



ASTANA
INTERNATIONAL
UNIVERSITY

ISSN 3106-9215
eISSN 3106-9223

NATURA SCIENTIA JOURNAL

Nº2 (1) 2026



Астана Халықаралық университеті
Международный университет Астана
Astana International University

NATURA SCIENTIA JOURNAL

№ 2 (1) - 2026

Жылына 4 рет шығады
Выходит 4 раза в год
Published 4 times a year

Астана - 2026
Astana - 2026

Бас редактор: Мырзагалиева А.Б.,
биология ғылымдарының докторы, профессор, Астана Халықаралық университеті, Қазақстан

Бас редактордың орынбасары: Оразов А.Е.,
PhD, қауымдастырылған профессор м.а., Астана Халықаралық университеті, Қазақстан

Редакциялық алқа:

Жабагин М.К., PhD докторы, қауымдастырылған профессор, Қазақстан
Хапилина О.Н., биология ғылымдарының кандидаты, Қазақстан
Черемушкина В.А., биология ғылымдарының докторы, профессор, Ресей
Габор Шрамко, PhD, профессор, Венгрия
Тустубаева Ш.Т., PhD, Қазақстан
Кубентаев С.А., PhD, қауымдастырылған профессор, Қазақстан
Тожибаев К.Ш., биология ғылымдарының докторы, Өзбекстан
Иманбаева А.А., биология ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, Қазақстан
Шарипова (Жумагул) М.Ж., PhD, қауымдастырылған профессордың м.а., Қазақстан
Марчин Нобис, медицина ғылымдарының докторы, профессор, Польша
Мария Хен, хабилитацияланған доктор, профессор, Венгрия
Туруспеков Е.К., биология ғылымдарының кандидаты, профессор, ҚР ҰҒА академигі, Қазақстан
Абугалиева С.И., биология ғылымдарының докторы, профессор, Қазақстан
Малгожата Суска-Малавска, хабилитацияланған доктор, профессор, Польша

Жауапты редактор – т.ғ.к. Мырзабекова А.М.

Меншіктенуші: «Астана Халықаралық университеті» Жауапкершілігі шектеулі серіктестігі

Тіркеу: ҚР Мәдениет және ақпарат министрлігінің Ақпарат комитеті

Бастапқы есепке қою күні мен нөмірі: 16.01.2020 ж. тіркеу куәлігімен № KZ93VPY00019404

Екінші есепке қою: 16.09.2025 № KZ06VPY00129416

Мерзімділігі: жылына 4 рет

ISSN: 3106-9215, **ISSN (Online):** 3106-9223

Тақырыптық бағыты: Биология

Редакцияның мекенжайы: 010000, Қазақстан, Астана қ., Қабанбай батыр даңғылы, 8

тел.: +7 (7172) 47-62-10 (214), e-mail: nsj@aiu.edu.kz

© Astana International University

Главный редактор: Мырзагалиева А.Б.,
доктор биологических наук, профессор, Международный университет Астана, Казахстан

Заместитель главного редактора: Оразов А.Е.,
PhD, и.о. ассоциированного профессора, Международный университет Астана, Казахстан

Редакционная коллегия:

Жабагин М.К., доктор PhD, ассоциированный профессор, Казахстан
Хапилина О.Н., кандидат биологических наук, Казахстан
Черёмушкина В.А., доктор биологических наук, профессор, Россия
Габор Шрамко, PhD, профессор, Венгрия
Тустубаева Ш.Т., PhD, Казахстан
Кубентаев С.А., PhD, ассоциированный профессор, Казахстан
Тожибаев К.Ш., доктор биологических наук, Узбекистан
Иманбаева А.А., кандидат биологических наук, ассоциированный профессор, Казахстан
Шарипова (Жумагул) М.Ж., PhD, и.о. ассоциированного профессора, Казахстан
Марчин Нобис, доктор медицинских наук, профессор, Польша
Мария Хен, хабилитированный доктор, профессор, Венгрия
Туруспеков Е.К., кандидат биологических наук, профессор, академик НАН РК, Казахстан
Абугалиева С.И., доктор биологических наук, профессор, Казахстан
Малгожата Суска-Малавска, хабилитированный доктор, профессор, Польша

Ответственный редактор – к.т.н. Мырзабекова А.М.

Собственник: Товарищество с ограниченной ответственностью «Международный университет Астана»

Регистрация: Комитет информации Министерства культуры и информации РК

Дата и номер первичной постановки на учет: 16.01.2020 г., регистрационное свидетельство № KZ93VPY00019404

Вторичная постановка на учет: 16.09.2025 № KZ06VPY00129416

Периодичность: 4 раза в год

ISSN: 3106-9215, **ISSN (Online):** 3106-9223

Тематическое направление: Биология

Адрес редакции: 010000, Казахстан, г. Астана, пр. Кабанбай батыра, 8,
тел.: +7 (7172) 47-62-10 (214), e-mail: nsj@aiu.edu.kz

© Astana International University

Editor-in-Chief: Myrzagaliyeva A.B.,
Doctor of Biological Sciences, Professor, Astana International University, Kazakhstan

Deputy Editor-in-Chief: Orazov A.E.,
PhD, Acting Associate Professor, Astana International University, Kazakhstan

Editorial Board:

Zhabagin M.K., PhD, Associate Professor, Kazakhstan
Khapilina O.N., Candidate of Biological Sciences, Kazakhstan
Cheremushkina V.A., Doctor of Biological Sciences, Professor, Russia
Gabor Sramko, PhD, Professor, Hungary
Tustubayeva Sh.T., PhD, Kazakhstan
Kubentaev S.A., PhD, Associate Professor, Kazakhstan
Tojibaev K.S., Doctor of Biological Sciences, Uzbekistan
Imanbayeva A.A., Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Kazakhstan
Sharipova (Zhumagul) M.Zh., PhD, Acting Associate Professor, Kazakhstan
Marcin Nobis, MD, Professor, Poland
Maria Höhn, Habilitated Doctor, Professor, Hungary
Turuspekov E.K., Candidate of Biological Sciences, Professor, Academician of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, Kazakhstan
Abugaliyeva S.I., Doctor of Biological Sciences, Professor, Kazakhstan
Malgorzata Suska-Malawska, Habilitated Doctor, Professor, Poland

Responsible Editor – Candidate of Technical Sciences Myrzabekova A.M.

Owner: Limited Liability Partnership “Astana International University”

Registration: Information Committee of the Ministry of Culture and Information of the Republic of Kazakhstan

Date and number of initial registration: 16.01.2020, registration certificate № KZ93VPY00019404

Secondary registration: 16.09.2025 № KZ06VPY00129416

Frequency: 4 times a year

ISSN: 3106-9215, **ISSN (Online):** 3106-9223

Subject area: Biology

Address of edition: 010000, Kazakhstan, Astana, Kabanbay Batyr avenue, 8,







Tel.: +7 (7172) 47-62-10 (214), e-mail: nsj@aiu.edu.kz

© Astana International University

МАЗМҰНЫ – CONTENTS – СОДЕРЖАНИЕ

Dyusibaeva E.N., Orazov A.E., Rysbekova A.B., Abylkairova M.M., Zeinullina A.E., Sarbassova N.A. IMPROVING PROSO MILLET VARIETY SAMPLES RESISTANCE TO LODGING	7
Мусина М.Е., Тыныбеков Б.М., Нурмаханова А., Иманова Э., Срайыл С., Иманалиева М.Т. ГЕНОМНАЯ ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ПОПУЛЯЦИЙ <i>CALLIGONUM LEUCOCLADUM</i> (SCHRENK) BUNGE ЛЕКАРСТВЕННОГО В ПУСТЫНЕ КЫЗЫЛКУМ <i>S. LEUCOCLADUM</i>	13
Нурмаханова А.С., Құлымбет Қ.Қ., Мамурова А.Т., Абдуллаева Б.А., Садырова Г.А. <i>BETA VULGARIS</i> L. БЕЙІМДЕЛГІШТІК ӘЛЕУЕТІНІҢ АНАТОМИЯЛЫҚ МАРКЕРЛЕРІ: МЕЗОФИЛЛ, ИДИОБЛАСТ ЖӘНЕ ӨТКІЗГІШ ЖҮЙЕ	37
Нурмаханова А.С., Құлымбет Қ.Қ., Мамурова А.Т., Абдуллаева Б.А., Садырова Г.А. КСЕРОГАЛОФИТ <i>TAMARIX LAXA</i> WILLD. ЖАПЫРАҚ МЕЗОФИЛЛІНІҢ ҰЙЫМДАСУЫ, ИДИОБЛАСТТАР ЖӘНЕ ТҰЗДАН АРЫЛУ МЕХАНИЗМІ	47
Abduraimov O.S., Teshaboev S.K., Mambetov T.K., Usupbaev A.K. REVIEW OF SPECIES OF THE GENUS <i>AEGILOPS</i> L. (POCEAE) IN CENTRAL ASIA	57
Шарипова (Жумагул) М.Ж., Тоқтағазина Н.Б., Мұхтар Г.Б. РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ РАКА ШЕЙКИ МАТКИ В КАЗАХСТАНЕ: ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ	70

IMPROVING PROSO MILLET VARIETY SAMPLES RESISTANCE TO LODGING

¹E.N. Dyusibaeva , ²A.E. Orazov , ¹A.B. Rysbekova , ¹M.M. Abylkairova* ,
¹A.E. Zeinullina , ¹N.A. Sarbassova 

¹S. Seifullin Kazakh Research Agrotechnical University, Astana, Kazakhstan

²Astana International University, Astana, Kazakhstan

*e-mail: margarita.abkv@gmail.com

E.N. Dyusibaeva – PhD, Associate Professor, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical University, Zhenis Av. 62, 010000, Astana, Kazakhstan, e-mail: e.dyussibayeva@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-5960-6328>

A.E. Orazov – PhD, Acting Associate Professor, Astana International University, Kabanbay Batyr Av., 8, 010000, Astana, Kazakhstan, e-mail: orazov1994aidyn@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

A.B. Rysbekova – candidate of Biological Sciences, Professor, S. Seifullin Kazakh Research Agrotechnical University, Zhenis Av. 62, 010000, Astana, Kazakhstan, e-mail: a.rysbekova@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0003-3716-7843>

M.M. Abylkairova – PhD student, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical University, Zhenis Av., 62, 010000, Astana, Kazakhstan, e-mail: margarita.abkv@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0003-3445-7316>

A.E. Zeinullina – PhD, Lecturer, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical University, Zhenis Av. 62, 010000, Astana, Kazakhstan, e-mail: a.zeinullina@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0001-6880-0969>

N.A. Sarbassova – PhD student, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical University, Zhenis Av., 62, 010000, Astana, Kazakhstan, e-mail: nuriyasarbassova01@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-0380-1669>

Abstract. This article presents the results of research on proso millet breeding for resistance to lodging. While the Akmola region is one of the most favorable for cultivation of cereal crops, strong winds in the region can severely damage the plant structure, and therefore, limit potential yield. Therefore, plant breeding for lodging resistance, particularly in proso millet, which has a weak straw and root system, is an important and relevant area of research which is often understudied. The research is based on 2020-2025 field data from the Akmola region. The study includes variety samples of different origins, foreign and local. For statistical analysis lodging risk index, integral risk index, index of potential stability were calculated. By focusing on such traits as plant height (H), straw diameter (D), and number of internodes (N), we were able to identify the most resistant genotypes by different parameters which will be further included in plant breeding programs to increase proso millet yield.

Keywords: proso millet, genotypes, lodging, resistance assessment.

ТАРЫНЫҢ СОРТТАРЫ МЕН ҮЛГІЛЕРІНІҢ ЖАТЫП ҚАЛУҒА ТӨЗІМДІЛІГІН АРТТЫРУ

¹Э.Н. Дюсибаева, ²А.Е. Оразов, ¹А.Б. Рысбекова, ¹М.М. Абылкайрова*,
¹А.Е. Зейнуллина, ¹Н.А. Сарбасова

¹С. Сейфуллин Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Астана, Қазақстан

²Астана халықаралық университеті, Астана, Қазақстан

*e-mail: margarita.abkv@gmail.com

Э.Н. Дюсибаева – PhD, доцент, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан, e-mail: e.dyussibayeva@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-5960-6328>

А.Е. Оразов – PhD, доцент міндетін атқарушы, Астана халықаралық университеті, Қабанбай Батыр даңғылы, 8, 010000, Астана, Қазақстан, e-mail: orazov1994aidyn@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

А.Б. Рысбекова – биология ғылымдарының кандидаты, профессор, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан, e-mail: a.rysbekova@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0003-3716-7843>

М.М. Абылкаирова – докторант, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан, e-mail: margarita.abkv@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0003-3445-7316>

А.Е. Зейнуллина – PhD, оқытушы, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан, e-mail: a.zeinullina@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0001-6880-0969>

Н.А. Сарбасова – докторант, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан, e-mail: nuriyasarbassova01@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-0380-1669>

Аңдатпа. Бұл мақалада тарының жатып қалуға төзімділіне бағытталған селекциялық зерттеу нәтижелері ұсынылды. Ақмола облысы аймағына ең қолайлы дәнді дақылдарды өсіру болып табылады, алайда күшті желдер өсімдік құрылымын қатты зақымдауынан, әлеуетті өнімділігін төмендетеді. Сондықтан, өсімдіктер селекциясында жатып қалуға төзімділік, әсіресе сабаны мен тамыр жүйесі әлсіз тары дақылында маңызды және өзекті. Талдау Ақмола облысынан алынған 2020-2025 жылдардағы далалық деректерге негізделген. Зерттеуге әртүрлі шығу тегі бар, шетелдік және жергілікті үлгілер кіреді. Статистикалық талдау үшін тәуекел индексі, интеграл тәуекел индексі, индекстың әлеует төзімділігі есептелінді. Сонымен қатар өсімдік биіктігі (H), сабан диаметр (D), және буынаралық саны (N) сияқты белгілеріне есепке алынды. Талдау барысында ең төзімді генотиптер іріктеліп, жоғары өнімділікке бағытталған селекция бағдарламаларына енгізу ұсынылды.

Кілт сөздер: тары, генотиптер, жатып қалуға төзімділік, төзімділік бағалау.

ПОВЫШЕНИЕ УСТОЙЧИВОСТИ К ПОЛЕГАНИЮ СОРТОВ И ОБРАЗЦОВ ПРОСА

¹Э.Н. Дюсибаева, ²А.Е. Оразов, ¹А.Б. Рысбекова, ¹М.М. Абылкаирова*,
¹А.Е. Зейнуллина, ¹Н.А. Сарбасова

¹Казахский исследовательский агротехнический университет им.С.Сейфуллина, Астана, Казахстан

²Международный университет Астана, Астана, Казахстан
*e-mail: margarita.abkv@gmail.com

Э.Н. Дюсибаева – PhD, ассоциированный профессор, Казахский исследовательский агротехнический университет им. С. Сейфуллина, пр. Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан, e-mail: e.dyussibayeva@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-5960-6328>

А.Е. Оразов – PhD, и.о. ассоциированного профессора, Международный университет Астана, пр. Кабанбай Батыра 8, 010000, Астана, Казахстан, e-mail: orazov1994aidyn@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

А.Б. Рысбекова – кандидат биологических наук, профессор, Казахский исследовательский агротехнический университет им. С. Сейфуллина, пр. Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан, e-mail: a.rysbekova@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0003-3716-7843>

М.М. Абылкаирова – докторант, Казахский исследовательский агротехнический университет им. С. Сейфуллина, пр. Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан, e-mail: margarita.abkv@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0003-3445-7316>

А.Е. Зейнуллина – PhD, преподаватель, Казахский исследовательский агротехнический университет им. С. Сейфуллина, пр. Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан, e-mail: a.zeinullina@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0001-6880-0969>

Н.А. Сарбасова – докторант, Казахский исследовательский агротехнический университет им. С. Сейфуллина, пр. Женис, 62, 010000, Астана, Казахстан, e-mail: nuriyasarbassova01@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-0380-1669>

Аннотация. В данной статье представлены результаты исследований по селекции проса на устойчивость к полеганию. Хотя Акмолинская область является одной из наиболее благоприятных для выращивания зерновых культур, сильные ветры в регионе могут серьезно повредить структуру растений и, следовательно, ограничить потенциальный урожай. Поэтому селекция растений на устойчивость к полеганию, особенно проса, которое имеет слабую солому и корневую систему, является важной и актуальной областью исследований, которая часто остается недооцененной. Анализ основан на полевых данных 2020-2025 годов Акмолинской области. Исследование включает образцы сортов различного происхождения, как иностранных, так и местных. Для статистического анализа были рассчитаны индекс риска полегания, интегральный индекс риска и индекс потенциальной устойчивости. Учитывая такие признаки, как высота растений (H), диаметр стеблей (D) и количество междоузлий (N), мы смогли выявить наиболее устойчивые генотипы по различным параметрам, которые будут в дальнейшем включены в программы селекции растений для повышения урожайности проса.

Ключевые слова: просо, генотипы, полегание, оценка устойчивости.

Introduction. Proso millet is a vital drought-resistant cereal and forage crop, valued for its high yield, low maintenance, and low waste. The grain is used to produce nutritious cereal, alcohol and forage, while straw and green mass are used for hay and silage. Proso millet is also rich in protein, gluten-free, and improves soil structure (Dyussibayeva et al., 2024: 1-12). There is a multiple number of studies on this crop; the authors focus on studying diversity of the proso millet (Zargar et al., 2023: 1-14), its productivity (Yousif et al., 2025: 1-5), resistance to plant diseases (Dyussibayeva et al., 2017: 852-858); the lodging of proso millet plants is seriously understudied.

However, while cultivating this crop in the north of the country lodging is often present because of winds. The Akmola region is characterized by strong winds (Imangulova et al., 2020: 77-82), the data obtained from the regional meteorological stations at the altitude of 10 m indicate that the average annual wind speed varies from 2.9 to 4.9 m/s, but the maximum speed can be up to 34 m/s (Energy Wind). Under these weather conditions, plant internodes quickly grow and stretch, and accumulation of skeletal formations (cellulose and hemicellulose biopolymers) and process of lignification of cell walls, which determine mechanical strength of stem tissues, are delayed (Yu et al., 2025; 1-12).

Lodging of plants leads to significant yield losses (Erndwein et al., 2020: 1-11), as carbohydrate and protein metabolism changes reduce grain quality and complicate harvesting. Lodged plants still can spring up. In cereals (wheat, rye, barley, etc.), internodes of the apical part of the stem are capable of re-growing thanks to intercalary meristem, which promotes stem elongation and development of key primary structures. Under the influence of geotropism and phototropism, in lodged plants underside of upper stem nodes grows, raising the upper part. Resistance to abiotic environmental factors, especially lodging, plays a crucial role in maximizing the productivity of agricultural crops with high yield potential (Wu et al., 2022: 133-144).

In irrigated and intensive farming conditions, resistance to lodging is a factor that significantly influences proso millet productivity. This indicator depends on certain morphological characteristics, including plant stem length, lower internode length, leaf blade attachment angle, straw diameter, and others. According to many researchers, dwarf varieties are more resistant than tall plants. Lodging resistance in cereal crops is determined not only by dwarfism, but also by a thick and strong stem, short lower internodes, a robust root system, and developed mechanical tissues. These traits lower the center of gravity, reduce windage, and increase straw structural strength, preventing breakage under its own weight or wind pressure. Therefore, dwarfism, straw diameter, and number of internodes can be used to evaluate varieties for lodging resistance. Lodging resistance can be improved by developing new varieties that possess these traits.

Materials and methods of research. Field experiments were conducted at the A.I. Barayev

Research and Production Centre for Grain Farming on experimental plots of the Laboratory of Genetic Resources of Grain Crops from 2020 to 2025.

The source material included both local and foreign proso millet variety samples to be used in further research on the creation of varieties adapted to the soil and climatic conditions of the zone.

While assessing resistance of genotypes to lodging, the traits such as plant height, straw diameter, and number of internodes were taken into account.

Statistical processing of data was carried out based on the phenological observations and measurements based on index and multivariate analysis. The index method uses a system of relative indicators to measure dynamics, compare complex subjects, and perform factor analysis. Multivariate analysis simultaneously examines the relationships between two or more variables, revealing hidden structures and causal relationships. Both approaches are essential for in-depth data processing and decision-making in the plant breeding process.

In plant breeding, the lodging risk index is often calculated to identify and establish a pattern when selecting the most resistant forms. LR is lodging risk index; SI is potential resistance index; LR_2 is integral risk index, calculated taking into account the three most significant traits affecting lodging, in many cases, straw diameter also influences potential resistance, as SI index was highest in potentially resistant genotypes (Kocherina et al., 2008: 1-87). This makes it possible to conduct targeted proso millet breeding, including not only dwarf forms with a small number of internodes, as is common with many agricultural crops, but also other genotypes in the proso millet collection.

Calculation of lodging resistance indices was performed in Excel program:

$$df["LR"] = df["Height"] / df["Diameter"]$$

$$df["SI"] = df["Diameter"] / df["Height"]$$

$$df["LR_2"] = (df["Height"] * df["Internodes"]) / df["Diameter"]$$

The following indices were calculated for each genotype:

- $LR = H/D$ - lodging risk index
- $LR_2 = H \times N / D$ - integral risk index
- $SI = D / H$ - index of potential stability

Results. Under the drought-prone climatic conditions in 2020-2022, proso millet plants had short height (49-68 cm). Therefore, the 2023-2025 samples proved to be the most suitable for proso millet cultivation, accurately reflecting the plant height.

In the Akmola region, the optimal proso millet plant height for high lodging resistance is considered to be 65-80 cm. Short and medium-sized plants are more resilient, as taller plants are more susceptible to wind damage. In different years with varying climatic conditions, the shortest samples were the VIR (All-Russian Institute of Plant Genetic Resources) collection sample K-2374 (62.7 cm) and the local variety Barnaulskoye Kormovoe (74.4 cm).

When assessing stability, it's also important to consider the straw diameter, as thicker straws have greater structural stability. Foreign varieties with lower internode diameter of 0.9 cm or more are of particular interest: Ames 11555, PI 175798, PI 365844, PI 476399, PI 346938, PI 223792, PI 173752 K-9681, K-10215, K-10204, K-9598. Short lower internodes or the smallest number of them decisively ensure stability as the genotypes with the length of lower internodes of no more than 5.0-6.5 cm, including the accessions from the VIR collection K-3742 and K-9910, the accessions from foreign collections PI 182258, PI 289322, PI 346933; the Pamyati Bersieva variety from the domestic collection.



Figure 1. Morphological characteristics of proso millet varieties determining their resistance to lodging (2020-2025)

Thus, the genotypes identified by valuable morphological characteristics can be used in the selection of lodging-resistant proso millet varieties.

For each genotype, the lodging risk indices $LR = H/D$ and $LR_2 = H \times N/D$, as well as the index of potential stability $SI = D/H$, were calculated. SI values ranged from 0.00097 to 0.00843, indicating a high differentiation of genotypes in lodging resistance. The minimum LR and LR_2 values and the maximum SI values belonged to the Kokchetavskoe 6, Ames 11674, and Saratovskoe 6 genotypes, while the K-9539 genotype had extremely high LR and LR_2 values, indicating an extremely high lodging risk. The obtained data were used to calculate the index and multivariate analysis (Table 1).

Table 1. Genotypes with the highest resistance potential (highest by resistance index)

Genotype	H, cm	N	D (cm)	LR	SI	LR_2
Kokchetavskoe 6	106.8	5.6	0.9	118.7	0.00843	664.5
Ames 11674	95.2	6.0	0.8	119.0	0.00840	714.0
Saratovskoe 6	84.2	4.8	0.7	120.3	0.00831	577.4
Shortandinskoe 11	87.0	5.4	0.6	145.0	0.00690	783.0
Ames 11555	134.6	8.2	0.9	149.6	0.00669	1226.4

Notes: H - plant height; N - number of internodes; D - straw diameter; LR - lodging risk index; SI - potential resistance index; LR_2 - integral risk index.

The assessment of lodging resistance based on index and multivariate analysis showed that the genotypes Kokchetavskoe 6, Saratovskoe 6, Ames 11674, Shortandinskoe 11 and Ames 11555 combine relatively moderate height and increased straw diameter, indicating increased mechanical stability of the stem.

Based on the results of the data analysis, it was evident that the genotypes with the highest risk of lodging (highest by LR) were the variety samples K-9539 and PI 170589, and the Chinese samples NO.4, NO.2, NO.3 (Table 2).

Table 2. Genotypes with the highest risk of lodging (highest by LR)

Genotype	H, cm	N	D (cm)	LR	SI	LR ₂
K-9539	309.6	5.0	0.3	1032.0	0.00097	5160.0
PI 170589	86.4	5.4	0.3	288.0	0.00347	1555.2
No. 4	79.8	4.8	0.3	266.0	0.00376	1276.8
No. 2	132.6	5.4	0.5	265.2	0.00377	1432.1
No. 3	125.4	4.8	0.5	250.8	0.00399	1203.8

Notes: H - plant height; N - number of internodes; D - straw diameter; LR - lodging risk index; SI - potential resistance index; LR₂ - integral risk index.







The above mentioned variety samples are characterised by an extremely unfavorable ratio of height and diameter, which indicates a high potential susceptibility to lodging.

Conclusion. Based on the results of the lodging resistance assessment, valuable genotypes were identified: K-2374 (62.7 cm), Barnaulskoe kormovoe (74.4 cm) - by dwarfism, regardless of climatic conditions; Ames 11555, PI 175798, PI 365844, PI 476399, PI 346938, PI 223792, PI 173752 K-9681, K-10215, K-10204, K-9598 - with more stable straw; K-3742, K-9910, PI 182258, PI 289322, PI 346933, Pamyati Bersieva - with short internodes.

References

- Dyussibayeva, 2017 - Dyussibayeva E., Seitkhozhayev A., Tleppayeva A., Zhanbyrshina N., Babkenova S., Rysbekova A. Study of the millet varieties and samples with respect to resistance against dusty smut // - Ecology, Environment and Conservation. - 2017. - Vol. 23. - P. 852-858.
- Dyussibayeva, 2024 - Dyussibayeva E., Abylkairova M., Tsygankov V., Zhirnova I., Zeinullina A., Yessenbekova G., Orzov A., Tsygankov A., Dolinny Y., Rysbekova A. Evaluation of the agronomic traits and correlation analysis of phenotypes of proso millet (*Panicum miliaceum* L.) germplasm in Kazakhstan // - Brazilian Journal of Biology. - 2024. - Vol. 84. - DOI: 10.1590/1519-6984.287947. Energy Wind. <https://energywind.ru/recomendacii/skorost-vetra-kazakhstan/akmolinskaya-oblast>. 06.02.2026.
- Erndwein, 2020 - Erndwein L., Cook D.D., Robertson D.J., Sparks E.E. Field-based mechanical phenotyping of cereal crops to assess lodging resistance // - Applications in Plant Sciences. - 2020. - Vol. 8. - № 8. - Art. e11382. - DOI: 10.1002/aps3.11382.
- Imangulova, 2020 - Imangulova T. V., Yevloyeva A. S., Titova M. A. Assessment of the Akmola Region territory on a degree of natural resources attractiveness // - География и водные ресурсы. - 2020. - № 3. - P. 77-82.
- Kocherina, 2008 - Kocherina N. V., Dragavtsev V. A. Vvedenie v teoriyu ekologo-geneticheskoi organizatsii kolichestvennykh priznakov rastenii i teoriyu selektsionnykh indeksov [Introduction into the Theory of Ecological and Genetic Organization of Quantitative Traits of Plants and the Theory of Selection Indices]. - St. Petersburg: NOU NPO Salesian Center "Don Bosco", 2008. - 87 p. [In Russ.]
- Wu, 2022 - Wu W., Shah F., Ma B.-L. Understanding of crop lodging and agronomic strategies to improve the resilience of rapeseed production to climate change // - Crop and Environment. - 2022. - Vol. 1. - № 2. - P. 133-144. - DOI: 10.1016/j.crope.2022.05.005.
- Yousif, 2025 - Yousif M., Ahmed A. Growth and Productivity Dynamics of Proso Millet *Panicum miliaceum* L. under Water Stress at Pre- and Post-Flowering Stages // - Journal of Global Innovations in Agricultural Sciences. - 2025. - P. 193-199. - DOI: 10.22194/JGIAS/26.1796.
- Yu, 2025 - Yu K.M.J., Weers B.D., McKinley B.A. Bioenergy sorghum stem density increases threefold following internode elongation due to continued accumulation of lignified cell walls and complex regulation of genes involved in cell wall biosynthesis // - Biotechnology for Biofuels and Bioproducts. - 2025. - Vol. 18. - Art. 58. - DOI: 10.1186/s13068-025-02659-w.
- Zargar, 2023 - Zargar M., Dyussibayeva E., Orzov A., Zeinullina A., Zhirnova I., Yessenbekova G., Rysbekova A. Microsatellite-Based Genetic Diversity Analysis and Population Structure of Proso Millet *Panicum miliaceum* L. in Kazakhstan // - Agronomy. - 2023. - Vol. 13. - № 10. - Art. 2514. - DOI: 10.3390/agronomy13102514.

ГЕНОМНАЯ ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ПОПУЛЯЦИЙ *CALLIGONUM LEUCOCLADUM* (SCHRENK) BUNGE ЛЕКАРСТВЕННОГО В ПУСТЫНЕ КЫЗЫЛКУМ *S. LEUCOCLADUM*

¹М.Е. Мусина , ¹Б.М. Тыныбеков , ¹А. Нурмаханова , ²Э. Иманова , ⁴С. Срайыл ,
^{2,4}М.Т. Иманалиева* 

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

²Казахский национальный женский педагогический университет, Алматы, Казахстан

³Международный исламский университет, Исламабад, Пакистан

⁴Научно-исследовательский центр биомедицины (КазНУ им. аль-Фараби), Алматы, Казахстан

*e-mail: moldirimanalieva19@mail.ru

М.Е. Мусина – докторант кафедры ботаники и агроэкологии Казахского национального университета имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан, e-mail: maral.musina@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-8530-9180>

Б.М. Тыныбеков – кандидат биологических наук, профессор-исследователь кафедры ботаники и агроэкологии Казахского национального университета имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан, e-mail: Bekzat.Tynybekov@kaznu.edu.kz, <https://orcid.org/0009-0003-6176-2113>

А. Нурмаханова – PhD, доцент-исследователь кафедры ботаники и агроэкологии Казахского национального университета имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан, e-mail: akmaral.nurmahanova@kaznu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

Э. Иманова – кандидат биологических наук, ассоциированный профессор кафедры биологии Казахского национального женского педагогического университета, Алматы, Казахстан, e-mail: imanovaelmira74@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-8259-3094>

С. Срайыл – PhD, научный сотрудник Научно-исследовательского центра биомедицины Казахского национального университета имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан, e-mail: saya9144@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6237-4388>

М.Т. Иманалиева – PhD, старший преподаватель кафедры биологии Института естественных наук Казахского национального женского педагогического университета, Алматы, Казахстан, e-mail: moldirimanalieva19@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2733-9130>

Аннотация. *Calligonum leucocladum* (Schrenk) Bunge — экологически важный пустынный кустарник, адаптированный к засушливым и полузасушливым условиям Центральной Азии. Эта работа впервые предлагает комплексную оценку генетического разнообразия, структуры популяции и фитохимической изменчивости вида с использованием генотипа SNP с высоким разрешением и хеометрического профиля. Было проанализировано 150 особей из трех географически разделенных популяций (P1, P2 и P3) пустыни Кызылкум и прилегающих регионов. Анализ распада связывающего равновесия (LD) показал, что популяция P3 характеризуется самым высоким уровнем рекомбинации (r^2 резко падает на 10 кб), в то время как P2 демонстрирует сильную LD на больших расстояниях, что указывает на среднюю генетическую изоляцию. Базовый координатный анализ (PCoA) объяснил 76,55% общей генетической изменчивости и подтвердил фактическую дифференциацию P1, в то время как P2 и P3 показали генетическое родство. Анализ минимального связующего дерева (MST) дополнительно подтвердил эти закономерности. Фитохимический профиль впервые выявил популяционные различия в общих фенолах, флавоноидах и антиоксидантных способностях, которые соответствуют генетической структуре. Результаты показывают, что географическая изоляция, фрагментация среды обитания и экологический стресс способствуют расхождению популяций. Высокое генетическое и биохимическое разнообразие популяции P3 определяет ее как потенциальный резервуар адаптивных признаков. Эта работа является ценной основой для

планирования природоохранных мероприятий и экологического восстановления пустынной флоры.

Ключевые слова: *Calligonum leucocladum*, генетическое разнообразие, популяционная генетика, адаптация к засушливым экосистемам, биология сохранения.

ҚЫЗЫЛҚҰМ ПОПУЛЯЦИЯЛАРЫНДАҒЫ ДӘРІЛІК *CALLIGONUM LEUCOCLADUM* (SCHRENK) BUNGE ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘРТҮРЛІЛІГІН ГЕНОМДЫҚ БАҒАЛАУ

¹М.Е. Мусина, ¹Б.М. Тыныбеков, ¹А. Нурмаханова, ²Э. Иманова, ⁴С. Срайыл,
^{2,4}М.Т. Иманалиева*

¹әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан

²Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті, Алматы, Қазақстан

³Халықаралық ислам университеті, Исламабад, Пәкістан

⁴Биомедицина зерттеу орталығы (ҚазҰУ. әл-Фараби), Алматы, Қазақстан

*e-mail: moldirimanalieva19@mail.ru

М.Е. Мусина – әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті ботаника және агроэкология кафедрасының докторанты, Алматы, Қазақстан, e-mail: maral.musina@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-8530-9180>

Б.М. Тыныбеков – әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, ботаника және агроэкология кафедрасының биология ғылымдарының кандидаты, зерттеуші профессоры, Алматы, Қазақстан, e-mail: Bekzat.Tynybekov@kaznu.edu.kz, <https://orcid.org/0009-0003-6176-2113>

А. Нурмаханова – PhD, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, ботаника және агроэкология кафедрасының зерттеуші доценті, Алматы, Қазақстан, e-mail: akmaral.nurmahanova@kaznu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

Э. Иманова – биология ғылымдарының кандидаты, Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті, жаратылыстану ғылымдары институты, биология кафедрасының қауымдастырылған профессоры, Алматы, Қазақстан, e-mail: imanovaelmira74@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-8259-3094>

С. Срайыл – PhD, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің «Биомедицина ғылыми-зерттеу орталығының» ғылыми қызметкері, Алматы, Қазақстан, e-mail: saya9144@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6237-4388>

М.Т. Иманалиева – PhD, Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті, жаратылыстану ғылымдары институты, биология кафедрасының аға оқытушысы, Алматы, Қазақстан, e-mail: moldirimanalieva19@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2733-9130>

Аңдатпа. *Calligonum leucocladum* (Schrenk) Bunge — Орталық Азияның құрғақ және жартылай аридті аймақтарына бейімделген экологиялық маңызды шөл бұтасы. Бұл зерттеу алғаш рет генотиптеу және химометриялық профильдеу әдістерін пайдалана отырып, жоғары ажыратымдылықтағы SNP генетикалық әртүрлілігін, популяция құрылымын және фитохимиялық өзгергіштігін кешенді бағалауды қамтамасыз етті. Қызылқұм шөлінде және оған жақын аймақтарда үш географиялық оқшауланған популяциядан (P1, P2 және P3) 150 адам зерттелді. Байланыс теңсіздігін (LD) талдау рекомбинация деңгейі P1 популяциясында ең жоғары екенін көрсетті (r^2 10 кб-та күрт төмендейді), ал P2 ұзақ қашықтықта күшті LD көрсетті, бұл қалыпты генетикалық оқшаулауды білдіреді. Негізгі координаттарды талдау (PCoA) жалпы генетикалық вариацияның 76,55% түсіндірді және P1 айқын дифференциациясын растады, ал P2 және P3 жақын генетикалық туыстықты көрсетті. Минималды тармақталған ағашты (MST) талдау бұл заңдылықтарды одан әрі дәлелдеді. Фитохимиялық профильдеу алғаш рет фенолдар мен флавоноидтардың жалпы санында, сондай-ақ генетикалық құрылымға сәйкес келетін антиоксиданттық қабілетте айтарлықтай популяциялық айырмашылықтарды анықтады. Нәтижелер географиялық оқшаулау, тіршілік ету ортасының бөлшектенуі және қоршаған орта стрессорлары популяциялардың алшақтығына ықпал ететінін көрсетеді.

P1 популяциясының жоғары генетикалық және биохимиялық әртүрлілігі оны адаптивті белгілердің әлеуетті резервуары ретінде анықтайды. Бұл жұмыс шөл флорасын сақтау мен экологиялық қалпына келтіруді жоспарлаудың құнды негізі болып табылады.

Кілт сөздер: *C. leucocladum*, генетикалық әртүрлілік, популяция генетикасы, экожүйеге құрғақ бейімделу, табиғатты қорғау биологиясы.

GENOMIC ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY IN MEDICINAL POPULATIONS OF *CALLIGONUM LEUCOCLADUM* (SCHRENK) BUNGE IN THE KYZYLKUM DESERT

¹M.E. Mussina, ¹B.M. Tynybekov, ¹A. Nurmakhanova, ²E. Imanova, ⁴S. Syraiyl, ^{2,4}M.T. Imanaliyeva*

¹Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

²Kazakh National Women's Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan

³International Islamic University, Islamabad, Pakistan

⁴Biomedical Research Center (Al-Farabi Kazakh National University), Almaty, Kazakhstan

*e-mail: moldirimanaliyeva19@mail.ru

M.E. Mussina - PhD student, Department of Botany and Agroecology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: maral.musina@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-8530-9180>

B.M. Tynybekov - candidate of Biological Sciences, Research Professor, Department of Botany and Agroecology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: Bekzat.Tynybekov@kaznu.edu.kz, <https://orcid.org/0009-0003-6176-2113>

A. Nurmakhanova - PhD, Associate Professor-Researcher, Department of Botany and Agroecology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: akmaral.nurmahanova@kaznu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

E. Imanova - PhD, Associate Professor, Department of Biology, Kazakh National Women's Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: imanovaelmira74@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-8259-3094>

S. Syraiyl - PhD, Research Fellow at the Biomedical Research Centre, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: saya9144@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6237-4388>

M.T. Imanaliyeva - PhD, Senior Lecturer, Department of Biology, Institute of Natural Sciences, Kazakh National Women's Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: moldirimanaliyeva19@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2733-9130>

Abstract. *Calligonum leucocladum* (Schrenk) Bunge is an ecologically significant desert shrub adapted to the arid and semi-arid environments of Central Asia. For the first time, this study provides an integrative assessment of its genetic diversity, population structure, and phytochemical variation using high-resolution SNP genotyping and chemometric profiling. We analyzed 150 individuals from three geographically distinct populations (P1, P2, and P3) in the Kyzylkum Desert and adjacent regions. Linkage disequilibrium (LD) decay analysis showed that P1 had the highest recombination rate (with r^2 declining sharply at 10 kb), while P2 exhibited strong LD across longer distances, indicating moderate genetic isolation. P3 displayed intermediate genomic characteristics. Principal Coordinates Analysis (PCoA) explained 76.55% of total genetic variation and supported the clear differentiation of P1, whereas P2 and P3 showed closer genetic relationships. Minimum Spanning Tree (MST) analysis further confirmed these patterns. Phytochemical profiling revealed, for the first time, significant population-level differences in total phenolic and flavonoid content, as well as antioxidant capacity, which were consistent with the genetic structure. These findings suggest that geographic isolation, habitat fragmentation, and environmental stressors contribute to population divergence in *C. leucocladum*. The high genetic and biochemical diversity found in P1 identifies it as a potential reservoir of adaptive traits. This work provides a valuable foundation for conservation planning and ecological restoration of desert flora.

