маңызды фосфат жинақтаушы организмдер қатарына жататыны көрсетілді. Біздің ойымызша, осы деректер *Dechloromonas* туысының метаболикалық мүмкіндіктері әлі де толық ашылмағанын және олардың экожүйедегі көпқырлы рөлін тереңірек зерттеу қажет екенін айқындайды.

4-сурет

Ағынды суларды тазарту құрылыстарында кең таралған Dechloromonas туысының екі өкіліне арналған композитті FISH микросуреттер. Ca. D. phosphatis (BETL135, Cy3, қызыл түсті) және Ca. D. Phosphovora (Dech443, FLUOS, жасыл түсті)



ПЖО-дің метаболикалық әртүрлілігі

ПЖО-дің Р-ды жинақтау қабілеті ортақ қасиет болғанымен, олардың метаболикалық процесстері мен энергия алмасу механизмдері әртүрлілігімен ерекшеленеді. Яғни, ПЖО Р-ды жинақтайтыны белгілі, алайда олардың метаболиттік жолдары мен энергия алмасу механизмдері бір-бірінен айтарлықтай ерекшеленеді. Ал бұл айырмашылықтар көміртек көздерін пайдалану тәсілдерімен, анаэробты және аэробтыжағдайларға бейімделу қабілетімен анықталады. Сондай-ақ PolyP, гликоген және РНА алмасуының өзіндік ерекшеліктері де метаболиттік алуантүрлілікті қалыптастыруы мүмкін. Бұл метаболиттік айырмашылықтар тек теориялық маңызға ғана ие емес, сонымен қатар олар ПЖО-дің тұрақтылығына және Р-ды жою тиімділігіне тікелей әсер етеді. Сондықтан да біз ПЖО ме-

таболизмін тереңрек зерттеу ағынды суларды тазарту технологияларын жетілдірудің ғылыми негізін құрайды деген сенімдеміз.

Жалпы, метаболизм түрғысынан алып қарағанда, *Ca.* Acumulibacter, *Ca.* Dechloromonas және *Ca.* Phosphoribacter Эмбден-Мейерхоф жолы арқылы гликолиз жүргізе алатыны белгілі. Ал *Tetrasphaera, Knoellia* және *Phycicoccus* организмдерінің жағдайы бұдан кішкене өзгешерек. Олардың геномында 6-фосфофрутокиназа немесе АДФ-тәуелді фосфофрутокиназа ферменттері болмайды. Ал аталған ферменттер Эмбден-Мейерхоф жолында D-фруктозо-6P-ның D-фруктозо-1,6P-ға фосфорлануын қамтамасыз етеді. Демек, бұл үш организм классикалық гликолиздің негізгі сатысын жүзеге асыра алмайды. Біздің болжауымыз бойынша, көміртек алмасуындағы осы ерекшелікті өтеу үшін олар баламалы метаболиттік жолдарды пайдалануы мүмкін.

Зерттеулер барлық ПЖО-дің нитраттар мен нитриттерді ассимиляциялық жолмен тотықсыздандыра алмайтынын көрсетеді. Бұл олардың аталған молекулалардағы азотты жасушалық синтез үшін пайдалана алмайтынын білдіреді. Сонымен бірге, барлық ПЖО-де ортақ метаболиттік қабілеттер де бар. Олардың барлығы пируватты тотықтыру, цитрат циклі және пентозофосфат жолы бойынша жұмыс істей алатындығын көрсетеді. Рибозо-P-рибосфокиназаның биосинтезі де барлық ПЖО-де сақталған. Осылайша, метаболикалық айырмашылықтарға қарамастан, ПЖО-ге тән ортақ биохимиялық жолдар олардың фосфорды тиімді жинақтау қабілетінің негізін құрайтынын көруімізге болады.

3.3 PolyP алмасуы және P тасымалы

ПЖО-дің P-ды жинақтау қабілеті негізінен PolyP синтезі мен ыдырауын қамтамасыз ететін метаболикалық жүйелерге тәуелді болып келеді. Бұл процестер жасушаішілік P алмасуын реттеп қана қоймай, сонымен қатар микроорганизмдердің әртүрлі экологиялық жағдайларға бейімделуінде маңызды рөл атқарады. Сондықтан PolyP алмасуы мен фосфат тасымалына қатысатын гендер мен ферменттік жүйелерді зерттеу ПЖО физиологиясын түсінудің негізгі бағыттарының бірі болып отыр.

Микроорганизмдерде PolyP метаболизмі оның синтезін, ыдырауын және жасушаішілік P тасымалын реттейтін гендер жиынтығымен қамтамасыз етіледі. Бұл үдерісті полифосфаткиназалар, анықрағы PPK1 және PPK2 катализдейді (Nielsen et al., 2019). Негізінен екі фермент те функциясы жағынан ерекшеленеді. Мысалы, PPK1 әртүрлі бактерияларда және эукариоттарды кездесетін ерігіш фермент және ол нуклеозидтрифосфаттардан PolyP синтезін жүзеге асырады. Ал PPK2 болса көбінесе бактерияларға тән және мембранамен байланысқан фермент болып табылады. Оның қызметі өзгешерек, яғни PPK2 PolyP-ты нуклеозидмоно- немесе дифосфаттарды, атап айтқанда AMP, DMP және GDP-ны фосфорилациялау үшін пайдаланады (Li et al., 2025; Neville et al., 2022). Осылайша, PPK1 және PPK2 ферменттерінің функциялық ерекшеліктерін зерттеу ПЖО-дің P-ды жинақтау механизмдерін тереңірек түсінуге және оларды тиімді пайдалануға мүмкіндік береді деп болжаймыз.

Жалпы алғанда, PolyP гидролизі ПЖО-де анаэробты жағдайда жүреді. Бұл процесс келесідей ферменттік жол алқыры жүреге асады: PPK кері реакциясы, экзополифосфатазалар (PPX) және эндополифосфатазалар (Valverde-Pérez et al., 2016; Zhong et al., 2018). PPK кері бағытта жұмыс істеген кезде PolyP құрамындағы энергияны пайдаланып, АТФ және ГТФ синтездей алады (Zhong et al., 2018). Осылайша, полифосфат жасуша үшін тек P қоры ғана емес, сонымен қатар энергия көзі ретінде де қызмет ететінін байқауға болады. Ал PPX ферменті PolyP тізбегінің үштарынан бейорганикалық фосфаттарды біртіндеп бөліп шығарады. Бұл механизм өз кезегінде жасушаға қаджет болған жағдайда P-ды реттелген түрде босатуға мүмкіндік береді. Ал эндополифостатазалардың әсер ету механизмі кішкене өзгешерек жүреді. Олар PolyP тізбегін ішкі бөліктерінен үзіп, қысқа тізбекті PolyP немесе пирофосфат (PPi) молекуларын түзеді (Zhong et al., 2018). Сондықтан бұл ферменттер PolyP құрылымын жылдам қайта ұйымдастыруға қатысады деп есептеледі. PolyP ыдырауы негізінен тек гидролиз арқылы ғана шектелмейді. Кейбір жағдайдарда фосфат топтары арнайы фосфотрансферазалар арқылы әртүрлі акцептор молекулаларына тасымалданады, бұл энергияға бай фосфоангидридтік байланыстардың сақталуына мүмкіндік береді (Zhong et al., 2018). Мұндай мехнизмдер энергияны тиімді пайдалануға мүмкіндік береді. Мысалы, PAP ферменті AMP фосфорлауға қатысса, PPGK ферменті глюкозаны PolyP есебінен фосфорлайды (Schoeppe et al., 2024). Сонымен қатар, PPGK-ның субстаттық ерекшелігі кең болып келеді, себебі ол тек глюкозамен ғана емес, басқа да көмірсулармен әрекеттесе алады (Guedes da Silva et al., 2020). Біздің ойымызша, дәл осы метаболикалық икемділікті

ПЖО-дің әртүрлі орта жағдайларына бейімделуіне және фосфорды жинақтау тиімділігін сақтап қалуына ықпал етеді.

Аталған механизмдердің жүру жолы организм түріне байланысты өзгереді. Мысалы, *Ca.* Acumulibacter және *Ca.* Dechloromonas-та үдеріс АДФ арқылы жүрсе, Ал *Tetrasphaera, Knoellia* және *Phycicoccus*-та болса фосфорлану қанттар арқылы жүзеге асады.

Осылайша, Р тасымалдаушылары ПЖО-дің Р сіңіру қабілеінде шешуші рөл атқаратыны түсінікті болды. Жалпы алғанда екі негізгі жүйе бар, біріншісі- төмен аффинді PIT, екіншісі -жоғары аффинді PstSCAB (Zhang et al., 2015). PstSCAB жүйесі Р концентрациясы төмен болған жағдайда ерекше тиімді жұмыс жасаса, ал PIT NA^+ немесе H^+ иондарына тәуелді симпортер болып табылады (Zhang et al., 2015). Анаэробты жағдайда PIT арқылы Р мен катиондар бір мезгілде шығарылады. Бұл электрохимиялық градиент түзіп, ацетат сияқты көміртек көздерінің сіңірілуін жеңілдетсе, ал геномдық талдаулар *pit* генінің барлық ПЖО-де сақталғанын көрсетеді (Cardona et al., 2025). PstSCAB кластері барлық түрлерде кездеспегенімен, жалпы алғанда жоғары деңгейде сақталған. Алайда, *pit* гені ПЖО-ға ғана емес, басқа да микроорганизмдерде де кеңінен таралған.

Органикалық субстраттардың тасымалы

Геномдық талдаулар барлық ПЖО-де ABC тасымалдаушыларының бар екенін анықтады. Атап айтқанда, бұл микроорганизмдерде аминқышқылдарын тасымалдауға қатысатын LivKHMGF және полярлы аминқышқылдарының тасымалдануын қамтамасыз ететін PaSPA жүйелері анықталған. Бұл ПЖО-дің азот көздерін тиімді игеру қабілеті эволюциялық түрғыдан жақса сақталғанын көрсетеді.

Сонымен қатар, *Ca.* Accumulibacter, *Ca.* Dechloromonas және *Ca.* Phosphoribacter геномдарында липополисахаридтердің биосинтезіне жауап беретін rfbAB гендері табылған. Бұл аталған микроорганизмдердің жасуша қабығының түзілуінде ортақ молекулалық механизмдер қолданылатынын білдіреді. Дегенмен, *Ca.* Phosphoribacter геномында липополисахаридтерді жасуша сыртына тасымалдауға қажетті lptFGB гендері анықталмаған. Мұндай ерешелік оның жасуша қабығының құрылысы немесе липополисахаридтердің тасымалдану жолдары басқа ПЖО-ге қарағанда өзгеше болуы мүмкін екенін көрсетеді. Қорытындылай келе, бұл айырмашылық *Ca.* Phosphoribacter-дің белгілі бір экологиялық жағдайларға бейімделуіне ықпал ететін маңызды эволюциялық ерекшеліктердің бірі болуы мүмкін деуге болады.

Негізінен *Ca.* Accumulibacter мен *Ca.* Dechloromonas қоспағанда, көптеген ПЖО нуклеозидтерді (nupABC, bmpABC), қарапайым және күрделі қанттарды (ssSPA, gguAB, msSPA, chvE, sugC) тасымалдауға қабілетті. Бұл *Tetrasphaera*-ның әртүрлі көміртек көздерін (ашытқы экстракты, пептон, глюкозаб ерітілген крахмал) пайдалану қабілетімен және *Ca.* Accumulibacter-тің глюкозаны сіңіру әлеуетімен сәйкес келеді (Ziliani et al., 2023).

Барлық ПЖО-де электрохимиялық градиент энергиясын пайдаланатын тасымалдаушы жүйелер кездеседі. Олардың ішінде катион/ацетат симпортері ActP мен малонат-протон MdcF ерекше қызығушылық тудырады, себебі бұл ақуыздар көміртек көздерін жасушаға тасымалдау кезінде тікелей АТФ шығынын қажет етпейді. Бұл микроорганизмдер үшін энергияны үнемдеудің тиімді механизмі болып табылады. Аталған тасымалдаушылар сыртқы ортадан органикалық қосылыстардың сіңірілуін қамтамасыз етеді. Әсіресе, анаэробты жағдайда *Ca.* Accumulibacter және *Ca.* Dechloromonas өкілдері ацетат пен пропионат сияқты қысқа тізбекті май қышқылдарын осы жүйелер арқылы жасушаға қабылдайды (Albertsen et al., 2016). Мұндай қабілет олардың оттегі шектеулі ортада да белсенді метаболизм жүргізуіне мүмкіндік береді. Қысқа тізбекті май қышқылдарының тиімді тасымалдануы кейінгі энергия түзу және Р жинақтау үдерістерімен тығыз байланысты. Сондықтан ActP және MdcF сияқты тасымалдаушылар ПЖО-лардың қоршаған орта жағдайларына бейімделуінде маңызды рөл атқарады деп есептеуге болады.

Алайда кейбір *Tetrasphaera* және *Phycicoccus* түрлері қажетті тасымалдаушыларға ие бола тұра ацетатты сіңірмейді (Tomás-Martínez et al., 2022). Бұл phaC генінің және глиоксилат циклына қатысты гендердің болмауымен байланысты деп болжауда. Ата кету керек жайт, ActP тасымалдаушысы ацетатпен шектелмей, гликолат сияқты басуа субстраттарды да тасымалдай алады.

Ca. Accumulibacter және *Ca.* Dechloromonas C4-дикарбоксилаттарды тасымалдайтын жүйелерге (DcuAB, DctA, DctPQM) бай боып келеді. Бұл *Ca.* Accumulibacter-тің сукцинат сияқты ферментация өнімдерін көміртек көзі ретінде пайдаланумен сәйкес келеді (Cardona et al., 2025).

Ca. Dechloromonas-та глутаматтың тасымалы мен орталық метаболизмге қосылуы *gltS* және *gdhA* гендері арқылы жүзеге асады. *Tetrasphaera* туысы электрохимиялық тасымалдаушылардың алуан түрлі жиынтығымен ерекшеленеді. Оның құрамында қанттар, аминқышқылдары және осмопротекторлар тасымалына жауапты жүйелер бар. Бұл олардың қанттарды тұтыну және аминқышқылдарын жинақтау қабілетімен үйлеседі (Arumugam et al., 2019).

Кейбір тасымалдаушылар жекелеген түрлерге ғана тән. *Phycicoccus duodecadis*-те пролин симпортері ProP, *Knoellia remsis*-те цитозин (CodB) және бензоат (BenK) тасымалдаушылары анықталған. *Tetrasphaera* түрлері болса әртүрлі органикалық қышқылдар мен қанттарға маманданған тасымалдаушыларға ие.

Ферментация және гликоген синтезі

Ферментация және гликоген алмасуы ПЖО-дің анаэробты жағдайда энергия өндіруін қамтамасыз ететін маңызды метаболикалық үдерістердің қатарына жатады және олардың Р-ды жинақтау қабілетімен тығыз байланысты. Осыған орай, *Tetrasphaera* туысының маңызды ерекшеліктерінің бірі – оның анаэробты жағдайда да Р-ды сіңіре алу қабілеті. Бұл процесс әртүрлі органикалық қосылыстардың ферментациясы кезінде түзілетін энергия есебінен жүзеге асады (Arumugam et al., 2019). Мұндай қасиет *Tetrasphaera*-ға оттегі жетіспейтін ортада да белсенді тіршілік етуге мүмкіндік береді.

Зерттеулер көрсеткендей, *Tetrasphaera* өкілдері глюкоза мен аминқышқылдарын ферментациялап, нәтижесінде ацетат, сукцинат, лактат және этанол сияқты метаболиттер түзеді (Albertsen et al., 2016; McIlroy et al., 2016; Otieno et al., 2022). Бұл олардың органикалық заттарды пайдалану ауқымының кең екенін және энергия өндірудің бірнеше жолдарын қолдана алатынын көрсетеді. Сондықтан аталған микроорганизмдер қоршаған орта жағдайлары өзгерген кезде де метаболикалық белсенділігін сақтай алады. *Ca.* Phosphoribacter өкілдері де ферментативті метаболизмге қабілетті. Мысалы, олар аланинді пируватқа дейін ыдырата алады, ал түзілген пируватты әрі қарай ацетатқа айналдыратын толық ферментациялық жолға ие. Бұл ерекшелік олардың энергия алу стратегиясының күрделірек екенін көрсетеді. Сонымен қатар, *Phycicoccus elongata* глюкозаны ферментациялау барысында лактат түзуі мүмкін деген болжам бар. Бұл дерек әлі толық дәлелдеуді қажет еткенімен, актинобактерияларға жататын ПЖО-дің метаболикалық әртүрлілігі күткеннен де жоғары болуы мүмкін екенін аңғартады. Осылайша, ферментациялық қабілеттердің мұндай алуантүрлілігі аталған микроорганизмдердің Р-ды жинақтау тиімділігіне және әртүрлі экологиялық жағдайларға бейімделуіне тікелей әсер етеді.

Сукцинат пен ацетат өндіру қабілеті трикарбон қышқылдары циклі мен ацетаткиназа арқылы расталады. Алайда жалғыз ген ферментация қабілетін дәлелдеуге жеткіліксіз, өйткені ола ферментацияланбайтын геномдарда да кездесе береді. Алайда, өкінішке орай, *Ca.* Accumulibacter мен *Ca.* Dechloromonas-та ферментация қабілеті әзірге сипатталмаған.

Биологиялық тазарту жүйелерінде кездесетін барлық ПЖО өкілдері гликоген синтездеуге қабілетті. Дегенмен, бұл үдерісті жүзеге асыратын ферменттік жүйелердің құрамы мен ұйымдасуы әртүрлі микроорганизмдер арасында өзгешелік көрстуі мүмкін. Гликоген биосинтезінің классикалық жолы үш негізгі ферменттің қатысуымен жүреді, олар глюкозо-1-фосфат аденилилтрансфераза (GlgC), АДФ глюкозоспецификалық гликогенсинтаза (GlgA) және тармақтаушы фермент (GlgB). Бұл ферменттер өзара үйлесімді жұмыс істеп, жасушадағы көміртек қорын жинақтауға мүмкіндік береді. Алдымен GlgC глюкозо-1-фосфаттан АДФ-глюкоза түзеді, кейін осы қосылысты GlgA пайдаланып, оны өсіп келе жатқан гликоген тізбегіне қосады. Соңғы кезде GlgB ферменті гликоген молекуласында тармақтар түзіп, оның күрделі әрі ықшам құрылымының қалыптасуын қамтамасыз етеді (Saunders et al., 2016). Нәтижесінде микроорганизмдер көміртекті тиімді сақтап, оны қажет болған жағдайда энергия көзі ретінде пайдалана алады.

Ca. Accumulibacter және *Ca.* Dechloromonas гликогенді GlgCAB жолы арқылы синтездейді. *Tetrasphaera, Ca.* Phosphoribacter, *Knoellia* және *Phycicoccus* болса тізбек ұзартуға қажетті GlgA ферментіне ие емес. Бұл олардың гликогенді мүлдем синтездей алмайтынын білдірмейді. Баламалы жол арқылы альфа-мальтозо-1-фосфатсинтаза (GlgE) мальтозаны ұзартып гликоген түзеді (Terashima et al., 2016). Демек, *Tetrasphaera, Ca.* Phosphoribacter, *Knoellia* және *Phycicoccus* мальтозаны мономер ретінде пайдаланып гликоген снтездеуге қабілетті деп болжауға негіз бар.

Гликоген катаболизмінде GlgP және Amy ферменттері шешуші рөл атқарады (Terashima et al., 2016). GlgP гликогендегі глюкозалық байланыстарды фосфоролиз арқылы үзіп, глюко-

зо-1-фосфат түзеді. Тармақсыздандырушы фермент Amy болса тізбектегі тармақтарды жойып, гликогеннің толық ыдырауын қамтамасыз етеді (Terashima et al., 2016). GlgP ферментінің барлық ПЖО туыстарында сақтаулы олардың гликогенді көміртек көзі ретінде пайдалана алатынын дәлелдейді. Туыстар арасында белгілі бір еркешеліктер де байқалады. *Ca.* Phosphoribacter гликогенді мальтоза, мальтотриоза және мальтотетраоза сияқты қысқа олигосхаридтерге ыдырата алатын жалғыз туыс болып табылады (Ziegler et al., 2016). Гликогенді мальтозаға бөлетін бета-амилаза ферменті тек *Tetrasphaera hjor*-да ғана анықталған.

Осылайша, гликоген катаболизмінің негізгі механизмдері барлық ПЖО-ге ортақ болғанымен, жекелеген туыстарда кездесетін ферменттік ерекшеліктер олардың көміртек қорын пайдалану стратегияларының әртүрлі екенін көрсетеді.

Полигидроксиалканоаттардың метабиолизмі

Полигидроксиалканоаттар (ПГА) ПЖО-да көміртек пен энергия қоры ретінде қызмет ететін маңызды жасушаішілік қосылыстардың бір болып табылады. Олардың синтезі көбіне көміртек көздері жеткілікті болған жағдайда, әсіресе анаэробты фазада жүреді және бұл үдеріс көбінесе PolyP алмасуымен қатар жүзеге асады. Түзілген ПГА кейінгі кезеңдерде микроорганизмдердің энергия қажеттілігін өтеуге жұмсалады. Мысалы, *Ca.* Accumulibacter сияқты аэробты ПЖО өкілдері ПГА-ды аэробты жағдайда көміртек көзі ретінде пайдаланса, денитрификациялаушы ПЖО-де бұл қосылыстар анаэробты жағдайда гидролизге ұшырайды (Li et al., 2025; Abeysiriwardana-Arachchige et al., 2021). Осылайша, ПГА әртүрлі физиологиялық жағдайларда энергия мен көміртекті сақтаудың әмбебап механизмі ретінде қызмет етеді. Анаэробты фазада ацетат пен гликоген алдымен ацетил-КоА-ға ыдырайды. Кейін бұл аралық өнімдер ПГА синтезіне бағытталады. Ал аэробты жағдайда жиналған ПГА қайтадан ыдырап, гликоген түзілуіне қажетті көміртек көзі ретінде пайдаланылады (Adam et al., 2018). Бұл ПЖО-де көміртек ағындарының өзара тығыз байланыста екенін көрсетеді. ПГА синтезіне қажетті қалпына келтіру күшінің маңызды бөлігі Энтнер-Доудоров жолы арқылы гликогеннің ыдырауы нәтижесінде қамтамасыз етіледі. Сондықтан гликоген мен ПГА алмасуы бір-бірімен тығыз байланысқан метаболикалық жүйе ретінде қарастырылады. ПГА биосинтезіне қатысатын негізгі ақуыздар *phaC, phaA, phaB, phaG* және *phaJ* гендерінен тұратын гендік кластермен кодталады (Chen et al., 2022). Бұл гендердің әрқайсысы әртүрлі субстраттардан ПГА мономерлерін түзуге қатысатын ферменттердің синтезін бақылайды. Атап айтқанда, *phaA* және *phaB* ацетил-КоА-дан, *phaG* май қышқылдарынан, ал *phaJ* липидтерден бастапқы мономерлердің түзілуін қамтамасыз етеді (Lin et al., 2021). Түзілген мономерлер кейін ПГА-синтаза қызметін атқаратын *phaC* ферментінің көмегімен полимерленеді. Осыған байланысты *phaC* генінің болуы көбіне микроорганизмнің ПГА синтездеу қабілетін бағалайтын маңызды молекулалық маркер ретінде қарастырылады (Maszenan et al., 2022). Жоғарыда айтылғандарды қорытындылай келе, ПГА алмасуының тиімділігі ПЖО-дің Р-ды жинақтау қабілетімен қатар олардың қоршаған орта жағдайлары өзгерген кезде тіршілікке бейімделу мүмкіндігін де айқындайды деп айтуға болады.

Сонымен *Ca.* Accumulibacter және *Ca.* Dechloromonas *phaC, phaA, phaB, phaG* және *phaJ* гендеріне ие. Бұл олардың ацетат пен липидтерді ПГА синтезінде субстрат ретінде пайдалана алатынын көрсетеді. Ал *Tetrasphaera, Ca.* Phosphoribacter, *Knoellia* және *Phycicoccus* болса *phaB, phaJ* және *phaC* гендерінен айрылған. Бұл генетикалық ерекшелік *Tetrasphaera*ның ПГА өндіре алмайтыны туралы эксперименттік деректермен сәйкес келеді. ПЖО арасында ерекше қызығушылық тудыратын түрлердің бірі – *Ca. Phosphoribacter hodrii*. Оның геномында *phaC* генінің анықталуы бұл микроорганизмнің ПГА синтездеуге қабілетті болуы мүмкін екенін көрсетеді. Алайда түзілетін ПГА түрі пайдаланылатын көміртек көзіне тікелей тәуелді. Мысалы, полигидроксибутират (ПГБ) тек ацетат субстраты болған жағдайда синтезделеді. Ал полигидрокси-2метилвалераттың (ПГ2МВ) түзілуі пропионаттың болуымен байланысты (Skennerton et al., 2015). Бұл әртүрлі көміртек көздерінің ПГА құрамына айтарлықтай әсер ететінін көрсетеді. Кейбір ПГА түрлерінің синтезі үшін бірнеше субстраттың бір мезгілде қатысуы қажет. Мәселен, полигидроксивалерат (ПГВ) пен полигидрокси-2-метилбутираттың (ПГ2МБ) түзілуі ацетат пен пропионаттың қатар болуын талап етеді (Skennerton et al., 2015). Сондықтан ПГА құрамының өзгеруі микроорганизмнің қоршаған ортадағы қолжетімді көміртек көздеріне бейімделу қабілетін көрсететін маңызды метаболикалық белгі ретінде қарастырылуы мүмкін.

PGA-деполимераза ферменті, *phaZ* генімен кодталатын, суда ерімейтін ПГА-ны ерігіш 3-гидроксиалкан қышқылдарына гидролизденуде маңызды рөл атқарады(Skennerton et al., 2015). Бұл ферменттер ортақ тізбектер мен субстраттық преференцияларға ие емес (Almanassra et al., 2021; Morohoshi et al., 2020). KEGG-те сипатталған *phaZ* гендерінің арасында поли(3-гидроксиоктаноат) деполимеразасы тек ПАГ-та, яғни тазарту үшін маңызды түрлерде кездеседі. Сонымен қатар, бұл фермент тек *Ca.* Accumulibacter класы IIC шегінде кездеседі. *Ca.* Dechloromonas-та *phaZ* генінің болмауы бұрынғы зерттеу нәтижелерімен сәйкес келеді. Дегенмен, ПГА-ның ыдырауы осы туыстарда тіркелген, сондықтан, *Ca.* Accumulibacter және *Ca.* Dechloromonas басқа ПГА деполимеразаларына ие болуы мүмкін, олардың құрылымы KEGG-те сипатталғандардан айтарлықтай ерекшеленеді немесе олар ПГА-ны ыдыратудың баламалы жолдарын пайдалануы мүмкін.

ПЖО-дің денитрификация қабілеті

Денитрификация – деп азот қосылыстары, мысалы, нитрат немесе нитрит, электрон акцепторлары ретінде пайдаланылатын тыныс алу процессін айтады (Amann et al., 2018). Денитрификация процесі бірнеше кезеңдер мен ферменттерді қамтиды. Бірінші кезең нитратты (NO_3^-) нитритке (NO_2^-) дейін нитратредуктазалар арқылы қалпына келтіруді қамтиды. Нитратредуктазалардың үш түрі белгілі, біріншісі – периплазматикалық нитратредуктаза (ген *nap*), тыныс алу нитратредуктаза (ген *nar*) және ассимиляциялық нитратредуктада (ген *nas*) (Amann et al., 2018). Нитрат қалпына келтірілгеннен кейін, нитритредуктаза (ген *nir*) NO_2-ны азот оксидіне (NO) айналдыру реакциясын катализдейді және N_2-ні сұйық күйден газ тәріздес күйге айналдыруда маңызды рөл атқарады. Денитрификациядағы нитриттің қалпына келтірілуі екі түрлі нитритредуктазалармен, *nirK* және *nirS* гендерімен кодталатын ферменттер арқылы жүзеге асырылуы мүмкін. *nirK* гені төмен оттекті ортада кездесетін мысты ферментті кодтаса, *nirS* гені жоғары оттекті ортада кездесетін цитохром *cdl* құрамды ферментті кодтайды (Adler et al., 2022; Miao et al., 2018). Келесі қадамда нитрооксидредуктаза (ген *nor*) NO-ны закис азотына (N_2O) дейін қалпына келтіреді (Guedes da Silva et al., 2020). Соңғы кезеңде нитрооксидредуктаза (ген *nos*) N_2O-ны N_2-ге дейін қалпына келтіріп, денитрификацияны аяқтайды (Bacelo et al., 2020).

Нитратты (NO_2^-) молекулалық азотқа (N_2) дейін толық тотықсыздандыра алатын ПЖО деннитрификациялаушы фосфор жинақтаушы организмдер (ДПЖО) деп аталады (Bashar et al., 2018). Бұл микроорганизмдер Р жинақтаумен қатар, ПГА-ны гидролиздеп, оттегісіз жағдайда өсу қабілетіне ие (Bacelo et al., 2020). Алайда олардың анаэробты жағдайда Р-ды жою тиімділігі аэробты жағдаймен салыстырғанда төмен және бұл процесс шамамен екі есе баяу жүреді (Di Capua et al., 2022; Egle et al., 2016). Қазіргі уақытта ағынды суларды тазарту жүйелерінен бірнеше ДЖПО анықталған. Олардың қатарына *Paracoccus sp.* YKP-9, *Thauera sp*. SND5 және *Paracoccuss denitrificans* YCP жатады. Сонымен қатар, бастапқыда ДПЖО ретінде сипатталмаған кейбір ПЖО-де де денитрификация әлеуетінің бар екені анықталған. Сондықтан бұл бөлімде аталған микроорганизмдердің денитрификациялық қабілеттеріне қысқаша тоқтаймыз.

Knoelli remsis, Tetrasphaera aved, Ca. Accumulibacter adjunctus және *Ca.* Accumulibacter cognatus түрлерінде толық денитрификацияға қажетті гендер анықталмаған. Бұл олардың нитрат пен нитритті электрон акцепторы ретінде пайдалану мүмкіндігі шектеулі болуы мүмкін екенін көрсетеді. Соған қарамастан, ПЖО-лардың басым бөлігінде нитрат пен нитритті тотықсыздандыруға қатысатын гендер сақталған. Демек, бұл микроорганизмдердің көпшілігі белгілі бір деңгейде денитрификациялық белсенділік көрсетуге қабілетті. Нитратты тотықсыздандыру механизмдерінде де айырмашылықтар байқалады. Мысалы, *Ca.* Accumulibacter және *Ca.* Dechloromonas нитратты қалпына келтіру үшін NAP немесе NAR ферменттерін пайдалана алады, ал басқа туыстарда негізінен тек NAR ферменті кездеседі. Бұл олардың әртүрлі экологиялық жағдайларға бейімделу стратегияларының өзгеше екенін көрсетеді. Нитритті тотықсыздандыруға жауапты гендердің таралуы да біркелкі емес. nirS гені көбінесе *Ca.* Dechloromonas пен *Ca.* Accumulibacter өкілдерінде анықталса, nirK гені *Tetrasphaera, Phycicoccus* және *Ca. Phosphoribacter* туыстарында кездеседі. Негізінен мұндай айырмашылықтар ПЖО-дің төмен оттекті ортадағы тіршілік ерекшеліктерімен және денитрификация тиімділігімен тығыз байланысты болуы мүмкін.

Көптеген ПЖО-де NO мен N_2O-ны тотықсыздандыруға жауап беретін *nor* және *nos* гендері анықталмаған. Осыған байланысты олар нитрат пен нитритті соңғы электрон акцепторлары ре-

тінде пайдаланған кезде түзілетін кейбір аралық өнімдерді толық залалсыздандыра алмауы мүмкін (Skennerton et al., 2015). Сонымен қатар, *Ca.* Accumulibacter contiguous SBR-L, *Tetrasphaera japonica* және *Tetrasphaera australiensis* түрлерінде *nor* гені болғанымен, *nos* гені жоқ. Мұндай генетикалық ерекшелік аталған микроорганизмдердің дентитрификация барысында N_2O түзуіне ықпал етуі мүмкін, ал бұл қосылыс күшті парниктік газдардың бірі болып саналады (Miao et al., 2018). Дегенмен, ағынды суларды тазарту жүйелерінде ПЖО-дер жеке емес, күрделі микробтық қауымдастық құрамында тіршілік етеді. Сондықтан бір микроорганизм түзген аралық өнімдерді басқа микроорганизмдер пайдаланып, денитрификация үдерісінің толық жүруіне жағдай жасай алады (Guedes da Silva et al., 2020). Бұл өз кезегінде аталған генетикалық шектеулердің әсерін білгілі бір дәрежеде төмендетуі мүмкін.

Сонымен, *Ca.* Accumulibacter және *Ca.* Dechloromonas phosphorivorans Skiv және EsbW сияқты кейбір ПЖО-де толық денитрификация үшін қажетті барлық гендер бар. Қызықтысы, денитрификация үшін қажетті барлық гендерге ие ПЖО-дің нитраттарды қалпына келтіру үшін NAP ферменттерін пайдаланады және бұл NAR ферменттерінен тиімдірек деп саналады (Skennerton et al., 2015). Бұл деректер NAP-NAR ферментінің денитрификацияны қолдану үшін, тіпті NAR ферменті болмаған жағдайда да протондық градиентті құрудағы синергетикалық рөлін растайды. Сонымен қатар, IA класының түрлерінің толық денитрификация қабілеті эксперименталды түрде дәлелденген (Bacelo et al., 2020).

Осылайша, ағынды сулардан Р-ды жоюға қатысатын мироорганизмдер жоғары таксономиялық және метаболикалық алуантүрлілігімен ерекшеленеді. Бұл мақалада олардың шығу тегі, филогенетикалық байланыстары және Р алмасуына қатысты негізгі метаболикалық механизмдері қарастырылды. Әдеби деректерді талдау әртүрлі ПЖО топтарының Р-ды жинақтау, көміртек қорын сақтау, ферментация және денитрификация үдерістерін әртүрлі жолдармен жүзеге асыратынын көрсетті. Дегенмен, кейбір микроорганизмдердің метаболикалық әлеуеті мен ағынды суларды тазарту жүйелеріндегі нақты қызметі әлі де толық анықталмаған. Сондықтан ПЖО-дің алуантүрлілігі мен фукционалдық ерекшеліктерін одан әрі зерттеу Р-ды биологиялық жолмен жою технологияларын жетілдіруге және олардың тиімділігін арттыруға негіз болады.

Қорытынды

Қорытындылай келе, әдебиеттерді талдау нәтижелері полифосфат жинақтаушы организмдер (ПЖО) ағынды сулардан форсорды (Р) биологиялық жолмен жоюда шешуші рөл атқаратын микроорганизмдер тобы болып табылатындығы анықталды. Қазіргі зерттеулер олардың таксономиялық құрамы бұрын ойлағаннан әлдеқайда алуантүрлі екенін дәлелдеген. Сонымен қатар, заманауи деректер олардың әртүрлі туыстары Р алмасуы, көміртек қорын жинақтауы, ферментациясы мен денитрификациясы бойынша ерекшеленетінін көрсетеді. Әсіресе, Accumulibacter, *Tetrasphaera,* Dechloromonas және Phosphoribacter туыстарының метаболикалық мүмкіндіктері ПЖО-дің экологиялық икемділігі мен тазарту жүйелеріндегі маңызын айқындайды. Сондай-ақ, соңғы жылдардағы геномдық және метагеномдық зерттеулер көптеген ПЖО-дің физиологиясы мен эколюциялық байланыстары туралы жаңа мәліметтер берді. Дегенмен, кейбір түрлердің метаболикалық ерекшеліктері мен ағынды суларды тазарту үдерісіндегі нақты рөлі әлі толық анықталмаған. Сондықтан да ПЖО-дің фукционалдық алуантүрлілігін әрі қарай зерттеу Р-ды биолгиялық жою технологияларын жетілдіруге және олардың тиімділігін арттыруға мүмкіндік береді деп есептейміз. Әрі бұл білімдер су ресурстарын қорғауға және тазарту технологияларын жетілдіруге сөзсіз тікелей үлес қосады.