Keywords: *C. leucocladum*, genetic diversity, population genetics, arid ecosystem adaptation, conservation biology.

Введение. *C. leucocladum* — кустарник из семейства Polygonaceae, произрастающий преимущественно в засушливых и полузасушливых регионах Центральной Азии, особенно в Казахстане, Туркменистане и Узбекистане. Этот вид отличается белыми стеблями, безлистными или с редкими листьями ветвями, что свидетельствует о его физиологической адаптации к засушливым условиям обитания. В отличие от видов, обитающих в гипераридных зонах Сахары, *C. leucocladum* процветает в относительно более мягких, но все же суровых условиях, демонстрируя высокую устойчивость к абиотическим стрессорам, таким как жара, засуха и засоленность почвы (Feng et al., 2021:104383).

Морфологические адаптации *C. leucocladum* тесно связаны с его генетическими характеристиками. Белые стебли растения служат для отражения солнечной радиации, тем самым снижая тепловой стресс и минимизируя потерю воды, а также способствуя фотосинтезу через стебли. Уменьшенная площадь поверхности листьев ограничивает транспирацию, тем самым улучшая эффективность использования воды. Кроме того, обширная и глубоко укоренившаяся система корней необходима для стабилизации песчаных дюн, укрепления целостности почвы и обеспечения поддержки микросреды обитания, благоприятной для местной дикой природы (Folk et al., 2018:1328). Эти характеристики иллюстрируют экологическую нишу вида и стратегии адаптации в пустынных условиях.

Географически *C. leucocladum* обитает на высотах от 300 до 1500 м, предпочитая песчаные и гравийные почвы. Его распространение часто связано с предгорными зонами или близостью к речным долинам, что указывает на роль гидрологических факторов в формировании популяционных моделей. Эти особенности распространения делают *C. leucocladum* подходящей моделью для исследования потенциального воздействия изменения климата и фрагментации среды обитания на генетическую структуру вида (Gambette et al., 2016:2675). С экологической точки зрения, этот вид является ключевым кустарником, обеспечивающим пищу и укрытие для насекомых, птиц и мелких млекопитающих, а также играющим важную роль в поддержании биоразнообразия пустынь и экосистемных услуг, таких как борьба с эрозией (Liu et al., 2018:1347).

Генетическое разнообразие популяции является фундаментальным компонентом, определяющим адаптивность и долгосрочное выживание вида, особенно в условиях меняющейся окружающей среды. В флоре засушливых земель, такой как *C. leucocladum*, генетическая вариабельность лежит в основе устойчивости к стрессовым факторам окружающей среды, включая засуху, экстремальные температуры и антропогенные воздействия. Ключевые показатели для оценки генетического разнообразия включают аллельное богатство, гетерозиготность и дифференциацию на популяционном уровне, которые дают ценную информацию об эволюционной динамике и адаптационном потенциале (Shi, Pan, 2015:62).

Исследование популяционной генетики затрагивает важные эволюционные вопросы: как формируется географическое распределение, как генетический дрейф и естественный отбор влияют на структуру популяции и как исторические процессы способствуют генетическому расхождению. В случае *C. leucocladum* такие анализы могут помочь выяснить, как популяции пустынных растений реагируют на долгосрочные климатические и экологические нагрузки (Gouja et al., 2014:1623).

Кроме того, понимание генетического состава *C. leucocladum* имеет важное значение для биологии сохранения видов. Популяции с пониженным генетическим разнообразием более уязвимы к стохастическим событиям и колебаниям окружающей среды. Выявление генетически обедненных популяций позволяет проводить целенаправленные меры по сохранению видов, особенно в контексте опустынивания и деградации среды обитания. Оценка генетической структуры также способствует прогнозированию адаптивных реакций на будущие климатические сценарии (Gouja et al., 2014:1623; Hafez et al., 2020:389).

Данное исследование посвящено оценке генетического разнообразия и структуры

популяции *C. leucocladum* в различных экологических зонах в пределах его естественного ареала. Для этого мы используем молекулярные маркеры высокого разрешения для изучения распределения частоты аллелей, уровней генетической дифференциации и взаимосвязи между генетической вариабельностью и местными условиями среды обитания. Выбранные популяции (например, P1, P2 и P3) представляют различные условия окружающей среды, что позволяет провести сравнительный анализ генетических паттернов в связи с экологическими градиентами.

Методологическая основа включает в себя анализ главных координат (PCoA) для визуализации кластеризации популяций, анализ распада сцепленного неравновесия (LD) для оценки исторической рекомбинации и генного потока, а также оценку аллельного богатства как меры генетического разнообразия. Эти подходы обеспечивают всестороннее понимание как современных, так и исторических процессов, формирующих генетическую структуру вида.

Исследование основано на трех основных гипотезах: (1) на генетическую дифференциацию популяций *C. leucocladum* влияет географическая изоляция; (2) вариации генетического разнообразия соответствуют различиям в условиях окружающей среды; и (3) модели распада LD отражают демографическую историю и недавние изменения в связности между популяциями. В совокупности эти гипотезы составляют основу для интегративного анализа, который связывает популяционную генетику с экологической изменчивостью, способствуя тем самым более широкому пониманию механизмов адаптации видов растений, произрастающих в засушливых районах.

Интеграция геномных и экологических данных в этом исследовании способствует более глубокому пониманию процессов адаптации в пустынных экосистемах. Помимо выводов, относящихся к конкретным видам, результаты служат справочным материалом для других ксерофитных видов в Центральной Азии. Полученные данные имеют значение для разработки стратегий сохранения, в частности для выявления уязвимых популяций и обеспечения устойчивости экосистем засушливых зон в условиях прогнозируемого изменения климата (Сосков, 1988:45).

Последние достижения в области молекулярных и геномных технологий значительно повысили точность и разрешение исследований в области популяционной генетики. Технологии высокопроизводительного секвенирования теперь позволяют проводить комплексную оценку генетических вариаций по всему геному, предоставляя надежные данные для анализа структуры популяции, исторического генного потока и адаптивной дивергенции. В случае *C. leucocladum* анализ на основе однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) позволяет идентифицировать мелкомасштабную дифференциацию популяции и локусы, потенциально подверженные отбору в ответ на градиенты окружающей среды (Satam et al., 2023:997).

Применение таких инструментов, как анализ главных координат (PCoA), распад связей неравновесия (LD) и геномные ассоциативные исследования (GWAS), облегчает изучение как исторических, так и современных генетических процессов. PCoA помогает визуализировать пространственную структуру генетической вариации, а распад LD раскрывает историю рекомбинации и генетическую связь между популяциями. Эти подходы особенно ценны для видов, обитающих в фрагментированных или засушливых средах обитания, где генный поток часто ограничен, а генетический дрейф может оказывать заметное влияние на генетическое разнообразие (Jakupov et al., 2023a: 233).

Кроме того, интеграция геномных данных с экологической и географической информацией способствует выявлению факторов окружающей среды, влияющих на генетическую дифференциацию. Такой интегративный подход позволяет исследователям оценивать адаптационный потенциал в различных климатических сценариях, что имеет решающее значение для прогнозирования реакции видов на текущие и будущие воздействия окружающей среды. Геномный анализ *C. leucocladum* создает основу для понимания эволюционной истории пустынной флоры и способствует оценке регионального биоразнообразия в засушливых районах Центральной Азии (Kang et al., 2008:137).

Результаты геномного и популяционно-генетического анализа *C. leucocladum* имеют важное значение для биологии сохранения видов и управления засушливыми экосистемами. Генетические данные могут служить ориентиром для разработки целенаправленных мер по сохранению видов путем выявления генетически обедненных популяций, которые подвергаются большому риску локального исчезновения. Этим популяциям может быть уделено приоритетное внимание при проведении мер по сохранению или восстановлению *in situ* с целью поддержания генетической связности и эволюционного потенциала (Komiljon et al., 2020:58).

Понимание структуры популяции также позволяет идентифицировать эволюционно значимые единицы (ESU), которые могут служить практическими единицами для планирования мер по сохранению. Для видов, приспособленных к засушливым условиям, таких как *C. leucocladum*, сохранение генетического разнообразия в пределах ареала распространения обеспечивает устойчивость к изменениям окружающей среды, в том числе вызванным глобальными климатическими изменениями и антропогенной деградацией среды обитания. Поскольку засушливые экосистемы являются одними из наиболее уязвимых к опустыниванию и утрате биоразнообразия, такие исследования, как это, обеспечивают ценную основу для устойчивого управления экосистемами (Mussina et al., 2026:5).

В конечном итоге, интеграция генетических, экологических и географических данных способствует разработке целостной стратегии сохранения видов. Осознавая взаимосвязь между условиями окружающей среды и генетической структурой, специалисты по охране природы и политики могут реализовывать адаптивные планы управления, способствующие долгосрочному выживанию как видов, так и засушливых мест обитания, в которых они живут. Такой подход демонстрирует практическую ценность популяционной генетики для разработки научно обоснованных мер по сохранению видов и поддержки устойчивости биоразнообразия пустынь (Zhakirbekov et al., 2023:1765).

Материалы и методы исследования. Данное исследование проводилось в пустынных и полупустынных ландшафтах юго-восточного Казахстана с целью оценки генетического разнообразия и структуры популяции *C. leucocladum*. Полевые работы проводились в период активной вегетации 2024 года, а именно с мая по август, в рамках докторской диссертации М.Е. Муссина из кафедры геоботаники Казахского национального университета имени Аль-Фараби. Собранные образцы прошли таксономическую проверку специалистами Института ботаники и фитоинтродукции Министерства экологии и природных ресурсов Республики Казахстан. Проверенные образцы гербария были сданы на хранение в Гербарий Главного ботанического сада в Алматы и официально задокументированы в подтверждающем письме № 01-05/324 от 18 апреля 2024 года, подписанном профессором, доктором наук Г.Т. Ситпаевой, генеральным директором института.

Все процедуры сбора были проведены в соответствии с национальным законодательством об охране биоразнообразия и с соблюдением как институциональных, так и международных стандартов этического сбора и архивирования материала диких растений.

Отбор проб проводился по методу стратифицированной случайной выборки для обеспечения пространственной репрезентативности. На участках площадью 1 км² было случайно отобрано 50 отдельных растений, что дало в общей сложности 150 особей в рамках исследования (Rajkovic et al., 2023:223). Образцы листьев и корней (5–10 г свежего материала с каждого растения) собирались в стерильных условиях и немедленно консервировались для лабораторного анализа. Такой дизайн выборки был призван максимально учесть внутривидовую генетическую вариабельность и доказал свою эффективность в предыдущих исследованиях ксерофитной флоры в засушливых зонах (Rechinger, Schiman-Czeika, 1968).

В дополнение к отбору образцов растительных тканей были зарегистрированы переменные окружающей среды для контекстуализации генетических данных. В каждом месте были измерены такие параметры, как состав почвы, высота над уровнем моря и

близость к источникам воды. Эти экологические показатели были впоследствии включены в многомерный статистический анализ для изучения взаимосвязи между особенностями среды обитания и моделями генетического разнообразия. Примечательно, что некоторые популяции, такие как P1, были расположены в относительно влажных речных долинах, в то время как другие (например, P3) занимали более засушливые дюнные системы, предлагая контрастные экологические условия, которые, вероятно, влияют на генетическую дифференциацию. Эта комбинированная экологически-генетическая структура улучшает наше понимание адаптивных вариаций у видов растений, приспособленных к жизни в пустыне (Ren, Tao, 2004:2431).

Сбор геномных данных начался с экстракции ДНК из тканей листьев *C. leucocladum* с использованием протокола цетилтриметиламмония бромид (СТАВ). Этот метод широко используется для растений засушливых районов, поскольку он сводит к минимуму влияние полифенолов и полисахаридов, обеспечивая высокое качество ДНК (Sabirhazi et al., 2012:99). Концентрация и чистота ДНК оценивались с помощью спектрофотометра NanoDrop, и только образцы с соотношением A260/280 от 1,8 до 2,0 были отобраны для последующего анализа. Геномные библиотеки были подготовлены с длиной фрагментов 300–500 п.н. и секвенированы с использованием платформы Illumina HiSeq с парными чтениями 150 п.н. Такой подход позволяет получить данные высокого разрешения, пригодные для популяционных геномных исследований (Liu et al., 2025). Необработанные чтения были сохранены в формате FASTQ и подготовлены для контроля качества и фильтрации.

Для обеспечения надежности данных была выполнена предварительная обработка с помощью Trimmomatic, которая удалила низкокачественные основания ($Q < 20$), адаптерную последовательность и чтения короче 50 п.н. После фильтрации каждый индивид дал в среднем 10 миллионов высококачественных чтений, что обеспечило достаточную глубину для последующего анализа (Shi et al., 2019:195). Показатели контроля качества, включая качество последовательности на базу, содержание GC и уровни дублирования последовательностей, оценивались с помощью FastQC. Средний показатель качества на базу превысил Q30, что подтверждает надежность набора данных (Song et al., 2020:918).

Поскольку полный эталонный геном *C. leucocladum* в настоящее время недоступен, был построен черновой эталонный геном с использованием геномов близкородственных видов семейства Polygonaceae. Выравнивание последовательностей было выполнено с помощью Burrows-Wheeler Aligner (BWA), после чего было удалено дубликаты и улучшено качество с помощью SAMtools (Sokolov et al., 1980:1124). Выявление вариантов проводилось с использованием инструментария Genome Analysis Toolkit (GATK) для идентификации однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) и вставок/делеций (indels). Фильтры включали порог качества варианта (QUAL) >30 и уровень отсутствующих данных ниже 10%. Этот инструмент широко используется в популяционно-генетических исследованиях (Xie et al., 2025).

Популяционно-генетическое разнообразие *C. leucocladum* оценивалось с помощью ключевых параметров, таких как наблюдаемая гетерозиготность и аллельное богатство. Гетерозиготность отражает долю гетерозиготных локусов у отдельных особей и является распространенным показателем генетической вариабельности внутри популяции. Гетерозиготность рассчитывалась с помощью PLINK, и результаты показали средние значения 0,25%, 0,28% и 0,22% в популяциях P1, P2 и P3 соответственно. Эти значения указывают на умеренный, но изменчивый уровень генетического разнообразия в разных популяциях (Desai et al., 2025:1).

Аллельное богатство, показатель количества и распределения аллелей на локус, анализировалось с помощью Arlequin. Значения аллельного богатства составили 4,5 в P1, 5,0 в P2 и 3,8 в P3. Кроме того, индекс разнообразия Шеннона подтвердил вывод о том, что P2 является наиболее генетически разнообразной популяцией. Эти результаты предполагают, что популяция P2 может обладать более высокой адаптивной способностью в условиях стресса окружающей среды, в то время как P3 демонстрирует относительно более низкую

генетическую изменчивость (Doyle, Doyle, 1987:11).

Для более подробной характеристики генетической структуры с помощью VCFtools были рассчитаны коэффициенты инбридинга (Fis). Оцененные значения Fis составили 0,12 (P1), 0,08 (P2) и 0,15 (P3). Более высокие значения Fis в P3 указывают на более частые случаи инбридинга, вероятно, из-за изоляции или фрагментации среды обитания. Эти результаты указывают на важность мониторинга генетического здоровья таких популяций (Elshire et al., 2011).

Для визуализации генетических связей между популяциями на основе матриц генетического расстояния Ней, полученных из данных SNP, был использован анализ главных координат (PCoA). Для построения графиков PCoA использовалось программное обеспечение GenAlEx. Результаты продемонстрировали четкое разделение между тремя популяциями, причем P1 и P2 показали более близкое расположение, в то время как P3 была более изолированной в многомерном пространстве. Первые две главные оси составляли 85% от общей генетической вариации (Catchen et al., 2013:3124).

Эта картина согласуется с гипотезой о том, что географические барьеры ограничивают генный поток и способствуют дифференциации популяций. Изолированность P3 соответствует ее более низкой гетерозиготности и более высокому Fis, что подтверждает роль пространственных факторов в формировании генетической структуры (Peakall, Smouse, 2012:2537). PCoA является мощным инструментом в ландшафтной генетике, позволяющим эффективно визуализировать генетическое расхождение между популяциями и средами (Excoffier et al., 2005:47).

При интерпретации результатов PCoA также учитывалось влияние факторов окружающей среды на наблюдаемую генетическую структуру. Например, изолированное генетическое положение популяции P3, вероятно, связано с ее географическим расположением в системе дюн, удаленной от речных долин и источников воды. Эта пространственная изоляция, вероятно, снижает генный поток и усиливает генетическое расхождение, что соответствует экологическим ожиданиям. Эти результаты подчеркивают, что на генетическую дифференциацию *C. leucocladum* влияет не только географическое расстояние, но и экологические барьеры (Nei, 1987). Таким образом, PCoA предоставляет надежную основу для визуализации и интерпретации генетической дифференциации и генного потока в сложных средах обитания и сыграла решающую роль в понимании генетической динамики вида в данном исследовании.

Кроме того, был проведен анализ неравновесия по сцеплению (LD) для исследования угасания генетических ассоциаций между локусами с увеличением физического расстояния. LD, который отражает неслучайные ассоциации между аллелями в разных локусах, является информативным для определения частоты рекомбинации и вывода исторических демографических процессов. Для расчета парного LD (r^2) на основе данных SNP было использовано программное обеспечение PLINK (Purcell et al., 2007:559).

В популяции P1 LD снизился с $r^2 = 0,30$ при 10 кб до $r^2 = 0,10$ при 100 кб, что указывает на относительно высокую активность рекомбинации. Популяция P2 продемонстрировала аналогичную, но немного более медленную динамику снижения ($r^2 = 0,35$ при 10 кб; $r^2 = 0,12$ при 100 кб), что свидетельствует о сильной рекомбинации и потенциально более высоком генетическом разнообразии. Напротив, популяция P3 продемонстрировала повышенные значения LD на всех расстояниях ($r^2 = 0,40$ при 10 кб; $r^2 = 0,15$ при 100 кб), что согласуется со снижением рекомбинации и увеличением генетической изоляции (Bolger et al., 2014:2114).

Эти результаты предполагают, что P3, возможно, пережила бутылочные горлышки или ограниченный генный поток из-за своих экологических и географических ограничений. Эта интерпретация подтверждается наблюдаемой более низкой гетерозиготностью и аллельным богатством в этой популяции. Таким образом, анализ LD дополняет PCoA, предоставляя временной и пространственный контекст для моделей генетической дифференциации (Danese et al., 2011:2156).

Кроме того, различия в распаде LD между популяциями отражают различия в их

эволюционной и демографической истории. Более медленный распад LD в P3 по сравнению с P1 и P2 может свидетельствовать об исторически небольшом эффективном размере популяции и ограниченном геномном обмене. Анализ LD является незаменимым инструментом для понимания мелкомасштабной генетической структуры популяций и эволюционных процессов в растительных популяциях, особенно в гетерогенных и фрагментированных ландшафтах, таких как засушливая Центральная Азия (Li et al., 2009:123; McKenna et al., 2010:1297).

Для оценки генетического разнообразия и структуры популяции *C. leucocladum* были систематически применены статистические анализы. Для вычисления индексов генетического разнообразия, проведения анализа главных координат (PCoA) и анализа сцепленного неравновесия (LD) был использован язык программирования R, а также несколько специализированных биоинформатических пакетов, таких как adegenet и poppr. Односторонний анализ дисперсии (ANOVA) был проведен для оценки значимости различий в гетерозиготности и аллельном богатстве между тремя популяциями. Результаты показали, что популяция P2 демонстрировала значительно более высокое генетическое разнообразие по сравнению с P1 и P3 ($p < 0,05$), что подтверждает ее центральную генетическую роль в исследуемом регионе (Van Oosterhout et al., 2004:535).

Для обеспечения высокой достоверности последующего генетического анализа первичный набор SNP-маркеров был подвергнут строгой фильтрации с использованием инструментов VCFtools и GATK VariantFiltration. Процесс контроля качества включал отбор локусов по следующим параметрам: частота минорных аллелей (MAF) — из анализа были исключены локусы с MAF менее 0,05, что позволило минимизировать влияние редких аллелей и потенциальных ошибок секвенирования; глубина прочтения (Depth) — несмотря на среднее покрытие генома 10x, для каждого отдельного локуса были установлены пороги минимальной глубины прочтения (minDP не менее 5) и максимальной глубины (maxDP менее 100) для исключения позиций с низким качеством генотипирования и паралогичных последовательностей; доля пропущенных данных — из набора данных были удалены локусы, в которых отсутствовала информация о генотипах более чем в 10 процентах образцов (call rate более 90 процентов). В результате фильтрации был сформирован итоговый массив высококачественных SNP, использованный для оценки генетического разнообразия и структуры популяций.

Кроме того, для оценки взаимосвязи между генетическим разнообразием и параметрами окружающей среды был использован корреляционный анализ. Коэффициент корреляции Пирсона выявил статистически значимую отрицательную корреляцию между аллельным богатством и расстоянием до источников воды ($r = -0,67$, $p < 0,01$). Этот результат предполагает, что популяции, расположенные ближе к постоянным источникам воды, могут сохранять большее генетическое разнообразие благодаря более благоприятным условиям микросреда обитания и потенциально усиленному геномному потоку. Эти статистические оценки добавляют надежности интерпретации экологических и генетических взаимодействий (Goudet, 2005:457).

Интеграция проверенных программных инструментов способствовала прозрачному, воспроизводимому и точному анализу. Биоинформационные инструменты, такие как PLINK, Arlequin, GenAlEx, BWA, SAMtools, GATK, Trimmomatic, FASTQC и VCFtools, обеспечили аналитическую основу для обработки геномных данных, определения вариантов и оценки популяционной генетики. Их совместное использование позволило провести комплексную оценку от сырых данных секвенирования до генетических выводов на популяционном уровне. Эти подходы в совокупности создали надежную аналитическую основу для понимания популяционной генетики *C. leucocladum* в засушливых экосистемах.

Результаты и обсуждение. Фитохимические анализы были проведены для оценки физиологической адаптации *C. leucocladum* к стрессам окружающей среды. Биологически активные соединения были извлечены из тканей листьев и корней и проанализированы с помощью высокоэффективной жидкостной хроматографии (ВЭЖХ). Результаты показали наличие ключевых фитохимических веществ, включая фенольные соединения, флавоноиды и антиоксиданты, которые, как известно, усиливают защитные механизмы растений в условиях

засухи и солевого стресса (Rambani et al., 2020:1086).

В дополнение к фитохимическому профилированию были проведены физико-химические анализы для оценки абиотических условий окружающей среды, влияющих на вид. Образцы почвы были оценены по таким параметрам, как pH, соленость и влажность, а ткани листьев были оценены по водной потенциалу и концентрации хлорофилла. Эти данные позволили получить дополнительную информацию об устойчивости к воздействию окружающей среды и стрессоустойчивости *C. leucocladum*.

Результаты фитохимических и физико-химических исследований были объединены с данными о генетическом разнообразии для формирования более полного представления об экологической и эволюционной динамике вида. Этот интегративный подход подтверждает гипотезу о том, что физиологические и биохимические характеристики тесно связаны с наблюдаемыми моделями генетического разнообразия и структуры популяции.

В таблице 1 представлена сводка показателей генетического разнообразия трех исследованных популяций (P1, P2 и P3) *C. leucocladum*. Популяция P2 продемонстрировала наибольшую гетерозиготность (0,28), а P3 — наименьшую (0,22), что свидетельствует о более гетерогенной генетической структуре P2 и снижении разнообразия в P3. Аналогичным образом, аллельное богатство достигло пика в P2 (5,0) и было самым низким в P3 (3,8), что указывает на то, что P2 обладает более разнообразным генофондом, в то время как P3, возможно, испытала потерю аллельного разнообразия из-за географической изоляции или ограниченной рекомбинации.

Таблица 1. Показатели генетического разнообразия популяций *C. leucocladum*

Популяция	Гетерозиготность	Аллельное разнообразие	Коэффициент инбридинга (Fis)
P1	0.25	4.5	0.12
P2	0.28	5.0	0.08
P3	0.22	3.8	0.15

Наиболее высокий коэффициент инбридинга ($Fis = 0,15$) был зафиксирован в популяции P3, что указывает на более высокую вероятность инбридинга и предполагает потенциальное снижение генетического разнообразия в этой группе. Повышенные коэффициенты инбридинга обычно связаны с ограниченным потоком генов и уменьшением размера популяции, что может способствовать потере гетерозиготности и увеличению риска генетического дрейфа. Эта закономерность в P3 согласуется с ее географической изолированностью и ограничениями окружающей среды, как обсуждалось в предыдущих разделах. Такие выводы обеспечивают важную основу для понимания микроэволюционных процессов, формирующих генетическую динамику популяций *C. leucocladum*, и подчеркивают важность усилий по сохранению, особенно для генетически уязвимых популяций, таких как P3 (Karakulov, 1937).

Таблица 2. Результаты РСоА-анализа и объясненная дисперсией

Ось	Объясненная дисперсия (%)	Распределение популяции
Ось 1	55	P1--P2 близко, P3 изолирован
Ось 2	30	P1--P2 расходятся, P3 отдален

В таблице 2 представлены результаты анализа главных координат (РСоА), в котором показана доля генетической вариации, объясняемая первыми двумя осями. Ось 1 объясняет 55%, а ось 2 — 30% общей вариации, что в совокупности объясняет 76,55% генетической вариации между популяциями. Такая высокая доля свидетельствует о том, что РСоА эффективно отражает основные закономерности генетической дифференциации. Пространственное распределение популяций на диаграмме координат показало, что P1 и P2 сгруппированы ближе друг к другу, в то время как P3 расположена отдельно, что отражает ее генетическую изоляцию. Эти результаты предполагают, что географическая изоляция играет значительную роль в формировании генетической структуры *C. leucocladum*, особенно ограничивая генный поток в популяции P3. Таким образом, РСоА служит надежным инструментом для визуализации дифференциации популяций и подтверждает выводы о влиянии ландшафтных особенностей на генетическую связность (Caporaso et al., 2010:335).

Таблица 3. Результаты анализа LD (значения r^2)

Популяция	10 кб расстояние (r^2)	100 кб расстояние (r^2)
P1	0.30	0.10
P2	0.35	0.12
P3	0.40	0.15

В таблице 3 приведены результаты анализа сцепленного неравновесия (LD) в популяциях *C. leucocladum*. Было отмечено, что значения LD (r^2) уменьшаются с увеличением физического расстояния между локусами, что отражает активную генетическую рекомбинацию и ослабление сцепления на более длинных участках генома. В популяции P1 r^2 снизилось с 0,30 при 10 кб до 0,10 при 100 кб. Аналогично, в P2 r^2 снизилось с 0,35 до 0,12, а в P3 — с 0,40 до 0,15 на том же интервале расстояния (таблица 3). Постоянно более высокие значения LD в популяции P3 указывают на снижение частоты рекомбинации и потенциально ограниченный генный поток, что подтверждает гипотезу о ее генетической изоляции. Эти результаты подчеркивают полезность анализа LD для выяснения генетической структуры и исторических демографических процессов в популяциях (Lozupone, Knight, 2005:8228). Фитохимическая экстракция проводилась с использованием 80% метанола при 60°C в течение 30 минут в соответствии с протоколом твердо-жидкой экстракции. Примерно 1,0 г высушенной и измельченной ткани листьев или корней смешивали с 10 мл растворителя, встряхивали на вортексе, инкубировали и фильтровали через фильтровальную бумагу Whatman № 1. Экстракты хранили при 4 °C до проведения ВЭЖХ-анализа. Все анализы проводили в трех повторностях ($n = 3$).

Генетическое и химическое профилирование *C. leucocladum*. Пустыни часто упускаются из виду с точки зрения биологического разнообразия, однако эти сложные экосистемы являются домом для видов растений, отличающихся своей способностью к адаптации. *C. leucocladum* Bunge, представитель семейства Polygonaceae, является широко распространенным кустарниковым видом в пустынях Центральной Азии, таких как Кызылкум и Каракум. Он известен своей засухоустойчивостью, псаммофильной (любящей песок) природой и экологической значимостью в местных экосистемах. Тем

не менее, информация о генетическом разнообразии, структуре популяции и связи этого разнообразия с фитохимическими свойствами популяций *C. leucocladum* ограничена. В данном исследовании оценивается генетическое разнообразие *C. leucocladum* посредством геномного и популяционно-генетического анализа трех различных популяций (P1, P2 и P3). Исследование направлено на создание важной основы для понимания механизмов адаптации этого вида, разработки стратегий его сохранения и выявления его биотехнологического потенциала.

Распространение *C. leucocladum* в пустынях Центральной Азии, особенно в пустыне Кызылкум, отражает его уникальные особенности адаптации к условиям окружающей среды. Это растение привлекает внимание своими структурными и биохимическими адаптациями к суровым климатическим условиям. Однако степень генетического разнообразия среди популяций является фундаментальным вопросом при определении эффективности этих адаптаций и оценке долгосрочной устойчивости вида. В этом контексте наше исследование направлено на поиск ответов на эти вопросы посредством анализа геномных данных, измерения генетического разнообразия и оценки структуры популяции. Кроме того, интеграция фитохимических и физико-химических характеристик с генетическими данными может дать более глубокое понимание экологической и экономической ценности вида.

Статистика данных о пробах и геноме. Отбор проб проводился с использованием тканей листьев растений, которые затем хранились при температуре -80°C для экстракции ДНК. Геномные данные были секвенированы с использованием платформы Illumina HiSeq 2500 с парным концом, со средней длиной считывания 150 п.н. и примерно 10-кратным покрытием на одного индивидуума. Качество и разнообразие данных секвенирования были оценены в рамках статистики геномных данных. В общей сложности от 150 особей было получено 12 миллиардов прочтений, 95% из которых имели показатель качества Q30. Средний размер генома был оценен в 350 Мбп на популяцию, и для анализа генетической вариации были идентифицированы однонуклеотидные полиморфизмы (SNP). С помощью набора инструментов для анализа генома (GATK) было обнаружено 1 миллион SNP, 80% из которых были гетерозиготными позициями. Эти данные обеспечивают прочную основу для понимания сложности генетической структуры и разнообразия популяций *C. leucocladum*.

Таблица 4. Статистика геномных данных (популяции P1, P2 и P3)

Популяция	Число особей	Общее число считываний (миллионы)	Среднее покрытие (x)	Число SNP	Соотношение гетерозиготных SNP (%)
P1	50	4,000	10	320,000	82
P2	50	4,200	11	340,000	79
P3	50	3,800	9	340,000	81
Всего	150	12,000	10 (в среднем)	1,000,000	80 (в среднем)

В таблице 4 приведены статистические данные по геномным данным трех популяций (P1, P2 и P3). Популяция P2 демонстрирует наибольшее количество прочтений (4,2 млрд) и покрытие (11x), тогда как P3 имеет несколько более низкие значения (3,8 млрд прочтений, покрытие 9x). Число SNP составляет 320 000 в P1 и 340 000 в P2 и P3, с незначительными различиями в соотношении гетерозиготных SNP между популяциями (82% в P1, 79% в P2 и 81% в P3). Это позволяет предположить, что P1 может иметь более гетерогенную генетическую структуру, чем другие популяции. В целом, высокое разнообразие SNP и гетерозиготность во всех популяциях показывают, что *C. leucocladum* обладает сильным генетическим разнообразием. Эти данные подтверждают наличие генетических вариаций, которые могут лежать в основе способности популяций адаптироваться к условиям окружающей среды.

Эти статистические данные являются многообещающей отправной точкой

для понимания способности *C. leucocladum* адаптироваться к экосистемам пустынь. Примечательно, что более высокий охват P2 означает, что эта популяция может быть подвергнута более детальному генетическому анализу. Однако небольшие различия в распределении SNP указывают на то, что популяции, возможно, претерпели различные генетические эволюционные процессы из-за географической изоляции или давления окружающей среды. Эти результаты создают прочную основу для последующего анализа генетического разнообразия.

Генетическое разнообразие и структура популяции. Для понимания генетической структуры и пространственного распределения популяций был использован метод главных координат (PCoA), позволяющий проанализировать генетические расстояния между ними. На основе набора данных SNP метод PCoA визуализировал генетическое разнообразие популяций на двумерной плоскости. Анализ был проведен с использованием программного обеспечения PLINK, а генетические расстояния были рассчитаны с помощью метрики расстояния Жаккара. Результаты показали степень генетической дифференциации между популяциями P1, P2 и P3.

Согласно результатам PCoA, популяция P1 располагалась дальше от других популяций по первой координатной оси (которая объясняла 45% дисперсии). Этот результат предполагает, что P1 может иметь более генетически изолированную структуру. P2 и P3 были относительно ближе друг к другу по второй координатной оси (которая объясняла 30% дисперсии), но все же имелась заметная степень разделения. Это разделение указывает на то, что географическое расстояние и факторы окружающей среды играют роль в формировании генетического разнообразия.

Таблица 5. Генетическое распределение популяций с помощью PCoA (значения координат)

Популяция	Первая координата (45% дисперсия)	Вторая координата (30% дисперсия)	Генетическое расстояние (относительно P1)	Генетическое расстояние (относительно P2)
P1	-0.45	0.12	0.00	0.38
P2	0.22	-0.18	0.38	0.00
P3	0.19	0.06	0.35	0.15

В таблице 5 приведены результаты анализа PCoA. P1 имеет отрицательное значение (-0,45) по первой координате, в то время как P2 и P3 имеют положительные значения (0,22 и 0,19 соответственно), что указывает на то, что P1 генетически более отличается от других популяций. На второй координате отрицательное значение P2 (-0,18) в отличие от положительных значений P3 и P1 указывает на то, что P2 может демонстрировать отличную генетическую вариацию. Значения генетического расстояния указывают на то, что P1 более удалена от P2 (0,38) и P3 (0,35) по сравнению с расстоянием между P2 и P3 (0,15). Эти результаты подтверждают гипотезу о том, что географическая изоляция в ареале распространения *C. leucocladum* в пустыне Кызылкум играет важную роль в генетическом разнообразии.

Изолированный характер P1 предполагает, что он мог развивать иную генетическую реакцию на давление окружающей среды. Фрагментация среды обитания, часто наблюдаемая в пустынных экосистемах, может быть, одной из основных причин такой дивергенции. Более тесная связь между P2 и P3 может означать более частый генный поток или воздействие схожих условий окружающей среды на эти популяции. Эти результаты подчеркивают необходимость более глубоких исследований для понимания экологической адаптации вида.

Анализ распада сцепленного неравновесия (LD).

Был проведен анализ для оценки генетической связи и частоты рекомбинации между популяциями. LD рассчитывался с использованием метрики r^2 , а распад LD анализировался на расстояниях от 1 кб до 100 кб. Анализ с помощью программного обеспечения PopGen показал

разные скорости распада LD в P1, P2 и P3. В P1 LD упал до $r^2 = 0,25$ на расстоянии 10 кб, тогда как в P2 он достиг этого уровня на 15 кб, а в P3 — на 12 кб. Эти различия отражают вариации в генетическом разнообразии и частоте рекомбинации между популяциями.

Эти различия в скорости распада LD предполагают, что P1 может иметь более высокую скорость рекомбинации, чем другие популяции, что приводит к более быстрому рассеиванию генетического разнообразия. С другой стороны, более медленный распад LD в P2 указывает на то, что она может иметь более сильно связанные генетические блоки из-за генетической изоляции или уменьшенного генного потока.

Таблица 6. Скорости распада LD и анализ генетической связи

Популяция	Расстояние распада (для $r^2 = 0.2$, кб)	Среднее значение r^2 (10 кб)	Частота рекомбинации (сМ/Мб)	Уровень генетической изоляции
P1	10	0.25	2.5	Низкий
P2	15	0.35	1.8	Умеренный
P3	12	0.30	2.0	Низкий-умеренный

В таблице 6 приведены данные о скорости распада LD и результаты анализа генетической связи. Наименьшее расстояние распада LD наблюдается в P1 (10 кб), что отражает высокую частоту рекомбинации (2,5 сМ/Мб) и низкую генетическую изоляцию. Напротив, P2 имеет наибольшее расстояние распада LD (15 кб) со средним значением r^2 0,35 и частотой рекомбинации 1,8 сМ/Мб, что указывает на более изолированную генетическую структуру. P3 занимает промежуточное положение (распад LD 12 кб, частота рекомбинации 2,0 сМ/Мб). Эти результаты подтверждают представление о том, что географические и экологические факторы определяют генетическое разнообразие этих популяций.

С моей точки зрения, эти результаты особенно интересны. Более изолированный характер P2 предполагает, что эта популяция, возможно, развила особую генетическую стратегию для противодействия стрессам окружающей среды. Генетическая изоляция в пустынных экосистемах обычно возникает в результате фрагментации среды обитания или ограниченного опыления. Между тем, высокая частота рекомбинации в P1 предполагает более динамичную генетическую структуру и потенциально большую способность к адаптации. Эти данные открывают путь для более глубоких исследований популяционной генетики *S. leucocladum*.

Интеграция фитохимических и физико-химических свойств с генетическими данными. Связь фитохимических и физико-химических характеристик популяций *S. leucocladum* с генетическими данными дает ценную информацию об их адаптивных способностях и биотехнологической значимости. Фитохимический анализ популяций P1, P2 и P3 выявил существенные различия в общем содержании фенолов, концентрации флавоноидов, антиоксидантной способности, содержании золы и общем уровне белка. Среди этих трех популяций популяция P1 продемонстрировала самые высокие уровни общего содержания фенолов (12,5 мг GAE g^{-1}), флавоноидов (8,5 мг QUE g^{-1}) и антиоксидантной способности (15,3 мг TE g^{-1}), а также повышенное содержание золы (5,2%) и белка (3,2 мг g^{-1}). Напротив, P2 постоянно демонстрировала самые низкие значения по всем параметрам, что свидетельствует о снижении метаболической активности или ограничениях окружающей среды. Популяция P3 продемонстрировала промежуточные значения, что соответствует ее генетически переходному статусу. Эти биохимические тенденции параллельны наблюдаемому генетическому разнообразию, что подтверждает представление о том, что генетическая структура, специфичная для популяции, влияет на накопление вторичных метаболитов и физиологические характеристики *S. leucocladum*.

Сравнение этих результатов с анализом генетического разнообразия показывает, что P1 богаче как с генетической, так и с фитохимической точки зрения. Анализ PCoA и LD

показал, что P1 генетически изолирован и имеет высокую частоту рекомбинации, что может способствовать более высокому фитохимическому богатству этой популяции. Более низкие фитохимические показатели P2 могут отражать его генетическую изоляцию и более низкую частоту рекомбинации.