Қаржыландыру көзі

Бұл зерттеу Қазақстан Республикалсы Ғылым және жоғары білім министрлігінің Ғылым комитеті тарапынан қаржыландыру аясында орындалды (ИРН AP26102175).

Авторлардың үлесі

Концептуализация, А.А.Ш.; Әдістеме, Г.Н.Б., Б.К.М. және Д.Ш.Ж; Бағдарламалық қамтамасыз ету, А.М.; Формалды талдау, Н.Т.А.; Зерттеу жүргізу, А.У.Т. және З.С.С.; Деректерді басқару, Ф.Ж.А.; Мәтінді жазу, бастапқы нұсқаны дайындау, А.А.Ш., Г.Н. Б. және А.У.Т.; Мәтінді жазу, рецензиялау және редакциялау, Ф.Ж.А., А.А.Ш. және Г.Н.Б.; Жобаны әкімшілендіру, А.А.Ш.; Қаржыландыруды тарту, Г.Н.Б.

Әдебиеттер

Abeysiriwardana-Arachchige, I. S. A., Delanka-Pedige, H. M. K., Munasinghe-Arachchige, S. P., & Nirmalakhandan, N. (2021). Techno-economic optimization of phosphorous recovery in an algal-based sewage treatment system. *Bioresource Technology, 332*, 125128. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2021.125128

Acevedo, B., Murgui, M., Borrás, L., & Barat, R. (2017). New insights in the metabolic behaviour of PAO under negligible poly-P reserves. *Chemical Engineering Journal, 311*, 82–90.

Adam, G., Mottet, A., Lemaigre, S., Tsachidou, B., Trouvé, E., & Delfosse, P. (2018). Fractionation of anaerobic digestates by dynamic nanofiltration and reverse osmosis: An industrial pilot case evaluation for nutrient recovery. *Journal of Environmental Chemical Engineering, 6*(5), 6723–6732. https://doi.org/10.1016/j.jece.2018.10.033

Adler, A., Poirier, S., Pagni, M., Maillard, J., & Holliger, C. (2022). Disentangle genus microdiversity within a complex microbial community by using a multi-distance long-read binning method: Example of *Candidatus Accumulibacter*. *Environmental Microbiology, 24*, 2136–2156. https://doi.org/10.1111/1462-2920.15947

Albertsen, M., McIlroy, S. J., Stokholm-Bjerregaard, M., Karst, S. M., & Nielsen, P. H. (2016). *Candidatus Propionivibrio aalborgensis*: A novel glycogen accumulating organism abundant in full-scale enhanced biological phosphorus removal plants. *Frontiers in Microbiology, 7*, 1033.

Almanassra, I. W., McKay, G., Kochkodan, V., Ali Atieh, M., & Al-Ansari, T. (2021). A state of the art review on phosphate removal from water by biochars. *Chemical Engineering Journal, 409*, 128211. https://doi.org/10.1016/j.cej.2020.128211

Amann, A., Zoboli, O., Krampe, J., Rechberger, H., Zessner, M., & Egle, L. (2018). Environmental impacts of phosphorus recovery from municipal wastewater. *Resources, Conservation and Recycling, 130*, 127–139. https://doi.org/10.1016/j.resconrec.2017.11.002

Arumugam, K., Bağcı, C., Bessarab, I., Beier, S., Buchfink, B., Górska, A., Huson, D. H., & Williams, R. B. H. (2019). Annotated bacterial chromosomes from frame-shift-corrected long-read metagenomic data. *Microbiome, 7*. https://doi.org/10.1186/s40168-019-0665-y

Arumugam, K., Bessarab, I., Haryono, M. A. S., Liu, X., Zuniga-Montanez, R. E., Roy, S., Waite, D. W., Singleton, C. M., Albertsen, M., Hugenholtz, P., & Williams, R. B. H. (2021). Recovery of complete genomes and non-chromosomal replicons from activated sludge enrichment microbial communities with long read metagenome sequencing. *NPJ Biofilms and Microbiomes, 7*, 23. https://doi.org/10.1038/s41522-021-00196-6

Bacelo, H., Pintor, A. M., Santos, S. C., Boaventura, R. A., & Botelho, C. M. (2020). Performance and prospects of different adsorbents for phosphorus uptake and recovery from water. *Chemical Engineering Journal, 381*, 122566. https://doi.org/10.1016/j.cej.2019.122566

Baek, S., & Lee, E.-J. (2024). PhoU: A multifaceted regulator in microbial signaling and homeostasis. *Current Opinion in Microbiology, 77*.

Bashar, R., Gungor, K., Karthikeyan, K. G., & Barak, P. (2018). Cost effectiveness of phosphorus removal processes in municipal wastewater treatment. *Chemosphere*. https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2017.12.169

Cardona, L., Ramírez, P. N. R., Adler, A., & Holliger, C. (2025). Comparative transcription profiles of *Candidatus Accumulibacter* and *Propionivibrio* under phosphate limitation in sequencing batch reactors. *Frontiers in Microbiology, 16*. https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1650167

Cardona, L., Saini, J. S., Rodilla Ramírez, P. N., Adler, A., & Holliger, C. (2025). Multiple extracellular polymeric substance pathways transcribed by Accumulibacter and the flanking community during aerobic granule formation and after influent modification. *Applied and Environmental Microbiology*. https://doi.org/10.1128/aem.01769-24

Chen, L., Chen, H., Hu, Z., Tian, Y., Wang, C., Xie, P., Deng, X., Zhang, Y., Tang, X., Lin, X., Li, B., Wei, C., & Qiu, G. (2022). Carbon uptake bioenergetics of PAOs and GAOs in full-scale enhanced biological phosphorus removal systems. *Water Research, 216*, 118258. https://doi.org/10.1016/j.watres.2022.118258

Chen, L., Deng, X., Xie, X., Wang, K., Chen, H., Cen, S., Huang, F., Wang, C., Li, Y., Wei, C., & Qiu, G. (2024). *Candidatus Thiothrix phosphatis* SCUT-1: A novel polyphosphate-accumulating organism abundant in the enhanced biological phosphorus removal system. *Water Research, 267*, 122479. https://doi.org/10.1016/j.watres.2024.122479

Crocetti, G. R., Hugenholtz, P., Bond, P. L., Schuler, A., Keller, J., Jenkins, D., & Blackall, L. L. (2000). Identification of polyphosphate-accumulating organisms and design of 16S rRNA-directed probes for their detection and quantitation. *Applied and Environmental Microbiology, 66*(3), 1175–1182. https://doi.org/10.1128/AEM.66.3.1175-1182.2000

Cydzik-Kwiatkowska, A., & Zielinska, M. (2016). Bacterial communities in full-scale wastewater treatment systems. *World Journal of Microbiology and Biotechnology, 32*.

Cyprowski, M., Stobnicka-Kupiec, A., Ławniczek-Wałczyk, A., Bakal-Kijek, A., Gołofit-Szymczak, M., & Górny, R. L. (2018). Anaerobic bacteria in wastewater treatment plant. *International Archives of Occupational and Environmental Health, 91*, 571–579.

Daims, H., Brühl, A., Amann, R., Schleifer, K. H., & Wagner, M. (1999). The domain-specific probe EUB338 is insufficient for the detection of all Bacteria: Development and evaluation of a more comprehensive probe set. *Systematic and Applied Microbiology, 22*(3), 434–444.

Di Capua, F., de Sario, S., Ferraro, A., Petrella, A., Race, M., Pirozzi, F., Fratino, U., & Spasiano, D. (2022). Phosphorous removal and recovery from urban wastewater: Current practices and new directions. *The Science of the Total Environment, 823*, 153750. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.153750

Du, H., Yang, L., Wu, J., Xiao, L., Wang, X., & Jiang, L. (2012). Simultaneous removal of phosphorus and nitrogen in a sequencing batch biofilm reactor with transgenic bacteria expressing polyphosphate kinase. *Applied Microbiology and Biotechnology, 96*, 265–272. https://doi.org/10.1007/s00253-011-3839-5

Dueholm, M. K. D., Besteman, M., Zeuner, E. J., Riisgaard-Jensen, M., Nielsen, M. E., Vestergaard, S. Z., Heidelbach, S., Bekker, N. S., & Nielsen, P. H. (2023). Genetic potential for exopolysaccharide synthesis in activated sludge bacteria uncovered by genome-resolved metagenomics. *Water Research, 229*.

Dueholm, M. K. D., Nierychlo, M., Andersen, K. S., Rudkjøbing, V., Knutsson, S., MiDAS Global Consortium, Albertsen, M., & Nielsen, P. H. (2022). MiDAS 4: A global catalogue of full-length 16S rRNA gene sequences and taxonomy for studies of bacterial communities in wastewater treatment plants. *Nature Communications, 13*, 1908.

Egle, L., Rechberger, H., Krampe, J., & Zessner, M. (2016). Phosphorus recovery from municipal wastewater: An integrated comparative technological, environmental and economic assessment of P recovery technologies. *The Science of the Total Environment, 571*, 522–542. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.07.042

Environment Agency. (2019). *Phosphorus and freshwater eutrophication pressure narrative*. Environment Agency.

Fernando, E. Y., McIlroy, S. J., Nierychlo, M., Herbst, F.-A., Petriglieri, F., Schmid, M. C., Wagner, M., Nielsen, J. L., & Nielsen, P. H. (2019). Resolving the individual contribution of key microbial populations to enhanced biological phosphorus removal with Raman–FISH. *The ISME Journal, 13*, 1933–1946. https://doi.org/10.1038/s41396-019-0399-7

Fox, G. (2018). Starch in brewing applications. In *Starch: Food* (pp. 633–659). Elsevier.

Guedes da Silva, L., Olavarria Gamez, K., Castro Gomes, J., Akkermans, K., Welles, L., Abbas, B., van Loosdrecht, M. C. M., & Pronk, M. (2020). Revealing the metabolic flexibility of "Candidatus Accumulibacter phosphatis" through redox cofactor analysis and metabolic network modeling. *Applied and Environmental Microbiology, 86*. https://doi.org/10.1128/AEM.00808-20

He, P., Yan, Y., Lee, J., Han, I. L., Li, G., Sabba, F., Jia, Z., Wells, G. F., & Gu, A. Z. (2025). Phenotypic prevalence index: Diversity of polyphosphate-accumulating organisms (PAOs) and insights in unknown PAOs revealed by combined fluorescence-activated cell sorting (FACS) and 16S rRNA gene sequencing. *Water Research, 283*, 123897. https://doi.org/10.1016/j.watres.2025.123897

Izadi, P., Izadi, P., & Eldyasti, A. (2021). Understanding microbial shift of enhanced biological phosphorus removal process (EBPR) under different dissolved oxygen (DO) concentrations and hydraulic retention times (HRTs). *Biochemical Engineering Journal, 166*, 107833. https://doi.org/10.1016/j.bej.2020.107833

Kumari, S., Dong, Y., & Safferman, S. I. (2025). Phosphorus adsorption and recovery from waste streams using biochar: Review of mechanisms, modifications, and agricultural applications. *Applied Water Science, 15*, 162. https://doi.org/10.1007/s13201-025-02523-0

Lan, J., Zhu, S., Liu, C., Chen, Z., Li, B., Wang, K., & Zhang, T. (2026). Response of sludge extracellular polymeric substances matrix structure and composition to changes in internal pH. *Water Research, 273*.

Li, G., Srinivasan, V., Tooker, N. B., Wang, D., Onnis-Hayden, A., Bott, C., Dombrowski, P., Pinto, A., & Gu, A. Z. (2025). Metagenomic analysis revealed community-level metabolic differences between full-scale EBPR and S2EBPR systems. *Water Research, 280*, 123509. https://doi.org/10.1016/j.watres.2025.123509

Lin, Y., Wang, L., Xu, K., Li, K., & Ren, H. (2021). Revealing taxon-specific heavy metal-resistance mechanisms in denitrifying phosphorus removal sludge using genome-centric metaproteomics. *Microbiome, 9*. https://doi.org/10.1186/s40168-021-01016-x

Liu, Y., Chen, Y., & Zhou, Q. (2007). Effect of initial pH control on enhanced biological phosphorus removal from wastewater containing acetic and propionic acids. *Chemosphere, 66*(1), 123–129. https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2006.05.004

Lucas, E. R., Nguyen, N. D., Celi, L., Condron, L. M., Fraser, T. D., George, T. S., Mora, M. L. L. & Raymond, N. S. (2025). Organic phosphorus in the terrestrial environment: An update on current research and future directions. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 25*, 393–408. https://doi.org/10.1007/s42729-024-02140-x

Marques, R., Santos, J., Nguyen, H., Carvalho, G., Noronha, J. P., Nielsen, P. H., Reis, M. A. M., & Oehmen, A. (2017). Metabolism and ecological niche of *Tetrasphaera* and *Ca. Accumulibacter* in enhanced biological phosphorus removal. *Water Research, 122*, 159–171.

Maszenan, A. M., Bessarab, I., Williams, R. B. H., Petrovski, S., & Seviour, R. J. (2022). The phylogeny, ecology and ecophysiology of the glycogen accumulating organism (GAO) *Defluviicoccus* in wastewater treatment plants. *Water Research, 221*, 118729. https://doi.org/10.1016/j.watres.2022.118729

Matsumoto, R., Watanabe, T., Yamazaki, E., Kagawa, A., Longo, L. M. & Matsuura, T. (2026). A universal polyphosphate kinase powers in vitro transcription. *Nature Communications*. https://doi.org/10.1038/s41467-025-68012-9

McDaniel, E. A., Moya-Flores, F., Keene Beach, N., Camejo, P. Y., Oyserman, B. O., Kizaric, M., Khunjar, W. O., de los Reyes, F. L., III, Noguera, D. R., & McMahon, K. D. (2021). Metabolic differentiation of co-occurring Accumulibacter clades revealed through genome-resolved metatranscriptomics. *mSystems, 6*, 474–495.

McIlroy, S. J., Starnawska, A., Starnawski, P., Saunders, A. M., Nierychlo, M., Nielsen, P. H., et al. (2016). Identification of active denitrifiers in full-scale nutrient removal wastewater treatment systems. *Environmental Microbiology, 18*, 50–64. https://doi.org/10.1111/1462-2920.12614

Miao, Z., Li, D., Guo, S., Zhao, Z., Fang, X., Wen, X., Wan, J., & Li, A. (2018). Effect of free nitrous acid on nitrous oxide production and denitrifying phosphorus removal by polyphosphorus-accumulating organisms in wastewater treatment. *BioMed Research International*.

Mino, T., Satoh, H., & Matsuo, T. (1994). Metabolisms of different bacterial populations in enhanced biological phosphate removal processes. *Water Science and Technology, 29*, 67–70.

Morohoshi, T., Oi, T., Suzuki, T., & Sato, S. (2020). Identification and characterization of a novel extracellular polyhydroxyalkanoate depolymerase in the complete genome sequence of *Undibacterium* sp. KW1 and YM2 strains. *PLoS ONE, 15*, e0232698. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232698

Neville, N., Roberge, N., & Jia, Z. (2022). Polyphosphate kinase 2 (PPK2) enzymes: Structure, function, and roles in bacterial physiology and virulence. *International Journal of Molecular Sciences, 23*.

Nielsen, P. H., McIlroy, S. J., Albertsen, M., & Nierychlo, M. (2019). Re-evaluating the microbiology of the enhanced biological phosphorus removal process. *Current Opinion in Biotechnology, 57*, 111–118. https://doi.org/10.1016/j.copbio.2019.03.008

Oren, A., & Garrity, G. M. (2020). List of new names and new combinations previously effectively, but not validly, published. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 70*, 1–5.

Otieno, J., Kowal, P., & Mąkinia, J. (2022). The occurrence and role of *Tetrasphaera* in enhanced biological phosphorus removal systems. *Water, 14*. https://doi.org/10.3390/w14213428

Oyserman, B. O., Noguera, D. R., del Rio, T. G., Tringe, S. G., & McMahon, K. D. (2016). Metatranscriptomic insights on gene expression and regulatory controls in *Candidatus Accumulibacter phosphatis*. *The ISME Journal, 10*, 810–822. https://doi.org/10.1038/ismej.2015.155

Petriglieri, F., Singleton, C., Peces, M., Petersen, J. F., Nierychlo, M., & Nielsen, P. H. (2021). *Candidatus Dechloromonas phosphoritropha* and *Ca. D. phosphorivorans*, novel polyphosphate-accumulating organisms abundant in wastewater treatment systems. *The ISME Journal, 15*, 3605–3614. https://doi.org/10.1038/s41396-021-01029-2

Saunders, A. M., Albertsen, M., Vollertsen, J., & Nielsen, P. H. (2016). The activated sludge ecosystem contains a core community of abundant organisms. *The ISME Journal, 10*, 11–20. https://doi.org/10.1038/ismej.2015.117

Schoeppe, R., Waldmann, M., Jessen, H. J., & Renné, T. (2024). An update on polyphosphate in vivo activities. *Biomolecules, 14*(8), 937. https://doi.org/10.3390/biom14080937

Seshadri, R., Roux, S., Huber, K. J., Wu, D., Yu, S., Udwary, D., Call, L., Nayfach, S., Hahnke, R. L., Pukall, R., White, J. R., Varghese, N. J., Webb, C., Palaniappan, K., Reimer, L. C., Sardà, J., Bertsch, J., Mukherjee, S., Reddy, T. B. K., … Ivanova, N. N. (2022). Expanding the genomic encyclopedia of Actinobacteria with 824 isolate reference genomes. *Cell Genomics, 2*(12), 100213. https://doi.org/10.1016/j.xgen.2022.100213

Singleton, C. M., Petriglieri, F., Wasmund, K., Nierychlo, M., Kondrotaite, Z., Petersen, J. F., Peces, M., Dueholm, M. S., Wagner, M., & Nielsen, P. H. (2022). The novel genus, *Candidatus Phosphoribacter*, previously identified as *Tetrasphaera*, is the dominant polyphosphate accumulating lineage in EBPR wastewater treatment plants worldwide. *The ISME Journal, 16*, 1605–1616. https://doi.org/10.1038/s41396-022-01212-z

Skennerton, C. T., Barr, J. J., Slater, F. R., Bond, P. L., & Tyson, G. W. (2015). Expanding our view of genomic diversity in *Candidatus Accumulibacter* clades. *Environmental Microbiology, 17*, 1574–1585.

Tarayre, C., Nguyen, H. T., Brognaux, A., Delepierre, A., De Clercq, L., Charlier, R., Michels, E., Meers, E., & Delvigne, F. (2016). Characterisation of phosphate accumulating organisms and techniques for polyphosphate detection: A review. *Sensors, 16*(6), 797. https://doi.org/10.3390/s16060797

Terashima, M., Yama, A., Sato, M., Yumoto, I., Kamagata, Y., & Kato, S. (2016). Culture-dependent and -independent identification of polyphosphate-accumulating *Dechloromonas* spp. predominating in a full-scale oxidation ditch wastewater treatment plant. *Microbes and Environments, 31*, 449–455. https://doi.org/10.1264/jsme2.ME16097

Tomás-Martínez, S., Zwolsman, E. J., Merlier, F., Pabst, M., Lin, Y., van Loosdrecht, M. C. M., & Weissbrodt, D. G. (2022). Turnover of the extracellular polymeric matrix in an EBPR microbial community. *Microbiology*. https://doi.org/10.1101/2022.08.11.503576

Valverde-Pérez, B., Wagner, D. S., Lórant, B., Gülay, A., Smets, B. F., & Plósz, B. G. (2016). Short-sludge age EBPR process: Microbial and biochemical process characterisation during reactor start-up and operation. *Water Research, 104*, 320–329. https://doi.org/10.1016/j.watres.2016.08.028

Wang, H., Lin, L., Zhang, L., Han, P., & Ju, F. (2023). Microbiome assembly mechanism and functional potential in enhanced biological phosphorus removal system enriched with *Tetrasphaera*-related polyphosphate accumulating organisms. *Environmental Research, 233*, 116494. https://doi.org/10.1016/j.envres.2023.116494

Wang, Z., Song, W., Zhang, X., Zheng, M., Li, H., Yu, K., & Guo, F. (2023). Expanding the diversity of Accumulibacter with a novel type and deciphering the transcriptional and morphological features among co-occurring strains. *Applied and Environmental Microbiology, 89*.

Watanabe, K., Morohoshi, S., Kunihiro, T., Ishii, Y., Takayasu, L., Ogata, Y., Shindo, C., & Suda, W. (2020). *Fluviibacter phosphoraccumulans* gen. nov., sp. nov., a polyphosphate-accumulating bacterium of *Fluviibacteraceae* fam. nov., isolated from surface river water. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 70*(10), 5551–5560. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004446

Welles, L., Abbas, B., Sorokin, D. Y., Lopez-Vazquez, C. M., Hooijmans, C. M., van Loosdrecht, M. C. M., & Brdjanovic, D. (2017). Metabolic response of "Candidatus Accumulibacter phosphatis" clade II C to changes in influent P/C ratio. *Frontiers in Microbiology, 7*.

Welles, L., Lopez-Vazquez, C. M., Hooijmans, C. M., van Loosdrecht, M. C. M., Brdjanovic, D., Acevedo, B., et al. (2016). Prevalence of "Candidatus Accumulibacter phosphatis" type II under phosphate limiting conditions. *AMB Express, 6*, 44. https://doi.org/10.1186/s13568-016-0214-z

Yang, Z., Yang, Y., Ning, D., Fan, X., Lv, Y., Zhuang, L., & Wu, L. (2026). Metagenomic insights into the global distribution and functional potentials of major polyphosphate-accumulating organisms (PAOs) in activated sludge wastewater treatment plants. *Water Research, 291*, 125191. https://doi.org/10.1016/j.watres.2025.125191

Zhang, H., Lo, V. K., Thompson, J. R., Koch, F. A., Liao, P. H., Lobanov, S., Mavinic, D. S., & Atwater, J. W. (2015). Recovery of phosphorus from dairy manure: A pilot-scale study. *Environmental Technology, 36*, 1398–1404. https://doi.org/10.1080/09593330.2014.991354

Zhang, Y., Qiu, X., Luo, J., Li, H., How, S. W., Wu, D., He, J., Cheng, Z., Gao, Y., & Lu, H. (2024). A review of the phosphorus removal of polyphosphate-accumulating organisms in natural and engineered systems. *Science of the Total Environment, 912*, 169103. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.169103

Zhao, Y., Zhu, Z., Chen, X., & Li, Y. (2024). Discovery of a novel potential polyphosphate-accumulating organism without denitrifying phosphorus uptake function in an enhanced biological phosphorus removal process. *Science of the Total Environment, 912*, 168952. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.168952

Zhong, C., Fu, J., Jiang, T., Zhang, C., & Cao, G. (2018). Polyphosphate metabolic gene expression analyses reveal mechanisms of phosphorus accumulation and release in *Microlunatus phosphovorus* strain JN459. *FEMS Microbiology Letters, 365*.

Ziegler, A. S., McIlroy, S. J., Larsen, P., Albertsen, M., Hansen, A. A., Heinen, N., et al. (2016). Dynamics of the fouling layer microbial community in a membrane bioreactor. *PLoS ONE, 11*, e0158811. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0158811

Ziliani, A., Bovio-Winkler, P., Cabezas, A., Etchebehere, C., Garcia, H. A., López-Vázquez, C. M., Brdjanovic, D., van Loosdrecht, M. C. M., & Rubio-Rincón, F. J. (2023). Putative metabolism of *Ca. Accumulibacter* via the utilization of glucose. *Water Research, 229*, 119446. https://doi.org/10.1016/j.watres.2022.119446

Авторлар туралы мәлімет:

Шайдуллаева Айшолпан Асқарқызы – Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің докторанты (Астана, Қазақстан, e-mail: Aisholpan.shaidullaeva@gmail.com).

Мусабаева Ботагоз Камшибековна – магистр, Микроорганизмдердің республикалық коллекциясының ғылыми қызметкері (Астана, Қазақстан, e-mail:mussabayevabotagoz1011@gmail.com).

Жакенов Даниял Шоканович – магистр, Микроорганизмдердің республикалық коллекциясының кіші ғылыми қызметкері (Астана, Қазақстан, e-mail: zhakenov.daniyal@mail.ru).

Алдынгурова Фирюза Жумановна – магистр, «Астана су арнасы» МКК бас инженері (Астана, Қазақстан,e-mail: firyuza.ald@gmail.com).

Амирханова Нургуль Темиржановна – биология ғылымдарының кандидаты, Микроорганизмдердің республикалық коллекциясының кіші ғылыми қызметкері (Астана, Қазақстан, e-mail: n.amirkhanova@biosafety.kz).

Туякбаева Акмарал Усерхановна – биология ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті Биология және биотехнология кафедрасының оқытушысы (Астана, Қазақстан, e-mail: tuyakbayeva_au@enu.kz).

Сармурзина Зинигуль Сериковна – биология ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, Микроорганизмдердің республикалық коллекциясы Биотехнология зертханасының меңгерушісі (Астана, Қазақстан, e-mail: sarmurzina@list.ru).

Бисенова Гульмира Нургалиевна – ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, Микроорганизмдердің республикалық коллекциясы Микробиология зертханасының меңгерушісі (Астана, Қазақстан, e-mail: bissenova84@mail.ru).

Information about the authors:

Shaidullayeva Aisholpan Askarqyzy – PhD student of L.N. Gumilyov Eurasian National University (Astana, Kazakhstan, e-mail: Aisholpan.shaidullaeva@gmail.com).

Mussabayeva Botagoz Kamshibekovna – Master, Researcher at the Republican Collection of Microorganisms (Astana, Kazakhstan, e-mail:mussabayevabotagoz1011@gmail.com).

Zhakenov Daniyal Shokanovich – Master, Junior Researcher at the Republican Collection of Microorganisms (Astana, Kazakhstan, e-mail: zhakenov.daniyal@mail.ru).

Aldyngurova Firyusa Zhumanovna – Master, Chief Engineer of SCE "Astana Su Arnasy" (Astana, Kazakhstan, e-mail: firyuza.ald@gmail.com).

Amirkhanova Nurgul Temirzhanovna – Candidate of Biological Sciences, Junior Researcher at the Republican Collection of Microorganisms (Astana, Kazakhstan, e-mail: n.amirkhanova@biosafety.kz).

Tuyakbayeva Akmaral Userkhanovna – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Lecturer of the Department of Biology and Biotechnology, L.N. Gumilyov Eurasian National University (Astana, Kazakhstan, e-mail: tuyakbayeva_au@enu.kz).

Sarmurzina Zinigul Serikovna – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Head of the Laboratory of Biotechnology, Republican Collection of Microorganisms (Astana, Kazakhstan, e-mail: sarmurzina@list.ru).

Bissenova Gulmira Nurgalievna – Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Head of the Laboratory of Microbiology, Republican Collection of Microorganisms (Astana, Kazakhstan, e-mail: bissenova84@mail.ru).

Сведения об авторах:

Шайдуллаева Айшолпан Асқарқызы – докторант Евразийского национального университета им. Л.Н. Гумилева (Астана, Казахстан, e-mail: Aisholpan.shaidullaeva@gmail.com).

Мусабаева Ботагоз Камшибековна – магистр, научный сотрудник Республиканской коллекции микроорганизмов (Астана, Казахстан, e-mail: mussabayevabotagoz1011@gmail.com).

Жакенов Даниял Шоканович – магистр, младший научный сотрудник Республиканской коллекции микроорганизмов (Астана, Казахстан, e-mail: zhakenov.daniyal@mail.ru).

Алдынгурова Фирюза Жумановна – магистр, главный инженер ГКП «Астана су арнасы» (Астана, Казахстан, e-mail: firyuza.ald@gmail.com).

Амирханова Нургуль Темиржановна – кандидат биологических наук, младший научный сотрудник Республиканской коллекции микроорганизмов (Астана, Казахстан, e-mail: n.amirkhanova@biosafety.kz).

Туякбаева Акмарал Усерхановна – кандидат биологических наук, ассоциированный профессор, преподаватель кафедры биологии и биотехнологии Евразийского национального университета им. Л.Н. Гумилёва (Астана, Казахстан, e-mail: tuyakbayeva_au@enu.kz).

Сармурзина Зинигуль Сериковна – кандидат биологических наук, ассоциированный профессор, заведующая лабораторией биотехнологии Республиканской коллекции микроорганизмов (Астана, Казахстан, e-mail: sarmurzina@list.ru).

Бисенова Гульмира Нургалиевна – кандидат сельскохозяйственных наук, ассоциированный профессор, заведующая лабораторией микробиологии Республиканской коллекции микроорганизмов (Астана, Казахстан, e-mail: bissenova84@mail.ru).

Келіп түсті: 17 ақпан 2026 жыл
Қабылданды: 15 қыркүйек 2026 жыл

МРНТИ 76.33.43 https://doi.org/10.26577/bb1083202617

Е.М. Рыбина[1], А.Р. Кузьмина[2], А.С. Машжан[1], Е.О. Остапчук[1, 3*]

[1]Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в г. Алматы, Казахстан
[2]Департамент санитарно-эпидемиологического контроля
Туркестанской области Республики Казахстан, Туркестан, Казахстан
[3]ТОО «ЭКО Консалтинг», Алматы, Казахстан
*e-mail: katyostapchuk@gmail.com

КОЖНЫЙ ЛЕЙШМАНИОЗ В КАЗАХСТАНЕ: ИСТОРИКО-ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЙ ОБЗОР И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОРИЕНТИРЫ

Кожный лейшманиоз (КЛ) – это трансмиссивное паразитарное заболевание, сохраняющее актуальность как в глобальном, так и в региональном контексте. Статья посвящена анализу современной эпидемиологической ситуации по КЛ в Республике Казахстан с акцентом на эндемичные территории Туркестанской и Кызылординской областей. В работе представлены данные о распространённости КЛ и динамике заболеваемости за 2018–2025 гг., рассмотрены особенности природных очагов, роль резервуарных животных и переносчиков, а также влияние климатических и антропогенных факторов на расширение ареала возбудителя. Особое внимание уделено трудностям ранней диагностики КЛ в стране, проблеме недостаточной чувствительности традиционных методов и потребности во внедрении молекулярно-генетических подходов. Обзор включает исторический экскурс формирования очагов КЛ, оценку эффективности существующих методов эпидемиологического контроля и направлен на обоснование необходимости комплексного мониторинга с использованием современных инструментов биомедицины и санитарного надзора. Стабильная регистрация случаев КЛ в эндемичных районах, отсутствие обновлённых национальных эпидемиологических данных, сохраняющиеся природные очаги, недостаточная чувствительность традиционных методов диагностики, а также отсутствие единой базы генетических данных о возбудителях КЛ в Казахстане определяют актуальность настоящей статьи. Это подчеркивает необходимость комплексного анализа эпидемиологической ситуации, устранения информационных пробелов и внедрения современных методов диагностики и мониторинга в практику национального здравоохранения. Обзор основан на анализе литературы, проиндексированной в PubMed/MEDLINE, Scopus и eLIBRARY.RU, с приоритетом публикаций последнего десятилетия, и охватывает вопросы биологии резервуарных животных и переносчиков, влияния климатических и антропогенных факторов, современных методов молекулярной идентификации и типирования возбудителя, а также значения видовой диагностики для выбора терапии и планирования профилактических мероприятий. Эпидемиологические показатели по Республике Казахстан за 2018–2025 гг. приведены по данным официальной статистической отчётности Комитета санитарно-эпидемиологического контроля Министерства здравоохранения Республики Казахстан и отчётным материалам Департамента санитарно-эпидемиологического контроля Туркестанской области.

Ключевые слова: кожный лейшманиоз, Leishmania major, эпидемиология, молекулярная диагностика, генотипирование, природные очаги.

Y.M. Rybina[1], A.R. Kuzmina[2], A.S.Mashzhan[1], Y.O. Ostapchuk[1,3*]

[1]Almaty Branch of the National Center for Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Department of Sanitary and Epidemiological Control of the Turkistan Region
of the Republic of Kazakhstan, Turkistan, Kazakhstan
[3]ECO-Consulting LLC, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: katyostapchuk@gmail.com

Cutaneous leishmaniasis in Kazakhstan: a historical and epidemiological overview and molecular genetic framework

Cutaneous leishmaniasis (CL) is a vector-borne parasitic disease that remains relevant both globally and in regional settings. This article presents an analysis of the current epidemiological situation regarding CL in the Republic of Kazakhstan, with a focus on the endemic areas of the Turkestan and Kyzylorda Regions. The study provides data on the prevalence of CL and trends in incidence over 2018-

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

2025, examines the characteristics of natural foci, the role of reservoir animals and vectors, as well as the impact of climatic and anthropogenic factors on the expansion of the pathogen's range. Particular attention is given to the challenges of early diagnosis of CL in the country, the insufficient sensitivity of traditional diagnostic methods, and the pressing need to introduce molecular genetic approaches. The review includes a historical overview of CL foci formation, an assessment of the effectiveness of existing epidemiological surveillance methods, and substantiates the need for comprehensive monitoring using modern biomedical and sanitary tools. The sustained reporting of CL cases in endemic areas, the absence of updated national epidemiological data, the persistence of natural foci, the limited sensitivity of conventional diagnostics, and the lack of a unified genetic database on CL pathogens in Kazakhstan highlight the relevance of this article. These factors emphasize the importance of comprehensive epidemiological analysis, elimination of informational gaps, and the implementation of modern diagnostic and monitoring tools into national public health practice. The review is based on literature indexed in PubMed/MEDLINE, Scopus and eLIBRARY.RU, with priority given to publications of the past decade, and covers the biology of reservoir hosts and vectors, the influence of climatic and anthropogenic drivers, current methods of molecular identification and typing of the pathogen, and the relevance of species-level diagnosis for treatment decisions and the planning of preventive measures. Epidemiological indicators for the Republic of Kazakhstan for 2018-2025 are reported from the official statistics of the Committee for Sanitary and Epidemiological Control of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan and the routine records of the Department of Sanitary and Epidemiological Control of the Turkestan Region.

Keywords: cutaneous leishmaniasis, Leishmania major, epidemiology, molecular diagnostic techniques, genotyping techniques, natural foci.

Е.М. Рыбина[1], А.Р. Кузьмина[2], А.С. Машжан[1], Е.О. Остапчук[1,3*]

[1]"Ұлттық биотехнология орталығы" ЖШС Алматы филиалы, Алматы, Қазақстан
[2]Түркістан облысының санитариялық-эпидемиологиялық бақылау департаменті, Түркістан, Қазақстан
[3]ECO-Consulting ЖШС, Алматы, Қазақстан
*e-mail: katyostapchuk@gmail.com

Қазақстандағы тері лейшманиозы: тарихи-эпидемиологиялық шолу және молекулалық-генетикалық бағыттар

Тері лейшманиозы (ТЛ) – жаһандық деңгейде де, өңірлік деңгейде де өзекті болып отырған трансмиссивті паразиттік ауру. Осы мақалада Қазақстан Республикасындағы, әсіресе Түркістан және Қызылорда облыстарының эндемиялық аумақтарындағы ТЛ бойынша қазіргі эпидемиологиялық жағдайға талдау ұсынылған. Зерттеуде ТЛ таралуы мен 2018-2025 жж. сырқаттанушылық динамикасы туралы деректер келтіріліп, табиғи ошақтардың ерекшеліктері, резервуар жануарлар мен тасымалдаушылардың рөлі, сондай-ақ қоздырғыш ареалының кеңеюіне климаттық және антропогендік факторлардың әсері қарастырылады. Елдегі ТЛ-ды ерте диагностикалаудағы қиындықтарға, дәстүрлі диагностикалық әдістердің жеткіліксіз сезімталдығына және молекулалық-генетикалық тәсілдерді енгізудің өзектілігіне ерекше назар аударылған. Шолуда ТЛ ошақтарының қалыптасу тарихына шолу, қолданыстағы эпидемиологиялық қадағалау әдістерінің тиімділігін бағалау беріліп, заманауи биомедициналық және санитариялық құралдарды пайдалана отырып кешенді мониторинг жүргізу қажеттілігі негізделеді. Эндемиялық аумақтарда ТЛ жағдайларының тұрақты тіркелуі, жаңартылған ұлттық эпидемиологиялық деректердің болмауы, табиғи ошақтардың сақталуы, дәстүрлі диагностиканың шектеулі сезімталдығы және Қазақстандағы ТЛ қоздырғыштары бойынша бірыңғай генетикалық дерекқордың жоқтығы осы мақаланың өзектілігін айқындайды. Бұл факторлар кешенді эпидемиологиялық талдау жүргізудің, ақпараттық олқылықтарды жоюдың және заманауи диагностика мен мониторинг құралдарын ұлттық қоғамдық денсаулық сақтау практикасына енгізудің маңыздылығын көрсетеді. Шолу PubMed/MEDLINE, Scopus және eLIBRARY.RU дерекқорларында индекстелген әдебиеттерді талдауға негізделген және соңғы онжылдықтағы жарияланымдарға басымдық берілген; онда резервуар жануарлар мен тасымалдаушылардың биологиясы, климаттық және антропогендік факторлардың әсері, қоздырғышты молекулалық сәйкестендіру мен типтеудің заманауи әдістері, сондай-ақ емдеу тактикасын таңдау мен профилактикалық іс-шараларды жоспарлау үшін түрлік диагностиканың маңызы қарастырылады. Қазақстан Республикасы бойынша 2018-2025 жж. эпидемиологиялық көрсеткіштер Қазақстан Республикасы Денсаулық сақтау министрлігі Санитариялық-эпидемиологиялық бақылау комитетінің ресми статистикалық деректері және Түркістан облысының санитариялық-эпидемиологиялық бақылау департаментінің есептік материалдары негізінде келтірілген.