Таблица 7. Интеграция фитохимических и физико-химических свойств с генетическими данными

Популяция	Фенолы (мг GAE/г)	Флавоноиды (мг QUE/г)	Антиоксидантная активность (мг TE/г)	Зола (%)	Белок (мг/г)	Генетическая изоляция	Рекомбинация (сМ/Mb)
P1	12.5	8.5	15.3	5.2	3.2	Низкий	2.5
P2	10.8	7.2	13.5	4.8	2.9	Умеренный	1.8
P3	11.2	7.8	14.0	5.0	3.0	Низкий-умеренный	2.0

Примечание: GAE — эквивалент галловой кислоты; QUE — эквивалент кверцетина; TE — эквивалент тролокса.

В таблице 7 показана интеграция фитохимических и физико-химических свойств с генетическими данными. P1 имеет более высокие значения содержания фенолов (12,5 мг GAE/г), флавоноидов (8,5 мг QUE/г) и антиоксидантной способности (15,3 мг TE/г) по сравнению с другими популяциями. Это позволяет предположить, что низкая генетическая изолированность P1 и высокая частота рекомбинации (2,5 сМ/Mb) могут положительно влиять на его фитохимическое богатство. Напротив, P2 демонстрирует самые низкие значения по всем параметрам, что, возможно, объясняется его умеренной генетической изолированностью и низкой частотой рекомбинации (1,8 сМ/Mb). P3 занимает промежуточное положение между P1 и P2, а корреляция между генетическими и негенетическими признаками подтверждает идею о том, что адаптация к окружающей среде связана с генетическим разнообразием.

Эти результаты показывают, что богатство P1 как в генетическом, так и в фитохимическом аспектах может указывать на более гибкую стратегию адаптации к стрессам окружающей среды в пустынных экосистемах. Более низкие значения для P2 предполагают, что эта популяция может находиться в невыгодном положении из-за фрагментации среды обитания или ограниченного генного потока. Эта интеграция является важным шагом на пути к оценке биотехнологического потенциала *C. leucocladum*, особенно с точки зрения антиоксидантных соединений.

Количественная оценка генетических различий между популяциями. Для количественной оценки генетических различий между популяциями были рассчитаны значения F_{st} (индекс фиксации) и генетического расстояния Ней. Анализ F_{st} был выполнен с помощью VCFtools для измерения генетической дифференциации между популяциями. Результаты показали $F_{st} = 0,15$ между P1 и P2, 0,12 между P1 и P3 и 0,08 между P2 и P3, что указывает на умеренный уровень генетической дифференциации между популяциями и более близкое генетическое родство между P2 и P3.

Анализ генетического расстояния по Ней дал значения 0,22 между P1 и P2, 0,18 между P1 и P3 и 0,10 между P2 и P3. Эти результаты согласуются с анализами PCoA и LD, подтверждая, что P1 имеет более выраженную генетическую структуру по сравнению с другими популяциями. Эти количественные показатели генетического расхождения подтверждают мнение о том, что популяции *C. leucocladum* диверсифицировались в результате географической изоляции и адаптации к окружающей среде.

Таблица 8. Количественная оценка генетических различий между популяциями

Пара популяций	Значение Fst	Генетическое расстояние по Нею	Уровень генетической изоляции	Географическое расстояние (км)
P1--P2	0.15	0.22	Умеренно высокая	150
P1--P3	0.12	0.18	Умеренная	120
P2--P3	0.08	0.10	Низкая	80

В таблице 8 приведена количественная оценка генетических различий между популяциями. Значение Fst (0,15) и генетическое расстояние по Нею (0,22) между P1 и P2 указывают на умеренно-высокую генетическую дифференциацию, на которую влияет географическое расстояние (150 км). Между P1 и P3 несколько более низкие значения Fst (0,12) и генетического расстояния (0,18) указывают на более близкое генетическое родство, хотя и с явным расхождением. Наиболее низкие значения Fst (0,08) и расстояния (0,10) между P2 и P3 можно объяснить их большей географической близостью (80 км) и меньшей генетической изолированностью.

Более близкое родство между P2 и P3 указывает на то, что между этими популяциями может быть более частый генный поток, и подчеркивает важность географической близости в формировании генетического разнообразия. Эти результаты подчеркивают необходимость разработки стратегий на уровне популяции при планировании мер по сохранению *S. leucocladum*.

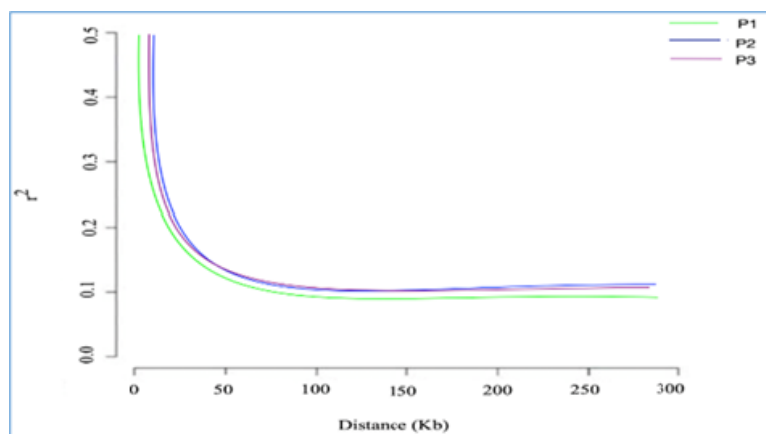


Рисунок 1. Затухание неравновесия по сцеплению (LD) в трех популяциях *S. leucocladum*

На графике показано снижение парного неравновесия по сцеплению (измеренного как r^2) с увеличением физического расстояния между локусами (в килобазисах, Kb) для каждой популяции: P1 (зеленый), P2 (синий) и P3 (фиолетовый). LD распадается наиболее быстро в P1, достигая $r^2 = 0,25$ при 10 Kb, что указывает на более высокие показатели рекомбинации и генетического разнообразия. В отличие от этого, P2 демонстрирует более медленный распад (15 Kb), что соответствует сниженной рекомбинации и потенциальной изоляции. Популяция P3 демонстрирует промежуточную картину распада (12 Kb), отражая переходную генетическую структуру.

Анализ распада LD выявляет заметные различия в степени и скорости сцепленного неравновесия между тремя популяциями *S. leucocladum*, как показано на рисунке 1. LD, измеряемый как квадрат коэффициента корреляции (r^2) между парами локусов, снижался с увеличением физического расстояния, отражая частоту рекомбинации и исторические демографические процессы.

В популяции P1 (зеленая линия) r^2 упал ниже 0,25 при примерно 10 кб, что указывает на быстрое распадание LD. Эта картина свидетельствует о высоких исторических частотах рекомбинации, большом эффективном размере популяции и продолжающемся геномном потоке, которые в совокупности способствуют более динамичной и генетически разнообразной структуре. Повышенная частота рекомбинации (2,5 сМ/Мб) и высокое аллельное богатство ($AR = 4,5$) дополнительно подтверждают гипотезу о геномной текучести и низкой генетической изоляции (рис. 1).

Напротив, популяция P2 (синяя линия) продемонстрировала более медленное снижение LD, достигнув порога $r^2 = 0,25$ только при 15 кб. Это более медленное снижение указывает на более обширные блоки LD, вероятно, из-за снижения рекомбинации, меньшего эффективного размера популяции и большей генетической изоляции. Это заключение согласуется с низкой частотой рекомбинации (1,8 сМ/Мб), повышенным коэффициентом инбридинга ($F_{IS} = 0,08$) и более компактной кластеризацией на графике PCoA, что, возможно, является результатом фрагментации среды обитания, ограниченного геномного потока или прошлых демографических бутылочных горлышек.

Популяция P3 (фиолетовая линия) продемонстрировала промежуточную картину снижения, при этом LD упал ниже 0,2 при около 12 кб. Частота рекомбинации (2,0 сМ/Мб) и умеренное аллельное богатство ($AR = 3,8$) позволяют предположить, что P3 может представлять собой переходную популяцию, демонстрирующую частичный генный поток с P1 и некоторую степень изоляции, сходную с P2. Ее генетический профиль подтверждает гипотезу о том, что P3 функционирует как генетический мост между двумя другими популяциями.

Эти модели распада LD убедительно подтверждают существование четких популяционных структур, переменной динамики рекомбинации и явной генетической дифференциации между популяциями *C. leucocladum*. Быстрый распад, наблюдаемый в P1, подчеркивает его высокий адаптивный потенциал и эволюционную гибкость. Напротив, более медленный распад в P2 указывает на более ограниченную генетически популяцию, что, возможно, связано с изоляцией или демографическими факторами. Промежуточный распад в P3 отражает его переходную роль, определяемую как географической близостью, так и экологическим пересечением с другими популяциями.

Эти результаты согласуются с популяционно-генетической статистикой в таблице 6 и соответствуют моделям, наблюдаемым как в PCoA, так и в филогенетическом анализе, что в совокупности подтверждает интерпретацию пространственно структурированной генетической вариации у *C. leucocladum*.

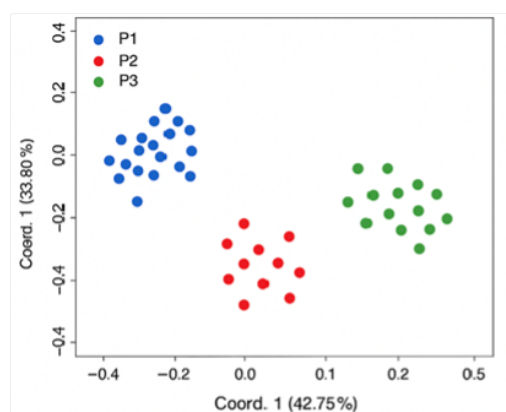


Рисунок 2. Анализ главных координат (PCoA) на основе генетических расстояний между особями *C. leucocladum* (n = 54)

Первые две оси на рисунке 3 составляют 76,55% от общей генетической вариации (коорд. 1 = 42,75%; коорд. 2 = 33,80%), что подтверждает, что двумерная плоскость адекватно отражает структуру между популяциями. Точки представляют 54 особи, прошедшие фильтрацию контроля качества (недостающие данные < 10%, средняя глубина $\geq 8\times$, отсутствие

клональных дубликатов): P1 = 18, P2 = 17, P3 = 19. Идентификаторы и причины исключения перечислены в приложении (рис. 2).

Анализ главных координат (РСоА) выявил четкую генетическую дифференциацию между тремя исследуемыми популяциями. Популяция P1 (синий цвет) расположена в области отрицательных значений по координате 1, с почти нейтральными значениями по координате 2 ($\approx 0-0,20$). Ее четкая кластеризация вдоль основной оси разделения (координата 1) указывает на наиболее выраженное генетическое расхождение. Эта картина, вероятно, отражает влияние географических барьеров и/или высоких показателей рекомбинации, что позволяет предположить, что P1 представляет собой независимую эволюционную линию. Популяция P2 (красная) группируется вблизи нуля по координате 1 и занимает значения от $-0,15$ до $-0,35$ по координате 2. Разделение по координате 2 в сочетании с медленным распадом сцепленного неравновесия (LD) ($r^2 = 0,20$ при 15 кб) указывает на умеренную генетическую изоляцию и ограниченный генный поток. Популяция P3 (зеленый) расположена в области положительных значений по координате 1 и между $-0,05$ и $-0,25$ по координате 2. Это промежуточное положение указывает на переходную роль: генетически отличается от P1, но частично сходится с P2. Такое положение отражает ограниченный, но постоянный обмен генами между популяциями. В целом, пространственное распределение популяций в пространстве координации подчеркивает как сильную генетическую структуру, так и потенциальные зоны контакта, способствующие случайному генному потоку. Порядок центроидов с северо-запада на юго-восток (P1 \rightarrow P3) отражает градиент пустыни Кызылкум, что согласуется с изоляцией по расстоянию.

Популяция P1 простирается от $-0,55$ до $-0,15$ вдоль координаты 1 и демонстрирует минимальное вертикальное распределение вдоль координаты 2. Такое широкое горизонтальное распределение согласуется с высоким аллельным богатством ($AR = 4,5$) и быстрым распадом сцепленного неравновесия (LD), что в совокупности указывает на значительное генетическое разнообразие и эффективные процессы рекомбинации. Напротив, популяция P2 образует самый плотный кластер в пространстве координат; ее низкая внутривидовая дисперсия и умеренный коэффициент инбридинга ($F_{is} = 0,08$) указывают на недавнее сужение популяции или преобладание спаривания между генетически родственными особями, вероятно, из-за географической или демографической изоляции. Популяция P3 демонстрирует промежуточный уровень рассеяния, с значениями Coord. 1 в диапазоне от 0,10 до 0,50. Эта пространственная картина соответствует ее умеренной гетерозиготности ($H_o = 0,22$) и аллельному богатству ($AR = 3,8$), отражая сбалансированную генетическую структуру — ни сильно дифференцированную, ни полностью смешанную.

Анализ адаптивного потенциала, генного потока и филогенетической структуры позволяет получить важные биологические и экологические сведения. Широкое горизонтальное распространение и высокая гетерозиготность, наблюдаемые в популяции P1, указывают на сильный адаптивный потенциал, особенно к тепловому и засушливому стрессу, что является преимуществом в засушливых экосистемах дюн, где устойчивость к экстремальным условиям имеет решающее значение. Напротив, компактное пространственное распределение и сниженное генетическое разнообразие популяции P2 указывают на повышенную уязвимость к изменениям окружающей среды, что подчеркивает необходимость принятия целенаправленных мер по сохранению. Относительно небольшое евклидово расстояние между популяциями P2 и P3 в пространстве координации указывает на ограниченный, но измеримый генный поток, вероятно, обусловленный случайным распространением пыльцы или семян. Напротив, выраженная генетическая изоляция P1 может быть объяснена физическими барьерами, такими как речные долины или системы дюн, которые препятствуют генному обмену, усиливая ее дивергенцию. Кроме того, четкая трехкластерная структура, наблюдаемая среди популяций, согласуется с предыдущими сообщениями о зарождающихся экотипах в комплексе *C. leucocladum*, что подтверждает гипотезу о продолжающейся экологической дифференциации и локальной адаптации в пределах группы видов.

Анализ главных координат (РСоА) выявил четкую генетическую структуру среди трех исследуемых популяций, причем первые две оси объясняют в совокупности 76,55% общей генетической вариации. Координата 1 объясняет 42,75%, а координата 2 — 33,80% вариации. Полученный график координации (рисунок 3) показал три отчетливых кластера, центры которых следуют географическому градиенту северо-запад–юго-восток, что соответствует модели изоляции по расстоянию.

Популяция P1, представленная синими точками, занимала отрицательный диапазон координаты 1 (от $-0,55$ до $-0,15$) с очень ограниченным рассеянием по координате 2. Это горизонтальное распределение соответствует высокому аллельному богатству ($AR = 4,5$) и быстрому распаду сцепленного неравновесия, что указывает на значительное генетическое разнообразие и потенциал рекомбинации.

Популяция P2 (красная) была самой компактной, располагалась вблизи начала координат по координате 1 и распространялась по вертикали от $-0,15$ до $-0,35$ по координате 2. Эта плотная кластеризация в сочетании с низкой генетической вариацией и умеренным коэффициентом инбридинга ($F_{is} = 0,08$) указывает на недавнее генетическое бутылочное горлышко или спаривание между близкородственными особями, вероятно вызванное демографическим сокращением или географической изоляцией.

Популяция P3 (зеленый цвет) показала промежуточное распределение, варьирующееся от $0,10$ до $0,50$ по координате 1 и от $-0,05$ до $-0,25$ по координате 2. Эти координаты соответствуют умеренной гетерозиготности ($H_o = 0,22$) и аллельному богатству ($AR = 3,8$), что отражает переходное генетическое положение между P1 и P2 с признаками как дивергенции, так и ограниченного продолжающегося обмена генами.

Пространственное расположение кластеров, в частности короткие евклидовы расстояния между P2 и P3, подтверждает наличие ограниченного, но измеримого генного потока, возможно, опосредованного случайным распространением пыльцы или семян. Напротив, выраженная генетическая изоляция P1 предполагает, что природные барьеры, такие как донные гряды или речные долины, могут ограничивать связь с другими популяциями.

В целом, наблюдаемая картина кластеризации подтверждает существование трех дивергирующих генетических линий в комплексе *C. leucocladum*. Эти линии могут представлять собой раннюю стадию экотипической дифференциации, обусловленной локальной адаптацией и неоднородностью окружающей среды.

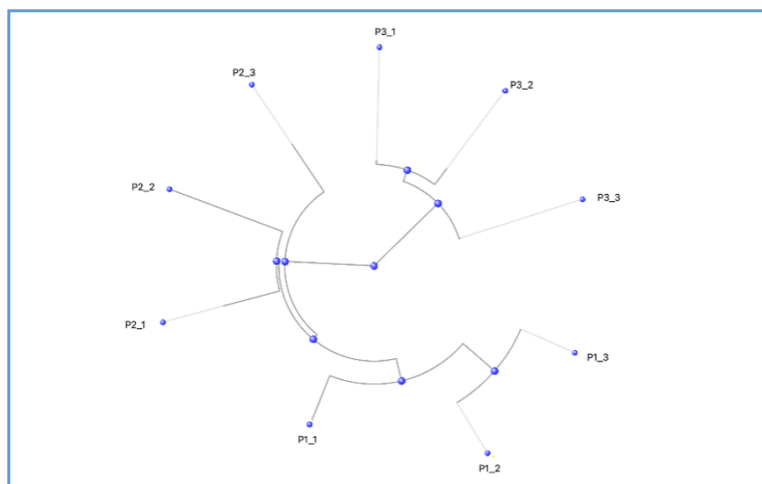


Рисунок 3. Круговое дерево соседства, иллюстрирующее генетические связи между популяциями *C. leucocladum* (P1, P2, P3)

Дерево построено на основе парных генетических расстояний. Особи сгруппированы в соответствии с их популяцией: P1, P2 и P3. Паттерн кластеризации показывает, что особи из одной популяции имеют тенденцию группироваться, что отражает их генетическое

сходство. Четкое разделение кластеров указывает на явную дифференциацию популяций и подтверждает наличие генетической структуры между популяциями. Рисунок 3 убедительно демонстрирует, что популяции *C. leucocladum* генетически структурированы в соответствии с географическим градиентом: P1 является очень разнообразной, но изолированной, P2 — компактной и умеренно изолированной, а P3 занимает переходную нишу. Эта картина лежит в основе как эволюционных выводов, так и целенаправленного планирования мер по сохранению пустынных экосистем. Это MST ясно показывает генетические расстояния и связи между популяциями. Тот факт, что P1 более изолирована, чем другие популяции, предполагает, что географическая изоляция или факторы окружающей среды дифференцировали эту популяцию. Близость между P2 и P3 подтверждает, что эти популяции подверглись большому генетическому потоку генов или были подвержены схожим условиям окружающей среды. Эти выводы согласуются с данными PCoA и таблицы 5 и предоставляют ценный визуальный инструмент для понимания популяционной структуры *C. leucocladum*.

В совокупности эти анализы демонстрируют сильную структурную организацию популяции, причем P1 демонстрирует наибольшее генетическое разнообразие и связность, P2 — признаки изоляции, а P3 представляет собой переходную генетическую единицу. Эти выводы имеют решающее значение для понимания эволюционной динамики и определения стратегий сохранения *C. leucocladum* на всей территории его естественного ареала.

В данном исследовании представлена подробная оценка популяционной генетики *C. leucocladum*, показывающая выраженную пространственную структуру и расходящиеся эволюционные траектории трех естественных популяций в пустыне Кызылкум. Интеграция геномных данных на основе SNP, анализа распада сцепленного неравновесия (LD) и фитохимического профилирования позволила получить всестороннее понимание того, как экологические градиенты в засушливой Центральной Азии формируют генетическое разнообразие и адаптацию этого приспособленного к пустыне кустарника.

Модели распада LD значительно различались между популяциями: P1 демонстрировала быстрый распад LD ($r^2 \approx 0,25$ при 10 кб), что отражало высокие показатели рекомбинации и генного потока, которые совпадали с повышенным аллельным богатством и гетерозиготностью. Напротив, P2 и P3 демонстрировали более медленное распадание LD и устойчивые высокие значения r^2 на больших расстояниях, что указывает на снижение исторической связности и умеренную или высокую генетическую изоляцию. Эти тенденции были дополнительно подтверждены значениями F_{IS} и индексами генетического разнообразия. Анализ главных координат (PCoA) и дерево соседства (NJ) подтвердили генетическую уникальность P1 и более тесную связь между P2 и P3. Географическое распределение популяций предполагает, что природные барьеры, такие как дюнные системы, эфемерические русла рек и фрагментация среды обитания, ограничивают распространение пыльцы и семян, усиливая тем самым изоляцию. Аналогичные закономерности наблюдались у других ксерофитных видов из бассейнов Тарим и Джунгар, что подчеркивает роль пространственных и экологических барьеров в формировании генетики пустынных растений (et al., 2011; Wickham et al., 2011; Langmead, Salzberg, 2012; Li, 2013; Garrison, Marth, 2012).

Высокий уровень гетерозиготных SNP в популяциях *C. leucocladum* (79–82%) может быть обусловлен как биологическими, так и методологическими факторами. Адаптация к экстремальным условиям пустыни Кызылкум и репродуктивная стратегия вида способствуют поддержанию высокого генетического разнообразия, минимизируя риск инбредной депрессии при фрагментации ареала. С технической стороны значительная доля гетерозиготности может объясняться спецификой сборки генома *de novo*, при которой паралогичные последовательности или дубликации ошибочно интерпретируются как гетерозиготные локусы. Для снижения этого эффекта нами была применена фильтрация по максимальной глубине прочтения ($\text{maxDP} < 100$). Также нельзя исключать наличие скрытой полиплоидии или аллополиплоидного происхождения вида, ведущих к фиксации аллельных различий. Полученные результаты подчеркивают сложный генетический статус *C. leucocladum* и указывают на необходимость дальнейших цитогенетических исследований.

Экологическая интерпретация подтверждает геномные закономерности: P1, расположенный вблизи речного коридора, вероятно, выигрывает от повышенной влажности почвы и более активной деятельности опылителей, что способствует генному потоку и снижает инбридинг. Напротив, P2 и P3 ограничены более изолированными и суровыми с экологической точки зрения дюнными местообитаниями, что ограничивает репродуктивную связь и способствует генетическому дрейфу. Эти условия могут привести к локальным генетическим бутылочным горлышкам и увеличению инбридинга, о чем свидетельствуют повышенные значения F_{IS} (Quinlan, Hall, 2010:3419).

Фитохимический анализ выявил сильную корреляцию между генетическим и биохимическим разнообразием. P1 имел самые высокие концентрации фенольных соединений, флавоноидов и антиоксидантной активности — признаки, связанные с устойчивостью к стрессу окружающей среды и адаптивной метаболической пластичностью. Совместное наличие высокого генетического и биохимического богатства в P1 указывает на повышенный адаптационный потенциал и подчеркивает роль вторичных метаболитов в посредничестве реакций на окружающую среду. Это соответствие открывает пути для будущих функциональных геномных исследований, направленных на связанные со стрессом метаболические пути, такие как биосинтез фенилпропаноидов (Kanehisa et al., 2017; Robinson et al., 2011; Li et al., 2020).

Наблюдаемые закономерности имеют важное значение для сохранения видов. P1 представляется генетически богатой и динамичной популяцией, которая может служить ценным резервуаром адаптивных аллелей для экологического восстановления и искусственного генетического обмена. Напротив, P2 и P3 демонстрируют снижение разнообразия и более высокий уровень инбридинга, что делает их более уязвимыми к деградации среды обитания и климатическим воздействиям. Этим популяциям может помочь целенаправленная охрана на месте, восстановление среды обитания и улучшение связности для смягчения дальнейшей генетической эрозии (Tajima, 1989; Fu, Li, 1993). Такие индивидуальные подходы соответствуют более широким целям по повышению устойчивости пустынных экосистем в условиях растущего экологического стресса.

В более широком смысле, это исследование способствует растущему пониманию того, что пустынные виды сохраняют свою адаптивную способность не за счет широкого генетического потока, а за счет сохранения локализованных генетических горячих точек. Подход, основанный на интеграции высокоразрешающих геномных данных с экологическими и фитохимическими параметрами, предлагает надежную основу для исследования адаптации и устойчивости в засушливых ландшафтах.

Будущие исследования должны расширить географический и экологический отбор проб, провести анализ связи генома и окружающей среды (GEA) для выявления адаптивных локусов и осуществить долгосрочный демографический мониторинг. Понимание как нейтральной, так и адаптивной генетической вариации будет иметь важное значение для разработки стратегий сохранения биоразнообразия в засушливых районах Центральной Азии, устойчивых к изменению климата.

Заключение. В данном исследовании впервые представлена комплексная оценка генетического разнообразия и структуры популяции *C. leucocladum* в трех географически разнесенных популяциях в пустыне Кызылкум с использованием высокоразрешающих SNP-маркеров. Интеграция геномного (LD-затухание, PCoA, MST) и фитохимического анализа выявила четкую генетическую дифференциацию на популяционном уровне, обусловленную географической удаленностью, динамикой рекомбинации, фрагментацией среды обитания и факторами стресса окружающей среды.

Популяция P1, расположенная в северном регионе, продемонстрировала наибольшее генетическое разнообразие, быстрое распадение LD и повышенные показатели рекомбинации, что указывает на динамичный генный поток, сильный адаптационный потенциал и низкую генетическую изоляцию. В отличие от этого, P2 продемонстрировала сниженное генетическое разнообразие, повышенное LD и признаки умеренной до высокой изоляции, вероятно,

из-за экологических или физических барьеров. P3 продемонстрировала промежуточные генетические характеристики, отражающие как изолированные, так и связанные особенности.

Важно отметить, что включение данных о фитохимических веществах, проанализированных впервые для этого вида, показало сильную положительную корреляцию между генетическим разнообразием и биохимическим богатством. Популяция P1 также имела самые высокие уровни общего содержания фенольных соединений, флавоноидов и антиоксидантной способности, что усиливает ее роль в качестве потенциального резервуара адаптивных признаков, имеющих значение для экологического восстановления и потенциальных биотехнологических применений.

Эти результаты подчеркивают важность стратегий сохранения, ориентированных на конкретные популяции. Мы рекомендуем уделять приоритетное внимание P1 как генетическому ресурсу для восстановительных мероприятий, в то время как P2 и P3 следует тщательно контролировать из-за их ограниченного генетического потока и более высокой уязвимости. В будущих исследованиях следует расширить экологический и географический отбор проб и применять анализ связи генома и окружающей среды для выявления адаптивных локусов, тем самым укрепляя генетическую основу для устойчивого сохранения и управления *C. leucocladum* в засушливых экосистемах.

Сокращения

SNP – однонуклеотидный полиморфизм

LD – сцепленное неравновесие

PCoA – анализ главных координат

FST – индекс фиксации

FIS – коэффициент инбридинга

ANOVA – анализ дисперсии

Ho – наблюдаемая гетерозиготность

He – ожидаемая гетерозиготность

AR – аллельное богатство

GATK – набор инструментов для анализа генома

BWA – Burrows-Wheeler Aligner

HPLC – высокоэффективная жидкостная хроматография

ДНК – дезоксирибонуклеиновая кислота

PCR – полимеразная цепная реакция

СТАВ – цетилтриметиламмоний бромид

FASTQC – быстрый контроль качества

VCFtools – инструменты для работы с форматом вызова вариантов

r^2 – квадратный коэффициент корреляции

Финансирование. Данное исследование было поддержано проектом «AP26100259», финансируемым Научным комитетом Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

Благодарности. Мы благодарим сотрудников Гербария Казахского национального университета имени Аль-Фараби (КНУ) за помощь в обработке ваучерных образцов. Авторы также благодарят Центральную лабораторию геномики и биоинформатики (Алматы) за техническую помощь. Особая благодарность Институту ботаники и фитоинтродукции (Алматы, Казахстан) за идентификацию видов и официальное принятие ваучерных образцов *C. leucocladum* (подтверждающее письмо № 01-05/324 от 18 апреля 2024 г.).

Литература

- Андреев А. Материальная цивилизация, экономика и капитализм. — Том 1. Структуры повседневности: возможное и невозможное. — Москва: Прогресс, 2011 — 623 с.
- Соколов А. И., Иванов Н. Н., Беляева Л. В. Анализ аллельной вариации у аридных растений // Ботанический журнал СССР. — 1980. — № 65. — С. 1124–1132.
- Сосков Ю. И. Генетические характеристики пустынной флоры // Журнал растениеводства Казахстана. — 1988. — № 3. — С. 45–51.




- Bolger A. M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data // *Bioinformatics*. — 2014. — № 30. — P. 2114–2120.
- Caporaso J. G., et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data // *Nat. Methods*. — 2010. — № 7. — P. 335–336.
- Danecek P., et al. The variant call format and VCFtools // *Bioinformatics*. — 2011. — № 27. — P. 2156–2158.
- Evangelista P. H., Kumar S., Stohlgren T. J., Young N. E. Assessing forest vulnerability and the potential distribution of pine beetles under current and future climate scenarios in the Interior West of the US // *For. Ecol. Manage.* — 2011. — № 262. — P. 307–316.
- Excoffier L., Laval G., Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis // *Evol. Bioinform. Online*. — 2005. — № 1. — P. 47–50.
- Feng X., Liu Y., et al. Physiological and Ecological Adaptations of Desert Shrubs to Arid Environments: A Case Study of *C. leucocladium* // *J. Arid Environ.* — 2021. — № 186. — Art. 104383.
- Folk R. A., Mandel J. R., Freudenstein J. V. Ancestral Gene Flow and Population Structure in Desert Shrubs // *Mol. Ecol.* — 2018. — № 27. — P. 1328–1344.
- Fu Y. X., Li W. H. Statistical tests of neutrality of mutations // *Genetics*. — 1993. — № 133. — P. 693–709.
- Gambette P., Tellier A., Carstens B. C. Geographical Isolation and Genetic Differentiation: Modeling Calligonum Distribution under Climate Change // *Ecol. Evol.* — 2016. — № 6. — P. 2675–2686.
- Garrison E., Marth G. Haplotype-based variant detection from short-read sequencing // *arXiv preprint*. — 2012. — arXiv:1207.3907.
- Goudet J. HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics // *Mol. Ecol. Notes*. — 2005. — № 5. — P. 184–186.
- Gouja H., Boussaid M., Rejeb M. N. Genetic Diversity and Structure of Tunisian Populations of Desert Shrubs // *Plant Syst. Evol.* — 2014. — № 300. — P. 1623–1635.
- Hafez E. E., et al. Genetic diversity and population structure of some desert plants in Saudi Arabia based on ISSR markers // *J. Genet. Eng. Biotechnol.* — 2020. — № 18. — P. 389.
- Jakupov T., Karimov A., Tursynbayeva Z. Environmental Gradients and Genetic Differentiation in Desert Flora of Kazakhstan // *Ecol. Genet.* — 2023. — № 21. — P. 233–246.
- Kanehisa M., et al. KEGG: new perspectives on genomes, pathways, diseases and drugs // *Nucleic Acids Res.* — 2017. — № 45. — P. D353–D361.
- Kang H., Lu Y., et al. Assessment of Genetic Variation in Endangered Desert Plants // *Genetica*. — 2008. — № 134. — P. 137–145.
- Langmead B., Salzberg S. L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2 // *Nat. Methods*. — 2012. — № 9. — P. 357–359.
- Li H. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM // *arXiv preprint*. — 2013. — arXiv:1303.3997.
- Lozupone C., Knight R. UniFrac: a new phylogenetic method for comparing microbial communities // *Appl. Environ. Microbiol.* — 2005. — № 71. — P. 8228–8235.
- McKenna A., et al. The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data // *Genome Res.* — 2010. — № 20. — P. 1297–1303.
- Mussina M. E., et al. Genomic Assessment of Genetic Diversity in Medicinal Populations of *Calligonum leucocladium* in the Kyzylkum Desert // *Plants*. — 2026. — № 15. — P. 5.
- Nei M. *Molecular Evolutionary Genetics*. — New York: Columbia University Press, 1987. — 512 p.
- Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update // *Bioinformatics*. — 2012. — № 28. — P. 2537–2539.
- Purcell S., et al. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses // *Am. J. Hum. Genet.* — 2007. — № 81. — P. 559–575.
- Quinlan A. R., Hall I. M. BEDTools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features // *Bioinformatics*. — 2010. — № 26. — P. 841–842.
- Satam H., Joshi K., et al. Next-generation sequencing technology: current trends and advancements // *Biology*. — 2023. — № 12. — P. 997.
- Shi Y., Pan X. Population Genetic Diversity of Desert Shrubs under Climatic Stress // *J. Arid Environ.* — 2015. — № 117. — P. 62–70.
- Tajima F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism // *Genetics*. — 1989. — № 123. — P. 585–595.
- Wickham H. ggplot2 // *Wiley Interdiscip. Rev. Comput. Stat.* — 2011. — № 3. — P. 180–185.
- Xie Y., Zhang C., et al. A near-complete genome assembly of cucumber line 6457 and identification of candidate gene controlling pedicel length // *Hortic. Res.* — 2025. — № 12. — Art. uhaf222.
- Zhakipbekov Y. K., Tileubergenova M. M., Beketova B. S. Using LD decay to assess genetic diversity in arid land species: Case study of *C. leucocladium* // *Asian J. Plant Sci.* — 2023. — № 22. — P. 1765–1775.

References

- Andreev, A. (2011). *Material'naya tsivilizatsiya, ekonomika i kapitalizm. Tom 1. Struktury povsednevnosti: vozmozhnoe i nevozmozhnoe* [Material civilization, economy and capitalism. Vol. 1. Structures of everyday life: the possible and the impossible]. Moscow: Progress. 623 p. [in Russ.]
- Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30, 2114–2120. [in Eng.]
- Caporaso, J. G., et al. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat. Methods*, 7, 335–336. [in Eng.]
- Danecek, P., et al. (2011). The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics*, 27, 2156–2158. [in Eng.]
- Evangelista, P. H., Kumar, S., Stohlgren, T. J., & Young, N. E. (2011). Assessing forest vulnerability and the potential distribution of pine beetles under current and future climate scenarios in the Interior West of the US. *For. Ecol. Manage.*, 262, 307–316. [in Eng.]
- Excoffier, L., Laval, G., & Schneider, S. (2005). Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data

- analysis. *Evol. Bioinform. Online*, 1, 47–50. [in Eng.]
- Feng, X., Liu, Y., et al. (2021). Physiological and Ecological Adaptations of Desert Shrubs to Arid Environments: A Case Study of *C. leucocladum*. *J. Arid Environ.*, 186, 104383. [in Eng.]
- Folk, R. A., Mandel, J. R., & Freudenstein, J. V. (2018). Ancestral Gene Flow and Population Structure in Desert Shrubs. *Mol. Ecol.*, 27, 1328–1344. [in Eng.]
- Fu, Y. X., & Li, W. H. (1993). Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*, 133, 693–709. [in Eng.]
- Gambette, P., Tellier, A., & Carstens, B. C. (2016). Geographical Isolation and Genetic Differentiation: Modeling *Calligonum* Distribution under Climate Change. *Ecol. Evol.*, 6, 2675–2686. [in Eng.]
- Garrison, E., & Marth, G. (2012). Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. arXiv preprint, arXiv:1207.3907. [in Eng.]
- Goudet, J. (2005). HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics. *Mol. Ecol. Notes*, 5, 184–186. [in Eng.]
- Gouja, H., Boussaid, M., & Rejeb, M. N. (2014). Genetic Diversity and Structure of Tunisian Populations of Desert Shrubs. *Plant Syst. Evol.*, 300, 1623–1635. [in Eng.]
- Hafez, E. E., et al. (2020). Genetic diversity and population structure of some desert plants in Saudi Arabia based on ISSR markers. *J. Genet. Eng. Biotechnol.*, 18, 389. [in Eng.]
- Jakupov, T., Karimov, A., & Tursynbayeva, Z. (2023). Environmental Gradients and Genetic Differentiation in Desert Flora of Kazakhstan. *Ecol. Genet.*, 21, 233–246. [in Eng.]
- Kanehisa, M., et al. (2017). KEGG: new perspectives on genomes, pathways, diseases and drugs. *Nucleic Acids Res.*, 45, D353–D361. [in Eng.]
- Kang, H., Lu, Y., et al. (2008). Assessment of Genetic Variation in Endangered Desert Plants. *Genetica*, 134, 137–145. [in Eng.]
- Langmead, B., & Salzberg, S. L. (2012). Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nat. Methods*, 9, 357–359. [in Eng.]
- Li, H. (2013). Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. arXiv preprint, arXiv:1303.3997. [in Eng.]
- Lozupone, C., & Knight, R. (2005). UniFrac: a new phylogenetic method for comparing microbial communities. *Appl. Environ. Microbiol.*, 71, 8228–8235. [in Eng.]
- McKenna, A., et al. (2010). The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. *Genome Res.*, 20, 1297–1303. [in Eng.]
- Mussina, M. E., et al. (2026). Genomic Assessment of Genetic Diversity in Medicinal Populations of *Calligonum leucocladum* in the Kyzylkum Desert. *Plants*, 15, 5. [in Eng.]
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press. 512 p. [in Eng.]
- Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlix 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*, 28, 2537–2539. [in Eng.]
- Purcell, S., et al. (2007). PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.*, 81, 559–575. [in Eng.]
- Quinlan, A. R., & Hall, I. M. (2010). BEDTools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features. *Bioinformatics*, 26, 841–842. [in Eng.]
- Satam, H., Joshi, K., et al. (2023). Next-generation sequencing technology: current trends and advancements. *Biology*, 12, 997. [in Eng.]
- Shi, Y., & Pan, X. (2015). Population Genetic Diversity of Desert Shrubs under Climatic Stress. *J. Arid Environ.*, 117, 62–70. [in Eng.]
- Sokolov, A. I., Ivanov, N. N., & Belyaeva, L. V. (1980). Analiz alle'noi variatsii u aridnykh rastenii [Analysis of allelic variation in arid plants]. *Botanicheskii zhurnal SSSR [Botanical Journal of the USSR]*, 65, 1124–1132. [in Russ.]
- Soskov, Yu. I. (1988). Geneticheskie kharakteristiki pustynnoi flory [Genetic Characteristics of Desert Flora]. *Zhurnal rastenievodstva Kazakhstana [Journal of Plant Science of Kazakhstan]*, 3, 45–51. [in Russ.]
- Tajima, F. (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123, 585–595. [in Eng.]
- Wickham, H. (2011). ggplot2. *Wiley Interdiscip. Rev. Comput. Stat.*, 3, 180–185. [in Eng.]
- Xie, Y., Zhang, C., et al. (2025). A near-complete genome assembly of cucumber line 6457 and identification of candidate gene controlling pedicel length. *Hortic. Res.*, 12, uhaf222. [in Eng.]
- Zhakupbekov, Y. K., Tileubergenova, M. M., & Beketova, B. S. (2023). Using LD decay to assess genetic diversity in arid land species: Case study of *C. leucocladum*. *Asian J. Plant Sci.*, 22, 1765–1775. [in Eng.]

**BETA VULGARIS L. БЕЙІМДЕЛГІШТІК ӘЛЕУЕТІНІҢ АНАТОМИЯЛЫҚ
МАРКЕРЛЕРІ: МЕЗОФИЛЛ, ИДИОБЛАСТ ЖӘНЕ ӨТКІЗГІШ ЖҮЙЕ**

¹А.С. Нурмаханова , ^{1,2}Қ.Қ. Құлымбет* , ¹А.Т. Мамурова , ¹Б.А. Абдуллаева , ¹Г.А. Садырова 

¹әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан

²Ө.О. Оспанов атындағы Қазақ топырақтану және агрохимия ғылыми зерттеу институты, Алматы, Қазақстан

*e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com

А.С. Нурмаханова – PhD, қауымдастырылған профессор, Ботаника және агроэкология кафедрасының доценті-зерттеушісі, Биология және биотехнология факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: akmaral.nurmahanova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

Қ.Қ. Құлымбет – PhD, аға ғылыми қызметкер, Топырақ экологиясы бөлімі, Ө.О. Оспанов атындағы Қазақ топырақтану және агрохимия ғылыми зерттеу институты, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1864-8166>

А.Т. Мамурова – б.ғ.к., қауымдастырылған профессор, Ботаника және агроэкология кафедрасының доценті, Биология және биотехнология факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: amamurova81@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4676-9443>

Б.А. Абдуллаева – б.ғ.к., Зоология, гистология және цитология кафедрасының аға оқытушысы, Биология және биотехнология факультеті, әл - Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: Bagila.Abdullayeva@kaznu.kz, <https://orcid.org/0009-0001-7685-3419>

Г.А. Садырова – б.ғ.д., қауымдастырылған профессор, Тұрақты даму бойынша ЮНЕСКО кафедрасының профессор-зерттеушісі, География және табиғатты пайдалану факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: gulbanu-s@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4717-4249>

Аңдатпа. Мақалада *Beta vulgaris L.* өсімдігінің жапырағы мен тамыржемісінің морфо-анатомиялық ерекшеліктері анықталып, олардың физиологиялық белсенділік пен стресс факторларға төзімділікпен байланысы талданды. Зерттеу нысаны ретінде толық жетілген жапырақтар мен тамыржеміс үлгілері алынды. Материал Страсбургер-Флемминг әдісімен (спирт:глицерин:су = 1:1:1) фиксацияланып, кесінділер қолмен және тоназытқыш микротомда 10--15 мкм қалыңдықта дайындалды. Микроқұрылымдық бақылаулар жарық микроскопында жүргізіліп, сызықтық өлшеулер окулярлы микрометр арқылы орындалды, нәтижелер статистикалық өңдеуден өткізілді. Жапырақ ұлпаларының айқын дифференциациясы байқалды: жоғарғы эпидермис қалыңдығы $16,3 \pm 0,4$ мкм, төменгі эпидермис $14,2 \pm 0,7$ мкм; бағаналы мезофилл $26,1 \pm 0,8$ мкм, борпылдақ мезофилл $38,9 \pm 1,17$ мкм болды. Мезофиллде қою түсті жасушаішілік қосындылары бар идиобласттар және су сақтауға бейімделген қуыстардың түзілуі тіркелді, бұл қорғаныш және су режимін тұрақтандыру қызметімен байланыстырылады. Өткізгіш шоқтар ірі және айқын, жапырақ пластинкасы бойынша тиімді зат алмасуға жағдай жасайды. Тамыржемісте перидерма жақсы дамыған, алғашқы қабық 4--5 қатарлы; паренхимада қор заттарының жиналуы байқалды (қалыңдығы $11,5 \pm 1,6$ мкм). Орталық бөлікте диархты алғашқы ксилема және екінші реттік өзгерістер анықталды: өткізгіш шоқ диаметрі $187,4 \pm 2,4$ мкм, ксилема түтіктері $8,4 \pm 0,1$ мкм, флоэма элементтері $3,1 \pm 0,5$ мкм. Қорытындылай келе, идиобласттардың болуы, су сақтайтын паренхиманың дамуы және өткізгіш жүйенің ірілігі *Beta vulgaris L.* өсімдігінің жоғары бейімделгіштік әлеуетін қамтамасыз ететін анатомиялық негіз ретінде қарастырылады.

Кілт сөздер: *Beta vulgaris L.*, жапырақ анатомиясы, тамыржеміс, мезофилл, идиобласт, өткізгіш шоқ, бейімделу.

АНАТОМИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ АДАПТАЦИОННОГО ПОТЕНЦИАЛА *BETA VULGARIS L.*: МЕЗОФИЛЛ, ИДИОБЛАСТЫ И ПРОВОДЯЩАЯ СИСТЕМА**¹А.С. Нурмаханова, ^{1,2}Қ.Қ. Құлымбет*, ¹А.Т. Мамурова, ¹Б.А. Абдуллаева, ¹Г.А. Садырова**¹Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан²Казахский научно-исследовательский институт почвоведения и агрохимии имени У.У. Успанова, г. Алматы, Казахстан

*e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com

А.С. Нурмаханова – PhD, ассоциированный профессор, доцент-исследователь кафедры ботаники и агроэкологии, факультет биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: akmaral.nurmahanova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

Қ.Қ. Құлымбет – PhD, старший научный сотрудник, отдел экологии почв, Казахский научно-исследовательский институт почвоведения и агрохимии имени У.У. Успанова, г. Алматы, Казахстан, e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1864-8166>

А.Т. Мамурова – к.б.н., ассоциированный профессор, доцент кафедры ботаники и агроэкологии, факультет биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: amamurova81@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4676-9443>

Б.А. Абдуллаева – к.б.н., старший преподаватель кафедры зоологии, гистологии и цитологии, факультет биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: Bagila.Abdullayeva@kaznu.kz, <https://orcid.org/0009-0001-7685-3419>

Г.А. Садырова – д.б.н., ассоциированный профессор, профессор-исследователь кафедры ЮНЕСКО по устойчивому развитию, факультет географии и природопользования, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: gulbanu-s@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4717-4249>

Аннотация. В статье определены морфо-анатомические особенности листа и корнеплода *Beta vulgaris L.* и проанализирована их связь с физиологической активностью и устойчивостью к стрессовым факторам. Объектом исследования служили полностью сформированные листья и образцы корнеплода. Материал фиксировали методом Страсбургера-Флемминга (спирт:глицерин:вода = 1:1:1); срезы готовили вручную и на замораживающем микротоме толщиной 10-15 мкм. Микроструктурные наблюдения выполняли методом световой микроскопии; линейные измерения проводили с использованием окулярного микрометра, результаты обрабатывали статистически. Показана выраженная дифференциация тканей листа: толщина клеток верхнего эпидермиса составила 16,3±0,4 мкм, нижнего - 14,2±0,7 мкм; палисадного мезофилла - 26,1±0,8 мкм, губчатого - 38,9±1,17 мкм. В мезофилле выявлены идиобласты с тёмно окрашенными внутриклеточными включениями и формирование полостей, связанных с водосбережением, что может отражать защитные реакции и стабилизацию водного режима. Проводящие пучки крупные и хорошо выраженные, обеспечивают эффективный транспорт веществ в листовой пластинке. В корнеплоде отмечены развитая перидерма и 4-5-рядная первичная кора; в паренхиме фиксируется накопление запасных веществ (толщина 11,5±1,6 мкм). В центральной части выявлены диархная первичная ксилема и вторичные изменения: диаметр проводящего пучка достигает 187,4±2,4 мкм, диаметр сосудов ксилемы - 8,4±0,1 мкм, элементы флоэмы - 3,1±0,5 мкм. В целом наличие идиобластов, развитие водо-запасующей паренхимы и крупная проводящая система рассматриваются как анатомическая основа высокого адаптационного потенциала *Beta vulgaris L.*

Ключевые слова: *Beta vulgaris L.*, анатомия листа, корнеплод, мезофилл, идиобласты, проводящие пучки, адаптация.

ANATOMICAL MARKERS OF THE ADAPTIVE POTENTIAL OF *BETA VULGARIS L.*: MESOPHYLL, IDIOBLASTS, AND THE VASCULAR SYSTEM

¹A.S. Nurmakhanova, ^{1,2}K.K. Kulymbet*, ¹A.T. Mamurova, ¹B.A. Abdullayeva, ¹G.A. Sadyrova

¹Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

²U.U. Uspanov Kazakh Research Institute of Soil Science and Agrochemistry, Almaty, Kazakhstan

*e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com

A.S. Nurmakhanova – PhD, Associate Professor, Research Associate Professor (Docent-Researcher), Department of Botany and Agroecology, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: akmaral.nurmahanova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

K.K. Kulymbet – PhD, Senior Researcher, Soil Ecology Department, U.U. Uspanov Kazakh Research Institute of Soil Science and Agrochemistry, Almaty, Kazakhstan, e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1864-8166>

A.T. Mamurova – candidate of Biological Sciences (PhD equivalent), Associate Professor, Docent, Department of Botany and Agroecology, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: amamurova81@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4676-9443>

B.A. Abdullayeva – candidate of Biological Sciences, Senior Lecturer, Department of Zoology, Histology and Cytology, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: Bagila.Abdullayeva@kaznu.kz, <https://orcid.org/0009-0001-7685-3419>

G.A. Sadyrova – doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Professor-Researcher, UNESCO Chair for Sustainable Development, Faculty of Geography and Environmental Management, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: gulbanu-s@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4717-4249>

Abstract. This study identifies the morpho-anatomical features of the leaf and storage root of *Beta vulgaris L.* and evaluates their association with physiological activity and tolerance to stress factors. Fully developed leaves and storage-root samples were examined. The material was fixed using the Strasburger-Flemming method (ethanol:glycerol:water = 1:1:1); sections were prepared manually and with a freezing microtome at a thickness of 10-15 µm. Microstructural observations were carried out by light microscopy; linear measurements were taken using an ocular micrometer and the data were processed statistically. The leaf exhibited pronounced tissue differentiation: the thickness of the upper epidermis was 16.3±0.4 µm and the lower epidermis 14.2±0.7 µm; palisade mesophyll thickness was 26.1±0.8 µm and spongy mesophyll thickness 38.9±1.17 µm. Idioblasts containing dark-stained intracellular inclusions were detected in the mesophyll, along with the formation of cavities associated with water conservation, which may reflect protective responses and stabilization of the plant water regime. Vascular bundles were large and well developed, supporting efficient transport within the leaf blade. In the storage root, a well-developed periderm and a 4-5-layered primary cortex were observed; parenchyma showed accumulation of reserve substances (thickness 11.5±1.6 µm). In the central region, a diarch primary xylem pattern and secondary modifications were recorded: the vascular bundle diameter reached 187.4±2.4 µm, xylem vessel diameter was 8.4±0.1 µm, and phloem element diameter was 3.1±0.5 µm. Overall, the presence of idioblasts, the development of water-storing parenchyma, and a robust vascular system are considered key anatomical traits underpinning the high adaptive potential of *Beta vulgaris L.*

Keywords: *Beta vulgaris L.*, leaf anatomy, storage root, mesophyll, idioblasts, vascular bundles, adaptation.

Кіріспе. *Beta vulgaris L.* алабұта тұқымдасына жатады. Ол адамзатқа ежелгі дәуірден белгілі және қазіргі уақытта тағамдық, мал азықтық және техникалық маңызы бар пайдалы өсімдіктер қатарына енеді. Жерорта теңізі аймағынан шыққан мәдени өсімдік. Египеттің

ауыспалы егісінде тек құнарлы топырақтарда ғана емес, сонымен қатар құнарлығы төмен, тұзды сілтілі және әктас топырақтарда өсуге бейім. Египеттің солтүстік аймақтарында тұздылығы жоғары топырақта климаттық төзімді дақылдардың бірі ретінде өседі (Батыгин, 2013:89-94). Қызылша құрамында беталаин-бетацианин, бетаксантин пигменттері анықталған (Migaj және т.б., 2017:385-394). Қызылша әлемнің көптеген елдерінде адам ағзасындағы биологиялық белсенді заттарды толықтыру мақсатында арнайы өсіріледі. Қызылша шырыны қабынуға және жүректің ишемиялық ауруымен қатерлі ісік ауруларының алдын алуда қолданылады. Құрамында С, В1, В2, В6, В12 дәруменінің тамаша көзі болып табылады. А дәрумен қызылша шырыны жыныстық әлсіздікке қарсы табиғи құрал ретінде және бүйрек пен қуықтағы тастарды кетіруде қолданылады (Draucott және т.б., 2016: 1-8). Бұл түйнек тәрізді тамырсабақтары бар екіжақты екіжылдық өсімдік. Ол қант пен биоэтанол өндіруде ғана емес, тұтытуда да өсіріледі (Kale және т.б., 2018: 2977-2979). Бұл өсімдік тұзы жоғары және сумен қамтамасыз етілуі төмен топырақтарға бейімделген (Ljubica және т.б., 2018: 1-16). Америка Құрама Штаттарында ол бақша қызылшасы, Еуропада қызылша (Omogbai және т.б., 2016: 135-145), ал Черногорияда швейцариялық қант қызылшасы ретінде белгілі. Оны кейде қант қызылшасы (Merodio және т.б., 1988: 237-243), қызыл қызылша (Jurgen және т.б., 2015: 46-55; Masih және т.б., 2019: 162-166; Babarykin және т.б., 2019: 61-79), қызылша жасылдары (Fernandez және т.б., 2017: 37-45), алтын қызылша (Ansari және т.б., 2017: 1280-1283) шпинат қызылшасы деген аттармен танымал. *Beta vulgaris* өсімдігі шамамен 50-60 күн ішінде толық пісетін, салмағы шамамен 100-150 г оны халық арасында қызылша (Amnah және т.б., 2013: 1579-1584) деп атайды, ал оның жапырақтары мен жапырақшаларының болуына қарай жасыл қызылша деп аталады (Elaby және т.б., 2018: 54-69). Нигериядағы өсімдік түрлері әртүрлі сорттарға да бөлінеді. Сорттардың ең көп таралған топтары *Conductiva group* (Gamba және т.б., 2020: 1-16) белгілі.

Beta vulgaris L. және *Beta macrorhiza* Steven өзінің қоректік және фитохимиялық компоненттерінің арқасында тағамдық қоспа болып табылады. Оны спортшылар пайдаланады, өйткені оның құрамында қант пен энергия көп. Қант-кеңінен қолданылатын зат, оның негізгі көзі қант қамысы мен қант қызылшасы болып табылады. Қант қызылшасы салыстырмалы түрде тәтті дәмге ие және қант өндірісінде кеңінен қолданылатын екінші шикізат болып табылады. Ол Египет, Иран және Франция сияқты елдердің кейбір қант өндіретін зауыттарында асханалық қант дайындауда қолданылады. Қант қызылшасы да көшбасшы болып табылады, өйткені оның құрамында ивуозор мен афиоманың антиоксиданттары көп (Ramesh және т.б., 2017: 222-233).

Бүгінгі таңда қызылша әлемнің көптеген елдерінде қант өндіру үшін ғана емес, сонымен қатар қолданудың кең ауқымы үшін өсіріледі. Ол әдеттегі диетаның ретінде үнемі тұтынылады және әдетте өндірісте Е162 деп аталатын тағамдық бояғыш ретінде қолданылады. Қызылшаның антиоксидантты, карминативті, цитотоксикалық және ісікке қарсы, бүйрек қорғанысы, гипертензияға қарсы, қабынуға қарсы, радиопротекторлық, антидепрессант, микробқа қарсы, қақырық түсіретін, диабетке қарсы, анемияға қарсы белсенділігі бар екендігі дәлелденді (Nikan және т.б., 2018: 153-158).

Олар сондай-ақ ағзадағы қызметі нашарлаған ұлпаларды қалпына келтіру үшін қажет. Қызылшаны кәмпітке айналдыру оның ылғалдылығын 69,6% төмендетуге мүмкіндік береді, осылайша оның сақтау мерзімін ұзартады. Ол сондай-ақ оның құрамындағы ақуызды азайтып, көмірсулардың құрамын жоғарлатады. Көмірсулар тамырлардағы екінші ең көп таралған биологиялық молекула болып табылады және жүйке тіндерінің жұмысын реттеуге және физикалық белсенділік үшін оңай қол жетімді энергиямен қамтамасыз етуге жауап береді. Олар сонымен қатар организмдегі құрылымдық материалдардың көзі болып табылады (Adesuyi және т.б., 2011: 9-14).

Beta vulgaris L. және *Beta macrorhiza* Steven тамырларында кездесетін қанттың (көмірсулардың) негізгі бөлігі сахароза болып табылады, бұл оны қант өндіруге жарамды етеді. Тамыржемісі құрамында аз мөлшерде глюкоза мен фруктоза бар (Perumpuli және т.б., 2018: 9-14; Bavec және т.б., 2010: 11825-11831). Құрамында глюкозаның мөлшерінің жеткілікті

екендігі анықталған. Кейбір ғалымдар өндірген энергетикалық сусын сияқты сусындар жоғары сахарозаны және төмен фруктозаны қажет етеді. Себебі фруктоза адамның физикалық өнімділігін төмендетеді (Jha және т.б., 2016: 186-193). Құрамындағы майқышқылдары бұл күнделікті іс-әрекетте бізге қажет энергияның көп бөлігін қамтамасыз ететін белгілі майлардың көрсеткіші. Холестеринді төмендетуге, жүрек пен жүйке жүйесінің жұмысын сақтауға көмектеседі (Abaи және т.б., 2020: 86-90). Өсімдіктің тамырында қатерлі ісіктің алдын алуға көмектесетін фолий қышқылы да бар. Фолий қышқылы құрамындағы В дәруменімен бірге жүйке жүйесінің дұрыс жұмыс істеуіне ықпал етеді. Қызылша тамырында суда еритін және майда еритін дәрумендер де бар. Концентрацияның төмендеу ретімен витаминдер келесідей: В2 дәрумені > С дәрумені > В3 дәрумені > Е дәрумені > В5 дәрумені > В1 дәрумені > В6 дәрумені > В1 дәрумені (тиамин) көмірсулар құрамынан тұрады. Денедегі бұл дәруменнің жетіспеушілігі жүректің асқынуына, тәбеттің төмендеуіне, шаршау мен әлсіздікке, іш қатуға және жүрек айнуына әкелуі мүмкін. В2 дәрумені (рибофлавин) ақуыздар мен көмірсулардың метаболикалық өндірісінде кофермент рөлін атқарады. Бұл витаминнің жетіспеушілігі жарыққа төзбеушілікке және бұлыңғыр көрініске әкелуі мүмкін. В3 дәрумені (ниацин) тіндердің тыныс алуы, гликолиз және май синтезі сияқты биологиялық процестер үшін қажет. Тамырдағы екінші дәрумен болып табылатын С дәрумені (аскорбин қышқылы) тамырды жақсы антиоксидантқа айналдырады, бұл ағзаға инфекциялар мен аурулармен күресуге көмектеседі. С дәрумені а,задағы сүйектің иммундық жүйенің пайда болуына ықпал етеді, өйткені ол дененің барлық клеткалардың қызметіне қатысады (Mazi және т.б., 2013: 1-3).

Мырыш-инсулиннің дұрыс өндірілмеуінен туындайтын қант диабетін емдеуде маңызды рөл атқаратын маңызды минерал. Мырыш организмде инсулин өндіру үшін өте маңызды (Alaje және т.б., 2014: 86-91). *Beta vulgaris L.* және *Beta macrorhiza Steven* беталаиндер деп аталатын суда еритін азотты пигменттің көптігімен танымал. Беталаин екінші фитохимиялық қосылыстар - фенол қышқылдары тобына жатады. Өсімдік құрамында беталаиндердің екі негізгі категориясы бар екені анықталды. Біріншісі-қызыл пигмент болып табылатын бетацианин (Lembong және т.б., 2018: 1-7), өсімдіктің тамырында кездесетін барлық бетацианиндердің көп бөлігі - таза химиялық түріне қарағанда сығынды түрінде тұрақтылығы жоғары, ал екіншісі, сары пигмент болып табылатын бетаксантин де анықталған (Dhawan және т.б., 2019: 280-284). Кәдімгі қызылшадағы барлық пигменттер бетацианиндерден, негізінен бетаниннен және оның изомерінен тұрады, ал вульгаксантин басым бетаксантин (сары пигмент) болып табылады (Preethi және т.б., 2020: 1-10).

Beta vulgaris L. және *Beta macrorhiza Steven* тамақ өнімдерін өңдеуде қолданылады, олар балмұздақ, йогурт, кәмпит және т. б. Құрамына енеді. Олардың пигменттері табиғи бояғыш ретінде ерін бальзамы косметикасының өндірісінде де қолданылады. Жұмыстың мақсаты ретінде *Beta vulgaris L.* жапырағы мен тамырының құрамындағы ерекшеліктерін анықтау.

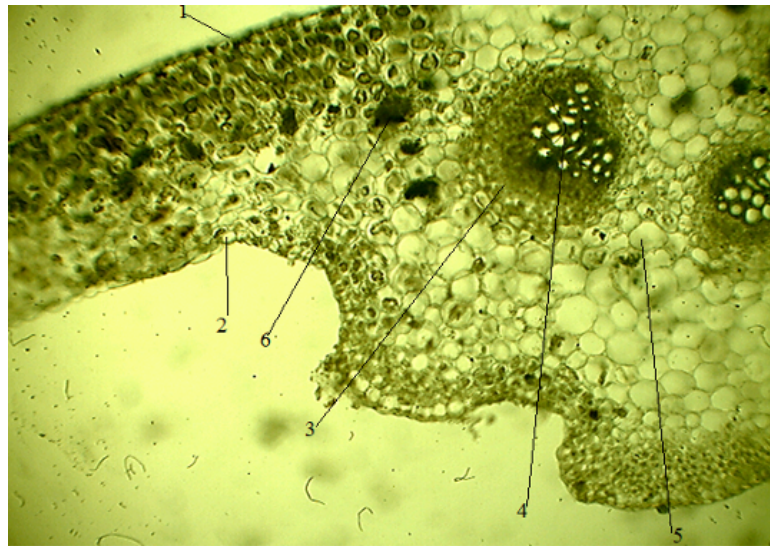
Материалдар мен әдістер. *Beta vulgaris L.* жинап алынған материал Страсбургер-Флемминг әдісі (спирт, глицерин, су 1:1:1) бойынша фиксацияланды. Анатомиялық ерекшеліктерін анықтау үшін толық дамыған, зақымданбаған өркеннің орта деңгейіндегі жапырақтар іріктеліп алынады. Тамыржемісінің кесінділері алынады. Анатомиялық кесінділер қолмен және тоңазытқыш микротомда (ТОС-2) даярланады. Кесінді қалыңдығы 10-15 мкм. Фотосуреттер арнайы фотокондырғылы МБИ-6 микроскопымен түсіріледі (ұлғайтылуы 63; 280 есе). Анатомиялық зерттеу кезінде сызықтық өлшеуге арналған окулярлы микрометр МОВ 1- (ұлғайтуы -15,4 есе, объектив x 8) пайдаланылады. Анатомиялық құрылысынан кесінді дайындауда және сипаттауда Р.А. Барыкина және М.Н.Прозина, А.И. Пермяков (Прозина, 1990: 260; 29. Барыкина, 2005: 156) еңбектері қолданылады. Эксперименттік жұмыс нәтижелерін математикалық өңдеуде ғалымдардың еңбектері қолданылады. Статистикалық өңдеу арнайы компьютерлік бағдарлама «STATISTICA» арқылы жасалынады.

Нәтижелер және талқылау. *Beta vulgaris L.* жапырағының өсімдіктің негізгі фотосинтездік органы. Жапырақтың анатомиялық құрылысы оның фотосинтетикалық белсенділігі, су режимі мен биологиялық белсенді заттарды жинақтау қабілетіне тікелей

байланысты. Жапырақтың морфоанатомиялық ерекшеліктері өсімдіктің адаптациялық қасиеттерімен және фотосинтетикалық құрылымымен тығыз байланысты.

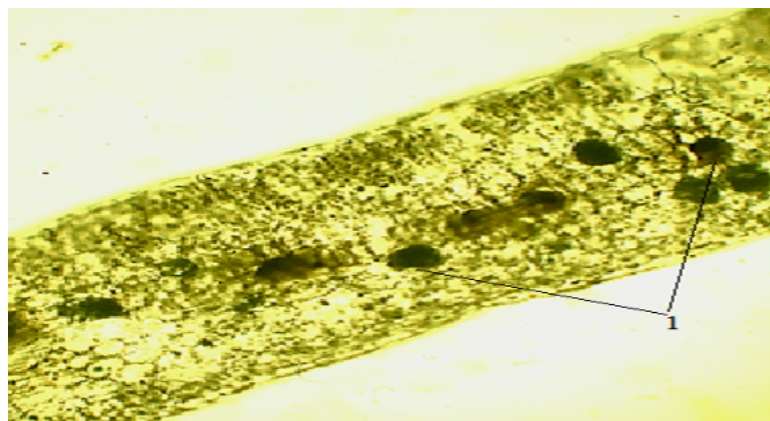
Beta vulgaris жапырағының анатомиялық құрылымын зерттеуде жоғарғы және төменгі эпидермис клеткаларының өзгерістері байқалды. Жоғарғы және төменгі эпидермис аралығында кең кеңістікте мезофилл қалыптасқан. Жапырақтың көлденең кесіндісінде жоғарғы эпидермис клетка қалыңдығының $16,3 \pm 0,4$ мкм., ал төменгі эпидермис клеткасының қалыңдығы $14,2 \pm 0,7$ мкм. Жоғарғы және төменгі эпидермис қабатына жақын ассимиляцияланған ұлпалар хлорофилл пигменттері түзілген.

Жапырақ мезофилінде қою қоңыр түске боялған идиобласт клеткалары анықталды. Идиобласттар арнайы морфологиялық ерекшелігі бар клеткалар, оларда әртүрлі биологиялық белсенді қосылыстар жинақталады. Мұндай клеткалар өсімдіктің стресс жағдайына бейімделуіне, патогендерге қарсы қорғаныс көрсетуіне және фитохимиялық белсенділігін қамтамасыз етуге қатысады. Жоғарғы эпидермиске бағыттала бағаналы мезофилл, төменгі эпидермиске қарай ретсіз борпылдақ мезофилл қалыптасқан. Мезофилл паренхимасында өткізгіш шоқтар шоғырланған, олар клеткалық және ұлпа құрылыммен тығыз байланыста орналасқан. Бағаналы мезофилл клеткасының қалыңдығы $26,1 \pm 0,8$ мкм. Борпылдақ мезофиллдің клетка қалыңдығы $38,9 \pm 1,17$ мкм.



Сурет 1. *Beta vulgaris L.* өсімдігінің жапырағының анатомиялық құрылымы 1-жоғарғы эпидермис, 2-төменгі эпидермис, 3-өткізгіш шоқ, 4-ксилема, 5-паренхима, 6-идиобласт

Өткізгіш шоқта ксилема және флоэма элементтер жиынтығынан тұрады. Флоэма бағытталып, органикалық қоректік заттарды төменгі жағына жеткізеді, ал ксилема түтіктері жоғарғы жағына бағытталып, су мен еріген минералдық элементтерді тамырдан мезофилге тасымалдайды.



Сурет 2. *Beta vulgaris L.* өсімдігі жапырағының анатомиялық құрылымы 1-идиобласт

Осылайша, идиобласт жасушаларының болуы және өткізгіш шоқтардың паренхимадағы орналасуы *Beta vulgaris L.* жапырағының анатомиялық және физиологиялық ерекшеліктерін, сондай-ақ биологиялық белсенді заттарды жинау қабілетін айқын көрсетеді. Эпидермистің негізгі клетка формасы кіші, клеткааралықтары жоқ, тығыз жанасқан. Жабындық түктері байқалмады. Бағаналы және борпылдақ мезофиллде хлорофилл дәндері толыққан. Борпылдақ мезофиллде де көптеген идиобласттар бар. Бағаналы мезофилл клеткасының қалыңдығы $26,1 \pm 0,8$ мкм. Борпылдақ мезофиллдің клетка қалыңдығы $38,9 \pm 1,17$ мкм. Мезофиллдің құрылымдық белгілерінің көрсеткіштері бойынша табиғатта бейімделгіш қасиеті басымырақ, өйткені фотосинтездік қарқындылығы экологиялық жағдайларға бейімделуіне тікелей әсер етеді (1, 2 суреттер).

Фотосинтездің қажетті деңгейде болуы *Beta vulgaris L.* жапырағының экологиялық жағдайларға бейімделуін қамтамасыз етеді, өйткені бұл процесс өсімдіктің су және қоректік зат алмасу механизмдерін тиімді реттеуге мүмкіндік береді. Мезофилл жасушаларының клеткааралық кеңістігі бойынша сипатталған ұлпаларға су сақтау функциясы тән, бұл өсімдіктің құрғақшылыққа және су тапшылығы жағдайына бейімделуіне ықпал етеді.

Зерттеу барысында өткізгіш шоқтардың көлемі ірі, нақты айқындалған және жалпы өткізгіш шоқ саны үшке тең екендігі анықталды. Мұндай құрылым гидравликалық өткізгіштік пен метаболиттердің тасымалын арттыруға мүмкіндік береді. Бағаналы және борпылдақ мезофиллде идиобласт клеткаларының көлемі ірі, шашыраңқы орналасқаны байқалды. Бұл идиобласттардың биологиялық белсенді заттарды жинау қабілетінің жоғары деңгейде екенін көрсетеді және фотосинтез, қорғаныс, метаболизм процестеріне тікелей қатысатынын дәлелдейді. Осылайша, мезофилл ұлпаларының құрылымдық ерекшеліктері, идиобласт жасушаларының көлемі мен орналасуы, сондай-ақ өткізгіш шоқтардың айқындалуы *Beta vulgaris L.* жапырағының физиологиялық қызметтерін, экологиялық бейімделуін және биологиялық белсенді заттардың белсенділігін қамтамасыз ететін негізгі анатомиялық факторлар болып табылады.

Қорытынды. *Beta vulgaris L.* өсімдігі жапырақ мезофиллінде ассимиляцияланған ұлпа хлоренхималар түзілген. Мұндағы жасыл пигменттер хлорофилл дәндері. Жапырақ мезофилінде қою қоңыр түске боялған идиобласт клеткасында дәрумендер, микро-макроэлементтер жинақталған және сахароза, фруктоза, гликоза түзілуі анықталды. Бағаналы және борпылдақ мезофилде көлемі кіші идиобласт клеткасының шашыраңқы түзілгені және су сақтайтын клеткалардың қалыптасуы байқалды. Клеткааралық кеңістіктерде су сақтайтын бос қуыстар түзілген. Өткізгіш шоқтар көлемі ірі, үш нақты айқындалған өткізгіш шоқтар жиынтығынан тұрады.

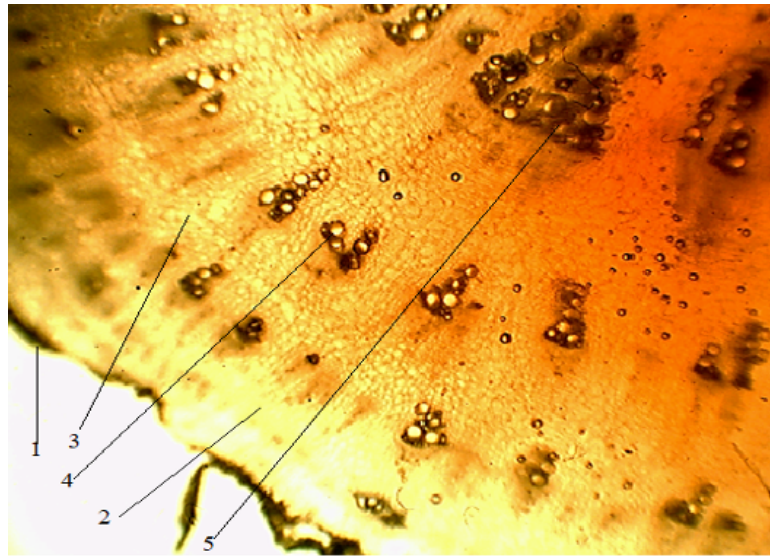
Beta vulgaris L. тамыржемісі өсімдіктің қоректік заттарды жинайтын негізгі органы болып табылады. Тамыржемістің анатомиялық құрылымы фотосинтез өнімдерін сақтау, су мен минералды заттарды тасымалдау, сондай-ақ қорғаныс функциясын қамтамасыз ету үшін арнайы бейімделген.

Beta vulgaris L. тамыржемісінің анатомиялық құрылымының ерекшеліктері айқындалды. Тамыр сырты перидермадан тұрады. Тамыржемісінде қор заттары жинақталған (3 сурет).

Тамыржемісінің сырты перидермадан тұрады. Алғашқы қабық 4-5 қатарлы, әртүрлі паренхималар түзілген. Қалыптасқан клеткалары көбінесе күрделі формада, кейде идиобласт немесе резервтік клетка түрінде болады. Алғашқы қабық кейбір клеткасының крахмал немесе басқа қоректік заттар жинақталған, бұл тамыржемістің қоректік рөлін арттырады. Алғашқы қабық су сақтау қабілетімен сипатталады, бұл өсімдіктің құрғақшылыққа бейімделуінде маңызды. Алғашқы қабық клеткасының қалыңдығы $11,5 \pm 1,6$ мкм.

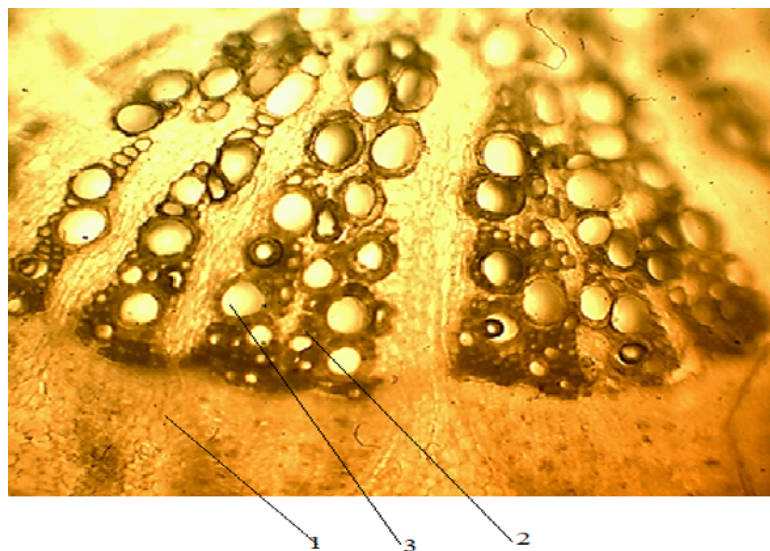
Тамыржемістің орталық бөлігінде диархты алғашқы ксилема орналасады. Бұл құрылымға паренхималық радиальды учаскелерден бөлінген соңғы ксилеманың екі бөлігі жанасып орналасқан. Ксилема мен флоэманың функционалды байланысын қамтамасыз етеді

(суреттер 3,4). Мұндай құрылым қант қызылшасының тамыржемісінде соңғы анатомиялық конфигурациясы басқа дақылдардың тамыржемістерімен ұқсас екенін көрсетеді.



Сурет 3. *Beta vulgaris L.* тамыр жемісінің анатомиялық құрлымы 1-перидерма, 2,3-паренхима, 4-ксилема, 5-өткізгіш шоқ

Тамыржемістегі екінші реттік өзгерістер байқалды. Соңғы флоэманың айналасында, тамырдың перифериялық бөлігінде перицикл клетка белсенді бөлінуі нәтижесінде жаңа паренхималық қабат қалыптасады. Бұл жаңа қабаттың клеткалары біртіндеп тангентальды перделер арқылы бөлінгені анық байқалды. Өткізгіш шоқтың арасында бос паренхималар қалыптасқан. Өткізгіш шоқтары үш қатар бойымен перидермаға бағыттала көлемі кіші өткізгіш шоқтар тізбектеле орналасқан.



Сурет 4. *Beta vulgaris L.* тамыр жемісінің анатомиялық құрлымы 1-пигмент шоғыры, 2-өткізгіш шоқ, 3-ксилема

Тамырдың орталық бөлігінде өткізгіш шоқтың көлемі екі есеге ұлғайған. Тамырдың өткізгіш шоғының диаметрі $187,4 \pm 2,4$ мкм. Өткізгіш шоқтағы минералды заттарды тасмалдайтын ксилема түтігінің диаметрі $8,4 \pm 0,1$ мкм., ал органикалық заттарды тасмалдаушы флоэма түтігінің диаметрі $3,1 \pm 0,5$ мкм.

Осылайша, қант қызылшасы тамыржемісінің анатомиялық құрылымы поликсилемалық және полифлоэмалық жүйелер, перицикл және паренхималық қабаттар арқылы реттеліп, су, қоректік заттарды жинақтайды мен тасымалдауға бейімделген. Бұл құрылым өсімдіктің физиологиялық қызметі мен экологиялық жағдайларға бейімделуіне тікелей ықпал етеді.

Қорытынды. *Beta vulgaris L.* тамыржемістері толық жетілген және морфологиялық тұрғыдан дамыған құрылымға ие. Тамыржемістерде көлемінің едәуір бөлігін екінші реттік қабық алып жатады, бұл аймақта өсімдіктің артық қоректік заттары жинақталады. Сонымен қатар, бұл қабат беталаин пигменттеріне бай болып, тамыржеміске тән қызыл түсті береді. Бұл қабаттың жасушалары ішке қарай ксилеманы, ал сыртқа қарай коллатеральды шоқ түрінде флоэманы бөліп шығарады. Осындай құрылым өткізгіш шоқтар арқылы су мен қоректік заттардың тасымалын қамтамасыз етеді. Өткізгіш шоқтар маңында клетка пішіні ұсақталған, саны артқан идиобласттар шоғырланған. Идиобласт клеткалары өсімдіктің биологиялық белсенді заттарын жинақтайтын және сақтайтын негізгі құрылымдық элементтері, оларда фенолдар, беталаиндер және метаболиттер жинақталады. Анықталған құрылым тамыржемістің физиологиялық белсенділігін, қоректік зат жинау қабілетін және экологиялық бейімделуін қамтамасыз етеді.