Түйін сөздер: тері лейшманиозы, Leishmania major, эпидемиология, молекулалық диагностикалық әдістер, генотиптеу әдістері, табиғи ошақтар.

Введение

Лейшманиоз – группа трансмиссивных заболеваний, вызываемых облигатными внутриклеточными простейшими рода *Leishmania* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae), включающего около 30 морфологически сходных видов, из которых порядка 20 патогенны для человека (World Health Organization [WHO], 2010; Pareyn et al., 2025). Заражение происходит при укусе инфицированной самки москита подсемейства Phlebotominae. В зависимости от вида возбудителя и особенностей иммунного ответа хозяина поражаются различные популяции фагоцитарных клеток, что определяет клиническую форму заболевания: кожную, слизисто-кожную или висцеральную (Pareyn et al., 2025). При кожной форме паразиты размножаются в макрофагах дермы, вызывая формирование папул, бугорков и последующих язвенных поражений, тогда как при висцеральной форме происходит системная диссеминация амастигот с вовлечением селезёнки, печени и костного мозга.

Кожный лейшманиоз (КЛ) – наиболее распространённая клиническая форма заболевания, диагностируемая преимущественно в странах Средиземноморья, Центральной Азии, на Ближнем Востоке и в Южной Америке. Высокая заболеваемость зафиксирована в Таджикистане, Узбекистане, Иране, Афганистане, Индии, Ираке и Казахстане (Dujardin et al., 2008; WHO, 2023). В зависимости от ареала возбудителей различают КЛ Старого и Нового Света: в Старом Свете ведущими этиологическими агентами выступают *Leishmania major*, *L. tropica* и *L. aethiopica*, в Новом Свете – представители комплексов *L. mexicana* и *L. (Viannia) braziliensis* (Aronson et al., 2016). Каждый вид имеет характерные резервуары и специфическую географическую распространённость. Заражение осуществляется при кровососании самки москита, инфицирующейся от заражённого позвоночного хозяина; в кишечнике насекомого промастиготы размножаются и мигрируют в передние отделы пищеварительного тракта, обеспечивая дальнейшую передачу (Frolov et al., 2015). По современным оценкам, в мире ежегодно возникает от 600 тыс. до 1 млн новых случаев КЛ, однако в системы эпидемиологического надзора попадает лишь около 200 тыс. из них, что свидетельствует о значительной недорегистрации заболевания (Alvar et al., 2012; WHO, 2023).

КЛ может клинически имитировать бактериальные, микобактериальные, грибковые и неопластические поражения кожи, что существенно затрудняет своевременную диагностику и нередко приводит к диагностическим ошибкам (Barkati et al., 2019). Наибольшему риску инфицирования подвержены социально уязвимые группы. Факторами, способствующими распространению лейшманиоза, являются миграции, бедность, ослабленный иммунитет, дефицит медицинской помощи и изменение климата (WHO, 2010). Помимо непосредственного медицинского значения, КЛ сопряжён с существенным психосоциальным бременем: длительно незаживающие язвы и формирующиеся на их месте обезображивающие рубцы, локализованные преимущественно на открытых участках тела, ассоциированы со стигматизацией, тревожно-депрессивными расстройствами и снижением качества жизни, что особенно выражено у женщин и детей (Bennis et al., 2018).

В большинстве эндемичных стран диагностика КЛ основывается на микроскопическом исследовании кожных соскобов, мазков-отпечатков или биопсийного материала. Однако этот метод обладает низкой и вариабельной чувствительностью, особенно при хронических формах и низкой паразитарной нагрузке, и не позволяет установить видовую принадлежность паразита, что ограничивает возможность выбора адекватной и видоспецифичной терапии, особенно в условиях лекарственной устойчивости и различий в чувствительности к препаратам между видами *Leishmania* (Barkati et al., 2019). В связи с этим особую значимость приобретают молекулярно-генетические методы, такие как полимеразная цепная реакция (ПЦР) и секвенирование нуклеотидных последовательностей. Эти технологии обеспечивают высокую специфичность и позволяют проводить точную идентификацию возбудителя на уровне вида и штамма (Van der Auwera et al., 2015; Downing et al., 2011).

Отдельного внимания заслуживает то обстоятельство, что молекулярное типирование выполняет не только диагностическую, но и эпидемиологическую функцию: оно позволяет соотносить изоляты, выделенные от человека, резервуарных животных и переносчиков, реконструировать пути циркуляции возбудителя и выявлять заносы штаммов с сопредельных территорий (Schönian et.al., 2011). Именно отсутствие такой информации по Казахстану определяет один из ключевых информационных пробелов, рассматриваемых в настоящем обзоре.

Целью настоящей обзорной статьи является обобщение и анализ данных по заболеваемости

КЛ в эндемичных районах Республики Казахстан за 2018-2025 гг. для оценки эпидемиологических тенденций, выявления территорий с устойчивой активностью природных очагов и определения приоритетов в профилактике и санитарном надзоре, а также обоснование направлений внедрения молекулярно-генетических методов идентификации и типирования *Leishmania* spp. в национальную практику здравоохранения.

Поиск литературы проводился в базах данных PubMed/MEDLINE, Scopus и eLIBRARY.RU по ключевым словам «cutaneous leishmaniasis», «*Leishmania major*», «*Phlebotomus papatasi*», «*Rhombomys opimus*», «Central Asia», «Kazakhstan», «molecular typing», «кожный лейшманиоз», «природный очаг», «москиты», «большая песчанка» без языковых ограничений. Приоритет отдавался публикациям 2015-2026 гг., классические работы, сохраняющие методологическое значение, включались независимо от года издания. Эпидемиологические данные по Республике Казахстан за 2018-2025 гг. приведены по официальной статистической отчётности Комитета санитарно-эпидемиологического контроля Министерства здравоохранения Республики Казахстан; сведения по Туркестанской области получены от Департамента санитарно-эпидемиологического контроля Туркестанской области.

1. История исследования

Научные представления о *Leishmania* spp. эволюционировали от первых описаний паразита в 1903 году до комплексных молекулярно-генетических исследований конца XX – начала XXI века. Систематическое изучение лейшманиозов на территории Средней Азии и Казахстана было развёрнуто в советский период и включало масштабные работы по картированию природных очагов, инвентаризации фауны москитов и оценке роли грызунов-резервуаров (Sergiev et al., 2018). В 1980-х годах была предпринята одна из первых значимых работ по изучению КЛ на территории Казахстана. В ней акцент был сделан на трансмиссивных факторах и предложено разграничение природных очагов по структуре резервуарных животных и видов переносчиков (Saf'yanova, 1974). Этот подход стал основой эпидемиологической типологии заболевания в регионе.

Обобщающие обзоры последних лет показывают, что после распада СССР единая для всего региона система изучения природных очагов лейшманиозов, опиравшаяся на сеть профильных научно-исследовательских институтов, сменилась национальными системами надзора, при этом объём академических энтомологических и зоологических исследований и число публикаций в международной печати заметно сократились, что затрудняет сопоставление данных о состоянии очагов между странами Центральной Азии (Sergiev et al., 2018; Strelkova et al., 2015). Ревизия эпидемиологической ситуации в регионе, выполненная с привлечением современных молекулярных подходов, показала, что видовой состав возбудителей и структура очагов изучены неравномерно и нуждаются в уточнении на основе генетических, а не только морфологических и клинико-эпидемиологических критериев (Yurchenko et al., 2023).

Циркуляция *Leishmania* spp. в природных очагах определяется устойчивыми трофическими связями москитов с позвоночными-хозяевами. В южных регионах Казахстана, особенно в Туркестанской области, наличие стабильных очагов связано с биологией переносчиков и резервуаров. Основным природным хозяином *Leishmania major* в регионе является большая песчанка (*Rhombomys opimus*), а основным доказанным переносчиком – антропофильный москит *Phlebotomus papatasi*, что подчёркивает значение зоонозных связей и поведенческих особенностей векторов в эпидемиологии заболевания (Saf'yanova 1974; Baranets et al., 2015). Фаунистические сводки по москитам Средней Азии фиксируют присутствие в аридной зоне ряда сопутствующих видов рода *Phlebotomus*, роль которых в поддержании циркуляции возбудителя на территории Казахстана остаётся недостаточно изученной (Baranets et al., 2015).

2. Резервуарные животные и переносчики

Большая песчанка R. opimus представляет собой ключевое звено в поддержании очагов зоонозного кожного лейшманиоза (ЗКЛ): колониальный образ жизни, высокая плотность нор и продолжительность жизни зверьков обеспечивают длительное сохранение возбудителя в популяции, а сами норы служат местом дневного укрытия и выплода москитов (Asl et al., 2022). Исследования в аридных ландшафтах показали, что пространственное распределение колоний *R. opimus* в значительной степени предсказуемо по совокупности климатических и почвенно-растительных переменных, что делает возможным построение прогностических карт риска

и планирование адресных профилактических мероприятий (Sofizadeh et al., 2018). Наряду с большой песчанкой в поддержании циркуляции *L. major* могут участвовать другие виды грызунов, в частности представители рода *Meriones*; спектр инфицированных резервуаров в конкретном очаге во многом определяет интенсивность трансмиссии (Asl et al., 2022).

Основным переносчиком *L. major* в очагах Старого Света признан *P. papatasi* – выраженно антропофильный вид, экологически тесно связанный с норами грызунов. Полевые и экспериментальные данные свидетельствуют, что человек в очагах ЗКЛ выступает преимущественно как «тупиковый» хозяин, однако при высокой паразитарной нагрузке в язвенных поражениях не исключается его участие в заражении москитов, что имеет значение для оценки риска в населённых пунктах, расположенных вблизи природных очагов (Fatemi et al., 2018). Существенным элементом экологии переносчиков является растительное питание: анализ содержимого пищеварительного тракта москитов методами секвенирования показал избирательность в отношении определённых видов растений, что открывает перспективы для разработки приманочных методов контроля численности векторов (Abbasi et al., 2018).

Для условий Казахстана особую ценность представляют полевые исследования, выполненные непосредственно в очагах республики. Так, испытание пероральной приманки, содержащей 0,005 % фипронила и скармливаемой большой песчанке, продемонстрировало возможность одновременного снижения численности блох и москитов в колониях грызунов, что рассматривается как перспективный элемент интегрированного контроля природных очагов трансмиссивных инфекций на территории страны (Poché et al., 2018). Подобные подходы, направленные одновременно на резервуар и переносчика, согласуются с современной концепцией управления природно-очаговыми заболеваниями (Feiz-Haddad & Khorami, 2025).

3. Эпидемиология

Эпидемиологическое значение КЛ обусловлено его широкой географической распространённостью. По данным ВОЗ, заболевание регистрируется более чем в 90 странах мира (WHO, 2023). Согласно последним сводкам глобального надзора, несмотря на достигнутый прогресс в ряде стран, кожная форма продолжает демонстрировать устойчивую регистрацию случаев, а полнота отчётности остаётся неравномерной между регионами ВОЗ (Jain et al., 2025).

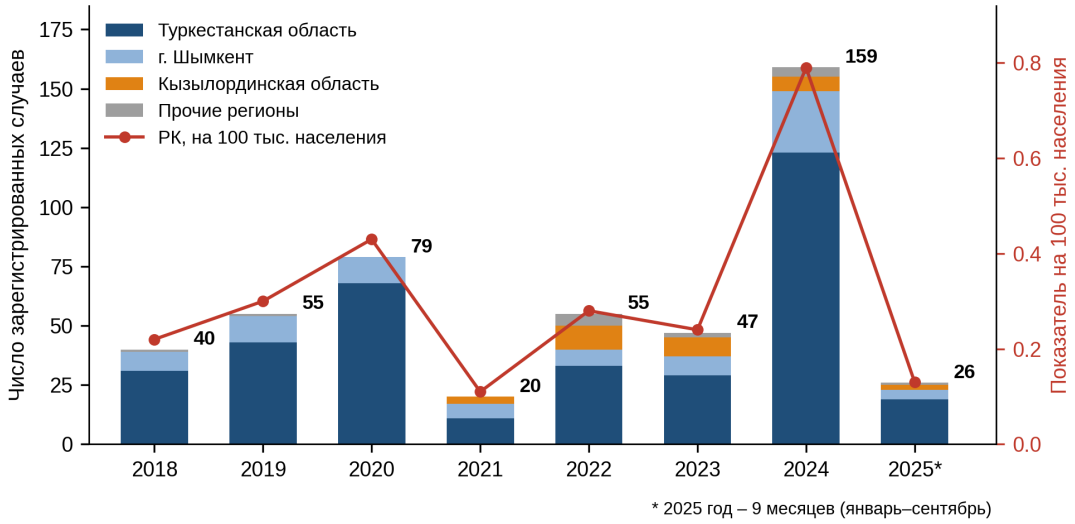
На территории Казахстана циркулирует преимущественно зоонозная форма КЛ, обусловленная *L. major*. В отличие от антропонозной формы, где передача может происходить от человека к человеку, ЗКЛ имеет выраженную природно-очаговую специфику и поддерживается в экосистеме за счёт взаимодействия между дикими грызунами и москитами-переносчиками (Asl et al., 2022). Такая форма требует особого эпидемиологического контроля, включая мониторинг популяций резервуарных животных и векторов. Факторы урбанизации, изменение климата и увеличение масштабов внутреннего и международного туризма способствуют расширению ареала лейшманий, что, в свою очередь, требует совершенствования систем эпидемиологического надзора и диагностики.

Хотя эндемичный статус Туркестанской области по ЗКЛ задокументирован (Dmitrovskiy et al., 2014), на сегодняшний день отсутствуют систематические исследования, направленные на молекулярно-генетическое типирование штаммов *Leishmania* spp. и анализ их географического распространения. В условиях изменения климата, расширения ареала переносчиков и роста мобильности населения эпидемиологическая информация о циркуляции возбудителя остаётся крайне ограниченной. Диагностические мероприятия в основном опираются на морфологические методы, обладающие низкой чувствительностью и не позволяющие проводить видовую дифференциацию паразита, что может способствовать недооценке реального уровня заболеваемости. Для сравнения, в сопредельном Иране планомерное внедрение молекулярных методов позволило уточнить видовую структуру возбудителей КЛ, выявить сосуществование зоонозных и антропонозных очагов на одной территории и скорректировать региональные программы контроля (Nasiri et al., 2022).

Природные очаги с официально признанным эндемичным статусом расположены в пяти административных единицах юга Казахстана: в Туркестанской области это Отырарский, Арысский и Шардаринский районы, в Кызылординской области – Шиелийский и Жанакорганский районы. Территории Туркестанской области приурочены к среднему течению реки Сырдарья, преимущественно к её левому берегу; эндемичные районы Кызылординской области продолжают эту оча-

говую полосу ниже по течению. Эндемичность этих территорий обусловлена сочетанием экологических и климатических факторов. Аридные условия, наличие песчаных массивов и полупустынных участков создают благоприятную среду для обитания резервуарных животных и москитов-переносчиков (Sofizadeh et al., 2018). Прибрежные и старичные биотопы вдоль р. Сырдарья служат устойчивыми природными очагами инфекции. Кроме того, высокая плотность сельского населения и близость жилых построек к естественным местам обитания векторов способствуют передаче паразита человеку. Таким образом, геоэкологические особенности и биологические характеристики циркуляции патогена определяют эпидемиологическую ситуацию в данных районах. По данным официальной статистики за 2018-2025 гг. (данные 2025 года – за 9 месяцев), в Республике Казахстан был зарегистрирован 481 случай КЛ (рисунок 1). Основная часть случаев приходится на Туркестанскую область – 357 (74,2 %); ещё 81 случай (16,8 %) зарегистрирован в г. Шымкент, эпидемиологически связанном с теми же природными очагами. В Кызылординской области случаи регистрируются ежегодно начиная с 2021 года – всего 29 (6,0 %), с максимумом в 2022 году (10 случаев; 1,18 на 100 тыс. населения), что свидетельствует об активизации очагов нижней Сырдарьи. Единичные случаи в остальных регионах (14, или 2,9 %), в том числе в г. Астана и Алматы, по-видимому, связаны с заражением при посещении эндемичных территорий. Наибольшее число случаев по республике отмечено в 2020 году (79; 0,43 на 100 тыс.) и особенно в 2024 году (159; 0,79 на 100 тыс.), когда заболеваемость в Туркестанской области достигла 5,89 на 100 тыс. (123 случая), а в г. Шымкент – 2,13 (26 случаев). Синхронность подъёмов в Туркестанской области и по республике в целом указывает на определяющее влияние очагов в данной области на общереспубликанскую ситуацию.

Рисунок 1
Заболеваемость КЛ в Республике Казахстан по регионам в 2018-2025 гг.



Обозначения: столбцы – число зарегистрированных случаев по регионам; линия – показатель заболеваемости по республике на 100 тыс. населения. Данные за 2025 год приведены за 9 месяцев (январь–сентябрь).