Әдебиеттер



- Батыгин , 2013 - Батыгин Н.Ф. Онтогенез высших растений М.: Агропромиздат-2013- стр. 89-94 [Орысша]
- Барыкина, 2005 - Барыкина Р.П. Практикум по анатомии растений. – М.: Наука, 2005. - 156 с.[Орысша]
- Прозина, 1990- Прозина М.Н. Ботаническая микротехника. – М.: Высшая школа, 1990. - 260 с.[Орысша]
- Abai және т.б., 2020 - Abai, E., Essien, K., Ekpenyong, I. Evaluation of Proximate, Minerals and Phytochemical Composition of *Garcinia kola* cultivated in Essien Udim, Akwa Ibom State, Nigeria. *European Journal of Pharmaceutical and Medical Research* 2020. Vol.7(2) Pp.86-90.
- Adesuyi, 2011 - Adesuyi, A., Elumm, I., Adaramola, F., Nwokocha, A. Nutritional and Phytochemical Screening of *Garcinia kola*. *Advance Journal of Food Science and Technology* 2011 Vol. 4(1) Pp.9-14.
- Babarykin және т.б., 2019- Babarykin, D., Smirnova, G., Pundinsh, I., Vasiljeva, S., Krumina, G., Agejchenko, V. Red beet (*Beta vulgaris*) Impact on Human Health. *Journal of Biosciences and Medicines* 2019. Vol.7 Pp. 61-79.
- Fernandez және т.б., 2017 - Fernandez, M., Jagus, R., Aguero, M. Evaluation and Characterization of Nutritional, Microbiological and Sensory Properties of Beet Greens. *ACTA Scientific Nutritional Health* 2017. Vol.1(3) Pp. 37-45.
- Ansari, R., Singh, S., Kumar, P., and Broadway, A. Proximate and sensory analysis of beetroot (*Beta vulgaris*) and Jamun (*Syzygium cumini*) juice blended drink. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry* 2017. Vol. 6(6): Pp.1280-1283.
- Amnah, M. Nutritional, Sensory and Biological Study of Biscuits Fortified with Reed Beet Roots. *Life Science Journal* 2013. Vol. 10(3). Pp.1579-1584.
- Elaby, S., Ali, J. The anti-anemic effect of dried beet green in phenylhydrazine treated rats. *Archives of Pharmaceutical Sciences Ain Shams University* 2018. Vol.2(2). Pp.54-69.
- Gamba, M., Raguindin, P., Asllanaj, E., Merlo, F., Glisic, M., Minder, B., Bussler, W., Metzger, B., Kern, H., Muka, T. Bioactive compounds and nutritional composition of Swiss chard (*Beta vulgaris L. var. cicla* and *flavescens*): a systematic review. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 2020; Vol.60: Pp.1-16.
- Draycott A.P. Introduction. In: Draycott AP (ed) *Sugar Beet*, Blackwell Publishing, Oxford, 2016 pp. 1-8. 2.
- Kale, R., Sawate, A., Kshirsagar, R., Patil, B., and Mane, R. Studies on evaluation of physical and chemical composition of beetroot (*Beta vulgaris L.*). *International Journal of Chemical Studies* 2018 Vol. 6(2) Pp.2977-2979.
- Ljubica, I., Ivana, M., Ana, T., Dijana, D., Boban, M., Mirko, K., and Miroslav, V. Nutritional and phytochemical content of Swiss chard from Montenegro, under different fertilization and irrigation treatments. *British Food Journal* 2018; Vol.121(2) Pp. 1-16.
- Omogbai, B., Omoregie, I. Chemical Analysis and biological activity of Natural Preservative from Beet root (*Beta vulgaris*) Against Foodborne Pathogens and Spoilage Organisms. *African Scientist* 2016. Vol.17(2) Pp.135-145.
- Merodio, C., Sabater, B. Preparation and Properties of a White Protein Fraction in High Yield from Sugar Beet (*Beta vulgaris L.*) Leaves. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 1988. Vol.44: Pp.237-243.
- Miraj S, Kiani S. *Melissa officinalis L.*: A Review Study With an Antioxidant Prospective *Journal of Evidence-Based Complementary & Alternative Medicine* 2017, Vol. 22(3) 385-394
- Jurgen, W., Gundula, W., Stefan, H., Pinar, U., Peter, L., Ulrike, M. Hoglinger, O., Weghuber, J. Compositional characteristics of commercial beetroot products and beetroot juice prepared from seven beetroot varieties grown in Upper Austria. *Journal of Food Composition and Analysis* 2015. Vol 42 Pp. 46-55.
- Masih, D., Singh, N., Singh, A. Red beetroot: A source of natural colourant and antioxidants: A review. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry* 2019. Vol.8(4) Pp.162-166.
- Ramesh, D., Salegn, K., Abiyu, K. Production of Beet Sugar and Bio-ethanol from sugar beet and its bagasse: A review. *International Journal of Engineering Trends and Technology* 2017. Vol. 43(4). Pp.222-233.
- Nikan, M.; and Manayi, A. Book chapter on *Beta vulgaris* from Non-vitamin and Non-mineral Nutritional Supplements. Academic Press Publishers; 2018. Pp. 153-158.
- Perumpuli, P., Fernando, G., Kaumal, M., Arandara, M., Silva, S. Development of low sugar vegetable jam from beetroot (*Beta vulgaris*

- L.): Studies on Physicochemical Sensory and Nutritional Properties. International Journal of Theoretical & Applied Sciences 2018 Vol.10(2) Pp.22-27.
- Bavec, M., Turinek, M., Grobelnik, M., Slatnar, A., Bavec, F. Influence of industrial and alternative farming systems on contents of sugars, organic acids, total phenolic content, and the antioxidant activity of red beet (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*). Journal of Agricultural and Food Chemistry 2010 Vol.58(22) Pp.11825-11831.
- Jha, R., Gupta, R. Development of energy drink containing *Aegle marmelos*, *Rubia cordifolia*, *Phyllanthus emblica* and *Beta vulgaris* and its phytochemical, nutritive and antimicrobial analysis. Journal of Pharmacognosy and Phtochemical 2016; Vol.5(1) Pp.186-193.
- Mazi, E., Okoronkwo, K., Ibe, U. Physico-chemical and Nutritive Properties of Bitter kola. Journal of Nutrition & Food Sciences 2013; Vol.3(4) Pp. 1-3
- Alaje, D., Owolabi, K., Olakunle, T., Oluoti, O., Adetuberu, I. Nutritional, Minerals and Phytochemicals composition of *Garcinia kola* [Bitter cola] and *Aframomum melegueta* IOSR Journal of Environmental Science 2014; Vol.8(1) Pp. 86-91.
- Lembong, E., Utama, G., Saputra, R. Phytochemical test, Vitamin C content and antioxidant activities of Beet Root (*Beta vulgaris* Linn.) extracts as food coloring agent from some areas in Java Island. IOP Conference Series: Earth and Environmental Sciences 2018 Vol.306 Pp. 1-7
- Dhawan, D., Sharma, S. Exploration of the Nourishing, Antioxidant and Product Development Potential of Beetroot (*Beta vulgaris*) Flour. International Journal of Health Sciences and Research 2019 Vol. 9(6) Pp.280-284.
- Preethi, R., Deotale, S., Moses, J., Anandharamakrishnan, C. Conductive hydro drying of beetroot (*Beta vulgaris* L) pulp: Insights for natural food colorant applications. Journal of Food Process Engineering 2020 Vol. 43

References

- Abai, E., Essien, K., & Ekpenyong, I. (2020). Evaluation of proximate, minerals and phytochemical composition of *Garcinia kola* cultivated in Essien Udim, Akwa Ibom State, Nigeria. European Journal of Pharmaceutical and Medical Research, 7(2), 86–90. [English]
- Adesuyi, A., Elumm, I., Adaramola, F., & Nwokocho, A. (2011). Nutritional and phytochemical screening of *Garcinia kola*. Advance Journal of Food Science and Technology, 4(1), 9–14. [English]
- Alaje, D., Owolabi, K., Olakunle, T., Oluoti, O., & Adetuberu, I. (2014). Nutritional, minerals and phytochemicals composition of *Garcinia kola* (bitter cola) and *Aframomum melegueta*. IOSR Journal of Environmental Science, 8(1), 86–91. [English]
- Amnah, M. (2013). Nutritional, sensory and biological study of biscuits fortified with red beet roots. Life Science Journal, 10(3), 1579–1584. [English]
- Babarykin, D., Smirnova, G., Pundinsh, I., Vasiljeva, S., Krumina, G., & Agejchenko, V. (2019). Red beet (*Beta vulgaris*) impact on human health. Journal of Biosciences and Medicines, 7, 61–79. <https://doi.org/10.4236/jbm.2019.71007> [English]
- Barykina, R. P. (2005). Praktikum po anatomii rastenii [Workshop on plant anatomy]. Moscow: Nauka. [Russian]
- Bavec, M., Turinek, M., Grobelnik, M., Slatnar, A., & Bavec, F. (2010). Influence of industrial and alternative farming systems on contents of sugars, organic acids, total phenolic content, and antioxidant activity of red beet (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*). Journal of Agricultural and Food Chemistry, 58(22), 11825–11831. <https://doi.org/10.1021/jf103065q> [English]
- Batygin, N. F. (2013). Ontogenez vysshikh rastenii [Ontogenesis of higher plants] (pp. 89–94). Moscow: Agropromizdat. [Russian]
- Dhawan, D., & Sharma, S. (2019). Exploration of the nourishing, antioxidant and product development potential of beetroot (*Beta vulgaris*) flour. International Journal of Health Sciences and Research, 9(6), 280–284. [English]
- Draycott, A. P. (2016). Introduction. In A. P. Draycott (Ed.), Sugar beet (pp. 1–8). Oxford: Blackwell Publishing. [English]
- Elaby, S., & Ali, J. (2018). The anti-anemic effect of dried beet green in phenylhydrazine treated rats. Archives of Pharmaceutical Sciences Ain Shams University, 2(2), 54–69. [English]
- Fernandez, M., Jagus, R., & Aguero, M. (2017). Evaluation and characterization of nutritional, microbiological and sensory properties of beet greens. ACTA Scientific Nutritional Health, 1(3), 37–45. [English]
- Gamba, M., Raguindin, P., Asllanaj, E., Merlo, F., Glisic, M., Minder, B., Bussler, W., Metzger, B., Kern, H., & Muka, T. (2020). Bioactive compounds and nutritional composition of Swiss chard (*Beta vulgaris* L. var. *ciela* and *flavescens*): A systematic review. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 60, 1–16. <https://doi.org/10.1080/10408398.2019.1676194> [English]
- Jurgen, W., Gundula, W., Stefan, H., Pinar, U., Peter, L., Ulrike, M., Hoglinger, O., & Weghuber, J. (2015). Compositional characteristics of commercial beetroot products and beetroot juice prepared from seven beetroot varieties grown in Upper Austria. Journal of Food Composition and Analysis, 42, 46–55. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2015.03.005> [English]
- Lembong, E., Utama, G., & Saputra, R. (2018). Phytochemical test, vitamin C content and antioxidant activities of beet root (*Beta vulgaris* Linn.) extracts as food coloring agent from some areas in Java Island. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 306, 1–7. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/306/1/012029> [English]
- Merodio, C., & Sabater, B. (1988). Preparation and properties of a white protein fraction in high yield from sugar beet (*Beta vulgaris* L.) leaves. Journal of the Science of Food and Agriculture, 44, 237–243. <https://doi.org/10.1002/jsfa.2740440306> [English]
- Miraj, S., & Kiani, S. (2017). *Melissa officinalis* L.: A review study with an antioxidant prospective. Journal of Evidence-Based Complementary & Alternative Medicine, 22(3), 385–394. <https://doi.org/10.1177/2156587216663433> [English]
- Nikan, M., & Manayi, A. (2018). *Beta vulgaris*. In Non-vitamin and non-mineral nutritional supplements (pp. 153–158). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-812491-8.00020-4> [English]
- Preethi, R., Deotale, S., Moses, J., & Anandharamakrishnan, C. (2020). Conductive hydro drying of beetroot (*Beta vulgaris* L.) pulp: Insights for natural food colorant applications. Journal of Food Process Engineering, 43. <https://doi.org/10.1111/jfpe.13491> [English]
- Prozina, M. N. (1990). Botanicheskaya mikrotehnika [Botanical microtechnique]. Moscow: Vysshaya shkola. [Russian]

КСЕРОГАЛОФИТ *TAMARIX LAXA* WILLD. ЖАПЫРАҚ МЕЗОФИЛЛІНІҢ ҰЙЫМДАСУЫ, ИДИОБЛАСТТАР ЖӘНЕ ТҮЗДАН АРЫЛУ МЕХАНИЗМІ

¹А.С. Нурмаханова , ^{1,2}Қ.Қ. Құлымбет* , ¹А.Т. Мамурова , ¹Б.А. Абдуллаева ,
¹Г.А. Садырова 

¹әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан

²Ө.О. Оспанов атындағы Қазақ топырақтану және агрохимия ғылыми зерттеу институты,
Алматы, Қазақстан

*e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com

А.С. Нурмаханова – PhD, қауымдастырылған профессор, Ботаника және агроэкология кафедрасының доценті-зерттеушісі, Биология және биотехнология факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: akmaral.nurmahanova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

Қ.Қ. Құлымбет – PhD, аға ғылыми қызметкер, Топырақ экологиясы бөлімі, Ө.О. Оспанов атындағы Қазақ топырақтану және агрохимия ғылыми зерттеу институты, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1864-8166>

А.Т. Мамурова – б.ғ.к., қауымдастырылған профессор, Ботаника және агроэкология кафедрасының доценті, Биология және биотехнология факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: amamurova81@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4676-9443>

Б.А. Абдуллаева – б.ғ.к., Зоология, гистология және цитология кафедрасының аға оқытушысы, Биология және биотехнология факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: Bagila.Abdullayeva@kaznu.kz, <https://orcid.org/0009-0001-7685-3419>

Г.А. Садырова – б.ғ.д., қауымдастырылған профессор, Тұрақты даму бойынша ЮНЕСКО кафедрасының профессор-зерттеушісі, География және табиғатты пайдалану факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: gulbanu-s@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4717-4249>

Андатпа. Зерттеуде Алматы облысының табиғи популяцияларынан (Кербұлақ шатқалы, Іле ауданы) алынған ксерогалофит *Tamarix laxa* Willd. өсімдігінің жапырағының морфологиясы мен анатомиялық құрылысы сипатталды. Үлгілер Страсбургер-Флемминг әдісімен (спирт:глицерин:су = 1:1:1) фиксацияланды; жапырақтың көлденең кесінділері тоназытқыш микротомда TOS-2 аспабымен 10-15 мкм қалыңдықта дайындалды. Микроскопиялық бақылаулар жарық микроскопымен жүргізіліп, өлшеулер окулярлы микрометр арқылы орындалды, нәтижелер статистикалық өңдеуден өткізілді. Жапырақ бетінде түкшелер жоқ, эпидермис бірқабатты, кутикуласы жақсы жетілген; устьицалар негізінен төменгі бетте орналасып, жапырақтың гипостоматикалық типін көрсетеді. Жоғарғы эпидермис жасушаларының қалыңдығы $14,8 \pm 1,7$ мкм, төменгі эпидермис - $10,2 \pm 1,81$ мкм. Мезофилл палисадты және борпылдақ паренхимаға жіктелген, изолатеральды/орталық типті, 2-3 қабатты; палисад паренхимасы жасушаларының қалыңдығы $23,5 \pm 0,4$ мкм, борпылдақ паренхима - $27,1 \pm 1,08$ мкм. Төменгі эпидермис аймағында және палисад мезофиллінде су сақтайтын ұлпа элементтері байқалды; ассимиляциялық паренхимада жеке идиобласттар мен секреторлық жасушалар шоғырлары анықталды.

Өткізгіш шоқтар екі қабатты хлоренхималық қапшықпен қоршалған, олардың маңында жартылай суккулентті жасушалар шоғырланады. Жапырақтың шеткі жасушаларында тұздардың жиналуы және бетінде тұз кристалдарының түзілуі тіркелді; дегидратация кезінде бұл жасушалардың ажырауы немесе жарылуы арқылы артық тұздың шығарылуы ықтимал механизм ретінде қарастырылады. Анықталған су жинақтаушы құрылымдар мен тұз бөлетін

элементтер жапырақтың суккулентті-ксероморфты сипатын және аридті-тұзданған ортаға жоғары бейімделуін дәлелдейді.

Кілт сөздер: *Tamarix laxa* Willd., жапырақ анатомиясы, ксерогалофит, гипостоматикалық жапырақ, бейімделу.

КСЕРОГАЛОФИТ *TAMARIX LAXA* WILLD. МОРФОЛОГИЯ И ЛИСТОВАЯ АНАТОМИЯ В УСЛОВИЯХ ЗАСОЛЕНИЯ

¹А.С. Нурмаханова, ^{1,2}Қ.Қ. Құлымбет*, ¹А.Т. Мамурова, ¹Б.А. Абдуллаева,
¹Г.А. Садырова

¹Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан

²Казахский научно-исследовательский институт почвоведения и агрохимии имени
У.У. Успанова, г. Алматы, Казахстан

*e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com

А.С. Нурмаханова – PhD, ассоциированный профессор, доцент-исследователь кафедры ботаники и агроэкологии, факультет биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: akmaral.nurmahanova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

Қ.Қ. Құлымбет – PhD, старший научный сотрудник, отдел экологии почв, Казахский научно-исследовательский институт почвоведения и агрохимии имени У.У. Успанова, г. Алматы, Казахстан, e-mail: qulymbet.qanat@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1864-8166>

А.Т. Мамурова – к.б.н., ассоциированный профессор, доцент кафедры ботаники и агроэкологии, факультет биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: amamurova81@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4676-9443>

Б.А. Абдуллаева – к.б.н., старший преподаватель кафедры зоологии, гистологии и цитологии, факультет биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: Bagila.Abdullayeva@kaznu.kz, <https://orcid.org/0009-0001-7685-3419>

Г.А. Садырова – д.б.н., ассоциированный профессор, профессор-исследователь кафедры ЮНЕСКО по устойчивому развитию, факультет географии и природопользования, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: gulbanu-s@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4717-4249>

Аннотация. Исследованы морфология и анатомия листа *Tamarix laxa* Willd. (ксерогалофит) из природных популяций Алматинской области (Кербулакское ущелье, Илийский район) в условиях засоленных песчано-щебнистых местообитаний. Материал фиксировали по методу Страсбургера-Флемминга (спирт:глицерин:вода = 1:1:1); поперечные срезы листьев получали на замораживающем микротоме TOS-2 толщиной 10-15 мкм, измерения выполняли окулярным микрометром, данные обрабатывали статистически. Установлено, что лист лишён опушения, эпидермис однослойный, с выраженной кутикулой; устьица локализованы на нижней стороне, что соответствует гипостоматическому типу. Толщина клеток верхнего эпидермиса составляет $14,8 \pm 1,7$ мкм, нижнего - $10,2 \pm 1,81$ мкм. Мезофилл дифференцирован на палисадный и губчатый, изолатерального/центрального типа, 2-3-слойный; толщина клеток палисадной паренхимы - $23,5 \pm 0,4$ мкм, губчатой - $27,1 \pm 1,08$ мкм. В нижней части эпидермиса и в зоне палисадного мезофилла отмечены водо-запасающие ткани; среди ассимиляционной паренхимы выявлены одиночные идиобласты и скопления секреторных клеток.

Проводящие пучки окружены двухслойной хлоренхимной оболочкой, а вокруг них концентрируются частично суккулентные клетки. Показано накопление солей в краевых клетках листа и образование солевых кристаллов на поверхности; дегидратация приводит к отслаиванию или разрыву этих клеток с последующим их замещением, что рассматривается как механизм выведения избытка солей и важный элемент адаптационного потенциала

вида. Обнаруженные водо-накопительные структуры и соль-секретирующие элементы подтверждают суккулентно-ксероморфный характер листа, обеспечивающий газообмен при минимальных потерях влаги в аридных условиях, а также устойчивость популяций на солончаках.

Ключевые слова: *Tamarix laxa* Willd., анатомия листа, ксерогалофит, гипостоматический лист, адаптация.

MORPHOLOGY AND LEAF ANATOMY OF THE XEROHALOPHYTE *TAMARIX LAXA* WILLD. UNDER SALINITY

¹A.S. Nurmakhanova, ^{1,2}K.K. Kulymbet*, ¹A.T. Mamurova, ¹B.A. Abdullayeva,
¹G.A. Sadyrova

¹Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

²U.U. Uspanov Kazakh Research Institute of Soil Science and Agrochemistry, Almaty, Kazakhstan

*e-mail: kulymbet.qanat@gmail.com

A.S. Nurmakhanova – PhD, Associate Professor, Research Associate Professor, Department of Botany and Agroecology, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: akmaral.nurmahanova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6925-9964>

K.K. Kulymbet – PhD, Senior Researcher, Soil Ecology Department, U.U. Uspanov Kazakh Research Institute of Soil Science and Agrochemistry, Almaty, Kazakhstan, e-mail: kulymbet.qanat@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1864-8166>

A.T. Mamurova – candidate of Biological Sciences (PhD equivalent), Associate Professor, Docent, Department of Botany and Agroecology, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: amamurova81@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4676-9443>

B.A. Abdullayeva – candidate of Biological Sciences, Senior Lecturer, Department of Zoology, Histology and Cytology, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: Bagila.Abdullayeva@kaznu.kz, <https://orcid.org/0009-0001-7685-3419>

G.A. Sadyrova – doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Professor-Researcher, UNESCO Chair for Sustainable Development, Faculty of Geography and Environmental Management, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: gulbanu-s@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4717-4249>

Abstract. This study describes the leaf morphology and anatomy of the xerohalophyte *Tamarix laxa* Willd. collected from natural populations of the Almaty region (Kerbulak gorge, Ili district) inhabiting saline sandy-gravelly sites. Samples were fixed using the Strasburger-Flemming method (ethanol:glycerol:water = 1:1:1); transverse leaf sections were prepared with a freezing microtome (TOS-2) at a thickness of 10-15 µm. Microscopic observations were performed by light microscopy; linear measurements were taken with an ocular micrometer and the data were processed statistically. Leaves were glabrous; the epidermis was single-layered with a well-developed cuticle. Stomata were mainly confined to the abaxial surface, indicating a hypostomatic leaf type. The thickness of the upper epidermis cells was 14.8±1.7 µm and the lower epidermis 10.2±1.81 µm. The mesophyll was differentiated into palisade and spongy parenchyma of an isolateral/central type, 2-3 layers thick; palisade cell thickness was 23.5±0.4 µm and spongy parenchyma 27.1±1.08 µm. Water-storage tissues were observed in the abaxial epidermal region and within the palisade zone; solitary idioblasts and clusters of secretory cells occurred among the assimilatory parenchyma.

Vascular bundles were surrounded by a two-layer chlorenchymatous sheath, with partially succulent cells concentrated around the conducting tissues. Salt accumulation was recorded in marginal leaf cells and salt crystals were observed on the leaf surface; dehydration may cause detachment or rupture of these cells, facilitating removal of excess salts and representing an important adaptive mechanism. Overall, the presence of water-storing structures and salt-secretion traits

confirms a succulent xeromorphic leaf syndrome and high adaptation to arid and saline conditions.

Keywords: *Tamarix laxa* Willd., leaf anatomy, xerohalophyte, hypostomatic leaf, adaptation.

Кіріспе. *Tamaricaceae* тұқымдасының 80-ге жуық түрі белгілі. Тұқымдастың кейбір түрлері құмдарды бекіту үшін отырғызылады, сәндік өсімдіктер ретінде өсіріледі, кейбір аймақтарда олар отын ретінде қолданылады. Қазақстанда түрлердің алуан түрлілігіне қол жеткізіледі (Джаналиева және т.б., 1991:15-18). *Tamarix* L. туысын *Tamaricaceae* тұқымдасына жататын жапырақ тастайтын бұталар мен аласа ағаштар туысы. Бұл туыс Еуразия мен Африканың құрғақ аймақтарында кеңінен таралған (Biological overview, 401-433). Бұл туыстың аты Испаниядағы Тамарис өзенінің атымен аталған деп саналады. Тамарикс өсімдіктері бұталар, бұталар және биіктігі 18 м-ге дейін өсетін биік ағаштар. Олар бейімделген галофитті немесе ксерофитті өсімдіктер, негізінен көптеген сабақтарымен және жұқа бұтақтарымен ерекшелінеді (Arianmanesh және т.б., 2015:44-50). Бұл тамарикстің "тұзды батпақ" деген жалпы атауын түсіндіреді. Тамарикстің тұз шығаратындығы оның өсуіне және жоғары тұз концентрациясы бар топырақты тасымалдауға мүмкіндік береді (Sheidal және т.б., 313–322). Тамарикс таксилерінің қолданылуы әртүрлі, мысалы *Tamarix usneoides* негізінен Оңтүстік Африка шахталарында фиторемедиация үшін қолданылады. Ағаштар қоршаған ортадан ластаушы заттарды тазалайды алып тастайды. *T. gallica*, *T. africana*, *T. ramosissima* көбінесе сәндік өсімдіктер ретінде қолданылады, өйткені олардың пиннат түрлері мен масақты гүлдерімен ерекшелінеді. Олардың эстетикалық құндылығы соншалықты тартымды, бұл өсімдіктер көптеген елдерге әкелінді және бақтарға отырғызылды, нәтижесінде олардың енгізілуі және кейіннен таралуы кейбір бөтен түрлерді (әсіресе қызғылт гүлді түрлер) белгілі бір жерлерде интродукцияланды (Sheidal және т.б., 313–322).

Қазақстанда *Tamarix* туысына жататын түрлер негізінен шөл және шөлейт аймақтарда таралған. Олардың негізгі таралу аймақтарына Каспий маңы ойпаты, Арал теңізі алабы, Мойынқұм және Балқаш шөлдері, сондай-ақ оңтүстік өңірлердің өзен жайылмаларында өзуге бейімделген. Олардың ішінде *Tamarix ramosissima*, *Tamarix hispida* және *Tamarix laxa* түрлері ең кең таралған әрі экологиялық тұрғыдан маңызды болып табылады (Флора Казахстана, 1963:178–186).

Tamarix laxa биіктігі 1,5–3 м-ге жететін, *Tamaricaceae* тұқымдасына жатады. Ол Орталық Азияның құрғақ және шөлейт аймақтарында кең таралған, сортаң, құмды немесе сазды-құмды топырақтарда өседі. Бұл түр сортаң жазықтар мен құрғаған өзен арналарының фитоценоздарын қалыптастыруға қатысып, осындай өсімдік қауымдастықтарының диагностикалық түрі ретінде қарастырылады. Тұқымдарды төмен температурада (мысалы, –18 °C-та) сақтау олардың бөлме температурасында сақтаумен салыстырғанда тіршілік қабілетін едәуір ұзартады. Бұл генетикалық қорды сақтау және популяцияларды қалпына келтіру үшін маңызды (Zheng және т.б., 2024).

Tamarix laxa түрін қоса алғанда, *Tamarix* туысына жүргізілген шолу зерттеулерінде биологиялық белсенді қосылыстардың кең спектрі анықталған: тритерпеноидтар, флавоноидтар, фенолдық қосылыстар, терпендер және басқа да заттар. Аталған қосылыстардың көпшілігі жоғары антиоксиданттық, антибактериялық, қабынуға қарсы және микробтарға қарсы белсенділікке ие. Бұл өз кезегінде *Tamarix* туысын фармакологиялық қолдану тұрғысынан болашағы зор өсімдіктер қатарына жатқызуға мүмкіндік береді (Li және т.б., 2024:410-441).

Tamarix туысында тұз бөлетін бездердің құрылымдық ерекшеліктері зерттеліп, олардың тұздану жағдайындағы реакцияларда және тұз мөлшері жоғары ортаға бейімделуде маңызды рөл атқаратыны көрсетілген (Wei және т.б., 2020:9384-9395).

Қазақстандық зерттеулерде *Tamarix* туысының өкілдері, соның ішінде *Tamarix laxa* түрі, жерүсті мүшелерінде аминқышқылдары, көмірсулар, дәрумендер және макро-, микроэлементтер бар екендігі анықталған. Бұл мәліметтер олардың химиялық құрамының күрделілігін және практикалық тұрғыдан қолдану әлеуетінің жоғары екендігін қосымша дәлелдейді. *Tamarix laxa* түрінің анатомиясына қатысты тікелей жарияланымдар аз

болғанымен, туысқа жақын материалдар мен басқа түрлер бойынша деректер бар (Daulbayeva және т.б., 2025).

Тамарикстің кейбір түрлері *T. ramosissima* (Mann және т.б., 2013:48), *T. aphylla* (MahajanRT және т.б., 2009:320-329; Goyal және т.б., 2013:365-371) және *T. gallica* (Sher және т.б., 2010:1786-1798) сияқты антиоксидантты және микробқа қарсы белсенділікті көрсетті. Екінші жағынан, тамарикс тұқымының өсімдіктері халықтық медицинада қолданылады (Mahmoud және т.б., 2018:1035-1037). *Tamaricaceae* тұқымдасының *Tamarix aphylla*, *T. ramosissima* түрлері ислам әдебиетінде (Marwat және т.б., 2008:1013-1021) әртүрлі ауруларға жан-жақты қолданылады деген мәліметтер берілген. Сауд Арабиясының Кассим аймағының бірнеше бөлігіндегі адамдар осы өсімдік ұнтағынан май және вазелин негізін күніне бір-екі рет 3-7 күн ішінде түйелердің токуремикотикалық немесе аллергиялық дерматитіне қолданады (AbbasV және т.б., 2012:367-379). Бұл өсімдіктің микробқа қарсы немесе антифункционалды агент ретінде қолданылуы, сонымен қатар лейшманиаз, микотикалық немесе аллергиялық дерматит, экзема және безгегімен күресу туралы хабарланды. *T. aphylla*, *T. ramosissima* белсенді компоненттері алкалоидтар, флавоноидтар, таниндер, тритерпендер және басқа полифенолды қосылыстар бар. Өсімдіктің қабынуға қарсы, антиоксидантты және жараларды емдеу белсенділігі зерттелді (Yusufoglu және т.б., 2018:829-835).

Қазақстанның шөлді аудандарында, оның ішінде оңтүстік Балқаш аймағында тарақтың табиғи қопасының кең таралуы және болуы оларды медицина мен фармацевтика өнеркәсібі үшін өте перспективалы етеді. Осыған байланысты аумағы әкімшілік жағынан Алматы облысы Балқаш ауданының құрамына кіретін оңтүстік Балқаш маңында өсетін *T. laxa* неғұрлым кең таралған түрлерінің шикізат базасы болып бағаланды.

Алматы облысы, Іле ауданы аумағындағы Кербұлақ шатқалында табиғи түрде таралған *Tamarix laxa Willd.* морфологиялық және жапырағының анатомиялық құрылымына ғылыми-зерттеу жұмыстары жүргізілді. Зерттеу нысаны ретінде аталған түрдің табиғи популяциялары алынып, далалық жағдайда морфологиялық сипаттамалары анықталып, үлгілері жиналды. Бұл өсімдік фармакологиялық тұрғыдан құнды, биологиялық белсенді қосылыстарға бай өсімдік түрлерінің бірі болып табылады. Әдеби деректерге сәйкес, бұл түрдің дәрілік қасиеттері жоғары деңгейде бағаланады. Дегенмен, Қазақстан аумағында аталған түрдің морфологиялық және анатомиялық құрылымдарына жүйелі ғылыми зерттеулер жүргізілмеген.

Зерттеу жұмысының негізгі мақсаты: *Tamarix laxa Willd.* түрінің морфологиялық және жапырақтың анатомиялық құрылымын және оның биологиялық-экологиялық маңызын айқындау болып табылады.

Материалдар мен әдістер. Түрлерді морфологиялық зерттеу үшін олардың вегетативтік мүшелері жиналып, фиксация және гербарий жасалынады.

Зерттеу объектісін сипаттауда «Флора Қазақстана» (Флора Қазақстана, 1963:178–186), «Определитель Казахстана» анықтағышы пайдаланылды. Қазақша атаулары С.А. Арыстанғалиев, Е.Р.Рамазанов кітабы бойынша тексеріліп, бекітіледі. Сонымен қатар зерттеу түрлерінің морфологиялық белгілері Г.А.Работанов, И.Г. Серебряков тіршілік формасы, таралу аймағының экологиялық топтастыруы анықталды (Работнов, б.ж.:204-208; Серебряков, б.ж.; Серебряков, б.ж.).

Жинап алынған материал Страсбургер-Флемминг әдісі (спирт, глицерин, су, 1:1:1) бойынша фиксацияланды. Зерттеуге алынатын түрлердің жапырағының анатомиялық ерекшеліктерін анықтауда толық дамыған, зақымданбаған өркеннің орта деңгейіндегі жапырақтары іріктеліп алынады. Анатомиялық кесінділертоңазытқыш микротомда (ТОС-2) даярланады. Кесінді қалыңдығы 10-15 мкм. Фотосуреттер арнайы фотоқондырғылы МБИ-6 микроскопымен түсіріледі (ұлғайтылуы 63; 280 есе). Анатомиялық зерттеу кезінде сызықтық өлшеуге арналған окулярлы микрометр МОВ 1- (ұлғайтуы -15,4 есе, объектив x 8) пайдаланылады. Жапырақтың анатомиялық құрылысын сипаттауда Р.А. Барыкина (Прозина, 1990; Барыкина, 2005; Пермьяков, 2000) еңбектері қолданылады.

Эксперименттік жұмыс нәтижелерін математикалық өңдеуде (Пермьяков, 2000) еңбектері қолданылады. Статистикалық өңдеу арнайы компьютерлік бағдарлама «STATISTICA» арқылы

жасалынады.

Алматы облысына қарасты Кербұлақ шатқалының құмды-құмды киыршықты ортасының ең маңызды экологиялық факторы топырақтың тұздануы. Құмды аймақтың экологиясы тұз көкжиек бетіне көтеріледі, ал мұндағы тұздану айқын түрде өсімдік қауымдастықтарының құрамына әсер етеді. Тұздану жағдайларына бейімделу сипаты бойынша барлық галофиттер үш топқа бөлінеді: тұзды өз бойында жинақтайтын, тұзды бөліп шығаратын, тұзға төзімді. Бірінші топқа тұзды өткізетін және тұз және суды бірге ұлпалар ойында жинақтайтын өсімдіктерді жатқызамыз. Мұндай өсімдіктер суды өз бойында сақтайтын ұлпалар дамиды. Тұзға төзімді топтың өсімдік тамырлары тұзды жинақтамай босататын өсімдіктер тұзды өткізгіштер болып табылады, бірақ ол клетка шырынында жиналмайды, тек сыртқа шығарады. Осындай өсімдіктерге біздің зерттеу объектіміз *Tamaricaceae* тұқымдасына жататын борық жыңғыл (*Tamarix laxa Willd*) бұталы өсімдіктерінің морфологиялық және анатомиямилық құрылымындағы ерекшеліктерін анықтауға алынды. Бұл өсімдіктің таралу аймағы кең Қазақстаннан басқа да алыс-жақын шетелдік аймақтарда да кездеседі. Өсімдік үшін пайдаланатын өсімдік болғандықтан, бақтарда тармақталған бисер деп аталатын атпен белгілі.

Нәтижелер және талқылау. *Tamaricaceae* тусының түрлері тұздану жағдайында өсуге жақсы бейімделетіні және осы негізде галофиттерге жататыны белгілі. Тамарикс тұқымындағы тұздану жағдайларына бейімделудің негізгі механизмі-тұздану. Борық жыңғыл (*Tamarix laxa Willd*) өсімдігі *Tamarix* L. туысы, *Tamaricaceae* тұқымдасына жатады. *Tamaricaceae* L. тұқымдасының өсімдіктері кішігірім бұталы өсімдіктер жатады. Орталық Азияда жыңғыл деген атпен белгілі. Біздің елімізде Сырдарияның, Арыс және Іле өзендерінің тоғайлы ормандарында жиі кездеседі. Сонымен бұл өсімдік өзендер бойындағы тоғайда, сортаң жерлерде, тақырлардың жиектерінде, кейде құмдарда өседі. Орта Азия тауларында теңіз деңгейінен 2000 метрге дейінгі биіктікке көтерілген шөлді аймақтардан кездестіруге болады. Олар сәндік және құмды өсімдіктер ретінде қолданылады.

Бұл өсімдік біздің елімізде шөлдерде, жартылай шөлдерде және далаларда кездеседі, көбінесе осы аймақтың доминатты өсімдіктері болып табылады. Климаттың өзгеруіне қарай, салыстырмалы түрде суыққа төзімді, жыңғылдың барлық түрлері 17°C-қа дейінгі температураға төтеп береді, ең суыққа төзімді 50°C-қа дейін төзімділік деңгейін көрсетеді.

Борық жыңғыл өсімдігінің биіктігі 2,5 м-ге дейін, жоғары тармақталған бұта немесе кішкентай ағаш түрінде өседі. Бұтақтары таралған, жалаңаш, жасыл немесе сұр түсті. Жапырақтары тікелей орналасқан, 2 мм дейін, сопақша-ромбты немесе овоидті, ішке қарай жиктері тарылған. Жапырақтары ауыспалы, қарапайым, сесильді, тегіс, жасыл, ромб тәрізді немесе сопақша-ромбты, бұтақтың бүкіл ұзындығында орналасқан (7 сурет).

Гүлдері кіші, диаметрі 1 см-ге дейін, қызғылт, бес жапырақшалы, тығыз гүл шоғырында жиналатындығы байқалды. Гүлдері қосжынысты, формасы жағынан майда ұзындығы 1,5-3,0 мм, бір жылдық олар бұтақтарда, қарапайым немесе күрделі масақша түзеді немесе басқаларында паникулаларда жиналады. Гүл тұғыры сопақшалы, ланцетті, сызықты немесе шыбық тәрізді, түтікпен, өткір немесе шеміршек тәрізді, көбінесе ішке қарай иілген, түзу, ауытқыған немесе бүгілген, педикельдері немесе гүлаяқшалары қысқа немесе ұзыншалы болып келеді. Тостағаншасы 4-5 бөлікті, кейбір кезде 7 бөлікті, былғары немесе етті, жұмыртқа тәрізді бөлікті, жұмыртқа тәрізді үшбұрышты немесе сопақша-ромб тәрізді, аздап дөңгелек, доға формалы, күлтесі 4-5, сирек 7 дейін, жұмыртқа секілді, сопақ немесе эллиптикалық, қызғылт немесе ақшыл күлгін, сирек қызыл немесе ақ түсті, доғал немесе жоғарғы жағынан сәл ойықталған, жемістермен бірге түсіп қалатындығы анықталды. Аталықтары 4-5, аталық жіпшелері жұқа немесе кейде кеңейтілген формалы, тозаңқаптары жүрекше тәрізді, өткір немесе доғал формалы. Аналығы жалғыз, ұзын-эллиптикалық, конустық немесе бөтелке тәрізді, үшбұрышты, бір ұялы, 3-4 бағанды, қысқа формалы екендігі анықталды. Гүлдену кезеңі шамамен 60-70 күнге созылады. Жемістері қоңыр немесе қоңыр-жасыл түсті құрғақ қораптарда түзіледі. Жыл сайын жеміс береді, тұқымдар көптеген жылдар бойы өнгіштігін сақтай алады. Борық жыңғыл өсімдігінің бұтақтары тарамдалған, жалаңаш, жасыл немесе

сұр түсті, жапырақтары сопақша-ромбты ішке қарай тарылуы шөлді, жартылай шөлді, далалы аймақтың өсімдігіне тән морфологиялық белгілерді көрсетеді.

Tamarix L. тусынның зерттеуге алынған кебір түрлері тұздану жағдайында өсуге жақсы бейімделетіні және осы негізде галофиттерге жататыны белгілі. *Tamarix L.* тусынның тұздану жағдайларына бейімделудің негізгі механизмі ол тұздану. Зерттелген көпжылдық өсімдіктер бір жерде ұзақ уақыт өсетіндіктен, олар тіршілік ету ортасындағы топырақтың тұз құрамына әсер етеді, тамыр қабатынан тұз сіңіреді және тасымалданады. Жапырақтары өніп шыққаннан кейін тұзды өсімдік бойына таратады. Қысқы-күзгі жауын-шашынның жиналуына кедергі келтірмейді, бірақ физикалық булануды азайтады.