По данным регионального эпидемиологического надзора, внутри Туркестанской области случаи на протяжении всего периода наблюдения концентрировались в трёх эндемичных районах – Отырарском, Арысском и Шардаринском, с чередованием ведущей территории в отдельные годы. В 2024 году основной вклад в областную заболеваемость внёс Отырарский район, где наиболее выраженный рост заражений отмечен в зоне населённого пункта Коксарай. Отдельные случаи регистрировались и у жителей территорий, не имеющих эндемичного статуса, как пра-

вило, в связи с посещением природных очагов, причём география мест заражения в последние годы расширяется за счёт населённых пунктов, ранее не входивших в стабильную очаговую зону. О вероятном существовании природных очагов за пределами официально эндемичных районов, в частности в Мактааральском, сообщалось и ранее (Dmitrovskiy et al., 2014). Разграничить местную передачу и заражение при посещении очагов по данным официальной регистрации невозможно, что дополнительно подчёркивает необходимость молекулярно-эпидемиологического типирования.

Описанная динамика может быть связана с сезонной активностью переносчиков, колебаниями климатических условий и возможным расширением ареала *Leishmania* spp. в благоприятные годы, поскольку известно, что межгодовая динамика заболеваемости ЗКЛ в аридных очагах закономерно связана с численностью популяций резервуарных животных и продолжительностью сезона активности москитов, которые, в свою очередь, определяются температурным режимом и режимом увлажнения предшествующих летс (Feiz-Haddad & Khorami 2025).

Таким образом, данные надзора демонстрируют не только устойчивость традиционных очагов в Шардаринском и Арысском районах, но и нарастающую эпидемиологическую значимость Отырарского района. Отсутствие тенденции к снижению заболеваемости, а также значительные межгодовые колебания подчёркивают необходимость усиления молекулярного эпидемиологического надзора, проведения скрининговых исследований в уязвимых популяциях и локального анализа факторов риска в сельских территориях (Yurchenko et al., 2023).

Регистрация случаев среди жителей формально неэндемичных территорий отражает общую тенденцию, характерную и для стран за пределами очаговых зон: рост мобильности населения приводит к появлению завозных случаев в регионах, где КЛ не является эндемичным, и создаёт диагностические трудности для врачей, не имеющих опыта работы с данной патологией (Lindner et al., 2024). Сопоставительные данные по странам Европы, Африки и Азии показывают, что бремя трансмиссивных и зоонозных инфекций тесно связано с региональными и социально-экономическими характеристиками территорий, что необходимо учитывать при планировании надзора (Saydam et al., 2021).

5. Климатические и антропогенные факторы расширения ареала

Изменение климата рассматривается сегодня как один из ведущих факторов, определяющих перспективную географию лейшманиозов. Моделирование климатической пригодности территорий для видов-переносчиков показало, что при реализации сценариев потепления зона, пригодная для существования москитов, смещается к северу и вглубь континента, охватывая районы, ранее считавшиеся свободными от передачи (Koch et al., 2017). Аналогичные расчёты для *P. sergenti* в Северной Африке продемонстрировали существенное расширение потенциального ареала переносчика к середине текущего столетия (Daoudi et al., 2022).

Прогностические модели, объединяющие ретроспективные ряды заболеваемости с климатическими сценариями, позволяют оценивать ожидаемую динамику КЛ на десятилетия вперёд. Так, для восточного Средиземноморья построен прогноз до 2060 года, показавший вероятное увеличение числа случаев и сдвиг сезона передачи (Amro et al., 2022). Для аридных территорий Центральной Азии подобные модели до настоящего времени не разработаны, хотя необходимые предпосылки для их построения – длинные ряды регистрации случаев, доступность климатических реанализов и возможность картирования колоний грызунов – в целом имеются.

Наряду с климатическими существенную роль играют и антропогенные факторы: освоение залежных земель, ирригационное строительство, расширение орошаемого земледелия и отгонного животноводства, прокладка дорог и рост сезонной трудовой миграции. Каждый из этих процессов изменяет структуру биотопов, приближает человека к колониям грызунов и влияет на численность переносчиков (Feiz-Haddad & Khorami 2025). В логике концепции «Единого здоровья» (One Health) контроль природно-очаговых инфекций в таких условиях требует согласованных действий медицинской, ветеринарной и природоохранной служб, а также интеграции данных о состоянии популяций резервуарных животных, переносчиков и заболеваемости человека в единую информационную систему (Zhang et al., 2024).

Применительно к Туркестанской области значимыми представляются регулирование стока и колебания уровня р. Сырдарья, эксплуатация Коксарайского контррегулятора и связанные с ними изменения прибрежных и

старичных биотопов. Резкий рост числа заражений в зоне населённого пункта Коксарай в 2024 году (37 случаев против не более трёх в год в 2018-2023 гг., по данным регионального эпидемиологического надзора) косвенно указывает на возможную связь между гидротехническими преобразованиями ландшафта и формированием новых участков трансмиссии. Проверка этой гипотезы требует целенаправленного энтомологического и зоологического обследования с молекулярной оценкой заражённости переносчиков и резервуаров (Asl et al., 2022; Sofizadeh, 2018).

6. Выявление и идентификация

До внедрения молекулярных методов идентификация *Leishmania* spp. основывалась на изоферментном анализе (мультилокусном электрофорезе ферментов, MLEE), требующем получения жизнеспособных культур и обладающем низкой чувствительностью при работе с клиническим материалом (Schallig & Oskam, 2002). Этот метод сохраняет значение исторического «золотого стандарта» типирования, однако его трудоёмкость, длительность и потребность в специализированных лабораториях ограничивают применение в рутинной практике (Schönian et al., 2011). Во многих регионах диагностика до сих пор ограничивается микроскопическим выявлением амастигот в кожных мазках, окрашенных по Романовскому-Гимзе; чувствительность метода существенно снижается при давности поражения свыше нескольких месяцев и при малом числе паразитов в очаге (Mehrotra et al., 2025).

Клиническая диагностика КЛ дополнительно осложняется полиморфизмом поражений. Атипичные формы могут расцениваться как базальноклеточный или плоскоклеточный рак, саркоидоз, туберкулёз кожи, глубокие микозы или пиодермия; в отсутствие настороженности и лабораторного подтверждения это приводит к необоснованным хирургическим вмешательствам и к задержке специфического лечения (Barkati et al., 2019; Ekemen et al., 2024). Случай КЛ с поражением лица и шеи, потребовавший длительного дифференциально-диагностического поиска, описан и в Казахстане – у жителя неэндемичного северного региона (Zatonskikh et al., 2013).

Серологические методы, такие как иммуноферментный анализ и тесты на антитела к рекомбинантному антигену rK39, улучшили диагностику висцерального лейшманиоза в условиях ограниченной лабораторной базы (Hagos et al., 2021), однако при кожной форме они малоэффективны из-за слабого и непостоянного антительного ответа и не позволяют дифференцировать текущую инфекцию от перенесённой (Mehrotra et al., 2025).

В отличие от этих подходов, молекулярно-генетические методы, основанные на амплификации специфических фрагментов ДНК с помощью ПЦР, обеспечивают высокую чувствительность и видоспецифичность, особенно при низкой паразитарной нагрузке и в случаях хронических или атипичных форм заболевания (Aronson & Joya, 2019). В качестве мишеней наиболее широко используются многокопийные последовательности кинетопластной ДНК (кпДНК, миникольца) и участок внутреннего транскрибируемого спейсера рибосомального оперона (ITS1): первые обеспечивают максимальную аналитическую чувствительность, второй – возможность видовой дифференциации при последующем рестрикционном анализе или секвенировании (Mehrotra et al., 2025). Использование праймеров к вариабельным участкам позволяет не только обнаружить наличие патогена, но и провести его видовую идентификацию и генотипирование.

Для видовой идентификации хорошо зарекомендовал себя анализ полиморфизма длин рестрикционных фрагментов гена белка теплового шока hsp70 (ПЦР-ПДРФ, hsp70 PCR-RFLP), позволяющий различать большинство видов *Leishmania* Старого и Нового Света в едином формате (Montalvo et al., 2010). Дальнейшее развитие технологий связано с методами, не требующими электрофоретического разделения продуктов: высокоразрешающий анализ кривых плавления (HRM) обеспечивает детекцию и одновременную идентификацию видов Старого Света в закрытой пробирке (Saadi-Ben Aoun et al., 2024), а петлевая изотермическая амплификация (LAMP) благодаря простоте визуальной детекции и невысоким требованиям к оборудованию рассматривается как перспективный инструмент для лабораторий базового уровня и полевых условий (Ruang-Areerate et al., 2021).

ПЦР-диагностика не требует жизнеспособных паразитов, позволяет работать с минимальным количеством биоматериала, включая соскобы, мазки-отпечатки и образцы, высушенные на фильтровальной бумаге, и обеспечивает возможность дальнейшего секвенирования для уточнения филогенетических связей. Это делает молекулярные методы приоритетными инструментами в системах эпидемиологического над-

зора, в программах контроля и в научных исследованиях (Mehrotra et al., 2025; Aronson & Joya 2019).

За пределами видовой идентификации задачи молекулярной эпидемиологии решаются методами внутривидового типирования. Мультилокусное микросателлитное типирование (MLMT) и мультилокусное типирование последовательностей (MLST) позволяют оценивать структуру популяций возбудителя, выявлять географически ассоциированные генетические группы и прослеживать заносы штаммов (Schönian et al., 2011; Banu et al., 2019). Применение этих подходов к изолятам *L. major*, полученным от пустынных грызунов в очагах Ирана, показало наличие выраженной внутривидовой гетерогенности и позволило соотнести штаммы, циркулирующие в популяциях резервуаров и у человека (Mirzaei et al., 2014). Внедрение полногеномного секвенирования дополнительно расширяет разрешающую способность анализа, обеспечивая выявление вариаций числа копий хромосом, гибридизационных событий и маркеров, ассоциированных с фенотипом, включая лекарственную чувствительность (Downing et al., 2011; Llanes et al., 2025).

Несмотря на очевидные преимущества, в Казахстане, включая эндемичные регионы, диагностика преимущественно опирается на микроскопию кожных соскобов, окрашенных по Романовскому-Гимзе (Dmitrovskiy et al., 2014; Ministry of Health and Social Development of the Republic of Kazakhstan [MHSD RK], 2016). Метод остаётся доступным, но малоинформативным при хронических формах и не позволяет определить вид паразита, что затрудняет эпидемиологический анализ и выбор адекватной терапии, особенно при возможном сосуществовании разных видов рода *Leishmania*, отличающихся по вирулентности и лекарственной чувствительности (Nasiri et al., 2022). На вероятную недодиагностику ЗКЛ в южном регионе, связанную с ограниченностью применяемых лабораторных методов, указывалось и ранее (Dmitrovskiy et al., 2014). Формирование национальной коллекции изолятов и депонирование полученных нуклеотидных последовательностей в международные базы данных позволили бы включить казахстанские штаммы в глобальный контекст филогеографических исследований (Schönian et al., 2011).

7. Лечение и профилактика: значение видовой идентификации

Практическая ценность видовой диагностики определяется тем, что тактика ведения пациентов при КЛ существенно различается в зависимости от возбудителя. Действующие клинические рекомендации предполагают дифференцированный подход: при неосложнённых поражениях, вызванных *L. major*, во многих случаях допустима выжидательная тактика с местным лечением, тогда как при риске слизистого распространения или при инфекции видами с известной сниженной чувствительностью требуется системная терапия (Aronson et al., 2016).

Арсенал системных средств включает препараты пятивалентной сурьмы, липосомальный амфотерицин B, милтефозин и азолы; выбор определяется видом возбудителя, распространённостью и локализацией поражений, а также сопутствующей патологией (Aronson & Joya 2019). Обзоры клинического опыта применения липосомального амфотерицина B при КЛ Старого Света демонстрируют приемлемую эффективность при ограниченном числе контролируемых исследований, что подчёркивает дефицит доказательной базы для отдельных схем (Mosimann et al., 2018). Актуальность видовой диагностики усиливается расширением географии лекарственной устойчивости: молекулярные маркеры резистентности к препаратам сурьмы описаны в различных регионах мира, а их распределение неоднородно и связано как с видовой принадлежностью возбудителя, так и с локальной историей применения препаратов (Salari et al., 2022).

Опыт стран региона показывает, что в отсутствие системной молекулярной диагностики оценка бремени болезни и планирование лекарственного обеспечения оказываются существенно затруднены. Так, анализ ситуации в Афганистане – стране со сходными природно-климатическими условиями и высокой заболеваемостью – указывает на сочетание высокого уровня недорегистрации, ограниченной доступности терапии и недостаточной видовой характеристики возбудителя (Rahimi et al., 2025).

Профилактика ЗКЛ включает три основных направления: снижение численности резервуарных животных, контроль численности переносчиков и индивидуальную защиту населения. Программы дератизации в очагах ЗКЛ

при условии достаточного охвата и регулярности сопровождаются статистически значимым снижением заболеваемости (Abdoli et al., 2024); применение приманочных инсектицидных препаратов, скармливаемых грызунам, позволяет воздействовать одновременно на резервуар и переносчика (Poché et al., 2018). Индивидуальные меры – использование репеллентов, обработанных инсектицидами пологов и одежды, ограничение пребывания на открытом воздухе в часы сумеречной активности москитов – сохраняют значение прежде всего для лиц, временно посещающих очаги: пастухов, сельскохозяйственных рабочих и сезонных мигрантов (Feiz-Haddad & Khorami 2025; Irum et al., 2020).

Существенным барьером для раннего выявления и эффективной профилактики остаётся позднее обращение пациентов за медицинской помощью: популяционные исследования в Пакистане и Йемене показали, что значительная часть населения не связывает язвенные поражения кожи с укусами москитов, обращается в первую очередь к традиционным целителям и не осведомлена о мерах индивидуальной защиты (Irum et al., 2020; Al-Ashwal et al., 2024). Это указывает на необходимость систематической санитарно-просветительной работы как обязательного компонента программ контроля ЗКЛ, включая целевые вмешательства в школах эндемичных районов.

Заключение

КЛ остаётся актуальной паразитарной инфекцией с выраженной природно-очаговой спецификой, особенно в условиях Центральной Азии и южных регионов Казахстана. Проведённый анализ литературных источников, а также ретроспективных и эпидемиологических данных указывает на устойчивое сохранение природных очагов ЗКЛ в Туркестанской и Кызылординской областях. Несмотря на стабильную регистрацию случаев заболевания, выявлены значительные пробелы в систематическом эпидемиологическом надзоре, молекулярной идентификации возбудителей и дифференциации возбудителя на уровне видов и штаммов (Strelkova et al., 2015; Yurchenko et al., 2023).

Климатические изменения, рост внутренней мобильности населения, сельскохозяйственная активность и миграционные процессы способствуют увеличению риска расширения ареала циркуляции *Leishmania* spp. (Koch et al., 2017; Amro et al., 2022). В этих условиях традиционные морфологические методы обладают ограниченной диагностической ценностью и не позволяют проводить эпидемиологическое типирование, тогда как молекулярно-генетические подходы обеспечивают как надёжную видовую идентификацию, так и возможность популяционно-генетического анализа (Schönian et al., 2011; Mehrotra et al., 2025).

Настоящий обзор имеет ряд ограничений. Анализ основан преимущественно на данных официальной регистрации, которые в силу позднего обращения пациентов и преобладания клинико-микроскопической диагностики могут занижать истинный уровень заболеваемости. Видовая принадлежность возбудителя в рассмотренных случаях лабораторно не подтверждалась, а результаты энтомологических и зоологических наблюдений в исследуемых районах за анализируемый период в настоящий обзор не включены. Указанные ограничения не влияют на основной вывод о сохранении активности природных очагов, однако определяют направления дальнейших исследований.

На основании проведённого анализа могут быть сформулированы следующие приоритетные направления: 1) внедрение ПЦР-диагностики КЛ с видовой идентификацией возбудителя в лабораториях эндемичных районов и в референс-лаборатории национального уровня; 2) формирование национальной коллекции изолятов и базы нуклеотидных последовательностей *Leishmania* spp. с депонированием данных в международные репозитории; 3) возобновление регулярных энтомологических и зоологических обследований с оценкой заражённости *P. papatasi* и *R. opimus* молекулярно-генетическими методами; 4) расширение зоны надзора за счёт формально неэндемичных территорий, прилегающих к очагам; 5) проведение адресной санитарно-просветительной работы среди групп повышенного риска.

Обобщение и систематизация полученных данных указывают на необходимость внедрения и стандартизации протоколов молекулярной диагностики и комплексного подхода к эпидемиологическому надзору, реализуемого в логике концепции «Единого здоровья» (Zhang et al., 2024). Это обеспечит повышение эффективности мониторинга, раннего выявления и профилактики КЛ в Республике Казахстан и позволит мини-

мизировать последствия возможных вспышек на уязвимых территориях.

Источник финансирования

Работа выполнена в рамках проекта AP32321291 «Изучение распространенности кожного лейшманиоза в южном регионе Казахстане», финансируемого Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

Вклад авторов

Рыбина Е.М.: Анализ и интерпретация эпидемиологических данных, написание рукописи, проверка критически важного содержания; Кузьмина А.Р.: Сбор и предоставление статистических и справочных материалов, использованных при подготовке обзора; Машжан А.С.: Получение финансирования; Остапчук Е.О.: Формирование ключевых положений статьи, редактура и форматирование рукописи.

Литература

Abbasi, I., Trancoso Lopo de Queiroz, A., Kirstein, O. D., Nasereddin, A., Horwitz, B. Z., Hailu, A., Salah, I., Mota, T. F., Mothé Fraga, D. B., Tavares Veras, P. S., Poché, D. M., Poché, R. M., Yeszhanov, A., Brodskyn, C., Torres-Poché, Z., & Warburg, A. (2018). Plant-feeding phlebotomine sand flies, vectors of leishmaniasis, prefer *Cannabis sativa*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 115*(46), 11790–11795. https://doi.org/10.1073/pnas.1810435115

Abdoli, A., Mazaherifar, S., Solhjoo, K., Farhang Zargar, M., Parvin Jahromi, H., Taghipour, A., Darayesh, M., Badri, M., Pirestani, M., Falahi, S., & Kenarkoohi, A. (2024). Effect of rodent control program on incidence of zoonotic cutaneous leishmaniasis, Iran. *Emerging Infectious Diseases, 30*(7), 1447–1449. https://doi.org/10.3201/eid3007.231404

Al-Ashwal, M. A., Al-Adhroey, A. H., Atroosh, W. M., Alshoteri, S. A., Al-Subbary, A. A., Alharazi, T. H., Sady, H., Azzani, M., Lau, Y.-L., & Al-Mekhlafi, H. M. (2024). Knowledge, attitude, practices and treatment-seeking behaviour concerning cutaneous leishmaniasis among rural hyperendemic communities in western Yemen. *Scientific Reports, 14*, 12662. https://doi.org/10.1038/s41598-024-63526-6

Alvar, J., Vélez, I. D., Bern, C., Herrero, M., Desjeux, P., Cano, J., Jannin, J., & den Boer, M. (2012). Leishmaniasis worldwide and global estimates of its incidence. *PLoS ONE, 7*(5), e35671. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0035671

Amro, A., Moskalenko, O., Hamarsheh, O., & Frohme, M. (2022). Spatiotemporal analysis of cutaneous leishmaniasis in Palestine and foresight study by projections modelling until 2060 based on climate change prediction. *PLoS ONE, 17*(6), e0268264. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0268264

Aronson, N. E., Herwaldt, B. L., Libman, M., Pearson, R., Lopez-Velez, R., Weina, P., Carvalho, E. M., Ephros, M., Jeronimo, S., & Magill, A. (2016). Diagnosis and treatment of leishmaniasis: Clinical practice guidelines by the Infectious Diseases Society of America (IDSA) and the American Society of Tropical Medicine and Hygiene (ASTMH). *Clinical Infectious Diseases, 63*(12), e202–e264. https://doi.org/10.1093/cid/ciw670

Aronson, N. E., & Joya, C. A. (2019). Cutaneous leishmaniasis: Updates in diagnosis and management. *Infectious Disease Clinics of North America, 33*(1), 101–117. https://doi.org/10.1016/j.idc.2018.10.004

Aronson, N. E., Musa, A. M., & Satoskar, A. R. (2026). Leishmaniasis. *New England Journal of Medicine, 394*(20), 2026–2039. https://doi.org/10.1056/NEJMra2403309

Asl, F. G., Mohebali, M., Jafari, R., Akhavan, A. A., Shirzadi, M. R., Zarei, Z., Fadaei, R., Ramezanpour, J., Hassanpour, G., Izadi, S., Hajjaran, H., & Elikaee, S. (2022). *Leishmania* spp. infection in *Rhombomys opimus* and *Meriones libycus* as main reservoirs of zoonotic cutaneous leishmaniasis in central parts of Iran: Progress and implications in health policy. *Acta Tropica, 226*, 106267. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2021.106267

Banu, S. S., Meyer, W., Ferreira-Paim, K., Wang, Q., Kuhls, K., Cupolillo, E., Schönian, G., & Lee, R. (2019). A novel multilocus sequence typing scheme identifying genetic diversity amongst *Leishmania donovani* isolates from a genetically homogeneous population in the Indian subcontinent. *International Journal for Parasitology, 49*(7), 555–567. https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2019.02.010

Baranets, M. S., Ponirovsky, E. N., & Kadamov, D. S. (2015). Sand flies (Diptera, Psychodidae, Phlebotominae) in Central Asia: Species composition and spread. *Meditsinskaya Parazitologiya i Parazitarnye Bolezni*, (4), 10–18. [In Russian]

Barkati, S., Ndao, M., & Libman, M. (2019). Cutaneous leishmaniasis in the 21st century: From the laboratory to the bedside. *Current Opinion in Infectious Diseases, 32*(5), 419–425. https://doi.org/10.1097/QCO.0000000000000579

Bennis, I., De Brouwere, V., Belrhiti, Z., Sahibi, H., & Boelaert, M. (2018). Psychosocial burden of localised cutaneous leishmaniasis: A scoping review. *BMC Public Health, 18*, 358. https://doi.org/10.1186/s12889-018-5260-9

Daoudi, M., Outammassine, A., Amane, M., Hafidi, M., Boussaa, S., & Boumezzough, A. (2022). Climate change influences on the potential distribution of the sand fly *Phlebotomus sergenti*, vector of *Leishmania tropica* in Morocco. *Acta Parasitologica, 67*(2), 858–866. https://doi.org/10.1007/s11686-022-00533-5

Dmitrovskiy, A. M., Utepbergenova, G. A., Mamykova, K. U., & Zubova, N. V. (2014). Cutaneous zoonotic leishmaniasis in South Kazakhstan. *Problemy Biologii i Meditsiny, 3*(79), 24–25. [In Russian]. https://inlibrary.uz/index.php/problems_biology/article/view/4841

Downing, T., Imamura, H., Decuypere, S., Clark, T. G., Coombs, G. H., Cotton, J. A., Hilley, J. D., de Doncker, S., Maes, I., Mottram, J. C., Quail, M. A., Rijal, S., Sanders, M., Schönian, G., Stark, O., Sundar, S., Vanaerschot, M., Hertz-Fowler, C., Dujardin, J.-C., & Berriman, M. (2011). Whole genome sequencing of multiple *Leishmania donovani* clinical isolates provides insights into population structure and mechanisms of drug resistance. *Genome Research, 21*(12), 2143–2156. https://doi.org/10.1101/gr.123430.111

Dujardin, J.-C., Campino, L., Cañavate, C., Dedet, J.-P., Gradoni, L., Soteriadou, K., Mazeris, A., Ozbel, Y., & Boelaert, M. (2008). Spread of vector-borne diseases and neglect of leishmaniasis, Europe. *Emerging Infectious Diseases, 14*(7), 1012–1018. https://doi.org/10.3201/eid1407.071589

Ekemen, S., Nalcaci, M., Toz, S., Sanjoba, C., Demirkesen, C., Cetin, E. D., Tecimer, T., Yildiz, P., Gursel, M., Ince, U., Ozbel, Y., & Coban, C. (2024). Diagnostic challenges in cutaneous leishmaniasis due to atypical *Leishmania infantum*: Pathologists' insights from re-emergence zones. *Frontiers in Medicine, 11*, 1453211. https://doi.org/10.3389/fmed.2024.1453211

Fatemi, M., Yaghoobi-Ershadi, M. R., Mohebali, M., Saeidi, Z., Veysi, A., Gholampour, F., Akhondi, B., Karimi, A., Arandian, M. H., Mohammadi, A. M. A., Rassi, Y., Zahraei-Ramazani, A., Khamesipour, A., & Akhavan, A. A. (2018). The potential role of humans in the transmission cycle of *Leishmania major* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae), the causative agent of the Old World zoonotic cutaneous leishmaniasis. *Journal of Medical Entomology, 55*(6), 1588–1593. https://doi.org/10.1093/jme/tjy110

Feiz-Haddad, M. H., & Khorami, S. (2025). A comprehensive review of epidemiology, environmental factors, and control strategies for zoonotic cutaneous leishmaniasis in Iran: Challenges and prospects. *Advanced Biomedical Research, 14*, 90. https://doi.org/10.4103/abr.abr_598_24

Frolov, A. O., Malysheva, M. N., & Kostygov, A. Y. (2015). Transformations of life cycles in the evolutionary history of trypanosomatids: Macrotransformations. *Parazitologiya, 49*(4), 233–256. [In Russian]

Hagos, D. G., Schallig, H. D. F. H., Kiros, Y. K., Abdulkadir, M., & Wolday, D. (2021). Performance of rapid rK39 tests for the diagnosis of visceral leishmaniasis in Ethiopia: A systematic review and meta-analysis. *BMC Infectious Diseases, 21*, Article 1166. https://doi.org/10.1186/s12879-021-06826-w

Irum, S., Aftab, M., Khan, A., Naz, S., Simsek, S., Habib, A., Afzal, M. S., Nadeem, M. A., Qasim, M., & Ahmed, H. (2020). Cutaneous leishmaniasis (CL): A cross-sectional community-based survey on knowledge, attitude and practices in a highly endemic area of Waziristan (KPK Province), Pakistan. *Acta Tropica, 213*, 105746. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105746

Jain, S., Agua, J. F. V., Ruiz-Postigo, J. A., Maia-Elkhoury, A. N., Valadas, S., Zamani, G., Osman, M., Yajima, A., & Beshah, A. (2025). Global leishmaniasis surveillance updates 2024: Consolidating gains and new initiatives. *Weekly Epidemiological Record, 100*(45), 535–552. https://www.who.int/publications/i/item/who-wer10045-535-552

Koch, L. K., Kochmann, J., Klimpel, S., & Cunze, S. (2017). Modeling the climatic suitability of leishmaniasis vector species in Europe. *Scientific Reports, 7*, 13325. https://doi.org/10.1038/s41598-017-13822-1

Leishmaniasis: Clinical protocol for diagnosis and treatment. (2016). Approved by the Joint Commission on the Quality of Medical Services of the Ministry of Health and Social Development of the Republic of Kazakhstan, Protocol No. 9 of 25 August 2016. Astana. [In Russian]

Lindner, A. K., Moreno-Del Castillo, M. C., Wintel, M., Equihua Martinez, G., Richter, J., Kurth, F., Pfäfflin, F., Zoller, T., Gertler, M., Georgi, S., Nürnberg, M., Hülso, C., Bernhard, J., Konopelska Kotsias, S., Seigerschmidt, A., van Loon, W., Mockenhaupt, F., Kampmann, B., & Harms, G. (2024). American cutaneous leishmaniasis: Imported cases in Berlin 2000–2023. *PLoS Neglected Tropical Diseases, 18*(7), e0012323. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012323

Llanes, A., Restrepo, C. M., & Lleonart, R. (2025). Unraveling the genome diversity of *Leishmania* parasites using next-generation DNA sequencing strategies. *Life, 15*(10), 1590. https://doi.org/10.3390/life15101590

Mehrotra, S., Tiwari, R., Kumar, R., & Sundar, S. (2025). Advances and challenges in the diagnosis of leishmaniasis. *Molecular Diagnosis & Therapy, 29*(2), 195–212. https://doi.org/10.1007/s40291-024-00762-6

Mirzaei, A., Schweynoch, C., Rouhani, S., Parvizi, P., & Schönian, G. (2014). Diversity of *Leishmania* species and of strains of *Leishmania major* isolated from desert rodents in different foci of cutaneous leishmaniasis in Iran. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 108*(8), 502–512. https://doi.org/10.1093/trstmh/tru085

Montalvo, A. M., Fraga, J., Monzote, L., Montano, I., de Doncker, S., Dujardin, J.-C., & Van der Auwera, G. (2010). Heat-shock protein 70 PCR-RFLP: A universal simple tool for *Leishmania* species discrimination in the New and Old World. *Parasitology, 137*(8), 1159–1168. https://doi.org/10.1017/S0031182010000089

Mosimann, V., Neumayr, A., Paris, D. H., & Blum, J. (2018). Liposomal amphotericin B treatment of Old World cutaneous and mucosal leishmaniasis: A literature review. *Acta Tropica, 182*, 246–250. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.03.016

Nasiri, Z., Kalantari, M., Mohammadi, J., Daliri, S., Mehrabani, D., & Azizi, K. (2022). Cutaneous leishmaniasis in Iran: A review of epidemiological aspects, with emphasis on molecular findings. *Parasite, 29*, 47. https://doi.org/10.1051/parasite/2022047

Pareyn, M., Alves, F., Burza, S., Chakravarty, J., Alvar, J., Diro, E., Kaye, P. M., & van Griensven, J. (2025). Leishmaniasis. *Nature Reviews Disease Primers, 11*(1), 81. https://doi.org/10.1038/s41572-025-00663-w

Poché, D. M., Torres-Poché, Z., Yeszhanov, A., Poché, R. M., Belyaev, A., Dvořák, V., Sayakova, Z., Polyakova, L., & Aimakhanov, B. (2018). Field evaluation of a 0.005% fipronil bait, orally administered to *Rhombomys opimus*, for control of fleas (Siphonaptera: Pulicidae) and phlebotomine sand flies (Diptera: Psychodidae) in the Central Asian Republic of Kazakhstan. *PLoS Neglected Tropical Diseases, 12*(7), e0006630. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006630

Rahimi, B. A., Ghatee, M. A., Habib, M. N., Farooqi, K., Ritmeijer, K., Hussain, H. S., Beg, M. A., & Taylor, W. R. (2025). Cutaneous leishmaniasis in Afghanistan. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 119*(8), 848–864. https://doi.org/10.1093/trstmh/traf028

Ruang-areerate, T., Sukphattanaudomchoke, C., Thita, T., Leelayoova, S., Piyaraj, P., Mungthin, M., Suwannin, P., Polpanich, D., Tangchaikeeree, T., Jangpatarapongsa, K., Choowongkomon, K., & Siripattanapipong, S. (2021). Development of loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay using SYBR Safe and gold-nanoparticle probe for detection of *Leishmania* in HIV patients. *Scientific Reports, 11*, 12152. https://doi.org/10.1038/s41598-021-91540-5

Saadi-Ben Aoun, Y., Souguir, H., Chouaieb, H., Kraiem, M., Bel Hadj Ali, I., Chakroun, A. S., Noguier, F., Fathallah-Mili, A., Piquemal, D., & Guizani, I. (2024). A high resolution melting analysis (HRM) PCR assay for the detection and identification of Old World *Leishmania* species. *PLoS Neglected Tropical Diseases, 18*(12), e0012762. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012762

Saf'yanova, V. M. (1974). Typology of leishmaniasis foci based on the transmissive factor. In *Conference materials* (pp. 336–347). [In Russian]

Salari, S., Bamorovat, M., Sharifi, I., & Almani, P. G. N. (2022). Global distribution of treatment resistance gene markers for leishmaniasis. *Journal of Clinical Laboratory Analysis, 36*(8), e24599. https://doi.org/10.1002/jcla.24599

Saydam, F. N., Erdem, H., Ankarali, H., El-Arab Ramadan, M. E., El-Sayed, N. M., Civljak, R., Pshenichnaya, N., Moroti, R. V., Mahmuodabad, F. M., Maduka, A. V., Mahboob, A., Prakash Kumari, P. H., Stebel, R., Cernat, R., Fasanekova, L., Uysal, S., Tasbakan, M., Arapović, J., Magdalena, D. I., & Rodriguez-Morales, A. J. (2021). Vector-borne and zoonotic infections and their relationships with regional and socioeconomic statuses: An ID-IRI survey in 24 countries of Europe, Africa and Asia. *Travel Medicine and Infectious Disease, 44*, 102174. https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2021.102174

Schallig, H. D. F. H., & Oskam, L. (2002). Molecular biological applications in the diagnosis and control of leishmaniasis and parasite identification. *Tropical Medicine & International Health, 7*(8), 641–651. https://doi.org/10.1046/j.1365-3156.2002.00911.x

Schönian, G., Kuhls, K., & Mauricio, I. L. (2011). Molecular approaches for a better understanding of the epidemiology and population genetics of *Leishmania*. *Parasitology, 138*(4), 405–425. https://doi.org/10.1017/S0031182010001538

Sergiev, V., Kondrashin, A., Litvinov, S., & Morozova, L. (2018). Epidemiology and control of leishmaniasis in the former USSR: A review article. *Iranian Journal of Parasitology, 13*(3), 342–350.

Sofizadeh, A., Hanafi-Bojd, A. A., & Shoraka, H. R. (2018). Modeling spatial distribution of *Rhombomys opimus* as the main reservoir host of zoonotic cutaneous leishmaniasis in northeastern Iran. *Journal of Vector Borne Diseases, 55*(4), 297–304. https://doi.org/10.4103/0972-9062.256565

Strelkova, M. V., Ponirovsky, E. N., Morozov, E. N., Zhirenkina, E. N., Razakov, S. A., Kovalenko, D. A., Schnur, L. F., & Schönian, G. (2015). A narrative review of visceral leishmaniasis in Armenia, Azerbaijan, Georgia, Kazakhstan, Kyrgyzstan, Tajikistan, Turkmenistan, Uzbekistan, the Crimean Peninsula and Southern Russia. *Parasites & Vectors, 8*, 330. https://doi.org/10.1186/s13071-015-0925-z

Van der Auwera, G., & Dujardin, J.-C. (2015). Species typing in dermal leishmaniasis. *Clinical Microbiology Reviews, 28*(2), 265–294. https://doi.org/10.1128/CMR.00104-14

World Health Organization. (2010). *Control of the leishmaniases: Report of a meeting of the WHO Expert Committee on the Control of Leishmaniases* (Technical Report Series No. 949). WHO Press.

World Health Organization. (2023, January 12). *Leishmaniasis*. https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/leishmaniasis

Yurchenko, V., Chistyakov, D. S., Akhmadishina, L. V., Lukashev, A. N., & Strelkova, M. V. (2023). Revisiting epidemiology of leishmaniasis in Central Asia: Lessons learnt. *Parasitology, 150*(2), 129–136. https://doi.org/10.1017/S0031182022001640

Zatonskikh, V., Venglovskiy, A., Zhumambaeva, S., Zhussupov, B., Dakenov, B., Toulebaev, R., & Shaidarov, M. (2013). Evolution of clinical manifestations of neck and face due to cutaneous leishmaniasis resulting in diagnostic errors. *Iranian Journal of Public Health, 42*(12), 1472–1475.

Zhang, G., Qiu, Y., Boireau, P., Zhang, Y., Ma, X., Jiang, H., Xin, T., Zhang, M., Tadesse, Z., Wani, N. A., Song, J., & Ding, J. (2024). Modern agriculture and One Health. *Infectious Diseases of Poverty, 13*, 74. https://doi.org/10.1186/s40249-024-01240-1

Сведения об авторах:

Елена Рыбина – магистр, лаборант лаборатории иммунологии и иммунобиотехнологии, Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в городе Алматы (Алматы, Казахстан, e-mail: elle.rybina@gmail.com).

Александра Кузьмина – главный специалист отдела эпидемиологического контроля за инфекционными и паразитарными задолеваниями, Департамент санитарно-эпидемиологического контроля Туркестанской области Республики Казахстан (Туркестан, Казахстан, e-mail: a.kuzmina@dsm.gov.kz).

Акжигит Машжан – PhD, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной биологий, Филиал ТОО «Национальный центр биотехнологии» в городе Алматы (Алматы, Казахстан, e-mail: aj.akzhigit@gmail.com).

Екатерина Остапчук (автор для корреспонденции) – PhD, ассоциированный профессор, и. о. директора Филиала ТОО «Национальный центр биотехнологии» в городе Алматы (Алматы, Казахстан, e-mail: katyostapchuk@gmail.com).