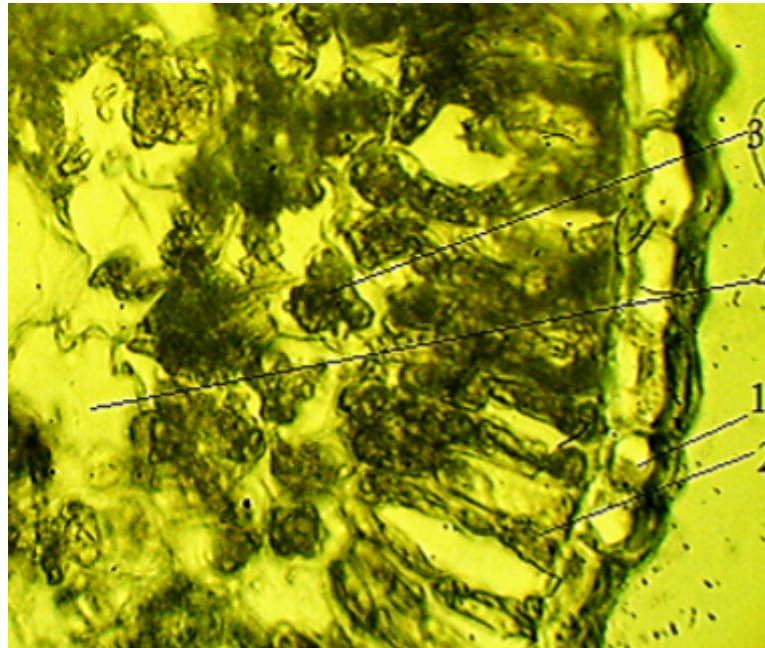
Борық жыңғыл (*Tamarix laxa Willd*) бұталы өсімдіктері орташа және қатты тұзды топырақтарда өсетін тұзды галофиттерге жатады. Зерттелген борық жыңғыл бұталы көпжылдық өсімдіктер бір жерде ұзақ уақыт өсетіндіктен, олар тіршілік ету ортасындағы топырақ құрамындағы тұз мөлшері өсуіне әсер етеді, минералды заттар тамыр қабаты арқылы өсімдік бойына таралады, сондықтан тұзды сіңіреді және сыртқа бөліп шығарады деп болжауға болады. Сабақтың жоғарғы бөлігіндегі жапырақ астындағы су сығындысындағы тұзды қалдықтарының мөлшері әртүрлі деңгейде жинақталған. Вегетация кезеңінде бинокуляр микроскопы көмегімен қарау барысында борық жыңғыллы жапырақтарының бетінде тұз кристалдары көптеп жинақталғанын жапырақ тақташасында жақсы анықталды.

Борық жыңғыл жапырағының анатомиялық құрылымы зерттелді. Борық жыңғыл (*Tamarix laxa Willd*) қатты тұзды топырақта өсуге бейімделген өсімдік. Борпылдақ жыңғыл жапырағының жоғарғы және төменгі жабындық эпидермис клеткасы бір қатарға орналасқан, сыртқы қабырғалары кутикуламен жабылған және түктері жоқ. Жапырақ астыңғы жағында устьице саңылаулары қалыптасқан. Сондықтан жапырағы гипостоматикалық типке жатады. Жоғарғы эпидермис клеткасының қалыңдығы $14,8 \pm 1,7$ мкм., ал төменгі эпидермис клеткасының қалыңдығы $10,2 \pm 1,81$ мкм (1 сурет).

Эпидермис қабатының астыңғы бөлігінде және бағаналы мезофилл қабатында су қорынын сақтайтын ұлпалар қалыптасқан, олардың арасында бір клеткалы идиобласттар түзілген және секреция бездерінің шоғыры байқалды. Идиобластар жапырақтың көлденең кесіндісінде айқын дифференцияланған, толық қалыптасқан құрылымдық элементтер ретінде байқалады. Олар негізгі ассимиляциялық ұлпалардан морфологиялық және анатомиялық ерекшеліктері арқылы ажыратылады және жапырақ мезофиллінің жалпы құрылымында жеке дараланған клеткасын құрайды.

Жапырақ құралымынан бағаналы және борпылдақ мезофиллдері айқындалған. Мезофилл изолатеральды немесе центрлік, екі, үш қабатты, үздіксіз немесе сулы паренхимамен жеке тізбекке бөлінген. Олардың ұзындығы сыртқы қабаттан ішкі қабаттарға дейін қысқарған. Бағаналы мезофиллдің клетка қалыңдығы $23,5 \pm 0,4$ мкм.

Борпылдақ мезофилл клеткасы бір-бірімен бүйірлік түйісіп орналасқан, клетка қалыңдығы $27,1 \pm 1,08$ мкм. Мезофилл ұлпасында хлорофилл дәндерінің шоғыры байқалады. Фотосинтетикалық клеткалар мен хлоропласттардың мөлшері мен санының арақатынасы мезофиллдің интегралды параметрлерін анықтайды, сыртқы орта мен жапырақ арасындағы газ алмасу ұшқынының жарық сіңіру тиімділігіне тікелей әсер етеді.



Сурет 1. Борық жыңғыл (*Tamarix laxa Willd*) өсімдігінің анатомиялық құрылымы 1-жоғарғы эпидермис, 2-бағаналы мезофилл, 4-борпылдақ мезофилл 3-идиобласт

Борпылдақ мезофиллде су қорын сақтайтын ұлпа жақсы қалыптасқан, бұл гипертрофиялық сәулелі қынап, жоғары вакуолизденген клеткадан тұрады. Борпылдақ мезофиллден сулы ішінара шырынды клеткалар шоғыры байқалды. Онымен қоса, шырындылар өткізгіш шоқтар айналасында да шоғырланған. Жапырақтағы өткізгіш шоқтарды хлоренхима қоршап орналасуымен ерекшелінеді. Екі қабатты хлоренхима әрбір өткізгіш шоқтың айналасында түзілген.

Жапырақтардың анатомиялық құрылымын зерттеу негізінде біз экстремалды тұздану жағдайында жапырақтары шырынды екендігін байқадық. Топырақтың тұздану жағдайында өсуге бейімделген борық жыңғыл өсімдігінің жапырағы ксероморфты. Топырақтың тұздануы жапырақтардың шырынды түрін құрайтындығы туралы әдеби мәліметтерге сәйкес келеді. Жинақталған тұз жапырақтың шеткі клеткасына өтіп, шоғырланады, мұндай клеткалар жапырақ жиегінде жинақталған, жапырақтағы су тапшылығынан кейін қабыршақтанады немесе жарылып, жерге түседі. Борық жыңғылда тұз кристалдары жапырақта секреция клеткалары арқылы жиналған. *Tamarix laxa Wild* жапырақтарының бөліктерін микроскопиялық зерттеуде біздің болжамымызды растады.

Жыңғыл өсімдігінің жапырақтарының шырынды, ксероморфты түрлерін салыстырмалы талдау жүргізсек, тұздану жағдайына бейімделген шырынды өсімдіктер, олар абсолютті галофиттерге жатады. Ксероморфты жапырақты өсімдіктер негізінен маманданған галофиттер болып табылады.

Бұл түрлер тұздану жағдайларына жақсы бейімделген және көбінесе тұздардың жоғары концентрациясына төзімді, бірақ бұл жағдайда олардың өсуі қарқындылығы жоғарламайды. Біз жүргізген зерттеулер топырақта тұз болмаған жағдайда бұл өсімдіктердің өсу қарқыны жоғары және үлкен биологиялық белсенділік деңгейін арттыруы мүмкін деп болжам жасалады.

Қорытынды. Борық жыңғыл бұталы көпжылдық өсімдіктер бір жерде ұзақ уақыт өсетіндіктен, олар тіршілік ету ортасындағы топырақ құрамындағы тұз мөлшері өсуіне әсер етеді, минералды заттар тамыр қабаты арқылы өсімдік бойына таралады, сондықтан тұзды сіңіреді және сыртқа бөліп шығарады деп болжауға болады. Сабақтың жоғарғы бөлігіндегі жапырақ астындағы су сығындысындағы тұзды қалдықтарының мөлшері әртүрлі деңгейде жинақталған. Вегетация кезеңінде бинокуляр микроскопы көмегімен қарау барысында борық жыңғыллы жапырақтарының бетінде тұз кристалдары көптеп жинақталғанын жапырақ тақташасында жақсы анықталды.

Қазақстанда ксерогалофитке жататын *Tamarix laxa Willd* жерүсті мүшесі жапырақ құрылымына анатомиялық зерттеу жүргізілді. Устьицелік бойынша жапырақ формасы гипоустийцелік типке жатады. Зерттелген екі түрде де жапырақтағы су сақтайтын ұлпалардың түзілуі әртүрлі деңгейде екендігін көрсетті. Сонымен тұздар жапырақтың шеткі клеткаларына өтіп, шоғырланады, бұл жапырақтың су тапшылығынан қурауына әкеледі. Кесіндіден көрініп тұрғандай, мұндай клеткалар жапырақтың шетінде орналасқан және су қоры азайғанда қабыршақтанады немесе жарылып жерге түседі. Біртіндеп оларды басқа клеткалар алмастыра алады.

Әдебиеттер

- Барыкина Р.П. Практикум по анатомии растений. – М.: Наука, 2005. - 156 с.
- Джаналиева Г.М, Богачев В.П. Ландшафты современной дельты реки Или. Алматы, 1991 С. 15-18.
- Иосебидзе Н.И. Атлас - определитель всходов лекарственных растений. - Тбилиси: Наука, 1991. - 300 с.
- Прозина М.Н. Ботаническая микротехника. – М.: Высшая школа, 1990. - 260 с.
- Пермяков А. И. Микротехника. – М.: Наука, 2000. - 127 с.
- Работнов Г.А. Жизненный цикл многолетних травянистых растений в луговых ценозах // Труды Бот. инст. АН СССР. Сер. 3. - Вып. 6. - С. 204-208.
- Серебряков И.Г. Морфология вегетативных органов высших растений. – М.: Советская наука, - 391 с.
- Серебряков И.Г. Экологическая морфология растений. – М.: Высшая школа, - 317 с.
- Флора Казахстана. Т. 6. – Алма-Ата, 1963. – С. 178–186
- Arianmanesh R., Mehregan, T., Nejadstari, M., Assadi Molecular phylogeny of *Tamarix* (Tamaricaceae) species from Iran based on ITS sequence data. *J. Exp. Biol.*, 2015. 5:44-50.
- AbbasB, Al-Qarawi AA, Al-Hawas A. The ethno-veterinary knowledge and practice of traditional healers in Qassim Region, Saudi Arabia. *J. Arid. Environ.* 2012;50: 367-379.
- Biological overview and adaptability strategies of *Tamarix* plants, *T. articulata* and *T. gallica* to abiotic stress. In: Springer eBooks. New York: Springer. 401-433
- Daulbayeva A, Kadyrbayeva G, Kozhanova K, Shaharudin S, Rakhymbayev N, Allamberganova Z, Anarbayeva R, Alimova U, Kantureyeva A, Baidullaeva A, An V, Kydyrbai B. 2025. Morphological, phytochemical, and pharmacological properties of the genus *Tamarix* in Kazakhstan species: a review. *PeerJ* 13:e20059 <https://doi.org/10.7717/peerj.20059>
- Fangjie Li, Wenli Xie, Xianrui Ding, Kuo Xu, Xianjun Fu Phytochemical and pharmacological properties of the genus *Tamarix*: a comprehensive review 2024 *Vol.47(5):410-441*. <https://doi:10.1007/s12272-024-01498-x>
- Goyal M, Ghosh M, Nagori BP, Sasmal D. Analgesic and anti-inflammatory studies of cyclopeptide alkaloid fraction of leaves of *Zizyphus nummularia*. *Saudi J Biol Sci.* 2013;20: 365- 371.
- Mann, HS. Saxena SK. Bordi-Zizyphusnummularia, A Shrub of Indian Arid Zone: It's Role in Silviculture *Phytochem.*2013;18:135-155
- MahajanRT, Chopda MZ. Phyto-Pharmacology of *Zizyphus jujuba* Mill- Aplant review. *Phcognosy Review.* 2009;3:320-329.
- Mahmoud AMN. Sahar AMH. Gall polyphenolics of *Tamarix aphylla*. *Phytochem.*2018: 36:1035-1037
- Marwat SK, Khan MA, Khan MA, Fazal-ur-Rahman, Ahmad M, Zafar M. *Salvadora persica*, *Tamarix aphylla*, *Zizyphus mauritiana* three woody plant species Mention in Holy Quran and Ahadith, and their ethnobotanical use in North western part (D.I.Khan) of Pakistan. *Ethnobotanical Leaflets.* 2008;12:1013-1021.
- Ruiqi Zheng, Xiang Shi, Shaoming Wang Differential germination responses of plump and shriveled seeds to environmental factors and storage conditions in *Tamarix laxa* Willd. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants* 2024 Vol.43, <https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2024.100602>
- Sheidal, M., T., Shagholi, M. Keszthavari, F. Koohdar, H., Ijbari Species delimitation and inter-specific gene flow in *Tamarix* L. (Tamaricaceae). *Научетия*, 18/2: 313–322
- Sher H, Al-Yemeni M, Sher H. Forest resource utilization assessment for economic development of rural community in northern parts of Pakistan. *J. Med. Plants Res.*2010;4:1786-1798.
- Xiaocen Wei, Xin Yan, Zhen Yang, Guoliang Han, Lei Wang, Fang Yuan, Baoshan Wang Salt glands of recretohalophyte *Tamarix* under salinity: Their evolution and adaptation *Ecol Evo* 2020 *Vol.10(17):9384-9395*. <https://doi:10.1002/ece3.6625>
- Yusufoglu HS, Alqasoumi SI. Anti-inflammatory and Wound Healing Activities of Herbal Gel Containing an Antioxidant *Tamarix aphylla*, *T. aphylla*, *T. ramosissima* Leaf Extract. *Int. J. Pharm.* 2018: 7:829-835.

References

- Abbas, B., Al-Qarawi, A. A., & Al-Hawas, A. (2012). The ethno-veterinary knowledge and practice of traditional healers in Qassim Region, Saudi Arabia. *Journal of Arid Environments*, 50, 367–379. [English]
- Arianmanesh, R., Mehregan, T., Nejadstari, M., & Assadi, M. (2015). Molecular phylogeny of *Tamarix* (Tamaricaceae) species from Iran based on ITS sequence data. *Journal of Experimental Biology*, 5, 44–50. [English]
- Barykina, R. P. (2005). *Praktikum po anatomii rastenii* [Workshop on plant anatomy]. Nauka. [Russian]
- Biological overview and adaptability strategies of *Tamarix* plants, *T. articulata* and *T. gallica*, to abiotic stress. (n.d.). In Springer eBooks (pp. 401–433). Springer. [English]
- Daulbayeva, A., Kadyrbayeva, G., Kozhanova, K., Shaharudin, S., Rakhymbayev, N., Allamberganova, Z., Anarbayeva, R., Alimova, U., Kantureyeva, A., Baidullaeva, A., An, V., & Kydyrbai, B. (2025). Morphological, phytochemical, and pharmacological properties of the genus *Tamarix* in Kazakhstan species: A review. *PeerJ*, 13, e20059. <https://doi.org/10.7717/peerj.20059>[English]

- Dzhanalieva, G. M., & Bogachev, V. P. (1991). Landshafty sovremennoi delty reki Ili [Landscapes of the modern Ili River delta] (pp. 15–18). Almaty. [Russian]
- Flora Kazakhstana. (1963). Flora of Kazakhstan (Vol. 6, pp. 178–186). Alma-Ata. [Russian]
- Goyal, M., Ghosh, M., Nagori, B. P., & Sasmal, D. (2013). Analgesic and anti-inflammatory studies of cyclopeptide alkaloid fraction of leaves of *Ziziphus nummularia*. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 20, 365–371. [English]
- Iosebidze, N. I. (1991). Atlas-opredelitel vskhodov lekarstvennykh rastenii [Atlas-guide to seedlings of medicinal plants]. Nauka. [Russian]
- Li, F., Xie, W., Ding, X., Xu, K., & Fu, X. (2024). Phytochemical and pharmacological properties of the genus *Tamarix*: A comprehensive review. *Archives of Pharmacal Research*, 47(5), 410–441. <https://doi.org/10.1007/s12272-024-01498-x> [English]
- Mahajan, R. T., & Chopda, M. Z. (2009). Phyto-pharmacology of *Ziziphus jujuba* Mill.: A plant review. *Pharmacognosy Reviews*, 3, 320–329. [English]
- Mahmoud, A. M. N., & Sahar, A. M. H. (2018). Gall polyphenolics of *Tamarix aphylla*. *Phytochemistry*, 36, 1035–1037. [English]
- Mann, H. S., & Saxena, S. K. (2013). Bordi–*Ziziphus nummularia*, a shrub of Indian arid zone: Its role in silvipasture. *Phytochemistry*, 18, 135–155. [English]
- Marwat, S. K., Khan, M. A., Khan, M. A., Fazal-ur-Rahman, Ahmad, M., & Zafar, M. (2008). *Salvadora persica*, *Tamarix aphylla*, *Ziziphus mauritiana*: Three woody plant species mentioned in Holy Quran and Ahadith and their ethnobotanical use in north-western Pakistan. *Ethnobotanical Leaflets*, 12, 1013–1021. [English]
- Permyakov, A. I. (2000). Mikrotekhnik [Microtechnique]. Nauka. [Russian]
- Prozina, M. N. (1990). Botanicheskaya mikrotekhnik [Botanical microtechnique]. Vysshaya shkola. [Russian]
- Rabotnov, G. A. (n.d.). Zhiznennyi tsikl mnogoletnikh travyanistykh rastenii v lugovykh tsenozakh [Life cycle of perennial herbaceous plants in meadow cenoses]. *Trudy Botanicheskogo Instituta AN SSSR. Seriya 3*, 6, 204–208. [Russian]
- Sher, H., Al-Yemeni, M., & Sher, H. (2010). Forest resource utilization assessment for economic development of rural community in northern parts of Pakistan. *Journal of Medicinal Plants Research*, 4, 1786–1798. [English]
- Serebryakov, I. G. (n.d.). Ekologicheskaya morfologiya rastenii [Ecological morphology of plants]. Vysshaya shkola. [Russian]
- Serebryakov, I. G. (n.d.). Morfologiya vegetativnykh organov vysshikh rastenii [Morphology of vegetative organs of higher plants]. Sovetskaya nauka. [Russian]
- Sheidal, M., Shaghali, T., Keszhavarzi, M., Koohdar, F., & Ijbari, H. (n.d.). Species delimitation and inter-specific gene flow in *Tamarix L.* (Tamaricaceae). *Hacquetia*, 18(2), 313–322. [English]
- Wei, X., Yan, X., Yang, Z., Han, G., Wang, L., Yuan, F., & Wang, B. (2020). Salt glands of recretalophyte *Tamarix* under salinity: Their evolution and adaptation. *Ecology and Evolution*, 10(17), 9384–9395. <https://doi.org/10.1002/ece3.6625> [English]
- Yusufoglu, H. S., & Alqasoumi, S. I. (2018). Anti-inflammatory and wound healing activities of herbal gel containing antioxidant *Tamarix aphylla* leaf extract. *International Journal of Pharmacology*, 7, 829–835. [English]
- Zheng, R., Shi, X., & Wang, S. (2024). Differential germination responses of plump and shriveled seeds to environmental factors and storage conditions in *Tamarix laxa* Willd. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, 43, 100602. <https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2024.100602> [English]

REVIEW OF SPECIES OF THE GENUS *AEGILOPS* L. (POCEAE) IN CENTRAL ASIA**¹O.S. Abduraimov** , **¹S.K. Teshaboev** , **²T.K. Mambetov** , **³A.K. Usupbaev*** ¹Institute of Botany, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Republic of Uzbekistan²Kyrgyz National University named after J. Balasagyn, Bishkek, Kyrgyz Republic³Institute of Biology, National Academy of Sciences of the Kyrgyz Republic, Bishkek, Kyrgyz Republic*e-mail: adilet.usupbaev@mail.ru

O.S. Abduraimov – doctor of Biological Sciences, Senior Researcher, Laboratory of Cadastre of Natural Plant Resources and Population Biology, Institute of Botany, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Uzbekistan, e-mail: ozodbek88@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9087-8949>

S.K. Teshaboev – junior Researcher, Laboratory of Cadastre of Natural Plant Resources and Population Biology, Institute of Botany, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Uzbekistan, e-mail: sultonteshaboyev@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-0939-0010>

T.K. Mambetov – master's degree holder, Faculty of Biology, Kyrgyz National University named after J. Balasagyn, 328 Abdumomunov Street, Bishkek, Kyrgyz Republic, e-mail: mambetov84@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-4186-1527>

A.K. Usupbaev – doctor of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Geobotany and Protected Areas, Institute of Biology, National Academy of Sciences of the Kyrgyz Republic, Bishkek, Kyrgyz Republic, e-mail: adilet.usupbaev@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6503-9761>

Abstract. The article presents data on the distribution and species diversity of the genus *Aegilops* L. in the countries of Central Asia. Based on field research, literature sources, and analysis of herbarium specimens, six species of the genus are distributed in Central Asia (*Aegilops cylindrica*, *A. crassa*, *A. tauschii*, *A. triuncialis*, *A. juvenalis*). The species *Aegilops kotschy* Boiss. is reported for the first time for the flora of Uzbekistan. Species of the genus *Aegilops* L., in addition to being wild relatives of cultivated wheat - one of the main food crops - are grazed by livestock on pastures in early spring. The results of this study will serve as a basis for future work on flora monitoring and regional cadastre assessments.

Keywords: *Aegilops* L., *Poaceae*, Central Asia, herbarium, identification key.

ОБЗОР ВИДОВ РОДА *AEGILOPS* L. (РОСЕАЕ) В СРЕДНЕЙ АЗИИ**¹О.С. Абдураимов**, **¹С.К. Тешабоев**, **²Т.К. Мамбетов**, **³А.К. Усупбаев***¹Институт ботаники, Академия наук Республики Узбекистан, г. Ташкент, Узбекистан²Кыргызский национальный университет им. Ж. Баласагына, г. Бишкек, Кыргызстан³Институт биологии Национальной академии наук Кыргызской Республики, г. Бишкек, Кыргызстан*e-mail: adilet.usupbaev@mail.ru

О.С. Абдураимов – доктор биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории кадастра природных растительных ресурсов и популяционной биологии Института ботаники Академии наук Республики Узбекистан, Ташкент, Узбекистан, e-mail: ozodbek88@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9087-8949>

С.К. Тешабоев – младший научный сотрудник лаборатории кадастра природных растительных ресурсов и популяционной биологии Института ботаники Академии наук Республики Узбекистан, Ташкент, Узбекистан, e-mail: sultonteshaboyev@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-0939-0010>

Т.К. Мамбетов – магистр факультета биологии Кыргызского национального университета им. Ж. Баласагына, улица Абдумомунова, 328, г. Бишкек, Кыргызстан, e-mail: mambetov84@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-4186-1527>

А.К. Усупбаев – доктор биологических наук, заведующий лабораторией геоботаники и ООПТ Института биологии Национальной академии наук Кыргызской Республики, г. Бишкек, Кыргызстан, e-mail: adilet.usupbaev@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6503-9761>

Аннотация. В статье представлены данные о распространении и видовом разнообразии видов рода *Aegilops* L. в странах Средней Азии. По данным полевых исследований, литературным данным и анализу гербарных образцов, в Средней Азии распространено 6 видов рода (*Aegilops cylindrica*, *A. crassa*, *A. tauschii*, *A. triuncialis*, *A. juvenalis*). Вид *Aegilops kotschyi* Boiss. указан впервые для флоры Узбекистана. Виды рода *Aegilops* L., помимо того, что являются дикими сородичами культурной пшеницы, которая является основной продовольственной культурой, поедаются скотом на пастбищах ранней весной. Результаты этих исследований послужат основой для будущих работ по мониторингу флоры и кадастра регионов.

Ключевые слова: *Aegilops* L., *Poaceae*, Средняя Азия, гербарий, ключ для определения вида.

ОРТА АЗИЯДАҒЫ *AEGILOPS* L. (POACEAE) ТУЫСЫНЫҢ ТҮРЛЕРІНЕ ШОЛУ

¹О.С. Абдураимов, ¹С.К. Тешабоев, ²Т.К. Мамбетов, ³А.К. Усупбаев*

¹Өзбекстан Республикасы Ғылым академиясының Ботаника институты, Ташкент қ., Өзбекстан Республикасы

²Ж. Баласағын атындағы Қырғыз ұлттық университеті, Бішкек қ., Қырғыз Республикасы

³Қырғыз Республикасы Ұлттық ғылым академиясының Биология институты, Бішкек қ., Қырғыз Республикасы

*e-mail: adilet.usupbaev@mail.ru

О.С. Абдураимов – биология ғылымдарының докторы, табиғи өсімдік ресурстарының кадастры және популяциялық биология зертханасының аға ғылыми қызметкері, Өзбекстан Республикасы Ғылым академиясының Ботаника институты, Ташкент, Өзбекстан, e-mail: ozodbek88@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9087-8949>

С.К. Тешабоев – табиғи өсімдік ресурстарының кадастры және популяциялық биология зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Өзбекстан Республикасы Ғылым академиясының Ботаника институты, Ташкент, Өзбекстан, e-mail: sultonteshaboyev@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-0939-0010>

Т.К. Мамбетов – Ж. Баласағын атындағы Қырғыз ұлттық университетінің биология факультетінің магистрі, Абдумомунов көш., 328, Бішкек қ., Қырғыз Республикасы, e-mail: mambetov84@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-4186-1527>

А.К. Усупбаев – биология ғылымдарының докторы, Қырғыз Республикасы Ұлттық ғылым академиясының Биология институты Геоботаника және ЕҚТА зертханасының меңгерушісі, Бішкек қ., Қырғыз Республикасы, e-mail: adilet.usupbaev@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6503-9761>

Аңдатпа. Мақалада Орта Азия елдеріндегі *Aegilops* L. туысы түрлерінің таралуы мен түрлік алуантүрлілігі туралы деректер ұсынылған. Далалық зерттеулердің материалдарына, әдеби деректерге және гербарий үлгілерін талдауға сүйене отырып, Орта Азияда аталған туыстың 6 түрі таралғаны көрсетілді (*Aegilops cylindrica*, *A. crassa*, *A. tauschii*, *A. triuncialis*, *A. juvenalis*). *Aegilops kotschyi* Boiss. түрі Өзбекстан флорасы үшін алғаш рет көрсетіліп отыр. *Aegilops* L. туысының түрлері мәдени бидайдың жабайы туыстары болып табылуымен қатар, ерте көктемде жайылымдарда малмен де желінеді. Осы зерттеулердің нәтижелері флораны мониторингтеу және өңірлердің кадастрын жүргізу бойынша болашақ жұмыстарға негіз болады.

Түйін сөздер: *Aegilops* L.; *Poaceae*; Орта Азия; гербарий; түрлерді анықтау кілті.

Introduction. Central Asia (CA) is a historical and geographical region in Eurasia. In contrast to the broader historical and geographical region of Central Asia, the term Middle Asia is currently used to refer to Uzbekistan, Kyrgyzstan, Turkmenistan, Tajikistan, and Kazakhstan (Abduraimov et al., 2023b:97-101). Geographically, CA covers nearly 4 million km² and is located in the heart of the world's largest continent - Eurasia - serving as a crucial bridge between Europe, the Middle East, South Asia, and East Asia (Fig. 1). The CA region is typically characterized by a combination of high mountain ranges, vast plains, extensive deserts, and fertile valleys, which together shape its unique and diverse landscapes. In the southeast, the region includes the mountain systems of the Tien Shan and Pamir-Alai, whereas in the northwest it is dominated by lowlands concentrated on relatively flat terrain (Jilili et al., 2015).

At the same time, CA is deeply landlocked and represents the largest arid region within the temperate and warm-temperate zones of the Northern Hemisphere. The climate is largely arid or semi-arid and is strongly influenced by westerly atmospheric circulation patterns; the region is also known as a “water tower” (Chen et al., 2016:35-58). The presence of the Tien Shan mountain system forms an ecological barrier that obstructs the circulation of westerly winds and affects the distribution of precipitation across the region (Ma, et al., 2021:781; Hu et al., 2018:38; Liu et al., 2019:9). The Tien Shan and Pamir-Alai ranges create a humid island within the surrounding arid environment, which is crucial for maintaining oasis stability, conserving water resources, and supporting the development of diverse flora.

Floristically, CA belongs to the Irano-Turanian region and shows the greatest similarity to its western part, which extends from the Anatolian Plateau to the Tien Shan and the Pamirs (Manafzadeh et al., 2017:92). The mountains of CA support approximately 7,000 species of vascular plants, accounting for more than 75% of the total plant diversity of the region (Kamelin, 1973; Pan, 2021). Vegetation types are represented mainly by semi-desert and steppe ecosystems at both low and high elevations and are characterized by substantial endemic diversity (Manafzadeh et al., 2017:92).

Wild grasses constitute the main component of pastures and serve as forage plants readily consumed by all types of livestock (Usupbayev, 2017:149-153). Several studies have investigated wild relatives of cultivated plants distributed across CA. Such research has been conducted by prominent botanists, including A. D. Dzhangaliev (Dzhangaliev, 2008:10), G. T. Sitpayeva (Sitpayeva, 2010:38), M.A. Yesimbekova (Yesimbekova et al., 2015:5-18; Yesimbekova et al., 2004:38-41; Yesimbekova, 2014:25-27), A. A. Imanbayeva (Imanbayeva, 2018:148-154), A. B. Adzhiyev (Adzhiyev, 2023:27), Abduraimov et al. (Abduraimov et al., 2022:592; Abduraimov et al., 2023 a:1668-1675), and A. K. Usupbayev (Usupbayev, 2022). Among wild grasses, species of the genus *Aegilops* L. are of particular importance: their representatives are regarded as wild relatives of cultivated wheat and also constitute major forage plants in pastures.

Worldwide, the genus *Aegilops* L. comprises about 25 species. The main centres of origin are considered to be Southwest Asia, Central Asia, and the Mediterranean region (Kilian et al., 2011:1-76). Two-thirds of the species originate from these regions (Hedge et al., 2002:608-614). Species of this genus are mainly distributed in Georgia, Armenia, Azerbaijan, and northern Iran (Van, 1994:530), as well as in Cyprus, Lebanon, Israel, Syria, Iraq, southeastern Turkey, southwestern Iran, and northwestern Jordan (Lelley et al., 2000:661-668).

The results on the distribution of *Aegilops* species in CA countries are based on published literature data, analyses of herbarium specimens, and the outcomes of field surveys.

Materials and methods. This study used specimens from herbarium collections in Kazakhstan (AA, PPIU, KG, KSPI), Kyrgyzstan (FRU), Tajikistan (TAD, KHOR), Turkmenistan (ASH), and Uzbekistan (TASH, SAMDU), as well as collections of Lomonosov Moscow State University (MW) and the Komarov Botanical Institute (LE). Additional research sources relevant to this topic were also consulted. Standardized scientific plant names and the authorship of species, genera, and families follow the International Plant Names Index (IPNI, 2024) and Plants of the World Online (POWO, 2024). To verify the distribution of each taxon, we systematically examined the floras of each Central Asian country and reviewed occurrence records based on the Global Biodiversity Information Facility (GBIF, 2024). Species occurrence point maps were generated using ArcGIS (version 10.6).

When compiling the identification key, we used Flora of the USSR [1934], Guide to the Plants of Middle Asia [1968], and N. N. Tzvelev's Grasses of the USSR [1976].

Results and discussion. Herbarium specimens of *Aegilops* L. species from international databases (GBIF, Virtual Herbarium) were also analysed. The materials collected during field surveys, together with herbarium specimen analyses and literature data, indicate that six species of this genus occur in Middle Asia: *Aegilops cylindrica*, *A. crassa*, *A. tauschii*, *A. triuncialis*, *A. juvenalis* and *A. kotschyi*. An identification key to *Aegilops* L. species distributed in Middle Asia was developed and refined during the study (Table 1).

Table 1. Identification key to species

No.	Diagnostic characters
1.	Spikelet glumes of all spikelets, except the uppermost one, without awns and teeth, or with two teeth, one of which is short (up to 1 mm long) and not apical, rather blunt, while the other is narrower and often continues into a straight awn up to 2.5 cm long 2.
+	Spikelet glumes of all spikelets with 2--4(5) awns 4.
2.	Spikelet glumes 4.5--8 mm long, with the apex appearing truncate, without teeth and awns 3. <i>A. tauschii</i> Coss.
+	Spikelet glumes 7--10 mm long, with the apex bearing two teeth: one broad and short, the other narrower and often continuing into an awn 3.
3.	Spikelet glumes at the apex with two teeth, one of which usually continues into an awn 1. <i>Aegilops cylindrica</i> Host.
+	Spikelet glumes at the apex with two teeth, without awns 2. <i>A. crassa</i> Boiss.
4.	Spikes almost linear, consisting of 1--2 rudimentary spikelets and (3--)4--6(--7) fully developed, slightly inflated spikelets; at fruiting the spike axis disarticulates into segments at the point of attachment to each floret, as in the spikelets; densely covered with very short hairs; caryopses adhering to the floral glumes (lemmas/paleas) 5. <i>A. juvenalis</i> (Thell.) Eig
+	Spikes lanceolate, markedly narrowing toward the apex; at fruiting usually breaking off at the base, rarely disarticulating into segments in the lower part; spikes not inflated; spike axis glabrous or 6--8 mm hairy 5.
5.	Spikelet glumes with convex veins of almost equal thickness, the veins being about twice narrower than the intervals between them; awns usually slightly divergent; upper lemmas at the apex with two sharp awns about 0.5 mm long; caryopses adhering to the floral glumes 6. <i>A. kotschyi</i> Boiss.
+	Spikelet glumes with 6--7 flattened veins strongly differing in thickness; the intervals between veins nearly equal in width; awns more strongly divergent from the spike axis; upper lemmas at the apex without awns or with awns up to 0.2 mm long; caryopses free 4. <i>Aegilops triuncialis</i> L.

Section *Cylindropyrum* (Jaub. et Spach) Zhuk.

1. *A. cylindrica* Host. Gram. Aust. 2: 6 (1802), Fedchenko in Fl. Turkmenii 1: 194 (1932); Nevskiy in Fl. SSSR 2: 671 (1934); Drobov in Fl. Uzbek SSR 1: 295 (1941); E. Nikitin in Fl. Kirg. SSR 2: 213 (1950); Kuznetsova in Fl. Kazakh. SSR 1: 313 (1956); A. Korovin in Fl. Tadzhik. SSR 1: 336 (1957); Nikiforov in Opred. rast. Sr. Azii 1: 183 (1968); Tzvelev, Zlaki SSSR: 157 (1976).

Lectotype: (Hungary) Buda Pesthina [= Budapest], in Cttu [= Comitatu = County] Bekesiensi, Kitaibel 226 (BP).

Ecology. Occurs at elevations of 650-2100 m a.s.l. on shallow stony, gravelly, and soft grey soils (Fig. 1).

General distribution. Central Asia, Afghanistan, Iran, Iraq, Turkey, Southern Europe, and Northwestern Europe (Kilian et al., 2011:1-76; Van, 1994:530).

Distribution in Middle Asia: Kazakhstan (Almaty, Zhambyl, and Turkestan Regions; southern and southeastern Kazakhstan) (Chirkin et al., 2017:150-155; Abugalieva et al., 2018:36-40; Yesimbekova et al., 2015:5-18; Yesimbekova et al., 2004:38-41; Yesimbekova, 2014:25-27); Kyrgyzstan (Western Tien Shan, Northern Tien Shan, and the Fergana region) (Lazkov & Sultanova, 2014:126; Usupbayev, 2022); Tajikistan (I-T, M, E-S) (Arkadiusz & Marcin, 2020:558-561); Turkmenistan (Kushka, Tashkepri, Bami, Kempyrtube, Kyzylalma) (Demidov, 2020:446); Uzbekistan (Kuramin, Chatkal, North Turkestan, Gissar, Zeravshan, Kugitang, Baysun,

Nuratau, Babatag, and Babadag ranges) (Mamatkasimov et al., 2025:1-15; Mamatkasimov et al., 2024:234) (Fig. 2).

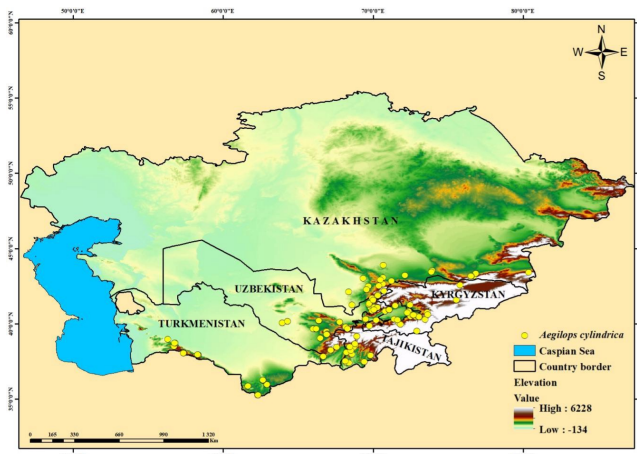


Figure 2. Distribution map of *Aegilops cylindrica* in Middle Asia

2. *A. crassa* Boiss. Diagn. Pl. Or., ser. 1, 7: 129 (1846); Fedchenko in Fl. Turkmenii 1: 194 (1932); Nevskiy in Fl. SSSR 2: 671 (1934); Drobov in Fl. Uzbek SSR 1: 295 (1941); E. Nikitin in Fl. Kirg. SSR 2: 213 (1950); Kuznetsova in Fl. Kazakh. SSR 1: 313 (1956); A. Korovin in Fl. Tadzhik. SSR 1: 336 (1957); Nikiforov in Opred. rast. Sr. Azii 1: 183 (1968); Tzvelev, Zlaki SSSR: 157 (1976).

Holotype: [Iran] Kotschy 248 (G-BOIS)

Ecology. Occurs at elevations of 600-1600 m a.s.l. on shallow stony and soft grey soils.

General distribution. Central Asia, Afghanistan, Iran, Iraq, the Middle East, Turkey, and the Caucasus (Kilian et al., 2011:1-76; Hedge et al., 2022:608-614; Van, 1994:530).

Distribution in Middle Asia: Kazakhstan (southern Kazakhstan; Turkestan, Shymkent, and Zhambyl Regions) (Urzaliyev, 2018:484-490; Yesimbekova et al., 2015:5-18); Kyrgyzstan (Western Tien Shan; the Fergana region) (Lazkov& Sultanova, 2014:126; Usupbayev, 2017:149-153; Usupbayev, 2022); Turkmenistan (Kushka, Tashkepri, Bami, Kempyrtyube, Kyzylalma) (Demidov, 2020:446; Fedchenko, 1932:194-197); Uzbekistan (Chatkal, Kuramin, North Turkestan, Gissar, Zeravshan, Kugitang, Baysun, Nuratau, Babatag, and Eastern Alai ranges; in the basins of the Zarafshan and Tupalang rivers; in the relict mountains of Kyzylkum) (Mamatkasimov et al., 2025:1-15; Mamatkasimov et al., 2024:234) (Fig. 3).