Information about the authors:

Elena Rybina, MSc, Laboratory Assistant, Laboratory of Immunology and Immunobiotechnology, Almaty Branch of the National Center for Biotechnology (Almaty, Kazakhstan, e-mail: elle.rybina@gmail.com).

Alexandra Kuzmina, Chief Specialist, Department of Epidemiological Control of Infectious and Parasitic Diseases, Department of Sanitary and Epidemiological Control of Turkistan Region of the Republic of Kazakhstan (Turkistan, Kazakhstan, e-mail: a.kuzmina@dsm.gov.kz).

Akzhigit Mashzhan – Ph.D., leading researcher at the laboratory of molecular biology, Almaty branch of the "National Center for Biotechnology" (Almaty, Kazakhstan, e-mail: aj.akzhigit@gmail.com).

Yekaterina Ostapchuk (corresponding author) – PhD, Associate Professor, Acting Director, Almaty Branch of the "National Center for Biotechnology" (Almaty, Kazakhstan, e-mail: katyostapchuk@gmail.com).

Авторлар туралы мәлімет:

Елена Рыбина, магистр, «Ұлттық биотехнология орталығы» ЖШС Алматы қаласындағы филиалының иммунология және иммунобиотехнология зертханасының зертханашысы (Алматы, Қазақстан, e-mail: elle.rybina@gmail.com).

Александра Кузьмина, Қазақстан Республикасы Түркістан облысының санитариялық-эпидемиологиялық бақылау департаментінің инфекциялық және паразиттік ауруларды эпидемиологиялық бақылау бөлімінің бас маманы (Түркістан, Қазақстан, e-mail: a.kuzmina@dsm.gov.kz).

Ақжігіт Машжан – Ph.D., "Ұлттық биотехнология орталығының" Алматы филиалының молекулалық биология зертханасының жетекші ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, электрондық пошта: aj.akzhigit@gmail.com).

Екатерина Остапчук (хат-хабарға жауапты автор), PhD, қауымдастырылған профессор, «Ұлттық биотехнология орталығы» ЖШС Алматы қаласындағы филиалы директорының м.а. (Алматы, Қазақстан, e-mail: katyostapchuk@gmail.com).

Поступило 11 января 2026 года
Повторно загружено 1 сентября 2026 года
Принято 15 сентября 2026 года

АВТОРЛАРҒА АРНАЛҒАН АҚПАРАТ
ИНФОРМАЦИЯ ДЛЯ АВТОРОВ
INFORMATION FOR AUTHORS

Требования к научной статье для опубликования в журнале «Вестник КазНУ. Серия биологическая»:

✓ Редакционная коллегия принимает ранее неопубликованные экспериментальные статьи по научным направлениям журнала. Статья представляется в электронном формате (в форматах .doc, .docx, .rtf) ТОЛЬКО посредством ее загрузки через функционал сайта журнала (Open Journal System или Editorial Manager).

✓ Кегль шрифта – 12 (аннотация, ключевые слова, литература – 10, текст таблиц – 9–11), шрифт – Times New Roman, выравнивание – по ширине текста, интервал – одинарный, абзацный отступ – 0,8 см, поля: верхнее и нижнее – 2 см, левое и правое – 2 см.

✓ Объем статьи (без учета названия, сведений об авторах, аннотации, ключевых слов, библиографического списка) должен составлять не менее 1 500–7 000 слов для естественнонаучных и технических направлений.

✓ При подаче статьи авторы должны отправить заполненную заявку, сопроводительное письмо и рукопись статьи, оформленную по нижеуказанным правилам.

✓ Авторы в ОБЯЗАТЕЛЬНОМ порядке должны указать в сопроводительном письме в системе Open Journal System или Editorial Manager о том, что направляемая статья/рукопись нигде ранее не публиковалась, и что в статье отсутствуют заимствованные фрагменты текста из других работ без ссылок на них.

✓ Порядок оплаты и стоимость за публикацию статьи устанавливается издательским домом «Қазақ университеті» и производится автором после одобрения внешними рецензентами и научным редактором.

Структура статьи:

Работы, оформленные без соблюдения этих правил, возвращаются без рассмотрения.

Первая страница:

Первая строка – номер МРНТИ
Название статьи (Заголовок)
Автор(ы) статьи
Орсид ID номера авторов
Сокращения и обозначения
Аннотация
Ключевые слова/словосочетания

Первая строка – номер МРНТИ (в исключительных случаях УДК), выравнивание – по левому краю, шрифт – полужирный. Номер МРНТИ необходимо найти на сайте http://grnti.ru/.

Название статьи (Заголовок) должно отражать суть и содержание статьи и привлекать внимание читателя. Название должно быть кратким, информативным и не содержать жаргонизмов или аббревиатур. Оптимальная длина заголовка – 5–7 слов (в некоторых случаях 10–12 слов). Название статьи должно быть представлено на русском, казахском и английском языках. Название статьи представляется полужирным шрифтом строчными буквами, выравнивание – по центру.

✓ **Автор(ы) статьи –** количество авторов не ограничено. В список должны входит данные авторов, которые имеют прямое отношение к написанию статьи, те, кто выполнял эксперименты и получил данные и результаты, отраженные в статье, те, кто является автором основной идеи публикации.

Сведения об авторах представляются обычным шрифтом строчными буквами, выравнивание – по центру. Принадлежность авторов к определенному месту работы указывается в виде надстрочных индексов до фамилии [1, 2, 3.] Авторы из одной и той же организации указываются под одинаковой надстрочной цифрой. Для авторов КазНУ обязательное указание ID номеров ORCID с использованием гиперссылки в значке , для авторов сторонних организаций по желанию. Корреспондентный автор отмечается надстрочным знаком*.

[1]Инициалы и фамилия, [2]Инициалы и фамилия*
[1]место работы (аффилиация), город, страна
[2]место работы (аффилиация), город, страна
*Корреспондентный автор – e-mail

Корреспондентным автором является тот автор, который ведет переписку с редакцией до и после печати и отвечает на все замечания и исправления по статье. Важно указать действующий электронный адрес и контактные данные при подачи статьи.

1. **Сокращения и обозначения** – если имеются.

✓ **Аннотация** объемом **не менее 150 слов, не более 300 слов** на русском, казахском и английском языках.

o Структура аннотации включает в себя следующие **ОБЯЗАТЕЛЬНЫЕ пункты:**

1. Вступительное слово о теме исследования.
2. Цель, основные направления и идеи научного исследования.
3. Краткое описание научной и практической значимости работы.
4. Краткое описание методологии исследования.
5. Основные результаты и анализ, выводы исследовательской работы.
6. Ценность проведенного исследования (внесенный вклад данной работы в соответствующую область знаний).
7. Практическое значение итогов работы.

✓ **Ключевые слова/словосочетания** – количеством 3–5 на русском, казахском и английском языках.

Последующая страница (новая):

Введение
Материалы и Методы
Результаты и Обсуждение
Заключение, выводы
Благодарности
Источник финансирования
Конфликт интересов
Литература

Введение состоит из следующих основных элементов**:**

✓ Обоснование выбора темы; актуальность темы или проблемы. В обосновании выбора темы на основе описания опыта предшественников сообщается о наличии проблемной ситуации (отсутствие каких-либо исследований, появление нового объекта и т.д.). Актуальность темы определяется общим интересом к изученности данного объекта, но отсутствием исчерпывающих ответов на имеющиеся вопросы, она доказывается теоретической или практической значимостью темы.

✓ В секции должны быть охвачены фундаментальные и новые труды по исследуемой тематике зарубежных авторов на английском языке (не менее 15 трудов), анализ данных трудов с точки зрения их научного вклада, а также пробелы в исследовании, которые Вы дополняете в своей статье.

✓ Определение объекта, предмета, целей, задач, методов, подходов, гипотезы и значения вашей работы. Цель исследования связана с доказательством тезиса, то есть представлением предмета исследования в избранном автором аспекте.

Материалы и Методы – должны состоять из описания материалов и хода работы, а также полного описания использованных методов.

✓ Характеристика или описание материала исследования включает его представление в качественном и количественном отношении. Характеристика материала – один из факторов, определяющий достоверность выводов и методов исследования.

✓ В этом разделе описывается, как проблема была изучена: подробная информация без повторения ранее опубликованных установленных процедур; используется идентификация оборудования (программного обеспечения) и описание материалов, с обязательным внесением новизны при использовании материалов и методов.

✓ Научная методология должна включать в себя:

✓ - исследовательский вопрос(-ы);

✓ - выдвигаемую гипотезу (тезис);

✓ - этапы исследования;

✓ - методы исследования;

✓ - результаты исследования.

✓ НЕДОПУСТИМО наличие множества ссылок, не имеющих отношения к работе, или неуместные суждения о ваших собственных достижениях, ссылки на Ваши предыдущие работы.

Результаты и Обсуждение – приводится анализ и обсуждение полученных вами результатов исследования. Приводятся выводы по полученным в ходе исследования результатам, раскрывается основная суть. И это один из самых важных разделов статьи. В нем необходимо провести анализ результатов своей работы и обсуждение соответствующих результатов в сравнении с предыдущими работами иностранных и отечественных авторов, анализами и выводами.

Заключение, выводы

Обобщение и подведение итогов работы на данном этапе; подтверждение истинности выдвигаемого утверждения, высказанного автором, и заключение автора об изменении научного знания с учетом полученных результатов. Выводы не должны быть абстрактными, они должны быть использованы для обобщения результатов исследования в той или иной научной области, с описанием предложений или возможностей дальнейшей работы.

Структура заключения должна содержать следующие вопросы: Каковы цели и методы исследования? Какие результаты получены? Каковы выводы? Каковы перспективы и возможности внедрения, применения разработки?

Конфликт интересов – желательно указать имеющиеся конфликты интересов со стороны авторов и соавторов касательно материалов статьи. Если нет никаких конфликтов к опубликованию материалов в статье, указать, что авторы не имеют конфликта интересов.

Благодарности – Перечислите людей, которые оказали помощь во время исследования (например, предоставили помощь в переводе, письменную помощь или предоставили материал/оборудование для работы и т.д.)

Источник финансирования – Следует указать в рамках какого проекта или программы была выполнена работа, указать год и номер договора по проекту/программе.

Литература

Список используемой литературы, или Библиографический список состоит из не менее 25 наименований литературы для естественнонаучных и технических направлений и из общего числа наименований на английском языке должно быть не менее 50%.

Для естественнонаучных статей ссылки оформляются в квадратных скобках с указанием нумерации по мере появляения цитируемых работ в тексте. Стиль оформления списка литературы согласно ГОСТ 7.1-2003 «Библиографическая запись. Библиографическое описание. Общие требования и правила составления» (требование к изданиям, входящих в перечень ККСОН).

Далее следует второй список литературы (**References**, который должен быть предоставлен в другой форме, то есть – романизированным алфавитом (транслитерация). **References** ТОЛЬКО те работы, которые цитируются в тексте. Reference оформляется в алфавитном порядке!

Романизированный список литературы должен выглядеть в следующем виде для источников на кириллице: автор(-ы) (транслитерация) → (год в круглых скобках) → название статьи в транслитерированном варианте [перевод названия статьи на английский язык в квадратных скобках], название русскоязычного источника (транслитерация, либо английское название – если есть), выходные данные с обозначениями на английском языке.

Например: Gokhberg L., Kuznetsova T. (2011) Strategiya-2020: novye kontury rossiiskoi innovatsionnoi politiki [Strategy 2020: New Outlines of Innovation Policy]. *Foresight-Russia,* vol. 5, no 4, pp. 8–30.

Стиль оформления Романизированного списка литературы из источников на английском (другом иностранном) языке для естественнонаучных и технических направлений – Chicago Style (www.chicagomanualofstyle.org).

Cramer W., Bondeau A., Woodward F.I., Prentice I.C., Betts R.A., Brovkin V., Cox P.M., Fisher V., Foley J.A., Friend A.D., Kucharik C., Lomas M.R., Ramankutty N., Sitch S., Smith B., White A., Young-Molling C. (2001) Global response of terrestrial ecosystem structure and function to CO_2 and climate change: Results from six dynamic global vegetation models. *Glob. Change Biol.*, vol. 7, pp. 357–373.

В данном разделе необходимо учесть:

- Цитируются основные научные публикации, передовые методы исследования, которые применяются в данной области науки и на которых основана работа автора.
- Избегайте чрезмерных самоцитирований.
- Избегайте чрезмерных ссылок на публикации авторов СНГ/СССР, используйте мировой опыт (Pubmed, Web of Science). Не следует ссылаться на энциклопедии, монографии, диссертации и материалы, на которые нет общего доступа.
- Библиографический список должен содержать фундаментальные и наиболее актуальные труды, опубликованные известными зарубежными авторами и исследователями по теме статьи.

Стоимость публикации – 60 000 тенге/страница

Реквизиты:

Некоммерческое акционерное общество «Казахский национальный университет имени аль-Фараби»
Индекс 050040
адрес: г. Алматы, пр. Аль-Фараби, 71
БИН 990140001154
КБЕ 16
АО «First Heartland Jýsan Bank»
ИИК KZ19998CTB0000567141 – тенге
ИИК KZ40998CTB0000567151 – USD
БИК TSESKZKA

МАЗМҰНЫ – CONTENTS – СОДЕРЖАНИЕ

1-бөлім
Ботаника және өсімдіктер физиологиясы

Section 1
Botany and Plant Physiology

Раздел 1
Ботаника и физиология растений

Б.Ш. Калиев, Л.А. Димеева, К. Усен, А.А. Иманалинова, Ж.С. Нургожанова, А.Н. Канапьянова, Г. Оразгалийкызы, Е.А. Тулегенов
Жетісу Алатауының солтүстік макробеткейіндегі сирек кездесетін және эндемик түр Tulipa brachystemon Regel популяцияларын экологиялық-фитоценоздық бағалау 4

K.Zh. Adilova, T.S. Ibragimov, Zh. Koilybayev, A.E. Kusniyeva, N.B. Milissova
Phytochemical study and elemental composition of Bryonia melanocarpa nabiev from the flora of Kazakhstan..... 23

2-бөлім
Зоология

Section 2
Zoology

Раздел 2
Зоология

Г.Ш. Назымбетова, Д.К. Кирбаева, Б.Т. Таранов, Ж.Д. Абдыкеримов, З.Т. Есембекова, Г. Джайлаубекова
«Шарын» мемлекеттік ұлттық табиғи паркі ұсақ қанатты қарыстаушылар тұқымдас тармағының (Lepidoptera, Geometridae, Sterrhinae) фаунасы туралы жаңа мәліметтер..... 34

Г.Е. Марденова, П.А. Есенбекова, М.Б. Жақсыбаев, А.М. Кенжегалиев, М.Ж. Байжүніс
Батыс Тянь-Шаньның жай көзшесіздер (Hemiptera, Heteroptera, Cimicomorpha II, Miridae) тұқымдасының алуантүрлілігі 45

3-бөлім
Молекулалық биология және генетика

Section 3
Molecular biology and genetics

Раздел 3
Молекулярная биология и генетика

Н.Ж. Тлеумбетова, Ж.Ж. Марат, Л.А. Ибрагимова, Ж.М. Аманбек, И.Т. Смекенов, А.К. Бисенбаев
Получение растворимого рекомбинантного Ag85B Mycobacterium tuberculosis с помощью эндогенного протеолитического удаления N-концевого тиоредоксина в E. coli 56

R.E. Amzeyev, M.Sh. Yermekova, K. Kirikci, K.Zh. Dossybayev, T.T. Nurkenov
Phylogenetic analysis of the kazakh fat-tailed coarse-wool sheep breed 71

4-бөлім
Биотехнология

Section 4
Biotechnology

Раздел 4
Биотехнология

A.A. Dauletova, K. Bolatkhan, A.A. Kakimova , G.A. Akhmetova, A. Askar, D. Ozcimen, B.K. Zayadan
Study of phototrophic microorganisms from oil refinery wastewater and their bioremediation potential..... 82

Д. Салауат, Д.С. Батаева, Г.Б. Джумаханова, Д.А. Юсаева, Ж.С. Омарова, А. Йылдыз
Arthrospira platensis ZTS-2024 штаммымен байытылған Artemia parthenogenetica-ның биохимиялық және микробиологиялық бағасы..... 97

Y.M. Gochmuradov, M.G. Gochmuradov, A.S. Damullayeva, T.A. Serikov, V.S. Sakhanin, G.A. Jamalova
Influence of physico-chemical factors on the process of Saccharomyces cerevisiae mass formation during cultivation on modified nutrient molasses 111

К.К. Еркекулова, Г.Б. Алпамысова, М.А. Туралиева, К.Е.Жузжан
Ферменттік иммуносорбенттік талдауды қолдана отырып, биелердің буаздығын анықтаудың биотехнологиялық әдісі..... 124

К.А. Шораева, Ж.С. Абсатова, С.У. Молдагулова, А. Үланқызы, А.Е. Косылганова, К.А. Жапаркулова, А.С. Калыкова, Т.С. Бекежанова, Г.О. Шыныбекова, Н.С. Кожабергенов, Г.Д. Наханова, К.К. Джекебеков, О.В. Червякова
Подтверждение подлинности рекомбинантных вирусов гриппа методом ПЦР – идентификация генетических вставок, кодирующих рекомбинантные белки Brucella spp. 133

5-бөлім Экология | **Section 5 Ecology** | **Раздел 5 Экология**

Т.Б. Аймухан, С.Т. Нуртазин, С.А. Манкибаева
Комплексная оценка деградационного риска аридных территорий Илийского района на основе спутниковых индексов и климатических факторов 146

Шолу мақалалар | **Review articles** | **Обзорные статьи**

А.А. Шайдуллаева, Б.К.Мусабаева, Д.Ш.Жакенов, Ф.Ж.Алдынгурова, Н.Т. Амирханова, А.У. Туякбаева, З.С.Сармурзина, Г.Н. Бисенова
Ағынды сулардағы полифосфат жинақтаушы организмдердің алуантүрлілігі мен метаболикалық ерекшеліктері 168

Е.М. Рыбина, А.Р. Кузьмина, А.С. Машжан, Е.О. Остапчук
Кожный лейшманиоз в Казахстане: историко-эпидемиологический обзор и молекулярно-генетические ориентиры 186

Авторларға арналған ақпарат 200