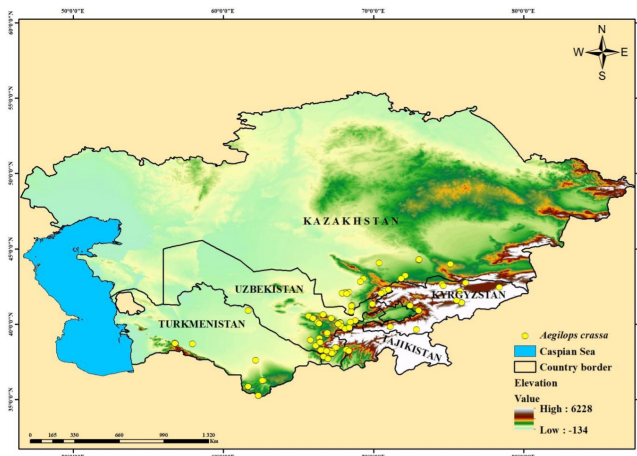


Figure 3. Distribution map of *Aegilops crassa* in Middle Asia

3. *A. tauschii* Coss. Not. Quelq. Pl. Crit. Rar. Nouv. 2: 69 (1849); Tzvelev, Zlaki SSSR: 157 (1976); Nevskiy in Fl. SSSR 2: 671 (1934); E. Nikitin in Fl. Kirg. SSR 2: 213 (1950); Nikiforov in Opred. rast. Sr. Azii 1: 182 (1968).

Lectotype: [Iberia] the illustration in J.Ch. Buxbaum, *Plantarum minus cognitarum Centuria* 1: Tab. 50, fig. 1 (1728).

Ecology. Occurs at elevations of 400-1800 m a.s.l. on shallow stony and gravelly soils.

General distribution. Central Asia, Afghanistan, northern and central China, Iran, Iraq, the Middle East, Turkey, Pakistan, Crimea, the North Caucasus, and the Western Himalayas (Kilian et al., 2011:1-76; Van, 1994:530; Wei et al., 2008:1525-1531; Maciej et al., 2017:1149; Zhou et al., 2021:774-786).

Distribution in Middle Asia: Kazakhstan (Almaty, South Kazakhstan, Zhambyl, Turkestan, and Shymkent Regions) (Yesimbekova et al., 2015:5-18; Urazaliev, 2018:484-490); Kyrgyzstan (Western Tien Shan, Northern Tien Shan, and the Fergana region) (Mamatkasimov et al., 2024:234; Usupbayev, 2022); Tajikistan (I-T) (Arkadiusz&Marcin, 2020:558-561); Uzbekistan (Chatkal, Eastern Alai, Nuratau, North Turkestan, Zeravshan, and Western Gissar ranges) (Mamatkasimov et al., 2025:1-15; Mamatkasimov et al., 2024:234) (Fig. 4).

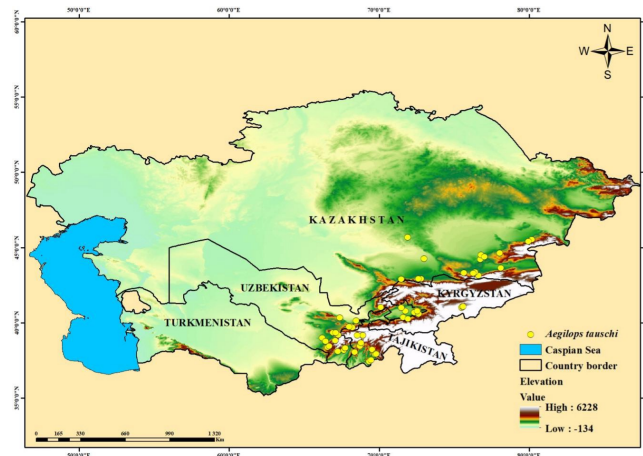


Figure 4. Distribution map of *Aegilops tauschii* in Middle Asia

Section *Aegilops* Tzvel.

4. A. triuncialis L. Three-awned goatgrass. Sp. Pl. 1: 1051 (1753); Fedchenko in Fl. Turkmenii 1: 194 (1932); Nevskiy in Fl. SSSR 2: 671 (1934); Drobov in Fl. Uzbek SSR 1: 295 (1941); E. Nikitin in Fl. Kirg. SSR 2: 213 (1950); Kuznetsova in Fl. Kazakh. SSR 1: 313 (1956); A. Korovin in Fl. Tadzhik. SSR 1: 336 (1957); Nikiforov in Opred. rast. Sr. Azii 1: 183 (1968); Tzvelev, Zlaki SSSR: 157 (1976).

Holotype: [Spain] Loelling 701/3 (LINN 1218.8).

Ecology. Occurs in foothills, along roadsides, and on stony and gravelly slopes of hills and plains at elevations of 400-2000 m a.s.l.

General distribution. Central Asia, Afghanistan, Iran, Iraq, the Middle East, Turkey, Pakistan, Crimea, the North Caucasus, and Southern Europe (Kilian et al., 2011:1-76; Kou et al., 2023:880; Van, 1994:530).

Distribution in Middle Asia: Kazakhstan (South Kazakhstan, Zhambyl, Turkestan, and Shymkent Regions) (Yesimbekova et al., 2015:5-18; Yesimbekova et al., 2004:38-41; Yesimbekova, 2014:25-27); Kyrgyzstan (Western Tien Shan, Northern Tien Shan, and the Fergana region) (Usupbayev, 2022); Tajikistan (I-T) (Arkadiusz&Marcin, 2020:558-561); Uzbekistan (Gissar, Kugitang, Zeravshan, Chatkal, Ugam, Kuramin, Baysun, Nuratau, and Babatag ranges; the Topalang, Sangzor, and Shahimardan rivers; and the inselberg mountains of Kyzylkum) (Mamatkasimov et al., 2025:1-15; Mamatkasimov et al., 2023:1305-1315; Mamatkasimov et al., 2024:234) (Fig. 5).

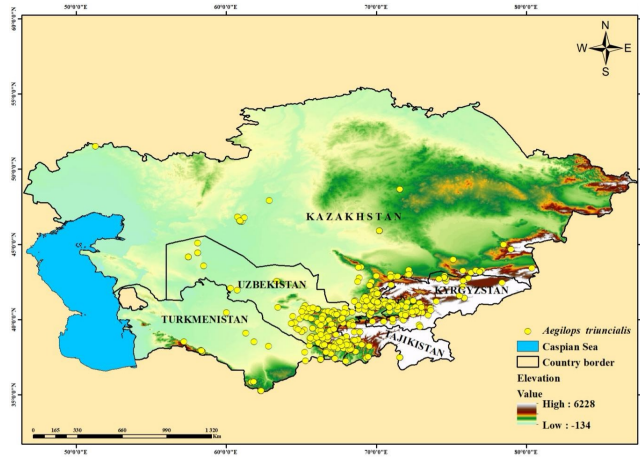


Figure 5. Distribution map of *Aegilops triuncialis* in Middle Asia

5. *A. juvenalis* (Thell.) Eig. Fedde, Repert. Beih. LV (1929); Fedchenko in Fl. Turkmenii 1: 196 (1932); Nevskiy in Fl. SSSR 2: 671 (1934); Drobov in Fl. Uzbek SSR 1: 296 (1941); Kuznetsova in Fl. Kazakh. SSR 1: 313 (1956); A. Korovin in Fl. Tadzhik. SSR 1: 336 (1957); Nikiforov in Opred. rast. Sr. Azii 1: 183 (1968); Tzvelev, Zlaki SSSR: 157 (1976).

Holotype: [France]. “Port Juvénal prope Montpellier”. Touchy s.n. (MPU)

Ecology. Occurs on fine stony, gravelly, and soft grey soils at elevations of 400-1800 m a.s.l.

General distribution. Iran, Iraq, Kazakhstan, Lebanon-Syria, Turkey, Turkmenistan, Uzbekistan, and Azerbaijan (Kilian et al., 2011:1-76; Kou et al., 2023:880; Van, 1994:530; Cabi & Doğan, 2009:447-452; Cabi & Doğan, 2016:667-672).

Distribution in Middle Asia: Uzbekistan (Kuramin, Baysun, Kugitang, and Babatag ranges) (Mamatkasimov et al., 2025:1-15); Turkmenistan (Farab, Batash Kanshar) (Demidov, 2020:446; Fedchenko, 1932:194-197) (Fig. 6).

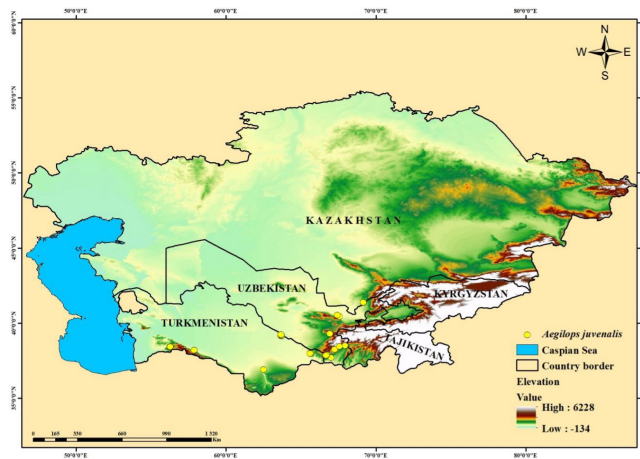


Figure 6. Distribution map of *Aegilops juvenalis* in Middle Asia

6. *A. kotschy* Boiss. - Diagn., ser. 1, VII: 129 (1846); Nevskiy in Fl. SSSR 2: 673 (1934); Tzvelev, Zlaki SSSR: 157 (1976).

Lectotype: [Iran]. Kotschy 366a G-BOIS; isolectotypes: BM, C, E, FI, G, K, LE, OXF, P, PI, PRC, TUB). See p. 252.

Ecology. Occurs on fine stony, gravelly, and soft grey soils at elevations of 300-1200 m a.s.l.

General distribution. Afghanistan, Cyprus, Egypt, the Persian Gulf countries, Iran, Iraq, Kuwait, Lebanon-Syria, Libya, Oman, Palestine, Saudi Arabia, Sinai, Transcaucasia, Tunisia, and Turkey (Kilian et al., 2011:1-76; Van, 1994:530; Cabi&Doğan, 2009:447-452; Cabi&Doğan, 2016:667-672).

Distribution in Middle Asia: There are no published records of this species from Central Asia. However, in our study, analysis of specimens housed in the National Herbarium of Uzbekistan (TASH) showed that the first herbarium specimen of this species was collected by Kultiyasov in 1914 within the territory of the present-day Kashkadarya Region (Fig. 7).

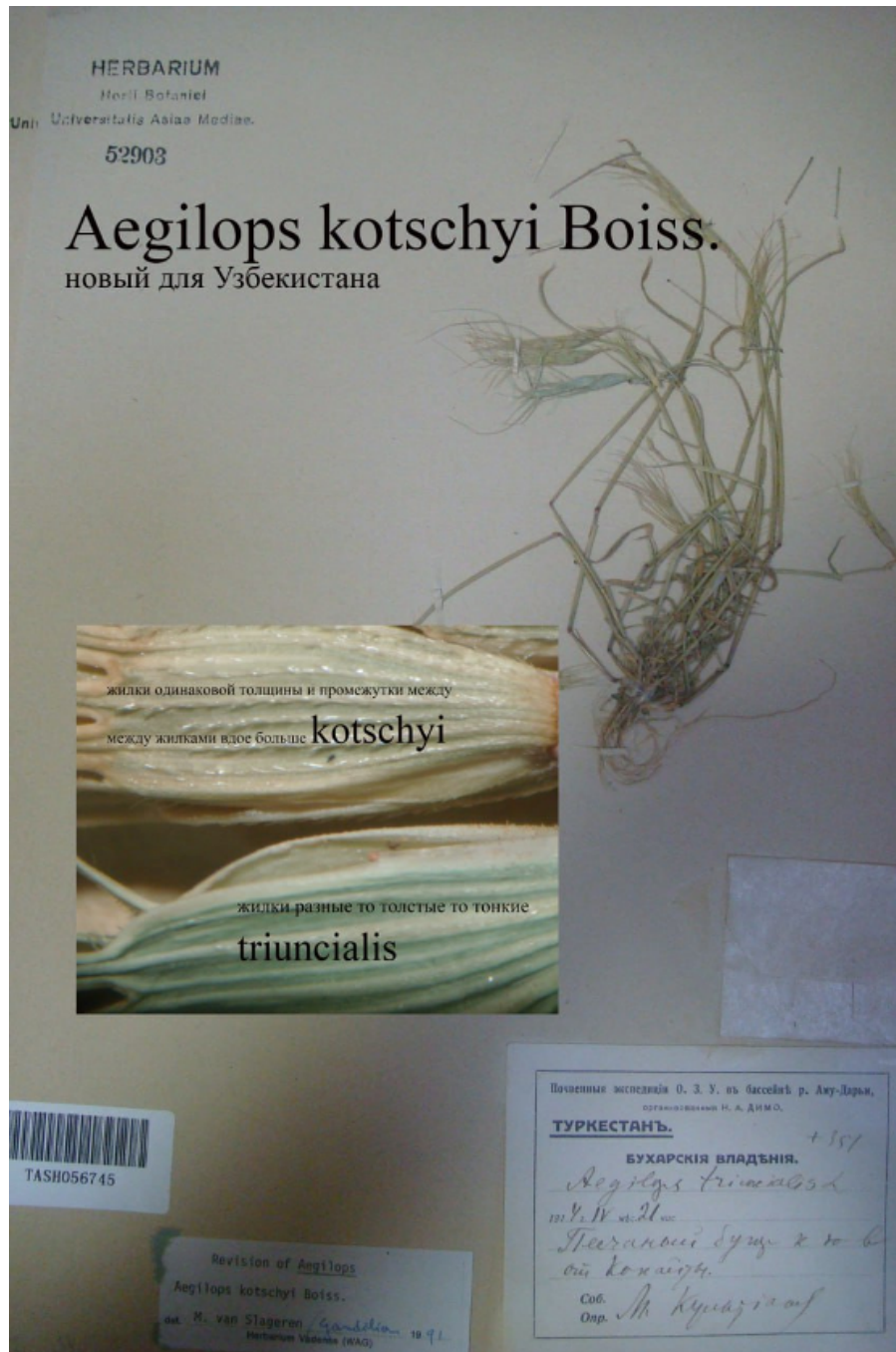


Figure 7. *Aegilops kotschy* specimen collected in 1914

In 2023, during field surveys conducted by Uralov Rustam in the Surkhandarya Region, herbarium specimens of this species were collected and uploaded to the international database GBIF (<https://www.gbif.org/occurrence/4929414183>) (Fig. 8).

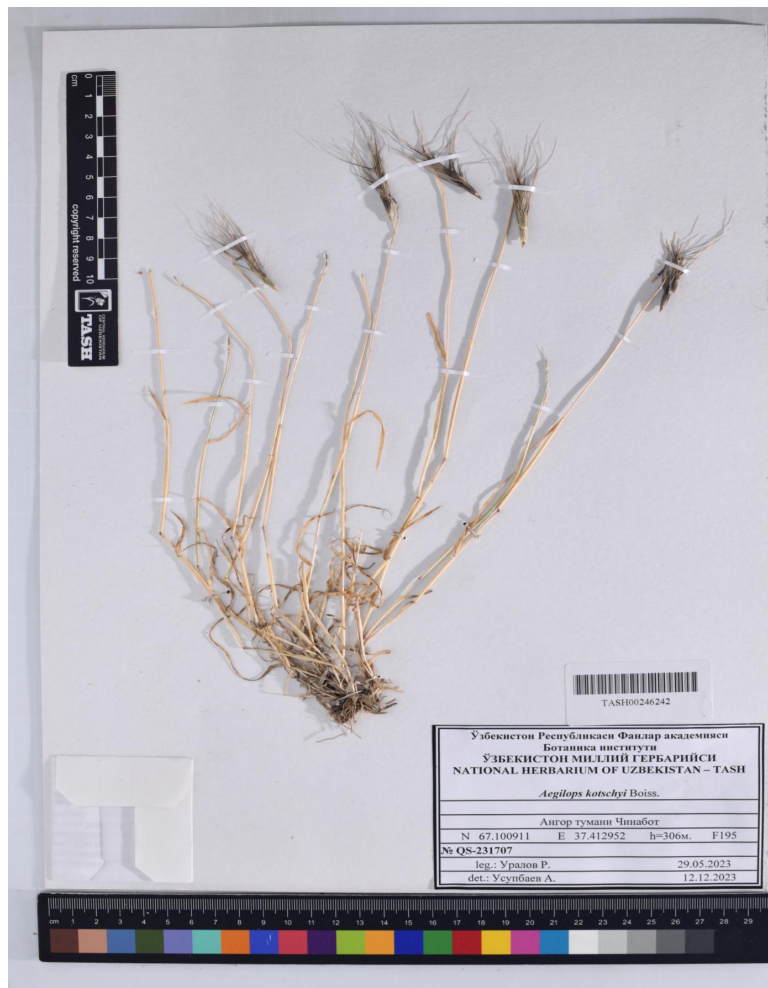


Figure 8. *Aegilops kotschy* specimen collected in 2023

In the literature (Flora of Turkmenistan; Guide to the Plants of Middle Asia), there are no data on the occurrence of *Aegilops kotschy* in Turkmenistan. However, the Global Biodiversity Information Facility (GBIF) database contains information on more than 10 specimens collected in this country (see GBIF occurrence records) (Fig. 9). Based on these data, we produced a map reflecting the distribution of this species in Central Asia (Fig. 9). <https://www.gbif.org/ru/occurrence/4929414183>, <https://www.gbif.org/ru/occurrence/1300785042>.

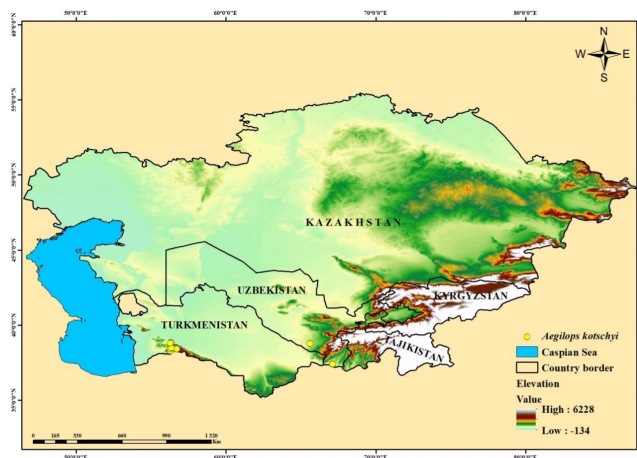


Figure 9. Distribution map of *Aegilops kotschy* in Middle Asia

An analysis of species diversity of the genus *Aegilops* in the countries of Middle Asia was carried out. According to the results, Uzbekistan is the region with the highest species diversity:

six *Aegilops* species occur within its territory. Four species occur in Kazakhstan, Kyrgyzstan, and Turkmenistan, whereas three species are recorded in Tajikistan (Fig. 10).

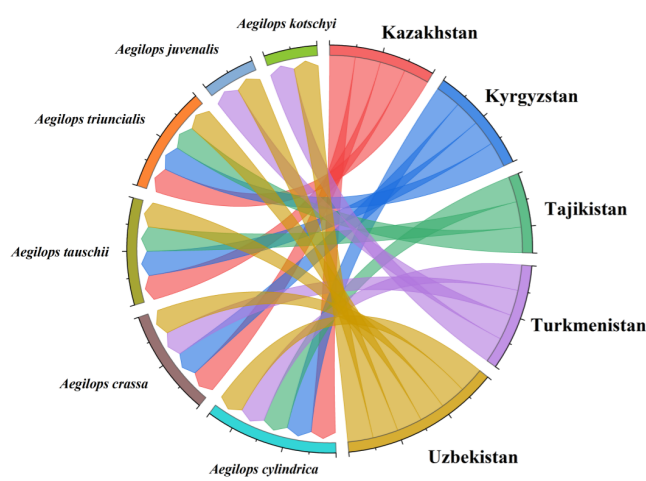


Figure 10. Species diversity of the genus *Aegilops* L.

Conclusion. Species of the genus *Aegilops* L. have been used by humans for several centuries. The Central Asian region is among the areas with the highest species diversity of *Aegilops*. Available herbarium collections, geobotanical data, and research evidence indicate that five species belonging to two sections of the genus are recorded in Middle Asia. According to their elevational distribution, *Aegilops cylindrica* and *A. juvenalis* occur at 400-1600 m a.s.l., *A. crassa* and *A. tauschii* at 1600-1800 m a.s.l., whereas *A. triuncialis* occurs at 2000 m a.s.l. and above.

Data on the distribution and current status of the five *Aegilops* species are used for species monitoring and for inventories of vascular plants. Natural population areas serve as the primary source material for breeding and genetic studies.

References

- Abduraimov, et al., 2023a - Abduraimov OS., Maxmudov AV., Kovalenko IN., Allamurotov AL., Mavlanov BJ., Saribayeva S.U., Mamatkasimov OT. Floristic diversity and economic importance of wild relatives of cultivated plants in Uzbekistan (Central Asia). *Biodiversitas*. 2023. Vol. 24. Pp. 1668 - 1675. doi.org/10.13057/biodiv/d240340. [English]
- Abugaliyeva, et al., 2018 - Abugaliyeva A.I., Yessimbekova M.A., Kozhakhmetov K., Savin T.V. Phenotypic and genetic diversity of wild wheat relatives (genus *Aegilops* L.) in collections - identification of features origin for balanced use and conservation "ex-situ" Collection of materials of the international scientific conference. 2018. Pp. 36-40, <https://org/10.31255/978-5-94797-319-8-36-40> [English]
- Arkadiusz&Marcin, 2020- Arkadiusz N., Marcin N. Illustrated Flora of Tajikistan and adjacent areas. W. P. 2020. Pp. 558 - 561. [English]
- Cabi & Doğan, 2009 - Cabi E., Doğan M. A first vouchered wild record for the flora of Turkey: *Aegilops juvenalis* (Thell.) Eig (Poaceae) *Turkish Journal of Botany*. 2009. Vol. 33. Pp. 447-452. <https://doi:10.3906/bot-0905-18>. [English]
- Cabi & Doğan, 2016 - Cabi E., Doğan M. The Chorology of the Genus *Aegilops* L. in Turkey International multidisciplinary congress of Eurasia Proceedings. 2016. Vol. 2. Pp. 667 - 672. [English]
- Chen, et al., 2016 - Chen, Y.; Li, W.; Deng, H.; Fang, G.; Li, Z. Changes in Central Asia's Water Tower: Past, Present and Future. *Sci. Rep.* 2016. Vol. 6. Pp. 35 - 58. [English]
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF). (n.d.). Occurrence record. <https://www.gbif.org/occurrence/1300785042>[English]
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF). (n.d.). Occurrence record. <https://www.gbif.org/occurrence/4929414183>[English]
- Hedge, et al., 2002 - Hedge SG., Valkoun J., Waines JG. Genetic diversity in wild and weedy *Aegilops*, *Amblyopyrum* and *Secale* species - preliminary survey. *Crop Science*. 2002. Vol. 42, pp. 608- 614 <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.6080>. [English]
- Hu, et al., 2018 - Hu, Z.; Zhou, Q.; Chen, X.; Li, J. Evaluation of three global gridded precipitation data sets in central Asia based on rain gauge observations. *Int. J. Climatol.* 2018, 38, 3475-3493. [English]
- Jilili, et al, 2015 - Jilili, A.; Ma, L., X. Chen. Overreview of Central Asian Environments; China Meteorological Press: Beijing. China. 2015. [English]
- Kamelin, 1973 - Kamelin, R.V. Florogenetic Analysis of the Native Flora of Mountainous Middle Asia; Nauka Press: Leningrad. Russia. 1973. [Russian]
- Kilian, et al., 2011 - Kilian B., Mammen K., Millet E., Sharma R., Graner A., Salamini F., Özkan H. *Aegilops*. Wild crop relatives: genomic and breeding resources. Springer, Berlin, Heidelberg. 2011. P. 1-76. https://doi.org/10.1007/978-3-642-14228-4_1. [English]
- Kou, et al., 2023 - Kou H.; Zhang Z.; Yang Y.; Wei C.; Xu L.; Zhang, G. Advances in the Mining of Disease Resistance Genes from *Aegilops tauschii* and the Utilization in Wheat. *Plants* 2023. Vol. 12. №. 4. P. 880. <https://doi.org/10.3390/plants12040880>. [English]
- Liu, et al., 2019 - Liu, H.; Chen, Y.; Ye, Z.; Li, Y.; Zhang, Y. Recent Lake Area Changes in Central Asia. *Sci. Rep.* 2019, 9, 16277.
- Lelley, et al., 2000 - Lelley T, Stachel M, Grausgruber H, Vollmann J. Analysis of relationships between *Aegilops tauschii* and the D genome of wheat utilizing microsatellites. *Genome*. 2000. Vol. 43 pp. 661-668 <https://doi.org/10.1139/g00-036>. [English]

- Ma, et al., 2021 - Ma, X.; Zhu, J.; Yan, W.; Zhao, C.Y. Projections of desertification trends in Central Asia under global warming scenarios. *Sci. Total Environ.* 2021. 781. 146777. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146777> [English]
- Maciej M., Michał T.K., Joanna M., Halina W. *Aegilops tauschii* accessions with geographically diverse origins show differences in chromosome organization and polymorphism of molecular markers linked to leaf rust and powdery mildew resistance genes. *Fronites in Plant Science.* 2017. Vol. 8. P. 1149. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01149>. [English]
- Manafzadeh, et al., 2017 - Manafzadeh, S.; Staedler, Y.M.; Conti, E. Visions of the past and dreams of the future in the Orient: The Irano-Turanian region from classical botany to evolutionary studies. *Biological Reviews.* 2017, 92, 1365-1388. <https://doi.org/10.1111/brv.12287> [English]
- Mamatkasimov et al., 2023 - Mamatkasimov O. T., Abduraimov O. S., Maxmudov A. V., Mavlanov B. J., Allamurotov A. L. State of Local Populations of *Aegilops triuncalis* L. in Uzbekistan. *American Journal of Plant Sciences.* 2023. № 14. Pp. 1305 - 1315. <https://doi.org/10.4236/ajps.2023.1411088>. [English]
- Mamatkasimov, et al., 2025 - Mamatkasimov O. T., Kurbaniyazov B. T., Maxmudov A. V., Allamurotov A. L., Mavlanov B. J., Abduraimov O. S. "Diversity, Distribution, and Phytoecology of the Genus *Aegilops* L. (Poaceae) in Uzbekistan," *Environment and Ecology Research.* 2025. Vol. 13. No. 1. Pp. 1 - 15. doi: 10.13189/eer.2025.130101. [English]
- Pan, 2021- Pan B.R. *Flora of Vascular Plants in Tian-Shan*; Southeast University Press: Nanjing, China, 2021. [English]
- Plants of the World Online. (n.d.). *Aegilops* taxonomic record. Royal Botanic Gardens, Kew. <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:384607-1> [English]
- Urazaliev, 2018 - Urazaliev R., Yessimbekova M., Mukin K., Chirkin A., Ismagulova G. Monitoring of *Aegilops* L. local species genetic diversity of Kazakhstan's flora. *Journal of Genetics and Breeding.* 2018. Vol. 22. № 4. Pp. 484-490. doi.org. 10.18699/VJ18.386. [English]
- Van, 1994 - Van S. *Wild Wheats: A Monograph of Aegilops L. and Amblyopyrum (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae)*. International Center for Agricultural Research in the Dry Areas 1994. P.530. [English]
- Wei, et al., 2008 - Wei HT., Li J., Peng ZS., Lu BR., Zhao ZJ., Yang WY. Relationships of *Aegilops tauschii* revealed by DNA fingerprints: The evidence for agriculture exchange between China and the West. *Progress in Natural Science.* 2008. Vol. 18. Pp. 1525-1531. <https://doi.org/10.1016/j.pnsc.2008.05.022>. [English]
- Yesimbekova, et al., 2004 - Yesimbekova M.A., Sitpaeva G.T., Kozhakhmetov K.K., Morgunov A.I., Karabayev M.K. Agrobiodiversity of agricultural crops of Kazakhstan: wild species and wild relatives. *Bulletin of the regional network for the introduction of wheat, varieties and seed production. CIMMYT, Gts.* 2004. Vol. 3 No. 9, pp. 38 - 41. [Russian]
- Yesimbekova, et al., 2015 - Yesimbekova M.A., Bulatova K.M., Kushanova R.J., Mukin K.B. Agrobiodiversity of wheat wild relatives (*Aegilops* L.) in Kazakhstan appropriate for wheat breeding. *News of the Timiryazev Agricultural Academy.* 2015. Vol. 6, pp. 5-18. [Russian]
- Zhou, et al, 2021 - Zhou Y., Bai S.L., Li H., Sun G.L., Zhang D.L., Ma F.F., Zhao X.P., Nie F., Li J.Y., Chen L.Y., et al. Introgressing the *Aegilops tauschii* genome into wheat as a basis for cereal improvement. *Nature Plants* 2021. Vol. 7. Pp. 774-786. <https://doi.org/10.1038/s41477-021-00934-w>. [English]
- Abduraimov, et al., 2023b - Абдураимов О.С., Махмудов А.В., Маматкасимов О.Т., Алламуротов А.Л., Б.Ж.Мавланов. Таксономический анализ диких сородичей культурных растений в Средней Азии // Сохранение Биоразнообразия Евразии: Современные Проблемы, Решения и Перспективы Материалы 1 - й Международной Конференции. Андижан - 2023. С. 97-101. [Russian]
- Abduraimov, et al., 2022- Абдураимов О.С., Махмудов А.В., Алламуратов А.Л., Мавланов Б.Ж. К изучению видового состава диких сородичей культурных растений Узбекистана. // Проблемы и перспективы изучения биоразнообразия растительного мира в центральной Азии: международная научно-практическая конференция / коллектив. - Ташкент: Mahalla va Oila, 2022. - 592 с. [Russian]
- Adzhiev, 2023 - Аджиев А. Б. Дикорастущие сородичи культурных растений Каракалпакстан и Хорезма и их охрана Автореферат Дисс .. Доктора Биологических наук .. 2023. Нукус. С. 27. [Russian]
- Chirkin, et al., 2017 - Чиркин А.П., Есимбекова М.А., Мукин К.Б., Исмагулова Г.А. Филогенетический анализ популяций *Aegilops cylindrica* и *Aegilops tauschii* Южного и Юго-восточного Казахстана Доклады Национальной Академии наук Республики Казахстан. 2017 вып. 1. С 150 - 155. [Russian]
- Demidov, 2020 - Демидов С.М. Растения и животные в легендах и верованиях туркмен. Серия «Этнография туркмен». Вып. 1. - М.: Старый сад. 2020. 446 с [Russian]
- Dzhangaliev, 2008 - Джангалиев А.Д. Дикие плодовые растения Казахстана и продовольственная безопасность страны. Доклады Национальной академии наук Республики Казахстан. № 3. 2008. 10 с. [Russian]
- Fedchenko, 1932 - Федченко Б. А. Флора Туркмении том I. Академии Наук СССР и Ботанического Института Туркменской ССР. 1932. С. 194 - 197. [Russian]
- Imanbaeva, 2018 - Иманбаева А. А. Дикорастущие сородичи культурных растений западного казахстана и их сохранение в "ex-situ" Плодоводство и ягодоводство России. 2018. Т. 54. 148-154. [Russian]
- Lazkov& Sultanova, 2014 - Лазков Г.А., Султанова Б.А. Кадастр флоры Кыргызстана. Сосудистые растения. Б.:2014 - 126 стр. [Russian]
- Mamatkasimov et al., 2024 - Маматкасимов О. Т., Абдураимов О. С., Махмудов А. В., Алламуротов А. А., Мавланов Б. Ж. Географическое распространение и виды разнообразия рода видов *Aegilops* L. во флоре Узбекистана Вестник НамГУ. 2024. Вып. 5. С. 234 - 24. [Russian]
- Sitpaeva, 2010 - Ситпаева Г.Т. Злаки заволжско-Казахстанской степной провинции (систематический состав, экология, география) автореферат диссертации доктора биологических наук Алматы - 2010. С. 38. [Russian]
- Usurbayev, 2017 - Усурбаев А. К. История изучения мятликовых (Poaceae) в Кыргызской Республике // Изучение, сохранение и рациональное использование растительного мира Евразии. Казахстан. Алматы. 2017. С. 149-153. [Russian]
- Usurbayev, 2022 - Усурбаев А. К. Мятликовые (Poaceae) Кыргызстана (систематический состав, анализ и экология) Автореферат диссертации на соискание ученой степени доктора биологических наук. Бишкек - 2022. [Russian]
- Yesimbekova, et al., 2014 - Есимбекова М.А. Сохранение биоразнообразия генетических ресурсов сельскохозяйственных растений, возможности использования в селекции // ИББР МОН РК: Международная научная конференция по биологии и биотехнологии растений. Алматы, 2014. С. 25-27. [Russian]

References

Abduraimov, et al., 2022- Abduraimov, O. S., Makhmudov, A. V., Allamurotov, A. L., & Mavlanov, B. J. (2022). K izucheniyu

- vidovogo sostava dikikh sorodichey kul'turnykh rasteniy Uzbekistana [On the study of species composition of wild relatives of cultivated plants of Uzbekistan]. In: Problemy i perspektivy izucheniya bioraznoobraziya rastitel'nogo mira v Tsentral'noi Azii: mezhdunarodnaya nauchno-prakticheskaya konferentsiya. Tashkent: Mahalla va Oila, 2022. p.592 [Russian]
- Abduraimov, et al., 2023a - Abduraimov O.S., Maxmudov A.V., Kovalenko I.N., Allamurotov A.L., Mavlanov B.J., Saribayeva S.U., Mamatkasimov O.T. Floristic diversity and economic importance of wild relatives of cultivated plants in Uzbekistan (Central Asia). *Biodiversitas*. 2023. Vol. 24. Pp. 1668 - 1675. doi.org/10.13057/biodiv/d240340. [English]
- Abduraimov, et al., 2023b - Abduraimov, O. S., Makhmudov, A. V., Mamatkasimov, O. T., Allamurotov, A. L., & Mavlanov, B. J. (2023). Taksonomicheskii analiz dikikh sorodichey kul'turnykh rasteniy v Sredney Azii [Taxonomic analysis of wild relatives of cultivated plants in Central Asia]. In: Sokhraneniye bioraznoobraziya Evrazii: sovremennyye problemy, resheniya i perspektivy. Materialy 1-i Mezhdunarodnoi konferentsii. Andizhan, 97–101. [Russian]
- Abugaliyeva, et al., 2018 - Abugaliyeva A.I., Yessimbekova M.A., Kozhakhmetov K., Savin T.V. Phenotypic and genetic diversity of wild wheat relatives (genus *Aegilops* L.) in collections - identification of features origin for balanced use and conservation “ex-situ” Collection of materials of the international scientific conference. 2018. Pp. 36-40, <https://org/10.31255/978-5-94797-319-8-36-40> [English]
- Adzhiev, 2023 - Adzhiev A. B. Dikorastushchie sorodichi kul'turnykh rasteniy Karakalpakstana i Khorezma i ikh okhrana [Wild relatives of cultivated plants of Karakalpakstan and Khorezm and their conservation]. Avtoreferat dissertatsii doktora biologicheskikh nauk. Nukus, 27 p. [Russian]
- Arkadiusz & Marcin, 2020- Arkadiusz N., Marcin N. Illustrated Flora of Tajikistan and adjacent areas. W. P. 2020. Pp. 558 - 561. [English]
- Cabi & Doğan, 2009 - Cabi E., Doğan M. A first vouchered wild record for the flora of Turkey: *Aegilops juvenalis* (Thell.) Eig (Poaceae) *Turkish Journal of Botany*. 2009. Vol. 33. Pp. 447-452. <https://doi:10.3906/bot-0905-18>. [English]
- Cabi & Doğan, 2016 - Cabi E., Doğan M. The Chorology of the Genus *Aegilops* L. in Turkey International multidisciplinary congress of Eurasia Proceedings. 2016. Vol. 2. Pp. 667 - 672. [English]
- Chen, et al., 2016 - Chen, Y.; Li, W.; Deng, H.; Fang, G.; Li, Z. Changes in Central Asia's Water Tower: Past, Present and Future. *Sci. Rep.* 2016. Vol. 6. Pp. 35 - 58. [English]
- Chirkin, et al., 2017 - Chirkin, A. P., Esimbekova, M. A., Mukin, K. B., & Ismagulova, G. A. (2017). Filogeneticheskii analiz populyatsii *Aegilops cylindrica* i *Aegilops tauschii* Yuzhnogo i Yugo-vostochnogo Kazakhstana [Phylogenetic analysis of populations of *Aegilops cylindrica* and *Aegilops tauschii* in Southern and South-Eastern Kazakhstan]. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Respubliki Kazakhstan*, 1, 150–155. [Russian]
- Demidov, 2020 -Demidov, S. M. (2020). Rasteniya i zhivotnye v legendakh i verovaniyakh turkmen [Plants and animals in Turkmen legends and beliefs]. Moscow. Staryi Sad. p. 446 [Russian]
- Dzhangaliev, 2008 - Dzhangaliev, A. D. (2008). Dikie plodovye rasteniya Kazakhstana i prodovol'stvennaya bezopasnost' strany. [Wild fruit plants of Kazakhstan and the country's food security]. *Doklady NAN RK*, 3.p. 10 [Russian]
- Fedchenko, 1932 - Flora Turkmenii [Flora of Turkmenistan]. Moscow: Academy of Sciences of the USSR and Botanical Institute of the Turkmen SSR, 194–197. [Russian]
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF). (n.d.). Occurrence record. <https://www.gbif.org/occurrence/1300785042>[English]
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF). (n.d.). Occurrence record. <https://www.gbif.org/occurrence/4929414183>[English]
- Hedge, et al., 2002 - Hedge SG., Valkoun J., Waines JG. Genetic diversity in wild and weedy *Aegilops*, *Amblyopyrum* and *Secale* species - preliminary survey. *Crop Science*. 2002. Vol. 42, pp. 608- 614 <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.6080>. [English]
- Hu, et al., 2018 - Hu, Z.; Zhou, Q.; Chen, X.; Li, J. Evaluation of three global gridded precipitation data sets in central Asia based on rain gauge observations. *Int. J. Climatol.* 2018, 38, 3475-3493. [English]
- Imanbaeva, 2018 - Imanbaeva, A. A. (2018). Dikorastushchie sorodichi kul'turnykh rastenii Zapadnogo Kazakhstana i ikh sokhraneniye v ex-situ [Wild relatives of cultivated plants of Western Kazakhstan and their conservation ex situ]. *Plodovodstvo i yagodovodstvo Rossii*, 54, 148–154. [Russian]
- Jilili, et al, 2015 - Jilili, A.; Ma, L., X. Chen. Overreview of Central Asian Environments; China Meteorological Press: Beijing. China. 2015. [English]
- Kamelin, 1973 - Kamelin, R.V. Florogenetic Analysis of the Native Flora of Mountainous Middle Asia; Nauka Press: Leningrad. Russia. 1973. [Russian]
- Kilian, et al., 2011 - Kilian B., Mammen K., Millet E., Sharma R., Graner A., Salamini F., Özkan H. *Aegilops*. Wild crop relatives: genomic and breeding resources. Springer, Berlin, Heidelberg. 2011. P. 1-76. https://doi.org/10.1007/978-3-642-14228-4_1. [English]
- Kou, et al., 2023 - Kou H.; Zhang Z.; Yang Y.; Wei C.; Xu L.; Zhang, G. Advances in the Mining of Disease Resistance Genes from *Aegilops tauschii* and the Utilization in Wheat. *Plants* 2023. Vol. 12. №. 4. P. 880. <https://doi.org/10.3390/plants12040880>. [English]
- Lazkov & Sultanova, 2014 - Lazkov, G. A., & Sultanova, B. A. (2014). Kadastr flory Kyrgyzstana. Sosudistye rasteniya [Cadastre of the flora of Kyrgyzstan. Vascular plants]. Bishkek, 126 p. [Russian]
- Liu, et al., 2019 - Liu, H.; Chen, Y.; Ye, Z.; Li, Y.; Zhang, Y. Recent Lake Area Changes in Central Asia. *Sci. Rep.* 2019, 9, 16277. [English]
- Lelley, et al., 2000 - Lelley T, Stachel M, Grausgruber H, Vollmann J. Analysis of relationships between *Aegilops tauschii* and the D genome of wheat utilizing microsatellites. *Genome*. 2000. Vol. 43 pp. 661-668 <https://doi.org/10.1139/g00-036>. [English]
- Ma, et al., 2021 - Ma, X.; Zhu, J.; Yan, W.; Zhao, C.Y. Projections of desertification trends in Central Asia under global warming scenarios. *Sci. Total Environ.* 2021. 781. 146777. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146777> [English]
- Maciej M., Michał T.K., Joanna M., Halina W. *Aegilops tauschii* accessions with geographically diverse origins show differences in chromosome organization and polymorphism of molecular markers linked to leaf rust and powdery mildew resistance genes. *Frontiers in Plant Science*. 2017. Vol. 8. P. 1149. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01149>. [English]
- Manafzadeh, et al., 2017 - Manafzadeh, S.; Staedler, Y.M.; Conti, E. Visions of the past and dreams of the future in the Orient: The Irano-Turanian region from classical botany to evolutionary studies. *Biological Reviews*. 2017, 92, 1365-1388. <https://doi.org/10.1111/brv.12287> [English]
- Mamatkasimov et al., 2023 - Mamatkasimov O. T., Abduraimov O. S., Maxmudov A. V., Mavlanov B. J., Allamurotov A. L. State of Local Populations of *Aegilops triuncialis* L. in Uzbekistan. *American Journal of Plant Sciences*. 2023. № 14. Pp. 1305 - 1315. <https://doi.org/10.4236/ajps.2023.1411088>. [English]
- Mamatkasimov et al., 2024 - Mamatkasimov, O. T., Abduraimov, O. S., Makhmudov, A. V., Allamurotov, A. A., & Mavlanov, B. Zh. (2024). Geograficheskoe rasprostraneniye i vidovoe raznoobraziye roda *Aegilops* L. vo flore Uzbekistana [Geographical distribution and species diversity of the genus *Aegilops* L. in the flora of Uzbekistan]. *Vestnik NamGU*, 5, 234–240. [Russian]
- Mamatkasimov, et al., 2025 - Mamatkasimov O. T., Kurbaniyazov B. T., Maxmudov A. V., Allamurotov A. L., Mavlanov B. J., Abduraimov O. S. “Diversity, Distribution, and Phytocenology of the Genus *Aegilops* L. (Poaceae) in Uzbekistan,” *Environment and*

- Ecology Research. 2025. Vol. 13. No. 1. Pp. 1 - 15. doi: 10.13189/eer.2025.130101. [English]
- National Strategy and Action Plan for Biodiversity Conservation of the Republic of Tajikistan. (2016). Dushanbe. [Russian]
- Pan, 2021- Pan B.R. Flora of Vascular Plants in Tian-Shan; Southeast University Press: Nanjing, China, 2021. [English]
- Plants of the World Online. (n.d.). *Aegilops* taxonomic record. Royal Botanic Gardens, Kew. <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:384607-1> [English]
- Sitpayeva, 2010 - Sitpaeva, G. T. (2010). Zlaki Zavolzhsko-Kazakhstanskoi stepnoi provintsii (sistemicheskii sostav, ekologiya, geografiya) [Grasses of the Trans-Volga-Kazakhstan steppe province (systematic composition, ecology, geography)]. Avtoreferat dissertatsii doktora biologicheskikh nauk. Almaty, 38 p. [Russian]
- Urazaliev, 2018 - Urazaliev R., Yessimbekova M., Mukin K., Chirkin A., Ismagulova G. Monitoring of *Aegilops* L. local species genetic diversity of Kazakhstan's flora. Journal of Genetics and Breeding. 2018. Vol. 22. № 4. Pp. 484-490. doi.org. 10.18699/VJ18.386. [English]
- Usupbayev, 2017 - Usupbaev, A. K. (2017). Istoriya izucheniya myatlikovykh (Poaceae) v Kyrgyzskoi Respublike [History of the study of Poaceae in the Kyrgyz Republic]. In: Izuchenie, sokhranenie i ratsional'noe ispol'zovanie rastitel'nogo mira Evrazii. Almaty, 149–153. [Russian]
- Usupbayev, 2022 - Usupbaev, A. K. (2022). Myatlikovy (Poaceae) Kyrgyzstana (sistemicheskii sostav, analiz i ekologiya) [Poaceae of Kyrgyzstan (systematic composition, analysis and ecology)]. Avtoreferat dissertatsii doktora biologicheskikh nauk. Bishkek. [Russian]
- Van, 1994 - Van S. Wild Wheats: A Monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae). International Center for Agricultural Research in the Dry Areas 1994. P.530. [English]
- Wei, et al., 2008 - Wei HT., Li J., Peng ZS., Lu BR., Zhao ZJ., Yang WY. Relationships of *Aegilops tauschii* revealed by DNA fingerprints: The evidence for agriculture exchange between China and the West. Progress in Natural Science. 2008. Vol. 18. Pp. 1525-1531. <https://doi10.1016/j.pnsc.2008.05.022>. [English]
- Yesimbekova, et al., 2004 - Yesimbekova M.A., Sitpaeva G.T., Kozhakhmetov K.K., Morgunov A.I., Karabayev M.K. Agrobiodiversity of agricultural crops of Kazakhstan: wild species and wild relatives. Bulletin of the regional network for the introduction of wheat, varieties and seed production. CIMMYT, Gts. 2004. Vol. 3 No. 9, pp. 38 - 41. [Russian]
- Yesimbekova, et al., 2014 - Yesimbekova, M. A. (2014). Sokhranenie bioraznoobraziya geneticheskikh resursov sel'skokhozyaistvennykh rastenii, vozmozhnosti ispol'zovaniya v selektsii [Conservation of biodiversity of genetic resources of agricultural plants and possibilities of their use in breeding]. In: Mezhdunarodnaya nauchnaya konferentsiya po biologii i biotekhnologii rastenii. Almaty, 25–27. [Russian]
- Yesimbekova, et al., 2015 - Yesimbekova M.A., Bulatova K.M., Kushanova R.J., Mukin K.B. Agrobiodiversity of wheat wild relatives (*Aegilops* L.) in Kazakhstan appropriate for wheat breeding. News of the Timiryazev Agricultural Academy. 2015. Vol. 6, pp. 5-18. [Russian]
- Zhou, et al, 2021 - Zhou Y., Bai S.L., Li H., Sun G.L., Zhang D.L., Ma F.F., Zhao X.P., Nie F., Li J.Y., Chen L.Y., et al. Introgressing the *Aegilops tauschii* genome into wheat as a basis for cereal improvement. Nature Plants 2021. Vol. 7. Pp. 774-786. <https://doi.org/10.1038/s41477-021-00934-w>. [English]

МРНТИ 34.03.02

DOI: <https://doi.org/10.62687/NSJ.1.2.2026.16>

РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ РАКА ШЕЙКИ МАТКИ В КАЗАХСТАНЕ: ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКИЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ

¹М.Ж. Шарипова (Жумагул)*^{ID}, ²Н.Б. Тоқтағазина^{ID}, ³Г.Б. Мұхтар^{ID}
^{1,2,3}Международный университет Астана, Астана, Казахстан
*e-mail: mzhakypzhan@mail.ru

М.Ж. Шарипова (Жумагул) – PhD, и.о. ассоциированного профессора Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: mzhakypzhan@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

Н.Б. Тоқтағазина – студент, Международный университет Астана, Астана, Казахстан, e-mail: ntoktagazina@bk.ru, <https://orcid.org/0009-0002-9838-4358>

Г.Б. Мұхтар – старший преподаватель, Международный университет Астана, Астана, Казахстан, e-mail: gulnara190980@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0000-5506-1589>

Аннотация. В статье рассматривается эпидемиологическая ситуация по раку шейки матки (РШМ) в мире и в Республике Казахстан. На основе современных научных и данных международных организаций анализируется, зависят ли показатели заболеваемости и смертности от уровня социально-экономического развития каждой страны, доступности медицинской помощи и организации профилактических мероприятий. Показано, что особо важную роль в качестве одной из основных причин, влияющих на развитие рака шейки матки, играют высокоонкогенные типы вируса папилломы человека, в том числе ВПЧ-16 и ВПЧ-18. Длительное присутствие этого вируса на эпителии шейки матки может приводить к патологическим изменениям и способствовать развитию злокачественных опухолей. Эпидемиологические данные, собранные в Казахстане, показывают, что распространение заболевания в разных регионах страны происходит неравномерно. Эти различия связаны с различиями в профилактических мерах, организации программ скрининга и доступности медицинской помощи.

В статье обсуждается важность организованных программ скрининга, тестирование на ВПЧ и вакцинации для профилактики рака шейки матки. Кроме того, рассматривается долгосрочное профилактическое воздействие формирования культуры ответственного отношения к здоровью среди молодежи.

Результаты анализа показывают, что для снижения распространенности рака шейки матки в Казахстане важно улучшить скрининг для раннего выявления заболевания, расширить профилактические программы и повысить осведомленность населения.

Ключевые слова: рак шейки матки; эпидемиология; заболеваемость в Республике Казахстана; региональные особенности; показатели смертности.

CERVICAL CANCER IN KAZAKHSTAN: EPIDEMIOLOGICAL AND BIOLOGICAL ASPECTS

¹M.Zh. Sharipova (Zhumagul)*, ²N.B. Toktagazina, ³G.B. Mukhtar
^{1,2,3}Astana International University, Astana, Kazakhstan
*e-mail: mzhakypzhan@mail.ru

M.Zh. Sharipova (Zhumagul) – PhD, Acting Associate Professor, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: mzhakypzhan@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

N.B. Toktagazina – student, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: ntoktagazina@bk.ru, <https://orcid.org/0009-0002-9838-4358>

G.B. Mukhtar – senior Lecturer, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: gulnara190980@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0000-5506-1589>

Abstract. The article discusses the epidemiological situation regarding cervical cancer (CC) worldwide and in the Republic of Kazakhstan. Based on current scientific data and data from international organizations, it analyzes whether morbidity and mortality rates depend on the level of socio-economic development of each country, the availability of medical care, and the organization of preventive measures. It is shown that highly oncogenic types of human papillomavirus, including HPV-16 and HPV-18, play a particularly important role as one of the main causes influencing the development of cervical cancer. Long-term carriage of this virus can lead to pathological changes in the epithelium of the cervix and subsequent transformation into a malignant tumor. Analysis of epidemiological data in Kazakhstan shows uneven incidence rates across regions. Such differences are most often associated with the level of population participation in preventive examinations, the effective organization of screening programs, and the availability of medical services.

The article discusses the importance of organized screening programs, HPV testing and vaccination for the prevention of cervical cancer. In addition, it considers the long-term preventive impact of fostering a culture of responsible attitudes toward health among young people.

The result of the analysis show that in order to reduce the prevalence of cervical cancer in Kazakhstan, it is important to improve screening for early detection of the disease, expand preventive programs and raise public awareness.

Keywords: cervical cancer; epidemiology; incidence in the Republic of the Kazakhstan; regional characteristics; mortality rates.

ҚАЗАҚСТАН БОЙЫНША ЖАТЫР МОЙНЫ ОЫРЫ: ЭПИДЕМИОЛОГИЯЛЫҚ ЖӘНЕ БИОЛОГИЯЛЫҚ АСПЕКТІЛЕРІ

¹М.Ж. Шарипова (Жумагул)*, ²Н.Б. Тоқтағазина, ³Г.Б. Мұхтар

^{1,2,3}Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан

*e-mail: mzhakupzhan@mail.ru

М.Ж. Шарипова (Жумагул) – PhD, Астана халықаралық университетінің қауымдастырылған профессорының м.а., Астана қ. Қазақстан, e-mail: mzhakupzhan@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

Н.Б. Тоқтағазина – студент, Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан, e-mail: ntoktagazina@bk.ru, <https://orcid.org/0009-0002-9838-4358>

Г.Б. Мұхтар – Астана халықаралық университетінің аға оқытушысы, Астана, Қазақстан, e-mail: gulnara190980@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0000-5506-1589>

Аңдатпа. Мақалада жатыр мойны обырының (ЖМО) әлемдік деңгейдегі және Қазақстан Республикасындағы эпидемиологиялық жағдайы қарастырылады. Қазіргі ғылыми деректер мен халықаралық ұйымдардың мәліметтеріне сүйене отырып, аурудың таралуы мен өлім-жітім көрсеткіштерінің әр елдегі әлеуметтік-экономикалық даму деңгейіне, медициналық көмектің қолжетімдігіне және профилактикалық шаралардың ұйымдастырылуына байланысты екені талданады. Жатыр мойны обырының дамуына әсер ететін негізгі себептердің бірі ретінде адам папилома вирусының жоғары онкогенді типтері, соның ішінде HPV-16 және HPV-18, ерекше орын алатыны көрсетіледі. Бұл вирустың ұзақ уақыт сақталуы жатыр мойны эпителийінде патологиялық өзгерістердің пайда болуына және кейіннен қатерлі ісікке айналуына әкелуі мүмкін. Қазақстандағы эпидемиологиялық мәліметтері талдау барысында аурушаңдық көрсеткіштерінің аймақтар бойынша әркелкі екені байқалады. Мұндай айырмашылықтар көбінесе профилактикалық тексерілуге қатысу деңгейімен, скринингтік бағдарламалардың тиімді ұйымдастырылуымен және медициналық қызметтердің қолжетімділігімен байланысты болуы ықтимал.

Мақалада жатыр мойны обырының алдын алуда ұйымдастырылған скринингтік бағдарламалардың, HPV-тестілердің және вакцинацияның маңыздылығы қарастырылады. Сонымен қатар, жастар арасында денсаулыққа жауапкершілікпен қарау мәдениетін қалыптасатырудың ұзақ мерзімді профилактикалық әсері талқыланады.

Жүргізілген талдау нәтижелері Қазақстанда жатыр мойыны обырының таралуын төмендету үшін ерте анықтауға бағытталған скринингті жетілдіру, профилактикалық бағдарламаларды кеңейту және халықтың ақпараттану деңгейін арттыру маңызды екені көрсетеді.

Кілт сөздер: жатыр мойны обыры; эпидемиология; Қазақстан Республикасындағы аурушандық; аймақтық ерешеліктер; өлім-жітім көрсеткіштері.

Введение. Несмотря на существенный прогресс в области скрининга, диагностики и лечения, рак шейки матки остается одной из ведущих онкологических патологий. В глобальной структуре злокачественных новообразований у женщин данная нозологическая форма занимает шестое место по уровню распространённости, что свидетельствует о ее высокой эпидемиологической и медико-социальной значимости. По данным Международного агентства по изучению рака (IARC), рак шейки матки занимает пятое место среди наиболее распространённых злокачественных опухолей в мире. Согласно данным Всемирной организации здравоохранения (WHO, 2026), в 2022 году было зарегистрировано 660 000 случаев заболевания, что подтверждает значительный вклад этой болезни в общую нагрузку от рака среди женщин. Глобальная статистика показывает, что ежегодно регистрируется около 530 000 новых случаев и 275 000 смертей. Анализ тенденций показывает дивергенцию: в развитых странах наблюдается снижение заболеваемости, однако, одновременно отмечается ее рост в возрастной группе молодых женщин (Ferlay et al., 2010). Глобальная заболеваемость раком шейки матки характеризуется выраженной географической неоднородностью. Минимальные показатели регистрируются в отдельных странах Ближнего Востока, в Сирия (около 3,0 случая на 100 000 женщин), тогда как максимальные значения отмечаются в странах Карибского региона, в частности на Гаити (до 93,8 на 100 000). Существенная доля глобального бремени рака шейки матки приходится на страны с низким и средним уровнем дохода, регистрируется до 78% всех впервые выявленных случаев заболевания. Наиболее высокая эпидемиологическая нагрузка отмечается в государствах Латинской Америки и Карибского бассейна, Восточной и Южной Африки, а также Южной и Юго-Восточной Азии, что отражает неравномерность доступа к скринингу, вакцинации и специализированной медицинской помощи (Smith et al., 2013; Igissinov et al., 2012).

Учитывая радикальные демографические и эпидемиологические изменения, произошедшие в Центральной Азии за последнее десятилетие, а также политические и экономические преобразования в регионе, это оказало значительное влияние на состояние здоровья населения в Центральной Азии. В связи с этим рост числа заболевших, особенно среди женщин среднего возраста, подчеркивает важность эпидемиологических исследований и необходимость расширения профилактических программ (Igissinov et al., 2012; Bekmukhambetov et al., 2016).

Эпидемиологические исследования рака в Казахстане показали, что рак шейки матки не является широко распространенным заболеванием. Уровни заболеваемости были высокими (до 12,8 на 100 000), умеренными (от 12,8 до 15,9) и высокими (свыше 15,9), тогда как показатели смертности составляли 7,1, 7,1–10,8 и свыше 10,8 соответственно. В целом высокие показатели заболеваемости были выявлены в восточных и северо-центральных регионах страны, а также в Алматы. Эти различия в данных по раку шейки матки отражают различия в демографических и медицинских характеристиках, которые влияют на факторы риска и прогноз рака шейки матки в данном регионе. Необходимы дальнейшие исследования, направленные на понимание этих важных аспектов заболевания. (Zhetpisbayeva et al., 2024).

В Казахстане действуют два подхода к скринингу рака шейки матки: организованный массовый скрининг, направленный на женщин в возрасте от 30 до 70 лет, и случайный (оппортунистический) скрининг, применяемый у пациенток более пожилого возраста, обратившихся к гинекологу. В рамках национальной инициативы используется цитологический метод Папаниколау с интерпретацией данных по классификации Bethesda внедрена с 2011года, а с 2014года дополнительно применяется жидкая цитология. Женщины

в возрасте 30-70 лет обзваниваются по телефону, где им говорится о возможности пройти обследование бесплатно, это происходит каждые четыре года. Таким образом, в обследовании участвуют 45,9% (Brisson et al., 2019). При обнаружении патологий обеспечивается бесплатное последующее обследование и медицинская помощь.

Основными методами диагностики считаются анализ мазка по Папаниколау и определение ДНК вируса папилломы человека. Развитие систематических скрининговых программ играет ключевую роль в снижении уровня заболеваемости и смертности важно от данного онкологического заболевания, что особенно важно в странах со средним и низким уровнем дохода. Дополнительно эффективной мерой профилактики служит вакцинация против ВПЧ способная значительно снизить вероятность развития рака шейки матки; однако к моменту составления обзора масштабная иммунизационная кампания, а в Казахстане еще не была запущена (Zhetpisbayeva et al., 2024).

Рак, вызываемый вирусом папилломы человека, можно предотвратить с помощью вакцинации. Поскольку вакцина не содержит живого вируса или его генетического материала, риск развития рака или других заболеваний, связанных с ВПЧ, отсутствует. Вакцина не предназначена для лечения уже имеющейся инфекции или связанных с ней заболеваний, а служит для профилактической защиты от раковых изменений, связанных с ВПЧ. Согласно литературным данным, были изучены географические различия в распределении типов ВПЧ на основе данных международных исследований типов ВПЧ и многоцентрового исследования «случай-контроль», координируемого MAIR (Myeloid-Associated Immunoglobulin-like Receptor). Результаты, полученные с помощью ПЦР-анализа, указывают на то, что в образцах клеток шейки матки и биопсийном материале, собранном в 25 странах, были идентифицированы определенные типы ВПЧ. Исходя из этого, существует потребность в вакцинах, направленных против конкретных типов ВПЧ. (Munoz et al., 2004; Clifford et al., 2003; Smith et al., 2007).

Вместе с тем региональные особенности распространения ВПЧ остаются недостаточно изученными в ряде территорий мира. В частности, данные о структуре генотипов ВПЧ и эпидемиологических характеристиках инфекции в странах Центральной Азии, а также отдельных регионах Восточной Европы и Африки представлены в ограниченном объеме. Согласно информации HPV Information Centre (2017), систематизированные национальные данные о распространённости ВПЧ-инфекции в Казахстане долгое время оставались фрагментарными (Galani et al., 2025).

В Казахстане в рамках национальных профилактических мероприятий, направленных на снижение распространённости инфекционных и онкологических заболеваний, проводится вакцинация против вируса папилломы человека (ВПЧ). Вакцинационная кампания началась в октябре и ориентирована на профилактику рака шейки матки, которой тесно связан с инфицированием данным вирусом.

Вирус папилломы человека является одним из наиболее распространённых вирусных инфекционных агентов, передающихся преимущественно половым путем. Некоторые его типы обладают высоким онкогенным потенциалом и способны вызывать развитие злокачественных новообразований, в том числе рака шейки матки. По данным эпидемиологических наблюдений, в Казахстане рак шейки матки занимает второе место среди онкологических заболеваний у женщин после рака молочной железы и остается одной из основных причин смертности среди женщин репродуктивного возраста, особенно в группе 25-44 лет. (<https://www.inform.kz/ru/svishe-83-tis-devochek-v-rk-poluchili-vaktsinu-protiv-vpch-3985e4>) в соответствии с рисунком 1.

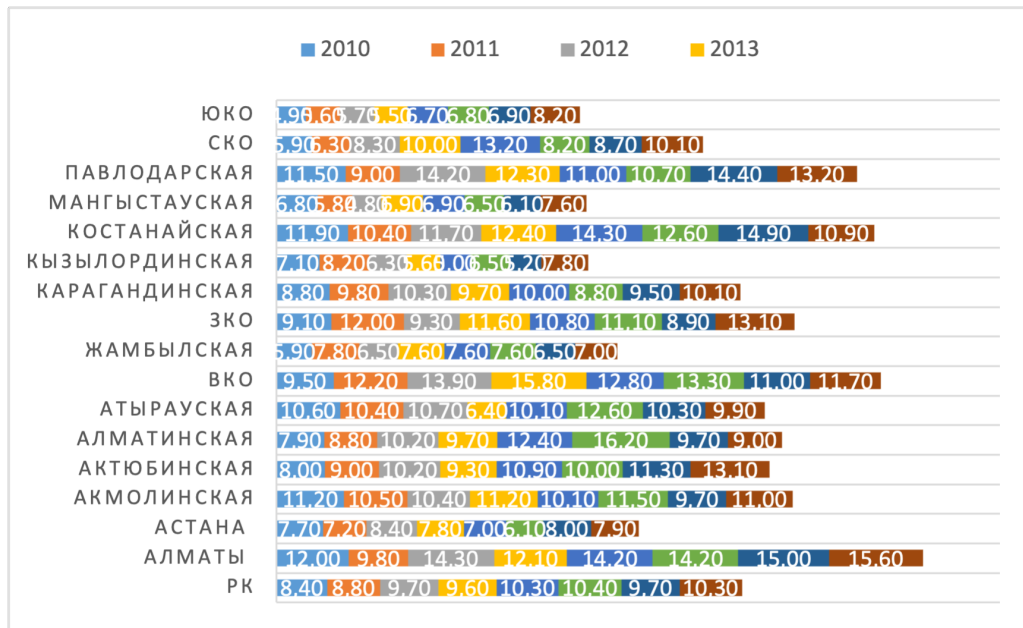


Рисунок 1. Данные по заболеваемости РШМ за период 2010-2017гг.

Анализ этих данных показывает, что внедрение программы вакцинации против ВПЧ является важной профилактической мерой, направленной на снижение риска развития заболевания в будущем, иммунизация девочек в подростковом возрасте позволяет сформировать защиту до начала возможного контакта с вирусом. Однако для достижения значительного снижения заболеваемости раком шейки матки необходим комплексный подход, включающий не только вакцинацию, но и регулярный скрининг, повышение информированности населения и улучшение доступности профилактических медицинских услуг.

В целях сокращения заболеваемости раком шейки матки во всем мире Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) в 2020 году запустила глобальную стратегию, направленную на ускорение искоренения этого заболевания. Основная цель этой инициативы сократить заболеваемость раком шейки матки до менее 4 случаев на 100 000 женщин в ближайшие десятилетия. Стратегия устанавливает целевые показатели 90-70-90, которые должны быть достигнуты к 2030 году.

В соответствии с этими целями, по крайней мере 90% девочек в возрасте до 15 лет должны быть полностью вакцинированы против вируса папилломы человека, 70% женщин в возрасте 35-45 лет должны пройти высокоэффективный скрининг-обследование, а 90% женщин с предраковыми изменениями и 90% пациенток с инвазивным раком должны получить соответствующее лечение. ВОЗ также рекомендует использовать в качестве основного метода и внедрять подход «скрининг и лечение» в условиях ограниченных ресурсов (Adebamowo и др., 2025; Kaidarova et al., 2018).

Рост заболеваемости рака шейки матки в Казахстане соответствует общемировой тенденции. Однако уровень заболеваемости является самым низким в развитых странах, в то время как на менее развитые страны приходится более 85% глобального бремени. Средний возраст пациентов в республике за исследуемый период составил 50,7 года, и этот показатель снизился на 2,8 года по сравнению с нашими предыдущими данными (Igissinov et al., 2012). Возрастной анализ заболеваемости в Казахстане выявил одномодальный рост с пиком заболеваемости в возрасте 50-54 года (44,3 случая на 100 000 женского населения). Аналогичная картина наблюдается в Венгрии, России, Индии и Украине. Средний возраст близок к немецкому (50 лет в Казахстане против 52 лет в Германии) (Zhetpisbayeva et al., 2024; Hamid et al., 2025).

Анализ возрастных особенностей заболеваемости рака шейки матки по нашим данным показал, что в возрастной группе до 30 лет самый низкий уровень заболеваемости был в

Мангистауской области (0,4 случая на 100 000 женского населения), самый высокий показатель в Костанайской области (3,9 случая на 100 000 женского населения). По данным МАИР (Ferlay et al., 2020), самые низкие показатели в этой возрастной группе были выявлены в Саудовской Аравии (0,04 случая на 100 000 женского населения), а самые высокие - в Мозамбике (8,1 случая на 100 000 женского населения). В 30-39 годах низкий показатель был также зафиксирован в Мангистау регионе (13,3 случая на 100 000 женского населения), а самый высокий – в Костанайской области (40,1 случая на 100 000 женского населения) (Minister of Health of the Republic of Kazakhstan, 2022). Самый низкий показатель в этой возрастной группе был зафиксирован в Ираке (0,99 случая на 100 000 женского населения), а самый высокий - в Эсватини (90,7 случая на 100 000 женского населения). В возрасте 40-49 лет самый низкий показатель – в Жамбылской области (29,0 случаев на 100 000 женского населения) и самый высокий показатель в Атырауской области (56,9 случаев на 100 000 женского населения). Самый низкий показатель был зафиксирован в секторе Газа и на Западном берегу (1,0 случая на 100 000 человек женского населения) и самый высокий показатель в Эсватини (185,0 случаев на 100 000 женского населения). В возрасте 50-59 лет низкий показатель был в Северо-Казахстанской области (23,1 случая на 100 000 женского населения), а максимальный – в Алматинской области (60,5 случаев на 100 000 женского населения). По данным МАИР, самый низкий показатель был в Люксембурге (4,6 случая на 100 000 женского населения), а самый высокий показатель также в Эсватини (287,2 случая на 100 000 женского населения). В возрасте 60-69 лет низкий показатель был в Западно-Казахстанской области (28,8 случаев на 100 000 населения женского населения), а максимальный - в городе Алматы (50,9 случаев на 100 000 женского населения). Самый низкий показатель был зафиксирован в Исландии (5,6 случая на 100 000 женского населения), а самый высокий - в Танзании (298,8 случая на 100 000 женского населения). В возрастной группе старше 70 лет низкий показатель был выявлен в Северо-Казахстанской области (16,9 случаев на 100 000 женского населения), а самый высокий - в Астане (43,7 случаев на 100 000 женского населения), самый низкий показатель был выявлен в Финляндии (6,60 случаев на 100 000 женского населения) и самый высокий в Республике Гамбия (360,2 случая на 100 000 женского населения).

Пространственный анализ заболеваемости указывает на географическую изменчивость, поэтому низкие показатели заболеваемости (на 100 000 женского населения) были созданы в южных регионах республики: Южно-Казахстанской области (12,3), Кызылординской (13,0), Мангистауской (13,3) и Жамбылской (13,9), эта тенденция сохранилась с момента проведения последнего исследования (Igissinov et al., 2012), но значения показателей увеличились. Следует отметить, что также произошли изменения в распределении площадей в регионы со средним и высоким уровнем заболеваемости. Таким образом, Алматинская, Карагандинская, Атырауская и Акмолинская области с высоким уровнем заболеваемости перешли в регионы со средним уровнем заболеваемости. А Восточный Казахстан, который относился к регионам со средним уровнем заболеваемости, перешел на высокий уровень (Igissinov et al., 2012). По нашему мнению, географическая изменчивость заболеваемости связана с демографическими факторами (этнический состав населения, изменения в возрастной структуре, миграция) и факторами риска заболевания (Smith et al., 2013), кроме того, они связаны с уровнем медицинского обслуживания, с проведением скрининга, что в целом привело к снижению смертности в республике. В будущем планируется более детальное исследование на региональном уровне.

Организованные программы с систематическими обращениями, обратной связью, а также системами контроля и мониторингов показали наилучший эффект (например, в Финляндии и Исландии). В то же время они требуют меньше ресурсов, чем неорганизованные программы (например, в США или России). Многие программы скрининга, проводимые в развивающихся странах, используют нереалистичную концепцию часто повторяющихся скрининговых тестов (например, ежегодных) и ориентированы на женщин широкого возрастного диапазона (20-65 лет). Однако было бы более эффективно протестировать

женщин из группы высокого риска (например, лица в возрасте 35-49 или 30-50 лет) только один или два раза с хорошим качеством и высокочувствительным тестом, с акцентом на широкий охват (>80%) целевой женской аудитории (Simms et al., 2013). Развитые страны используют ПАП-тест +тест на ВПЧ в целях скрининга (Konpon and Soyunov, 2018), в то время как Казахстан использует только ПАП-тест. По этой причине качество скрининга в нашей стране ниже, чем в более развитых странах. Длительное воздействие ВПЧ и других различных урогенитальных инфекций приводит к иммунодефициту. Состояния у женщин, которые повышают риск развития патологических состояний слизистой оболочки шейки матки, включая ССЗ (Sankaranarayanan et al., 2001; Shalgumbayeva, G. et al., 2020). При ослаблении иммунитета, при сопутствующих воспалительных заболеваниях половых органов, возможна активация и развитие аномалий в эпителии шейки матки, то есть дисплазии (Song et al., 2015; Nabi et al., 2025). К ограничениям текущего исследования относится качество первичных данных. Поскольку произошли изменения в политике оказания онкологической помощи, а также в учете и регистрации потребуются дополнительные ресурсы, что в конечном итоге может повлиять на результаты исследования (von Karsa et al., 2015) В настоящее время пока невозможно получить данные из форм отчетности по этническим группам, а не из форм районного уровня (у нас есть данные по регионам, которые, в свою очередь, состоят из районов). Такие данные позволили бы нам более глубоко изучить вопросы эпидемиологии, в частности этноэпидемиологии, и составить картограммы районов. Таким образом, на данный момент мы располагаем обобщенными данными. Тем не менее, в этом нет никаких сомнений, поскольку результаты анализа показали, что общие тенденции заболеваемости раком шейки матки в этом исследовании совпадают с аналогичными данными в мире. Следовательно, наши выводы должны быть правильными. Таким образом, изучение тенденций заболеваемости раком шейки матки представляет как теоретический, так и практический интерес и играет важную роль в мониторинге и оценке реализуемых в стране программ скрининга и вторичной профилактики патологии шейки матки. Органам здравоохранения следует учитывать полученные результаты при организации противоопухолевых мероприятий.

В Республике Казахстан реализуются программы по профилактике, нацеленные на своевременное выявление предраковых состояний и онкологических патологий шейки матки, в том числе с использованием цитологического скрининга. Выявления болезни на ранних стадиях позволяет существенно улучшить результаты терапии и снизить показатель летальности. Тем не менее, эффективность таких инициатив во многом определяется уровнем охвата женщин профилактическими осмотрами.

Соответственно, анализ эпидемиологической картины и особенностей биологии рака шейки матки в условиях страны играет ключевую роль при совершенствовании профилактической работы, при повышении качества скрининговых обследований и формировании стратегий, ориентированных на уменьшение числа случаев заболевания и смертности от этого недуга.

References

- Adebamowo, C., Rossi, P.G., Castle, Ph.E. (2025). Challenges and opportunities for global cervical cancer Elimination: How Can We Build a Model for Other Cancers? ASCO Educational Book. <https://doi.org/10.1200/EDBK-25-473702> [In Eng]
- Arbyn, M., Smith, S.B., Temin, S., Sultana F., Castle, Ph. (2020). Detecting cervical precancer and reaching underscreened women by HPV testing on self samples. *BMJ*, 368, m540. DOI: 10.1136/bmj.k4823 [In Eng]
- Bekmukhambetov Y, Balmagambetova S, Jarkenov T, et al. Distribution of high risk human papillomavirus types in Western Kazakhstan - retrospective analysis of PCR data. *Asian Pac J Cancer Prev*. 2016; 17:2667-72.
- Brisson, M. & Drolet, M. Global elimination of cervical cancer as a public health problem. *Lancet Oncol*. 20(3), 319-321. [https://doi.org/10.1016/S1470-2045\(19\)30072-5](https://doi.org/10.1016/S1470-2045(19)30072-5) (2019).
- Clifford et al., 2003 - Clifford, G.M., Smith, J.S., Aguado T., Franceschi S. Comparison of HPV type distribution in high-grade cervical lesions and cervical cancer: a meta-analysis. *Br J Cancer*. 2003;89:101-105. doi: 10.1038/sj.bjc.6601024.
- Ferlay J, Ervik M, Lam F, et al (2020). Global Cancer Observatory: Cancer Today. Lyon, France: International Agency for Research on Cancer. Available from: <https://gco.iarc.fr/today>
- Ferlay, J., Shin, H. R., Bray, F., Forman, D., Mathers, C., Parkin, D., ... & Tsujimoto, H. (2010). QOL comparison of PG and TG 415. *Int J cancer*, 127, 2893-917.
- Galani, A., et al. (2025). Cervical cancer screening in the HPV-vaccinated era: Transition to HPV-based testing. *Cancers*. <https://doi.org/10.3390/cancers17061024>
- Hamid, M.K.I., et al. (2025). Trends, vaccination, and screening in low- and middle-income countries. *Frontiers in Oncology*.

<https://doi.org/10.3389/fonc.2025.1372156>

Igissinov, N., Nuralina, I., Igissinova, G., Kim, S., Moore, M., Igissinov, S., & Khassenova, Z. 2012. Epidemiological aspects of morbidity and mortality from cervical cancer in Kazakhstan. *Asian Pacific Journal of Cancer Prevention*, 13(5), 2345-2348.

Kaidarova, D., Zhylkaidarova, A., Dushimova, Z. & Bolatbekova, R. Screening for cervical cancer in Kazakhstan. *J. Global Oncol.* 4(Supplement 2), 50s-50s (2018).

Konnon SRD, Soyunov MA (2018). Cervical cancer: prevention and screening (recent data). *Obstet Gynecol News Opinion Training*, 6, 72-82.

Minister of Health of the Republic of Kazakhstan: Available online: <https://adilet.zan.kz/rus/> (accessed on Feb 7 2022).

Munoz N, Bosch FX, Castellsague X, et al. Against which human papillomavirus types shall we vaccinate and screen? The international perspective. *Int J Cancer*. 2004; 111: 278-85. doi: 10.1002/ijc.20244.

Nabi, S., Mimba, B.R., Akunne, O. (2025). Eliminating cervical cancer: The impact of screening and human papillomavirus vaccination. *Preventing Chronic Disease*, 22, 250127. <https://doi.org/10.5888/pcd22.250127>

Sankaranarayanan R, Budukh AM, Rajkumar R (2001). Effective screening programmes for cervical cancer in low- and middle-income developing countries. *Bull World Health Organ*, 79, 954-62

Shalgumbayeva, G. et al. Incidence and mortality of cervical cancer in the Republic of Kazakhstan: 2007-2016. *Iran J. Public Health*. 49(6), 1120-1128. <https://doi.org/10.18502/ijph.v49i6.3364> (2020).

Simms, K. et al. Impact of scaled up human papillomavirus vaccination and cervical screening and the potential for global elimination of cervical cancer in 181 countries, 2020-99: A modelling study. *Lancet Oncol*. 20(3), 394-407. [https://doi.org/10.1016/S1470-2045\(18\)30836-2](https://doi.org/10.1016/S1470-2045(18)30836-2) (2019).

Smith JS, Lindsay L, Hoots B, et al. Human papillomavirus type distribution in invasive cervical cancer and high grade cervical lesions: a meta-analysis update. *Int J Cancer*. 2007; 121:621-32. doi: 10.1002/ijc.22527.

Smith, R. A., Brooks, D., Cokkinides, V., Saslow, D., & Brawley, O. W. (2013). Cancer screening in the United States, 2013: a review of current American Cancer Society guidelines, current issues in cancer screening, and new guidance on cervical cancer screening and lung cancer screening. *CA: a cancer journal for clinicians*, 63(2), 87-105.

Song D, Li H, Dai J (2015). Effect of human papillomavirus infection on the immune system and its role in the course of cervical cancer. *Oncol Lett*, 10, 600-6.

von Karsa, L. et al. European guidelines for quality assurance in cervical cancer screening. Summary of the supplements on HPV screening and vaccination. *Papillomavirus Res*. 1, 22-31. <https://doi.org/10.1016/j.pvr.2015.06.006> (2015).

WHO, 2021 - World Health Organization. (2021). Global strategy to accelerate the elimination of cervical cancer as a public health problem. Geneva: WHO. <https://doi.org/10.4060/9789240014107>

Zhetpisbayeva et al., 2024. Cervical cancer trend in the Republic of Kazakhstan and attitudes towards cervical cancer screening in urban and rural areas. *Scientific reports*, 14(1), 13731. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-64566-8>

Редактор: Мырзабекова А.М. Верстка: Сексенова Ж.М. Подписано в печать: 31.03.2026 г.
Издание: ТОО Международный университет Астана 010000, Казахстан, г. Астана, пр. Кабанбай
батыра, 8, тел.: +7 (7172) 47-62-10 (214), e-mail: nsj@aiu.edu.kz